



SECONDO STEP: Risultati inerenti lo studio sul contenuto di Cellule somatiche nel latte e sulla fertilità nella razza Reggiana

Nel corso di questo secondo step sono state stimate le ereditabilità (h^2) da cui derivare in seguito indici genetici per il contenuto di cellule somatiche nel latte e per il parametro Parto-Concepimento utilizzando i dati e le informazioni genealogiche fornite dall'Associazione Nazionale Allevatori di razza Reggiana. Di seguito si dà una descrizione delle operazioni di preparazione dei dati e dei risultati dello studio.

DATA EDITING Cellule Somatiche:

Per calcolare i parametri genetici dei caratteri inerenti la produzione di latte nella razza Reggiana sono stati usati inizialmente 228.558 controlli Test day (TD) di 8.693 vacche in 29.386 lattazioni.

Nella fase di data editing sono stati eliminati una serie di dati "incongruenti" e/o non utili ai fini dello studio. In particolare le eliminazioni hanno interessato i seguenti controlli funzionali del latte:

- Controlli incompleti (mancante uno dei 4 rilievi tra Latte, Grasso, Proteine e Cellule Somatiche);
- Controlli relativi alle vacche senza data di nascita;
- Controlli con mancanza della data di rilievo (data del test-day);
- Controlli appartenenti a Lattazioni successive alla terza ($NL > 3$);
- Controlli relativi a lattazioni con Parto-Concepimento < 20 giorni o ≥ 271 giorni;
- Controlli relativi a lattazioni con interparto < 302 giorni;
- Controlli con produzione di latte, grasso e proteine fuori range ($\mu \pm 4$ d.s) entro fase di lattazione (considerando periodi di lattazione di un mese);
- Controlli di vacche con primo controllo oltre 45 giorni dal parto;
- Controlli con data di parto incongruente rispetto all'ordine di parto previsto;
- Controlli riguardanti le lattazioni con Età al Parto della bovina fuori range (al di sotto o sopra le classi minima e massima di età al parto per ognuno dei 3 ordini di parto considerati).

Al termine della fase di editing sono rimasti 78.350 dati Test day (TD) di 6.149 vacche in 10.658 lattazioni, utili ai fini del calcolo delle Ereditabilità e degli indici genetici individuali. Il valore di Cellule somatiche è stato convertito in Somatic Cell Score (SCS) secondo la formula classica ($SCS = 3 + \log_2(\text{Cellule}/100)$), che permette di normalizzare la distribuzione dei dati.

MODELLO STATISTICO UTILIZZATO per le Cellule Somatiche:

$y = \text{Azienda} * \text{Data Contr.} * \text{Num. Latt.} + \text{Classe Gravid.} + \text{Età parto (Classe):Lattazione} * + \text{Mese Parto} * + \underline{PE} + \underline{GA} + e$

* Effetti fissi consideranti come covariate mediante l'impiego dei Polinomi di Legendre (fino al terzo grado del polinomio, ovvero 4 componenti) i cui valori sono definiti sulla base dei giorni di lattazione (DIM) al controllo.

Assunzioni sui fattori casuali considerati:

\underline{PE} = Effetto casuale permanente ambientale $N(0, \sigma^2_{PE})$;

\underline{GA} = Effetto casuale genetico additivo $N(0, \sigma^2_a)$;



\underline{e} = Errore residuo $N(0, \sigma^2_e)$.

Consistenza dei fattori di analisi nel database finale utilizzato:

Numerosità	Effetto	Tipologia
17.628	Azienda*Data Controllo*numero Lattazione	FISSO
18	Classi Gravidanza (0=Vuota, classi di 15 giorni di intervallo da 1 a 240 giorni di gestazione e >240 giorni di gestazione)	FISSO
42	Classi ETA al Parto (Intervalli di 2 mesi da 24 a 48 mesi Primipare, 32-64 mesi Secondipare e 44-76 mesi età al parto per terzipare)	FISSO
36	Mese di Parto (mesi dell'Anno da 1 a 12 per ogni ordine di parto)	FISSO
6.149	Animali	CASUALE
8.506	Animali nel pedigree	CASUALE

DATA EDITING Parto-Concepimento:

Per analizzare i dati di Parto-Concepimento e stimare i parametri genetici nella razza Reggiana sono stati uniti due database:

- Data base test-day (228.558 dati di 8.693 animali e relativi a 29.386 lattazioni);
- Data base dei dati inerenti gli interventi fecondativi ottenuti da ANABoRaRe (59.904 dati di 10.537 animali già presenti anche nel database dei controlli TD).

Nella fase di editing sono state eliminate, in primo luogo, le fecondazioni incongruenti tra di loro (mancanza di corrispondenza su date successive: troppo vicine o troppo lontane rispetto alle attese). Eliminando questo primo gruppo di valori anomali sono e stato possibile ottenere rilievi su 8.141 vacche e 36.176 lattazioni.

Sono state quindi rimosse le lattazioni con data di fecondazione troppo distanti dalla prima data di parto o troppo distanti dall'ultima di parto conosciuta e riportata nel file dei controlli funzionali del latte.

Infine sono state eliminate lattazioni con valori inverosimili per lunghezza, numero lattazione, ecc.

Al termine dell'editing sono rimasti 23.015 dati utili di fecondazioni di cui 1.089 dati censored, ovvero di animali ancora vivi e senza successivi rilievi.

Statistiche descrittive (medie) del carattere parto concepimento (entro ordine di parto)

Ordine di Parto	Parto-concepimento	Ordine di Parto	Parto-concepimento
1	130.3	8	140.1
2	120.1	9	129.0
3	121.5	10	138.1
4	120.0	11	144.5
5	124.5	12	140.0
6	128.8	13	158.0
7	133.2	14	130.0



MODELLO STATISTICO UTILIZZATO per il Parto-Concepimento:

Dopo diversi tentativi e prove mirate a valutare quali fattori fissi fossero da includere nel modello di analisi dei dati, è stato scelto il seguente modello statistico:

$$y = \text{Azienda} + \text{Numero Lattazione (Classi)} + \text{ANNO-MESE Evento} + \underline{PE} + \underline{GA} + e$$

CLASSI di Lattazione considerate: 1 = 1^a lattazione, 2 = 2^a e 3^a Lattazione, 3 = 4^a e 5^a Lattazione, 4 = 5^a-12^a Lattazione.

Assunzioni sui fattori casuali considerati:

\underline{PE} = Effetto casuale permanente ambientale $N(0, \sigma^2_{PE})$;

\underline{GA} = Effetto casuale genetico additivo $N(0, \sigma^2_a)$;

e = Errore residuo $N(0, \sigma^2_e)$.

Consistenza dei fattori di analisi nel database finale utilizzato:

Fattore	Livelli
AZIENDA	287
Numero Lattazione	4
ANNO-MESE	246
ANIMALI	6.874
ANIMALI NEL PEDIGREE	8.826
LATTAZIONI	16.839

RISULTATI DELLE ANALISI del SECONDO STEP

Come detto, nel corso di questo secondo STEP sono state stimate le ereditabilità dei caratteri Cellule Somatiche e dell'intervallo Parto-Concepimento, di cui si riportano i risultati in tabella.

Carattere	$h^2 \pm e.s. h^2$
SCS	0.0828 ± 0.0150
PARTO-CONCEPIMENTO	0.0409 ± 0.0113

Come si può osservare l'Ereditabilità delle Cellule Somatiche è risultata pari all'8,3%, con un errore complessivamente basso (1,5%). Questa stima risulta in accordo con altre stime effettuate su razze da latte e duplice attitudine con l'applicazione di analoghi modelli di tipo test-day.

L'intervallo Parto-Concepimento invece, si è caratterizzato, come atteso, per una stima dell'ereditabilità di valore inferiore a quello delle SCS e pari al 4,1% (con 1,1% di errore standard). Al pari di molte altre variabili che hanno a che fare con la "fitness", anche il parto-concepimento ha esibito un basso valore di ereditabilità, valore per altro in linea con quello riportato da molti autori che hanno indagato sull'ereditabilità di questo carattere.



NUOVI INDICI GENETICI PER LA RAZZA REGGIANA

Dalle stime di ereditabilità calcolate per la razza Reggiana, è stato quindi possibile ottenere nuovi indici genetici che rappresentano la possibilità per l'allevatore di scegliere gli animali, in aggiunta agli indici finora disponibili, anche sulla base di caratteristiche di qualità igienico-sanitaria del latte e della capacità delle bovine di restare gravide dopo il parto. Questi nuovi indici riflettono, l'uno la minore suscettibilità delle vacche alla mastite e, in definitiva, a una migliore condizione di salute e benessere dell'animale, l'altro l'efficienza riproduttiva e, oltre che uno stato di sanità e benessere maggiore della bovina, anche minori costi di rimonta per l'allevatore.

Gli indici genetici sono stati espressi invertendo le soluzioni ottenute dall'Animal Model standardizzandole su media 100 e deviazione standard pari a 10, utilizzando come base genetica media gli EBV invertiti delle femmine nate nel 2010 per le SCS e nel 2000 per il Parto-concepimento. Come deviazione standard di riferimento è stata usata la d.s. genetica additiva stimata per ciascun carattere. In tal modo, gli indici genetici ottenuti esprimono, per i soggetti miglioratori (che riducono il tenore di SCS nel latte e l'intervallo Parto-Concepimento) i valori più elevati.

Guardando ai soli tori della razza Reggiana è stato possibile ottenere, dalle analisi, indici genetici rispettivamente per 346 e 337 soggetti (SCS e Parto-Concepimento, nell'ordine) dai dati delle figlie che hanno avuto una carriera produttiva/riproduttiva. A questi si sono poi aggiunti gli indici pedigree per molti altri animali iscritti al LG. Di seguito si riportano a titolo di esempio due elenchi di tori che hanno ottenuto un indice genetico per il contenuto di SCS del latte e per l'intervallo Parto-Concepimento (PC).

INDICI GENETICI SCS di alcuni TORI razza Reggiana e ACCURATEZZA dell'indice calcolata in base ai valori di errore standard dell'indice genetico - Ordinamento per Indice Genetico:

SOGGETTO	DN	FIGLIE	EBV SCS	ACCURATEZZA
07IT07RE 0013866	05/04/1996	11	117.1	59
07IT07RE 0011591	29/01/1989	10	114.8	59
07IT07RE 0013708	15/12/1995	19	110.9	69
07IT035990077308	03/08/2004	36	110.5	75
07IT011RE141C023	10/04/1998	14	109.8	70
07IT035000439511	29/02/2000	7	109.7	54
07IT011RE141C022	07/04/1998	7	109.3	42
07IT035000001340	06/01/2000	4	109.3	38
07IT07RE 0013180	15/03/1994	14	109.0	65
....
....
07IT035990469228	25/01/2010	36	89.4	73
07IT035000321431	19/02/2001	3	88.9	40
07IT07RE 0010377	05/02/1984	17	88.5	75
07IT035990571805	04/04/2012	16	88.5	60
07IT07RE 0012922	20/12/1992	12	87.6	52
07IT035990206214	13/01/2006	23	84.7	69
07IT035990469291	14/08/2010	4	82.0	49

ASSOCIAZIONE NAZIONALE ALLEVATORI BOVINI DI RAZZA REGGIANA

ANABoRaRe



Associazione Nazionale Allevatori
Bovini di Razza Reggiana



Fondo europeo agricolo per lo sviluppo
rurale: l'Europa investe nelle zone rurali.

mipaaf

Direzione generale dello sviluppo rurale
Ministero delle politiche agricole alimentari
e forestali



PSRN 2014/2020 FEASR – DUAL BREEDING – ANABoRaRe partecipa al Progetto presentato nell'ambito della sottomisura 10.2

INDICI GENETICI per il PARTO-CONCEPIMENTO di alcuni TORI di razza Reggiana e ACCURATEZZA dell'indice calcolata in base ai valori di errore standard dell'indice genetico - Ordinamento per Indice Genetico:

SOGGETTO	DN	FIGLIE	EBV PC	ACCURATEZZA
07IT035990042983	03/06/2003	51	114.7	66
07IT035990239250	06/02/2007	20	111.2	43
07IT034990033388	30/11/2003	14	110.8	45
07IT003RE059B008	13/08/1997	9	109.5	25
07IT035990213673	22/01/2006	41	109.4	58
07IT035990470189	17/08/2010	2	109.1	0
07IT035990030863	10/03/2004	14	108.8	47
07IT035990041761	21/05/2003	26	108.8	55
07IT035990365695	28/01/2009	35	108.8	49
....
....
07IT07RE 0013176	12/03/1994	27	91.0	59
07IT035990220751	05/01/2007	5	90.3	25
07IT035000329428	04/10/2002	41	90.0	63
07IT07RE 0013090	05/05/1994	2	89.2	16
07IT07RE 0013335	13/01/1995	32	89.1	62
07IT07RE 0013180	15/03/1994	13	85.5	44
07IT035000175865	01/04/2002	14	83.1	40