



Analisi dei DATI sul contenuto di Cellule somatiche del latte

AZIONE 4: STIMA DI INDICI GENETICI E GENOMICI E GESTIONE RIPRODUTTIVA IN RELAZIONE ALLE NUOVE FINALITÀ ANCHE CON L'AUSILIO DI MARCATORI GENETICI IN *LINKAGE* CON MARCATORI GENETICI (MAS), DI GENI CANDIDATI (GAS) E DELLA SELEZIONE GENOMICA (GS)

IOV 4. 1) N. pubblicazioni con elaborazioni o ereditabilità/correlazioni su indicatori, e/o indici genetici

DATA EDITING Cellule Somatiche:

Per la ristima degli indici genetici inerenti il contenuto di cellule somatiche nel latte delle bovine di razza Reggiana stati usati i dati dei controlli funzionali (modalità Test day-TD) inerenti inizialmente 341.492 controlli Test day (TD), che sono stati sottoposti a procedura di pulizia. Sono stati eliminati nella fase di editing:

- Controlli incompleti (mancante il dato inerente il contenuto di Cellule Somatiche nel latte);
- 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 quinta (NL > 5);
- Controlli relativi a lattazioni con Parto-Concepimento <20 giorni o ≥ 271 giorni;
- Controlli relativi a lattazioni con interparto < 302 giorni;
- Controlli di vacche con primo controllo oltre 45 giorni dal parto;
- Controlli con data di parto incongruente rispetto all'ordine di parto;
- Controlli relativi alle 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 5 ordini di parto considerati).

Al termine della fase di editing sono rimasti 125.120 dati Test day (TD) di 7.413 vacche in 17.118 lattazioni, utili ai fine della ri-stima dell'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:

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

* 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 $N(0, \sigma^2_a)$;

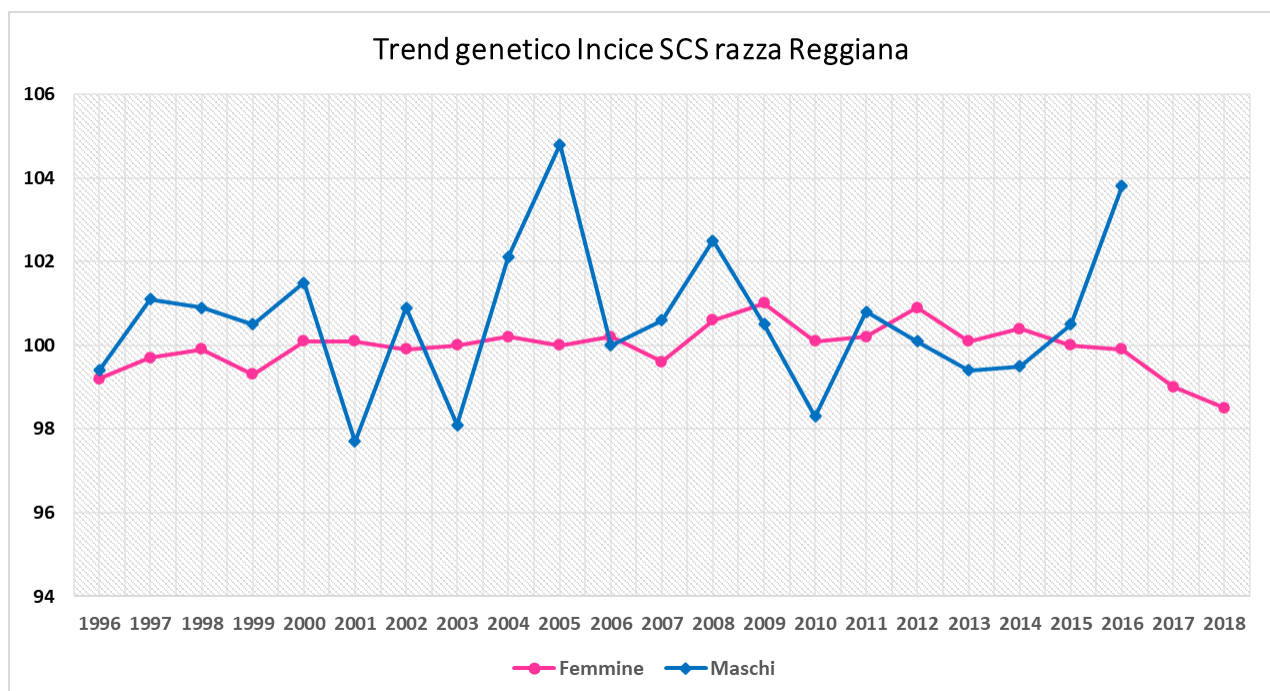
\underline{e} = Errore residuo $N(0, \sigma^2_e)$.

Consistenza fattori nel database:

Numerosità	Effetto	Tipologia
13.243	Azienda*Data Controllo	FISSO
5	Lattazioni considerate	FISSO
18	Classi Gravidanza (0=Vuota, classi di 15 giorni di intervallo)	FISSO
71	Classi ETA al Parto entro ordine di lattazione	FISSO
60	Mese di Parto entro ordine di lattazione (mesi dell'Anno da 1 a 12 per lattazione)	FISSO
7.413	Animali	CASUALE
9.597	Animali nel pedigree	CASUALE

Risultati

Di seguito si riporta il grafico dei trend genetici misurati separatamente per le sottopopolazioni maschile e femminile della razza.



Si nota come a fronte di un'assenza di una selezione diretta per la diminuzione del contenuto di cellule somatiche nel latte, negli ultimi anni circa, la maggior parte dei soggetti (sottopopolazione femminile) presenti un trend leggermente negativo, ossia con lieve peggioramento del contenuto di SCS. Più altalenante ma in deciso aumento (positivo=riduzione del contenuto di cellule somatiche nel latte) risulta invece quello dei maschi, anche forse per un effetto dovuto al minor numero di soggetti rispetto alla sottopopolazione delle femmine.

Si ricorda riguardo agli indici genetici che le soluzioni che si ottengono dalle valutazioni genetiche sono invertite (cambiate di segno) in modo che a un più alto punteggio di Cellule corrispondano valori più bassi dell'indice genetico (e viceversa), e i valori sono standardizzati sulla media (base genetica) del valore genetico medio delle vacche nate nell'anno 2005, utilizzando come deviazione standard quella genetica del carattere (0.51186).

Gli indici sono quindi espressi su una media pari a 100 e una deviazione pari a 10 punti. In questo modo Vacche e Tori con indici molto superiori a 100 (p.es., 110, 120, etc.), sono miglioratori per il carattere, riducono cioè il valore medio di cellule somatiche nel latte, quelli molto inferiori (p.es., 90, 80, etc.) sono peggioratori del carattere, ovvero aumentano sensibilmente il valore medio delle cellule somatiche nel latte.

L'indice è accompagnato dal valore di accuratezza, che esprime quanto sia attendibile la stima del valore genetico dell'animale: accuratezze elevate (oltre 85%) indicano un certo margine sicurezza di impiego del riproduttore.

Si fa presente che sulla base del basso valore di ereditabilità del carattere (9,6%, pari a comune a molte altre razze), il miglioramento-riduzione del contenuto di cellule somatiche nel latte passa non solo attraverso la genetica, ma anche e soprattutto attraverso il miglioramento della gestione della stalla e della mungitura in modo particolare.