

## Relazione sulle attività svolte in ambito di PSRN DUALBREEDING - Fase 2 - TERZO step

a cura di: *Roberto Mantovani ed Enrico Mancin – Dipartimento DAFNAE – Università di Padova*

### Analisi genetiche sui caratteri morfologici lineari nella razza Reggiana:

Nel corso del terzo step sono state studiate le ereditabilità di caratteri morfologici lineari rilevati nella razza Reggiana ai fini della possibile produzione di indici genetici.

#### 1. Editing dei dati iniziali

Il dataset iniziale era costituito da 11.600 dati raccolti da inizio 1994 a fine 2021 appartenenti 11.043 animali (maschi e femmine) di razza Reggiana. Per ogni rilevamento è stata calcolata la percentuale di dati mancanti, come riportato in Tabella 1.

**Tabella 1.** Percentuale di dati mancanti per ciascun rilevamento morfologico

Categoria	Rilevamento	Dati mancanti
VALUTAZIONE	Punteggio finale	16%
STRUTTURA	Statura	16%
	Forza-vigore	16%
	Profondità	16%
	Angolosità	16%
	Linea dorsale	16%
GROPPA	Angolo groppa	16%
	Lunghezza groppa	16%
	Larghezza groppa	16%
	Attacco coda	16%
ARTI	Arti visti di lato	16%
	Pastoie	16%
	Unghioni	16%
MAMMELLA	Attacco ant. (forza-lunghezza)	19%
	Larghezza attacco post.	19%
	Altezza attacco post.	19%
	Legamento	19%
	Profondità	19%
	Piano mammella	19%

CAPEZZOLI	Capezzoli ANT. Visti da dietro	19%
	Capezzoli ANT. Visti di lato	19%
	Capezzoli ANT. Lunghezza	19%
	Capezzoli POS. Visti da dietro	19%
	Capezzoli POS. Visti di lato	19%
	Capezzoli POS. Lunghezza	19%

Dal dataset iniziale sono stati quindi eliminati i maschi e gli animali che presentavano scheda di rilevamento incompleta, per un totale di 2.404 animali.

Sono stati quindi identificati animali con più di una valutazione (187 animali totali) e sono stati tenuti, per questi animali:

- i) il primo rilevamento effettuato se si disponeva di rilevamenti relativi a successive lattazioni;
- ii) il rilevamento più vicino ai 100 giorni di lattazione (dato medio di rilevamento) se i rilevamenti appartenevano a più valutazioni entro la stessa lattazione.

Nell'ambito dell'editing iniziale sono stati infine eliminati soggetti di cui non si disponesse della data di parto (331 animali), o con rilevazione fatta in lattazioni superiori alla seconda (1096 animali). Infine, sono stati eliminati soggetti di cui non si disponeva di informazioni anagrafiche (230 animali). Il dataset finale ottenuto prima delle analisi genetiche consisteva in 7.582 osservazioni relative ad altrettante bovine.

## 2. Descrittiva distribuzione dei singoli caratteri

Sui 7.582 dati iniziali sono state effettuate delle analisi descrittive che vengono riportate in tabella 2.

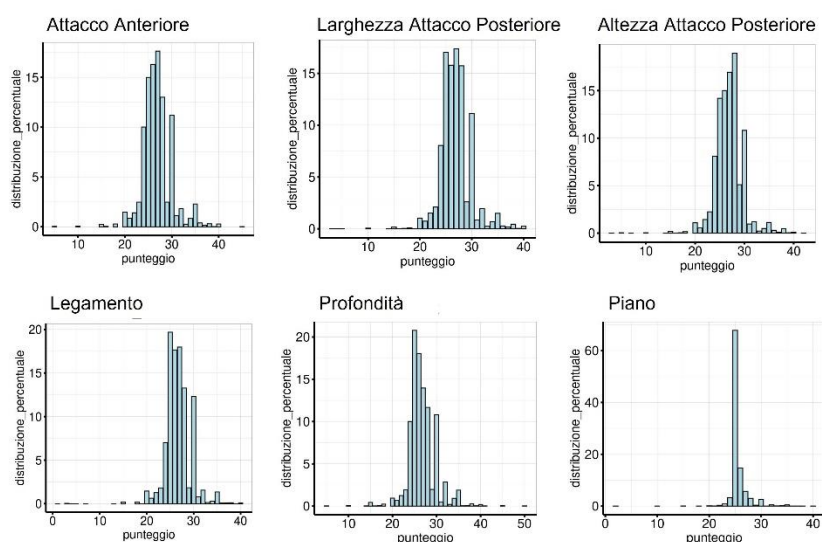
**Tabella 2.** Descrittive dei caratteri morfologici lineari rilevati sulle bovine di razza Reggiana

<b>Carattere</b>	<b>Media</b>	<b>d.s.</b>	<b>C.V.</b>
Punteggio finale	82.1	2.5	3.0%
Statura	27.4	3.2	11.8%
Forza-vigore	27.2	2.7	10.1%
Profondità	27.6	3.1	11.1%
Angolosità	27.1	3.5	12.8%
Linea dorsale	28.6	3.4	12.0%
Angolo groppa	25.4	3.2	12.8%
Lunghezza groppa	27.8	2.8	10.0%
Larghezza groppa	27.5	2.8	10.2%
Attacco coda	26.4	3.6	13.5%
Arti visti di lato	23.8	3.2	13.3%
Pastoie	28.5	3.9	13.6%
Unghioni	28.5	3.5	12.2%
Attacco ant. (forza-lunghezza)	26.8	3.1	11.6%
Larghezza attacco post.	26.8	3.0	11.1%
Altezza attacco post.	26.8	2.9	10.6%
Legamento	26.5	2.8	10.6%
Profondità	26.6	3.1	11.6%
Piano mammella	25.5	1.6	6.1%
Capezzoli ANT. Visti da dietro	25.1	1.8	7.1%
Capezzoli ANT. Visti di lato	25.4	1.4	5.7%

Capezzoli ANT. Lunghezza	25.4	2.2	8.8%
Capezzoli POS. Visti da dietro	25.2	1.7	6.6%
Capezzoli POS. Visti di lato	25.3	1.5	5.8%
Capezzoli POS. Lunghezza	25.1	2.2	8.8%

Dalla Tabella 2 emerge un generale basso coefficiente di variabilità per molti dei caratteri analizzati. In particolare, è risultato molto poco variabile il punteggio finale, così come il piano della mammella ed i caratteri inerenti ai capezzoli. Leggermente più variabili sono risultati invece i caratteri di struttura, groppa, arti e piedi e mammella, anche se mediamente il coefficiente di variabilità in media è risultato pari al 12.5%, valore che indica nel complesso una bassa variabilità nei dati di partenza. Di rilievo come i caratteri mammari siano tutti risultati avere variabilità inferiore alla media, anche se di poco. La visualizzazione della limitata distribuzione dei punteggi inerenti alla valutazione lineare dei caratteri mammari è riportata in Figura 1.

**Figura 1.** Distribuzione dei punteggi morfologici inerenti ai caratteri lineati della mammella.

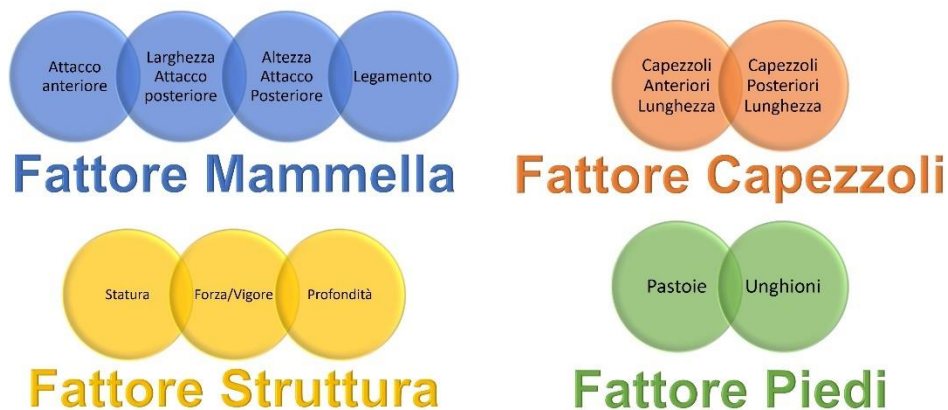


### 3. Analisi Fattoriale

L'analisi fattoriale è un approccio statistico che permette di evidenziare l'esistenza di macrocategorie latenti, non misurabili direttamente, all'interno di un insieme di variabili osservate (le rilevazioni morfologiche nel nostro caso) che si relazionano con le macrocategorie in base alla correlazione (legame tra variabili), evitando in questo modo fenomeni di multicollinearità. Per i caratteri morfologici l'analisi fattoriale presenta il vantaggio di poter raggruppare i singoli caratteri in gruppi che presentino un preciso significato biologico relativamente al rilievo effettuato. Di seguito si riportano i risultati dell'analisi fattoriale effettuata sul dataset contenente 7.582 osservazioni.

Nell'ambito delle valutazioni morfologiche della razza Reggiana sono state identificate 4 variabili latenti o fattori significativi (Figura 2), ovvero con aggreganti in modo statisticamente significativo alcuni caratteri lineari: il fattore mammella, che aggrega l'attacco anteriore, la larghezza dell'attacco posteriore, l'altezza dell'attacco posteriore e il legamento; il fattore capezzoli, che include la lunghezza dei capezzoli, anteriori e posteriori; il fattore struttura, che accomuna assieme statura, forza-vigore e profondità; il fattore piedi, che accorpa pastoie e unghioni.

**Figura 2.** Analisi Fattoriale con sopra le variabili osservate che si associano significativamente in uno dei quattro fattori latenti (Mammella, Capezzoli, Struttura e Piedi).



#### 4. Modello di analisi componenti genetiche

Il modello utilizzato per la stima dell'ereditabilità dei singoli caratteri e ottenuto sulla base di precedenti analisi esplorative (analisi della varianza) si compone dei seguenti fattori:

$$y = \text{aznd\_anno\_esp} + \text{ETAP(NL)} + \text{CLDIM} + \text{Ga} + e$$

Dove  $y$  è la variabile osservata (singolo carattere morfologico o fattore),  $\text{aznd\_anno\_esp}$ , è l'effetto fisso che assorbe la maggior parte di variabilità del modello e rappresenta l'azienda per anno di nascita ed esperto;  $\text{ETAP(NL)}$  corrisponde invece alle classi di età al parto entro lattazione (prima o seconda), mentre  $\text{CLDIM}$  rappresenta le classi di distanza dal parto entro lattazione;  $\text{Ga}$  è l'effetto genetico additivo di ciascun animale, considerato come effetto casuale ed e rappresenta l'effetto residuo del modello.

Relativamente all'effetto  $\text{ETAP(NL)}$  le 13 classi di età al parto corrispondevano a 7 classi appartenenti alla prima lattazione e 6 al secondo parto. Le classi di età al parto vanno dal quindicesimo mese fino al trentacinquesimo mese per la prima lattazione, mentre per la seconda vanno dal trentatreesimo mese fino al cinquantaseiesimo. Si ricorda, al riguardo che 301 osservazioni fuori da questi intervalli sono state rimosse dal dataset finale utile ai fini delle valutazioni genetiche.

Per quanto riguarda le classi di giorni di lattazione ( $\text{CLDIM}$ ), sono state tenute osservazioni raccolte tra il quinto e trecentocinquesimo giorno di lattazione, mentre le osservazioni raccolte al di fuori di questi valori sono state rimosse (1.570 osservazioni). Infine, per quanto riguarda l'effetto  $\text{aznd\_anno\_esp}$ , si rileva come solamente 3 esperti (2, 3 e 4) avessero effettuato un significativo numero di punteggiature entro azienda e anno. Osservazioni appartenenti all'azienda gruppo anno esperto con frequenza di una osservazione sono state pertanto eliminate (586 osservazioni), così da costituire un dataset finale per le analisi genetiche con 4.807 osservazioni.

Prima di procedere con l'analisi genetica e la stima dell'ereditabilità è stata effettuata un'analisi della varianza (ANOVA) preliminare allo scopo di identificare la significatività dei fattori fissi del modello (escluso quindi effetto genetico additivo). I risultati di questa analisi hanno messo in luce come tutti i fattori considerati nel modello, con qualche eccezione, fossero comunque significativi e perciò da includere nelle analisi genetiche.

Per la stima delle componenti di varianza e dell'ereditabilità alle 4.807 osservazioni individuali sono stati uniti 2.502 animali senza record per un totale di 7.309 animali nel pedigree.

Il programma AIREMLF90 è stato utilizzato per la stima delle componenti di varianza secondo una procedura single trait (analisi di un singolo carattere alla volta). I risultati delle analisi genetiche sono riportati nella Tabella 3.

**Tabella 3.** Stima dell'ereditabilità dei caratteri espressi come fattore e dei singoli lineari con errore standard delle stime (S.E.) ottenuta su bovine di razza Reggiana

<b>Carattere</b>	<b>Media</b>	<b>S.E.</b>
Fattore Mammella	0.06	0.02
Fattore Capezzoli	0.05	0.02
Fattore Struttura	0.09	0.03
Fattore Piedi	<0.001	<0.001
Punteggio finale	0.06	0.02
Angolosità	0.05	0.02
Linea dorsale	0.01	0.02
Angolo groppa	0.07	0.02
Lunghezza groppa	<0.001	<0.001
Larghezza groppa	0.01	0.02
Attacco coda	0.02	0.02
Arti visti di lato	<0.001	0.01
Profondità mammella	0.01	0.02
Piano mammella	<0.001	<0.001
Capezzoli ANT. Visti da dietro	0.04	0.02
Capezzoli ANT. Visti di lato	<0.001	0.02
Capezzoli POS. Visti da dietro	<0.001	<0.001
Capezzoli POS. Visti di lato	0.02	0.02

Come si può osservare dai dati riportati in Tabella 3, tutti i valori di ereditabilità stimati per i caratteri lineari semplici e i fattori hanno tutti messo in luce un valore molto basso di ereditabilità, fatto abbastanza sorprendente soprattutto per alcuni caratteri che, da quanto rilevabile in letteratura, presentano sempre valori come minimo medi di ereditabilità (attorno allo 0.35-0.40). anche i caratteri mammari, solitamente ereditabili, per questa razza evidenziano una componente genetica additiva (trasmissibile) assai limitata. I bassi valori di ereditabilità riscontrati possono in parte essere attribuiti alla limitata variabilità fenotipica riscontrata per molti caratteri, come precedentemente evidenziato.

## **Conclusioni**

Le analisi condotte nell'ambito di questo terzo step per la razza Reggiana mettono in evidenza una limitata possibilità di impiego delle valutazioni morfologiche fin qui raccolte ai fini della valutazione genetica di vacche e tori della razza, considerata la modesta ereditabilità riscontrata e quindi la possibilità di disporre di stime dei valori genetici sufficientemente accurate. Il sistema morfologico lineare della razza Reggiana dovrà quindi essere sottoposto ad ampia revisione, sia per l'aspetto inerente ai caratteri oggetto di rilevamento, anche in considerazione della necessità di maggiore valorizzazione della duplice attitudine nella razza, sia relativamente alla scala dei punteggi da adottare e al gruppo degli esperti di razza a cui affidare in prospettiva futura le valutazioni morfologiche.