

SCHEDE CALCOLO INDICI FRISONA E JERSEY

AGGIORNATO AD APRILE 2021

SOMMARIO:

RAZZA FRISONA

1. INDICE DI SELEZIONE (PFT) E GLI ALTRI INDICI COMPOSTI (ICM, IAP, TIPO)	3
2. INDICE ECONOMICO SALUTE (IES).....	5
3. INDICE CASEIFICAZIONE E SOSTENIBILITÀ – PARMIGIANO REGGIANO (ICS-PR)	6
4. INDICI CARATTERI PRODUTTIVI E CELLULE SOMATICHE (SCS)	7
5. INDICE SALUTE DELLA MAMMELLA (MST)	10
6. INDICI CARATTERI MORFOLOGICI	11
7. INDICE PUNTEGGIO DI CONDIZIONE CORPOREA (BCS)	13
8. INDICE DIFFICOLTÀ DI PARTO (DFP)	14
9. INDICE MUNGIBILITÀ (MLK).....	15
10. INDICE LONGEVITÀ (FHL)	16
11. INDICE FERTILITÀ FEMMINILE (IAF)	18
12. INDICATORE FERTILITÀ MASCHILE (BFE)	21
13. INDICE PREDETTO EFFICIENZA ALIMENTARE (PFE)	22
14. VALUTAZIONE GENOMICA	23

RAZZA JERSEY

1. INDICE DI SELEZIONE (IQJ)	29
2. INDICI CARATTERI PRODUTTIVI	30
3. INDICI CARATTERI MORFOLOGICI	32
4. INDICI CELLULE SOMATICHE (SCS).....	34

INDICI INTERNAZIONALI (INTERBULL)	35
GLOSSARIO	38



RAZZA FRISONA

1. INDICE DI SELEZIONE E GLI ALTRI INDICI COMPOSTI

1.1. Indice Produttività, Funzionalità e Tipo (PFT)

Il PFT è l'indice di selezione della razza Frisona Italiana, che combina qualità del latte, funzionalità e tipo. Sulla base di questo indice si calcolano la classifica ed il rank ufficiale che va da 0 a 99 e divide la popolazione indicizzata in percentili. Il rank è calcolato in modo separato sui tori e sulle vacche. Il rank 99 identifica il miglior 1% dei tori e delle vacche. Da dicembre 2011 il rank 98 (il miglior 2% della popolazione) è il limite ufficiale per l'autorizzazione dei tori all'utilizzo in F.A. La tabella riporta i pesi percentuali degli indici che compongono il PFT. L'ultimo aggiornamento del PFT è di Dicembre 2019.

La formula del PFT è la seguente:

$$\begin{aligned} \text{PFT} = & 9.1 * \{ [33 * ((\text{kg prot} - \text{media kg prot}) / \text{std kg prot})] + \\ & [8 * ((\text{kg gra} - \text{media kg gra}) / \text{std kg gra})] + \\ & [3 * ((\% \text{prot} - \text{media } \% \text{prot}) / \text{std } \% \text{prot})] + \\ & [3 * ((\% \text{gras} - \text{media } \% \text{gra}) / \text{std } \% \text{gra})] + \\ & [5 * (((\text{long} - 100) / 5) / \text{std long})] + \\ & [20 * (((\text{fert} - 100) / 5) / \text{std fert})] + \\ & [5 * (((\text{cell} - 100) / 5) / \text{std cell})] + \\ & [9 * ((\text{icm} / \text{std icm}))] + \\ & [4 * (\text{tipo} / \text{std tipo})] + \\ & [4 * (\text{iap} / \text{std iap})] + \\ & [6 * ((\text{mst} - 100) / 5) / \text{std mst}] \} \end{aligned}$$

che determina un rapporto tra produzione, funzionalità e morfologia di 47:36:17.

PRODUZIONE	PESO	FUNZIONALITÀ	PESO	MORFOLOGIA	PESO
Latte kg	0	Longevità	5	TIPO	4
Grasso kg	8	Cellule somatiche	5	ICM (Mammella)	9
Proteina kg	33	Fertilità	20	IAP (Arti e Piedi)	4
Grasso %	3	MST (Mastite)	6		
Proteina %	3				

1.2. Indice Composto Mammella (ICM)

L'ICM è l'indice che ha l'obiettivo di selezionare una mammella funzionale. La sua formula è determinata dalla combinazione di singoli indici mammella, i quali si basano sulle rilevazioni lineari, e vengono definiti in base alla loro relazione con la longevità funzionale degli animali ed è:

$$\begin{aligned} \text{ICM} = & 0,19 * \text{forza attacco anteriore} + \\ & 0,17 * \text{altezza attacco posteriore} + \\ & 0,21 * \text{legamento} + \\ & 0,26 * \text{profondità mammella} + \\ & 0,17 * \text{posizione capezzoli anteriori} \end{aligned}$$

1.3. Indice Arti e Piedi (IAP)

L'IAP, utilizzato per la prima volta nel maggio 2000, combina i tre indici, basati sui caratteri lineari, relativi ad arti, piedi e locomozione valutati dagli ispettori. Tali caratteri sono stati pesati in funzione della loro importanza (dovuta alle correlazioni) in relazione al carattere "funzionalità arti e piedi". Gli arti visti di lato hanno un ottimo intermedio. I caratteri considerati sono i seguenti:

$$\begin{aligned} \text{IAP} = & 0,16 * \text{angolo del piede} + \\ & 0,224 * \text{arti visti da dietro} + \\ & 0,408 * \text{locomozione} + \\ & -0,28 * \text{abs(arti visti di lato} + 1) \end{aligned}$$

1.4. Indice TIPO

Da Dicembre 2014, l'indice per il TIPO è calcolato a partire da 17 indici basati sui lineari in modo da garantire un confronto omogeneo fra tori provati in Italia e tori di importazione. I pesi relativi sono stimati in base alle correlazioni genetiche esistenti fra i 17 caratteri e la loro relazione con l'attuale definizione di punteggio finale utilizzata dagli ispettori nelle valutazioni morfologiche. Gli arti visti di lato e posizione capezzoli posteriori hanno un ottimo intermedio. TIPO viene calcolato come:

$$\begin{aligned} \text{TIPO} = & 0,000 * \text{statura} + 0,128 * \text{forza} + 0,031 * \text{profondità} + \\ & 0,158 * \text{angolosità} + 0,044 * \text{angolo groppa} + \\ & 0,013 * \text{larghezza groppa} - 0,025 * \text{abs(arti visti di lato} + 1) + \\ & 0,038 * \text{arti visti da dietro} + 0,050 * \text{angolo del piede} + \\ & 0,175 * \text{mammella anteriore} + 0,072 * \text{altezza posteriore} + \\ & 0,030 * \text{legamento} + 0,014 * \text{profondità mammella} + \\ & 0,050 * \text{posizione capezzoli anteriori} + 0,023 * \text{dimensione capezzoli} - \\ & 0,032 * \text{abs(posizione capezzoli posteriori} + 1) + 0,016 * \text{locomozione} \end{aligned}$$

2. INDICE ECONOMICO SALUTE (IES)

2.1.Indice IES

IES è l'indice che ha l'obiettivo di massimizzare il progresso genetico, sia da un punto di vista economico sia dal punto di vista dei caratteri che riguardano la salute e il benessere dell'animale. L'indice è basato sulla stima dei costi e dei ricavi medi nell'arco dell'intera carriera produttiva della bovina. Per quanto riguarda i ricavi si utilizzano il prezzo medio del latte e i parametri di pagamento qualità. Per quanto riguarda i costi sono quantificati i costi necessari per l'allevamento della manza, tenendo conto dei fabbisogni di sostanza secca necessari per accrescimento, mantenimento e produzione, i costi legati alle problematiche sanitarie stimabili con gli indici genetici e genomici (fertilità, resistenza alla mastite, parto difficile). Tale indice viene espresso come differenza economica attesa (€) dei singoli animali (o delle figlie dei tori) rispetto alla base genetica di riferimento. Saranno necessari dei periodici aggiornamenti sia per quanto riguarda le stime dei valori economici, per adeguarli ai prezzi di mercato, sia per l'introduzione di nuovi indici genetici per benessere animale, resistenza alle malattie, efficienza alimentare e impatto ambientale che nel tempo si renderanno disponibili. A livello pratico l'indice viene espresso come utile netto, stimato sull'intera vita di una singola vacca (€), rispetto alla media della popolazione. L'indice viene pubblicato per i tori di fecondazione artificiale e per le bovine con indice genomico. La tabella riporta i pesi percentuali degli indici che compongono l'indice IES. La sua formula è la seguente:

$$\begin{aligned} \text{IES} = & 0,32 * \text{grasso kg} + 1,37 * \text{proteina kg} + 0,043 * \text{grasso\%} * 100 + \\ & 0,0188 * \text{proteina\%} * 100 - 5 * \text{statura} + 4 * \text{locomozione} + \\ & 1 * \text{profondità mammella} + 20,51 * (\text{longevità}-100)/5 + \\ & 6 * ((\text{scs}-100)/5,7) + 18 * ((\text{fertilità}-100)/5) + 3,35 * ((\text{bcs}-100)/5) + \\ & 3,51 * ((\text{facilità parto materna}-100)/5) \end{aligned}$$

che determina un rapporto tra produzione, funzionalità e morfologia pari al 39:51:10.

PRODUZIONE	PESO	FUNZIONALITÀ	PESO	MORFOLOGIA	PESO
Latte kg	0	Longevità	20,51	Statura	-5
Grasso kg	8	Cellule Somatiche	6	Locomozione	4
Proteina kg	27,62	Facilità Parto Vacca	3,51	Profondità Mammella	1
Grasso %	1	Fertilità	18		
Proteina %	2	Body Condition Score	3,35		

3. INDICE CASEIFICAZIONE E SOSTENIBILITÀ – PARMIGIANO REGGIANO (ICS-PR)

3.1. Indice ICS-PR

ICS-PR è l'indice che ha l'obiettivo di selezionare quegli animali le cui figlie massimizzano il profitto aziendale per le aziende che conferiscono il latte all'industria di trasformazione casearia per la produzione di formaggi a pasta dura a lunga stagionatura. L'indice deve considerare i nuovi orientamenti normativi nell'allevamento, essere redditizio per l'allevatore ed essere sostenibile nel contesto etico, socio-economico e ambientale. L'indice è basato sulla stima dei costi e dei ricavi medi per lattazione nell'arco dell'intera carriera produttiva della bovina. Per quanto riguarda i costi sono quantificati i costi necessari per l'allevamento della manza, i costi alimentari (tenendo conto dei fabbisogni di sostanza secca necessari per accrescimento, mantenimento e produzione), i costi legati alla trasformazione e al trasporto del latte, i costi legati alle problematiche sanitarie stimabili con gli indici genetici e genomici (fertilità, resistenza alla mastite, parto difficile). Per i ricavi si utilizzano i ricavi stimabili di tutta la carriera produttiva della bovina e il valore dell'animale a fine carriera. Nelle formule di predizione della resa in kg di formaggio vengono considerati i kg di grasso e di proteina, la conta delle cellule somatiche (CCS) e i genotipi della K-caseina. Tale indice viene espresso come utile netto, stimato sull'intera vita di una singola vacca (€), rispetto alla media della popolazione. Il gruppo di tori utilizzato per la stima dei pesi ha attendibilità > 50% e rank > 59. La tabella riporta i pesi percentuali degli indici che compongono l'indice ICS-PR. La sua formula è la seguente:

$$\begin{aligned} \text{ICS-PR} = & 0,05 * \text{grasso kg} + 0,30 * \text{proteine kg} - 0,02 * \text{statura} + \\ & 0,03 * \text{locomozione} + 0,02 * \text{profondità mammella} + \\ & 0,14 * ((\text{scs}-100)/5,70) + 0,09 * ((\text{facilità parto materna}-100)/5) + \\ & 0,10 * ((\text{longevità}-100)/5) + 0,05 * ((\text{mastite}-100)/5) + \\ & 0,20 * ((\text{fertilità}-100)/5) \end{aligned}$$

A questo va aggiunta una premialità di:

- 0,10 € / giorno di vita per figlie di toro k-caseina BB
- 0,05 € / giorno di vita per figlie di toro k-caseina AB

che determina un rapporto tra produzione, funzionalità e morfologia pari al 35:58:7.

PRODUZIONE	PESO	FUNZIONALITÀ	PESO	MORFOLOGIA	PESO
Latte kg	0	Cellule	14	Statura	-2
Grasso kg	5	Facilità parto	9	Locomozione	3
Proteina kg	30	Longevità	10	Profondità Mammella	2
		Mastite	5		
		Fertilità	20		

4. INDICI CARATTERI PRODUTTIVI E CELLULE SOMATICHE (SCS)

4.1. I dati

L'ANAFIBJ riceve ogni settimana dall'Associazione Italiana Allevatori (AIA) tutti i dati produttivi relativi a tutti i controlli mensili effettuati dai controllori delle Associazioni Regionali Allevatori (ARA). Per i controlli alternati o AT viene ricostruita la produzione del latte a 24 ore seguendo gli standard ICAR. Si utilizzano tutti i controlli disponibili. Ad ogni lattazione è attribuito un peso che ne indica l'accuratezza: il controllo AT vale il 98% rispetto ad un controllo A.

Si utilizzano tutti i controlli compresi fra 5 e 305 giorni e un massimo di tre lattazioni per vacca. Oltre ai normali controlli di regolarità formale e di contenuto, si eliminano i controlli considerati anomali rispetto alla curva stimata di ogni bovina per ogni lattazione.

4.2. Gli effetti ambientali

Si utilizza un modello a singoli controlli a regressioni casuali cioè tutti gli effetti sono stimati sulla base di una funzione che spiega la variazione di ciascuno dal 5° al 305° giorno di lattazione. Gli indici vengono calcolati contemporaneamente per latte, grasso, proteina e cellule, sfruttando in questo modo le informazioni sulle correlazioni genetiche e aumentando l'attendibilità totale della stima. Gli effetti fissi stimati comprendono l'età al parto, l'ordine di parto, la stagione di parto (primaverile o autunnale), la zona di produzione (Nord, Centro, Sud e Parmigiano Reggiano) e il quinquennio di produzione (a partire dal 1990).

Entro allevamento si calcola ogni anno, utilizzando tutti i controlli presenti, la variabilità media per latte, grasso e proteina. Questo parametro misura la variabilità delle produzioni aziendali intorno alla media: serve ad identificare gli allevamenti che hanno una variabilità superiore alla media e quelli che hanno una variabilità inferiore alla media, e a riportarli sulla scala "corretta". La scala "corretta" è la variabilità entro azienda delle vacche della base genetica. Questa correzione per l'eterogeneità della varianza entro allevamento fa sì che le differenze fra gli animali siano misurate su un'unica scala per tutte le aziende.

Gli animali si confrontano fra loro a parità di allevamento-anno-giorno di controllo e ordine di parto. Le vacche sono divise in primipare e pluripare. Questo ultimo effetto permette di tenere conto di tutti gli effetti gestionali all'interno dell'allevamento e nel tempo.

4.3. Gli effetti casuali

L'effetto dell'animale, da cui il modello statistico (Animal Model) prende il nome, è quello che permette di stimare il valore genetico di tutti gli animali della popolazione. Nel modello a singoli controlli a regressioni casuali si ipotizza che l'animale esprima un valore genetico diverso per ogni giorno di lattazione in risposta alle sollecitazioni

ambientali. Per ogni animale viene perciò stimata una funzione sulla base di cinque parametri. Inoltre, vengono considerati contemporaneamente gli animali con produzioni (le vacche) e quelli senza (i tori) con tutte le parentele che li legano fra loro. Questo consente di scomporre la deviazione dalle contemporanee negli effetti dovuti al padre e alla madre delle vacche con produzione, e di tenere in considerazione, per esempio, il fatto che sulle vacche migliori di una stalla si utilizzano prevalentemente i tori migliori sul mercato. Un secondo effetto ambientale è quello chiamato effetto ambientale permanente: ogni vacca può avere più di una lattazione. Ecco che allora è necessario stimare gli effetti gestionali occasionali che possono influenzare in modo negativo (es: una mastite che deteriora gravemente un quarto della mammella) o in modo positivo (es: una ottima interazione con l'ambiente sanitario) le produzioni dell'intera carriera. Anche in questo caso si stima una funzione a cinque parametri.

4.4. L'espressione dell'indice

I caratteri per cui si calcola l'indice sono la produzione di latte, grasso e proteina kg e le cellule somatiche.

4.4.1. Caratteri produttivi

L'ereditabilità utilizzata varia a seconda del giorno di lattazione e dell'ordine di parto ma è in generale intorno a 0,30, che stabilisce una proporzione di variabilità tra genetica e ambiente pari a 30:70.

I tre indici risultanti sono divisi per primo, secondo e terzo parto. L'indice finale è la combinazione di questi tre indici e prevede la produzione nella tre lattazioni e cioè:

$$EBV305_{tot} = 0,333 * EBV305_1 + 0,333 * EBV305_2 + 0,333 * EBV305_3$$

L'indice è espresso in chili e come deviazione da una base di riferimento o base genetica che determina il livello zero degli indici. La base genetica è mobile e viene aggiornata ogni anno nella valutazione di aprile. Essa ha lo scopo di esprimere l'indice rispetto al valore delle vacche di riferimento.

La base attuale è il livello genetico medio delle vacche nate nel triennio 2013-2015. Ogni aggiornamento farà slittare in avanti il triennio di un anno.

Il dato percentuale è ricavato in base al livello produttivo fenotipico delle vacche della base, quindi la lattazione a 305 giorni, che viene aggiornato ad ogni cambio. I valori dei parametri utilizzati sono rintracciabili e sempre aggiornati sulla pagina WEB dell'Associazione nella sezione degli Indici Genetici. È in base a questi parametri che si ricava l'indice a percentuali di ciascun animale secondo la seguente formula:

$$\text{grasso\%} = 100 * (\text{grasso base} + \text{grasso}) / (\text{latte base} + \text{latte}) - \text{grasso\% base}$$

$$\text{proteina\%} = 100 * (\text{proteina base} + \text{proteina}) / (\text{latte} + \text{base}) - \text{proteina\% base}$$

Un toro risulta ufficialmente provato quando ha almeno l'80% di attendibilità e almeno 30 figlie con 120 gg di lattazione. Per tutti i tori esteri si utilizza il dato INTERBULL, come da delibera n° 256 della Commissione Tecnica Centrale del 25/10/2013.

4.4.2. Cellule somatiche

L'ereditabilità utilizzata varia a seconda del giorno di lattazione e dell'ordine di parto e va da 0,17 a 0,25. L'indice risultante è diviso per primo, secondo e terzo parto ed è calcolato come media di cellule per giorno di lattazione. L'indice finale è la combinazione di questi tre indici cioè prevede il livello medio di cellule nelle tre lattazioni e quindi è uguale a:

$$EBV_{tot} = 0.333 * EBV305_1 + 0.333 * EBV305_2 + 0.333 * EBV305_3$$

L'indice è espresso su una scala che ha media 100 e deviazione standard uguale a 5 ed è espresso come deviazione da una base di riferimento o base genetica che determina il livello zero degli indici. La base è definita con gli stessi parametri descritti per gli indici produttivi. Anche per l'indice cellule somatiche per i tori esteri il dato ufficiale è quello dell'indice INTERBULL.

4.4.3. Indice persistenza e tasso di maturità

La struttura dell'indice che ci quantifica l'andamento del livello genetico lungo i 305 giorni ci permette di quantificare la componente genetica della persistenza. Per farlo misuriamo il rapporto percentuale che c'è fra la produzione a 280 giorni di lattazione rispetto alla produzione a 60 giorni. La scala dell'indice ha media 100 e deviazione standard 5. Ci sono indici di persistenza per le tre lattazioni e uno totale che è calcolato secondo la seguente formula:

$$PERS_{tot} = 0.50 * PERS_1 + 0.25 * PERS_2 + 0.25 * PERS_3$$

Il tasso di maturità misura invece la differenza in chili fra la materia utile (grasso e proteina) prodotta in terza lattazione rispetto alla materia utile prodotta in prima lattazione ed è poi riportato sulla scala degli indici funzionali con media 100 e deviazione standard 5. Ci dice quali sono i tori le cui figlie migliorano la loro performance nel corso delle lattazioni successive (valori superiori a 100) rispetto a quelli che danno il loro risultato migliore sulle primipare (valori inferiori a 100).

5. INDICE SALUTE DELLA MAMMELLA (MST)

5.1. I dati

I dati sono disponibili per tutti gli animali dai controlli mensili effettuati dai controllori delle ARA. I dati delle Conta di Cellule Somatiche (CCS) sulle singole misurazioni per animale sono stati trasformati in SCS ($SCS = \log_2(SCS/100.000)$).

È stato creato un indice in grado di sfruttare tutte le informazioni disponibili nel sistema di raccolta. I caratteri identificati sono stati validati con l'effettivo carattere oggetto di selezione, ossia la mastite clinica. Grazie ad un data-set a disposizione e con registrazioni effettive di presenza/assenza di mastite per vacca entro lattazione, sono stati identificati quattro caratteri maggiormente associati con l'effettiva presenza/assenza della mastite. Questi caratteri sono: la media SCS da 5 a 150 giorni di lattazione; la deviazione standard SCS entro lattazione; il numero di controlli funzionali con contenuto di CCS >400.000 ccs/ml sul numero totale di controlli funzionali e il numero di picchi di cellule durante la lattazione (numero di volte in cui CCS mostra un cambiamento tra <100.000 ccs/ml fino a 400.000 ccs/ml in 3 controlli funzionali successivi). Nella tabella sono riportate le correlazioni genetiche di questi quattro caratteri con il carattere mastite clinica e la loro ereditabilità. Questi indici combinati insieme in un indice aggregato, riescono ad identificare quali animali sono più resistenti alla mastite.

Carattere	Ereditabilità	Correlazione genetica con mastite clinica
Mastite clinica	3%	
SCS5-150	17%	39%
SCS_DS	5%	44%
Severità di infezione (%)	11%	41%
Picco	4%	51%

5.2. Gli effetti ambientali

Nel modello si tiene conto dell'effetto allevamento-anno-stagione, età al primo parto e del numero di misurazioni per lattazione.

5.3. Gli effetti casuali

L'unico effetto casuale di cui si tiene conto è quello dell'animale, quindi tenendo conto contemporaneamente del livello genetico di tori e vacche e di tutti gli antenati conosciuti.

5.4. L'espressione dell'indice

Al momento gli indici sono calcolati da fenotipi misurati su vacche primipare. L'ereditabilità dell'indice MST è del 15%. L'indice è espresso su una scala che ha media 100 e deviazione standard uguale a 5. Animali con indice superiore a 100 sono animali che daranno una prole geneticamente più resistente alle mastiti.

6. INDICI CARATTERI MORFOLOGICI

6.1. I dati

Sono utilizzati per il calcolo i dati delle valutazioni morfologiche relative a tutte le primipare punteggiate dagli ispettori ANAFIBJ con visite in azienda da uno a tre volte all'anno. A differenza dei dati produttivi la variazione in base all'età è più contenuta e non ci sono dati ripetuti. Per ogni animale si utilizza una sola valutazione.

6.2. Gli effetti ambientali

Esistono fra gli animali punteggiati in azienda differenze di età e di distanza dal parto che influenzano senza dubbio lo stato morfologico dell'animale. L'ispettore misura ciò che vede, spetta perciò al modello statistico tenere conto di questa differenza attraverso l'effetto di interazione fra età e stadio di lattazione e biennio di valutazione. Gli indici vengono calcolati contemporaneamente per tutti i caratteri lineari.

Gli animali vengono confrontati fra loro a parità di allevamento-anno-giorno di valutazione: questo permette di tenere conto contemporaneamente di tutti gli effetti gestionali interni ad ogni allevamento, dell'anno e dell'ispettore che ha effettuato la valutazione.

6.3. Gli effetti casuali

L'unico effetto casuale di cui si tiene conto è quello dell'animale. Si considerano tutte le relazioni di parentela esistenti tra gli animali della popolazione e questo permette di stimare il valore genetico di tutti gli animali e di tenere conto di accoppiamenti preferenziali e correttivi.

6.4. L'espressione degli indici

Si calcolano gli indici per tutti i caratteri lineari valutati a partire dal 1984 e per il punteggio finale. Lo zero degli indici è il livello genetico degli animali nati nel 2013-2015, ovvero la base genetica per cui valgono le stesse regole dei caratteri produttivi.

Tutti gli indici vengono standardizzati sulla variabilità delle vacche della base genetica. Questo fa sì che tutti i caratteri siano misurabili sulla stessa scala, da circa -3 a +3, sia per i tori che per le vacche. In realtà vacche e tori non variano allo stesso modo i tori miglioratori tendono a variare, soprattutto per i caratteri legati in modo positivo alla produzione, verso estremi positivi superiori a 3; pertanto, essendo animali altamente selezionati risultano molto superiori rispetto alla media delle vacche. La tabella nella pagina seguente riporta per tutti i caratteri i valori di ereditabilità utilizzati nel calcolo, la media fenotipica degli animali della base genetica e l'equivalenza in punti sulla scala lineare di una deviazione standard dell'indice. La tabella aggiornata al cambio di base è pubblicata sulla pagina web insieme agli indici.

L'indice è pubblicato quando un toro ha almeno 10 figlie in 5 allevamenti per tutti gli animali che hanno figlie in Italia. Per i tori di importazione con figlie non ancora valutate si utilizzano indici di conversione. Per i tori esteri il dato ufficiale è quello italiano di INTERBULL.

Base genetica 2013-2015

Carattere lineare	Ereditabilità	Media Base	DS in punti lineari
Statura	0,40	31,68	2,50
Forza e vigore	0,25	27,87	1,36
Profondità	0,30	30,84	1,54
Angolosità	0,23	28,68	1,20
Angolo groppa	0,23	24,87	1,64
Larghezza groppa	0,22	27,57	1,54
Arti posteriori visti di lato	0,16	25,59	0,99
Altezza tallone	0,10	25,47	0,79
Forza attacco anteriore	0,20	24,96	1,56
Altezza attacco posteriore	0,21	27,90	1,35
Larghezza attacco posteriore	0,24	29,76	1,06
Legamento	0,16	28,92	1,16
Profondità mammella	0,30	29,91	2,33
Posizione capezzoli anteriori	0,19	25,14	1,11
Dimensione capezzoli	0,19	22,98	1,25
Arti posteriori visti da dietro	0,06	27,03	0,67
Funzionalità arti e piedi	0,10	23,70	0,74
Posizione capezzoli posteriori	0,18	30,81	1,69
Conformazione	0,14	25,62	1,32
Locomozione	0,04	21,60	0,49
Body Condition Score (BCS)	0,03	2.97 (1-5)	0,48

7. INDICE PUNTEGGIO DI CONDIZIONE CORPOREA (BCS)

7.1. I dati

Il punteggio della condizione corporea è una misura visiva del grasso che copre le regioni pelviche e lombari; il suo punteggio è basato su una scala da 1 (molto sottile) a 5 (molto grasso) con incrementi di 0,25 punti. Per il calcolo dell'indice vengono utilizzate le valutazioni effettuate dagli ispettori. Tramite una valutazione visiva e/o tattile viene rilevata la quantità di grasso sottocutaneo accumulato in alcune regioni del corpo (es. zone attacco dei tendini, ossa non coperte da muscoli → ischio, coda...), in modo tale da poter definire l'apprezzamento delle riserve energetiche dell'animale. L'indice è stato inserito ufficialmente nella valutazione nazionale a partire da Dicembre 2013.

7.2. Gli effetti ambientali

Esistono fra gli animali presenti in azienda differenze di età, distanze di parto e livello produttivo che influenzano senza dubbio lo stato morfologico-metabolico dell'animale. L'ispettore misura ciò che vede, per questo il modello statistico usato tiene conto delle differenze attraverso l'effetto di interazione tra età e stadio di lattazione. Gli animali vengono confrontati tra loro a parità di anno-azienda-giorno di valutazione: questo permette di tenere conto contemporaneamente di tutti gli effetti gestionali interni ad ogni allevamento dell'anno e dell'ispettore che ha effettuato la valutazione.

7.3. Gli effetti casuali

L'unico effetto casuale di cui si tiene conto è quello dell'animale. Si considerano tutte le relazioni di parentela esistenti tra gli animali della popolazione e questo permette di stimare il valore genetico di tutti gli animali e di tenere conto di accoppiamenti preferenziali e correttivi.

7.4. L'unità di espressione dell'indice

L'indice genetico per il BCS viene espresso su scala con media a 100 e deviazione standard a 5, come per gli altri caratteri funzionali. I tori con indice superiore a 100 avranno vacche più conformate, con una condizione corporea preferibile. Possiamo vedere nel dettaglio la media fenotipica delle figlie in funzione del livello genetico dei tori. Ogni deviazione standard (che è uguale a 5 sulla scala dell'indice) vale circa 0,08 punti di BCS: tori con un livello genetico inferiore a 90 hanno figlie con BCS pari a 2,78, tori con EBV compreso tra 95 e 105 hanno figlie con BCS compreso tra 2,94 e 3,01 e tori con indici superiori a 110 hanno figlie con BCS pari a 3,16 punti.

Livello genetico del toro	Media fenotipica delle figlie
Inferiore a 90	2,78
Tra 90 e 94	2,85
Tra 95 e 99	2,94
Tra 100 e 104	3,02
Tra 105 e 109	3,09
Superiore a 110	3,16

8. INDICE DIFFICOLTÀ DI PARTO (DFP)

8.1. I dati

Durante il controllo il tecnico dell'ARA raccoglie anche tutte le informazioni disponibili riguardanti gli eventi (nascite, morti, vendite, fecondazioni, parti). I dati relativi ai parti includono anche una valutazione da parte dell'allevatore del grado di difficoltà su una scala di cinque classi dove:

A = parto facile

B = parto assistito da una sola persona

C = parto cesareo

D = parto difficile

E = embriotomia

I valori delle classi vengono riportati su una scala di difficoltà che va da 0 a 100 in cui il parto facile ha valore 0 e l'embriotomia ha valore 100. Il sesso del nato viene utilizzato per differenziare ulteriormente tra le diverse classi di difficoltà. I dati utilizzati per la valutazione partono dal 1987. Dalla valutazione di agosto 2003 vengono eliminati tutti i dati provenienti da aziende/anno che:

- hanno più del 92% di parti classificati come A;
- hanno più del 92% di parti classificati come B;
- hanno più del 15% di parti classificati come C e oltre.

8.2. Gli effetti ambientali

Vengono considerati nel modello l'interazione fra anno e mese di parto, l'interazione fra provincia e anno e l'interazione fra età della madre, il sesso del nato e ordine di parto.

8.3. Gli effetti casuali

Vengono considerati come casuali gli effetti di allevamento-anno, il toro e il nonno materno.

8.4. L'espressione dell'indice

Gli indici risultanti sono due: uno è quello per la facilità al parto del toro (padre del vitello nato) e l'altro è quello per la facilità al parto delle figlie (del toro che hanno partorito). Entrambi vengono riportati su una scala con media 100 e deviazione standard uguale a 5. I tori con valori superiori a 100 sono i tori che danno più facilità al parto come tori fecondatori o come padri di animali che partoriscono. L'ereditabilità è intorno al 10%, ad indicare che, per questo carattere, c'è una netta prevalenza degli effetti ambientali nel determinare che cosa accadrà davvero al momento del parto. Non c'è base genetica di riferimento in quanto non c'è selezione per questo carattere.

9. INDICE MUNGIBILITÀ

9.1. I dati

Due volte all'anno il controllore insieme ai dati produttivi e relativi agli eventi raccoglie anche informazioni sulla lentezza in mungitura delle vacche. In particolare chiede al mungitore di segnalare tutti gli animali che sono più lenti della media di stalla in fase di mungitura. Rilevazioni ripetute sullo stesso animale andranno a determinare il suo grado di lentezza: l'animale rilevato sempre lento ad ogni segnalazione avrà grado di lentezza 1, l'animale rilevato tre volte e segnalato lento una volta sola su tre avrà un grado di lentezza pari a 0,33 e così via. Le sue contemporanee saranno le compagne di stalla della prima rilevazione o delle prima rilevazione come lenta se ci sono state variazioni nel tempo.

9.2. Gli effetti ambientali

Gli animali su cui si effettua il rilevamento hanno ordine di parto diverso e di questo si tiene conto; si aggiusta anche per la quantità di latte prodotto il giorno del controllo e per l'allevamento-anno-giorno di controllo. Questi ultimi due effetti permettono: il primo di evitare di confondere la lentezza con un'alta produzione e il secondo di tenere conto della gestione aziendale di cui fa parte sostanziale la gestione dell'impianto di mungitura e del personale addetto.

9.3. Gli effetti casuali

Viene considerato l'effetto dell'animale, quindi si tiene conto dell'eventuale lentezza della madre dell'animale nello stimare il valore genetico dei tori.

9.4. L'unità di espressione dell'indice

Si pubblica solo l'indice dei tori e l'ereditabilità del carattere è pari al 6%, data la limitata accuratezza dei dati raccolti. Il dato è espresso come valore genetico su una scala con media a 100 e deviazione standard uguale a 5. Il valore 100 corrisponde ad una percentuale attesa di figlie lente che fa riferimento alla base genetica che come per i caratteri produttivi e morfologici è riferito alle vacche nate nel 2013-2015 (base 2021). Il valore medio della popolazione della base è pubblicato sulla pagina WEB nella sezione degli indici genetici. È intorno al 4%.

10. INDICE LONGEVITÀ (FHL)

10.1. I dati

L'archivio generale delle lattazioni mette a disposizione una preziosa informazione: la carriera produttiva di tutte le Frisone sottoposte ai controlli funzionali. Si sa per quante lattazioni un animale ha prodotto prima di scomparire da una azienda, a che livello produttivo le sue produzioni si collocavano rispetto alla media aziendale, ogni quanto ha partorito etc... Delle aziende, nel tempo si può osservare l'andamento: c'è chi è stabile, chi sta per chiudere e chi si sta ingrandendo. Tutti questi dati ci dicono, se analizzati opportunamente, la dinamica di eliminazione degli animali dall'azienda. Accanto ad animali che hanno già concluso la loro carriera, ci sono animali che l'hanno appena cominciata.

10.2. Gli effetti ambientali

La produzione varia nel tempo e così la situazione dell'animale all'interno di una azienda. Ci sono fattori stabili che non cambiano, come l'età al primo parto di un animale, che però determina la sua capacità di sopravvivere nel tempo. Ci sono fattori variabili come l'effetto dell'età per lo stadio di lattazione, il livello produttivo per il latte entro anno suddiviso in nove classi (quattro sotto media, medio, quattro classi sopra la media), il livello produttivo entro anno per il grasso percentuale (5 classi), il livello produttivo entro anno per la proteina percentuale (5 classi), le variazioni annuali di dimensione dell'allevamento e infine l'effetto anno-stagione sul quale influiscono fattori estranei quali risanamenti, dinamiche di mercato (le quote) o patologie che portano ad eliminazione straordinaria di animali.

10.3. Gli effetti casuali

Vengono considerati l'effetto del toro, del nonno materno e quello dell'allevamento-anno-stagione. Il modello utilizzato basato sulle funzioni di sopravvivenza derivate dagli studi di medicina si chiama analisi di sopravvivenza ed utilizza un sire-maternal grandsire model.

10.4. L'indice combinato

L'attendibilità dell'indice di sopravvivenza dei tori, soprattutto per gli animali giovani, quelli cioè che hanno tutte le figlie ancora in produzione, è decisamente basso, poco più di un indice pedigree. Un indice di questo genere ci dice ancora poco sulla reale sopravvivenza delle sue figlie. Sappiamo però che dalla valutazione morfologica delle stesse figlie è possibile ricavare un'informazione parziale sulla loro longevità. Da qui nasce l'indice composto per la longevità: indice di sopravvivenza, indice arti e piedi e mammella vengono combinati, tenendo conto della correlazione genetica esistente fra i diversi caratteri, per dare l'indice finale sulla longevità. In particolare la correlazione tra mammella e longevità funzionale è pari a 0,48 e quella tra arti e piedi e longevità è pari a 0,14.

10.5. L'unità di espressione dell'indice

Si pubblica solo l'indice dei tori che hanno almeno un 50% di attendibilità. L'ereditabilità del carattere è pari all'10%. Il dato di longevità è espresso come valore genetico su scala con media a 100 e deviazione standard uguale a 5 come per gli altri caratteri funzionali. I valori minimi e massimi vanno da circa 80 a 120. I tori che danno figlie più longeve hanno valori superiori a 100.

10.6. Che cosa significa davvero

Il concetto di longevità funzionale non è semplice da spiegare: non è la longevità bruta che è possibile osservare in azienda, perché quest'ultima è legata al livello produttivo degli animali. Il concetto di longevità stesso è poi legato alla fertilità, alla salute dell'animale etc...

Tuttavia tra la longevità funzionale e la longevità vera, cioè il numero di lattazioni che gli animali sono in grado di realizzare nella loro carriera, c'è una relazione precisa.

Per provare a quantificare la differenza reale tra animali portatori di geni molto positivi per la longevità e animali portatori di geni con effetti molto negativi sulla longevità delle loro figlie, abbiamo analizzato più in dettaglio i dati dei tori con più di 200 figlie nati tra il 1980 e il 1988. Le differenze che abbiamo osservato sono riportate nella tabella qui sotto.

Livello genetico	Numero medio di lattazioni figlie	Numero medio di lattazioni figlie eliminate
Inferiore a 90	2,30	2,10
Intorno a 100	2,58	2,30
Superiore a 110	3,20	2,90

La differenza attesa è dunque pari ad una lattazione.

11. INDICE FERTILITÀ FEMMINILE (IAF)

11.1. I dati

L'archivio generale delle fecondazioni e quello dei parti e diagnosi di gravidanza costituiscono le informazioni di base che vengono utilizzate per il calcolo dell'indice fertilità. Su questi archivi vengono fatti una serie di controlli di qualità che portano a non utilizzare per il calcolo circa il 20% dei dati. Le eliminazioni sono dovute principalmente a prime fecondazioni dubbie. Insieme a questi due archivi si utilizzano anche gli archivi delle valutazioni lineari e quello delle lattazioni. Per la valutazione genetica di un carattere complesso come è la fertilità si utilizzano infatti, tutti insieme, caratteri diretti e caratteri indiretti. I caratteri diretti sono: l'età alla prima inseminazione (per le manze), il tasso di non ritorno a 56 giorni (per vacche e manze), l'intervallo parto-prima inseminazione (solo vacche) e l'intervallo fra prima e ultima inseminazione (per vacche e manze). I caratteri indiretti sono il BCS (solo vacche) e la produzione in prima lattazione a 305 giorni EVM (solo vacche). Tutti questi caratteri sono misurati sulle figlie primipare e manze dei tori allo scopo di valutare l'effetto genetico del toro attraverso la fertilità delle loro figlie. Tutti e cinque i caratteri misurati sulle vacche vengono utilizzati contemporaneamente in modo da poter sfruttare al meglio le correlazioni genetiche esistenti tra i caratteri ed aumentare in questo modo la precisione delle stime. Lo stesso vale per i tre caratteri misurati sulle manze. I due indici aggregati stimati sulle vacche e sulle manze sono combinati tra loro producendo l'IAF pubblicato, composto per un 90% dall'IAF misurato sulle vacche e per un 10% dall'IAF misurato sulle manze.

11.2. Gli effetti ambientali

Ognuno degli otto caratteri è influenzato da fattori ambientali differenti. È per questa ragione che ognuno di essi ha il suo modello statistico. I fattori considerati per l'intervallo parto-prima fecondazione e per l'intervallo prima-ultima inseminazione (per le vacche) sono:

- a) l'allevamento-anno-stagione di parto,
- b) il mese di parto,
- c) l'età al parto entro anno di parto;

per il tasso di non ritorno a 56 giorni (per le vacche) si considerano:

- a) l'allevamento-anno-stagione di parto,
- b) il mese di fecondazione,
- c) l'età al parto entro anno di parto;

i fattori ambientali considerati per il BCS sono gli stessi che utilizziamo per la valutazione di tutti i caratteri morfologici:

- a) allevamento-anno di valutazione e turno di valutazione,
- b) età al parto-stadio di lattazione,
- c) anno di parto;

per l'età alla prima inseminazione (per le manze) sono:

- a) azienda-anno di nascita,
- b) mese di nascita;

per l'intervallo prima-ultima inseminazione (per le manze) e per il tasso di non ritorno a 56 giorni (per le manze) si considerano:

- a) azienda-anno di nascita-stagione di nascita,
- b) anno di inseminazione-mese di inseminazione.

Infine per il latte (305EVM) si considera semplicemente l'effetto di allevamento-anno-stagione di parto.

11.3. Gli effetti casuali

Viene considerato l'effetto dell'animale, quindi tenendo conto contemporaneamente del livello genetico di tori e vacche e di tutti gli antenati conosciuti. È un modello animale a caratteri multipli.

11.4. L'indice combinato

Alla fine del calcolo si ottengono otto indici. L'obiettivo per cui vogliamo utilizzare questi indici è quello di migliorare la fertilità in generale. Per fare questo in modo semplice e chiaro è stato scelto di migliorare il tasso di concepimento al primo servizio. Questa caratteristica genetica è legata a tutti gli otto caratteri che abbiamo utilizzato e l'indice finale li combina insieme ottimizzando il risultato che cerchiamo, dando a ciascuno l'importanza riportata nelle tabelle qui sotto.

Per le vacche:

Carattere	Correlazione genetica con Tasso di concepimento	Importanza relativa nell'indice, %
Parto-prima INS	-0,30	16
Tasso Non Ritorno 56gg	0,77	13
Intervallo prima-ultima INS (IFL)	-0,89	55
BCS	0,28	7
Latte EVM	-0,29	9

Per le manze:

Carattere	Correlazione genetica con Tasso di concepimento	Importanza relativa nell'indice, %
Età alla prima inseminazione	-0,06	10
Tasso Non Ritorno 56gg	0,67	43
Intervallo prima-ultima INS (IFL)	-0,73	47

11.5. L'espressione dell'indice

Si pubblica solo l'indice dei tori che hanno almeno un 50% di attendibilità. L'ereditabilità dei singoli caratteri varia dal 2 al 26%. Il dato di fertilità è espresso come valore genetico (IAF) su scala con media a 100 e deviazione standard uguale a 5 come per gli altri caratteri funzionali. I valori minimi e massimi vanno da circa 80 a 120. I tori che danno figlie più fertili hanno valori superiori a 100.

11.6. Che cosa significa davvero

Nonostante l'ereditabilità bassa, soprattutto per i caratteri diretti, la variabilità genetica fra gli animali è elevatissima. Nei soli tori rank 95 per PFT troviamo animali che hanno indice 85 e altri che arrivano a 110. Ogni deviazione standard (che è uguale a 5 sulla scala dell'indice) in positivo vale, per le vacche: +5% di tasso di concepimento, -11 giorni sull'intervallo tra prima e ultima inseminazione, -3 giorni sull'intervallo parto-prima inseminazione e +3% di tasso di non ritorno a 56 giorni; mentre per le manze: +2% di tasso di concepimento, -1,45 giorni sull'intervallo tra prima e ultima inseminazione, +0,1 mesi di età alla prima inseminazione e +2% di tasso di non ritorno a 56 giorni.

Le differenze osservate tra i tori migliori e peggiori sono:

Livello genetico Toro	Media Fenotipica Figlie				
	IFL	BCS	Intervallo parto – 1 ^a inseminazione	Tasso non-ritorno a 56 giorni	Tasso di concepimento
Inferiore a 95	86,81	2,96	89,24	54%	28%
Tra 95 e 105	73,14	2,99	87,27	57%	33%
Superiore a 105	62,05	3,03	84,72	60%	38%

Livello genetico Toro	Media Fenotipica Figlie			
	IFL	Età alla 1 ^a inseminazione	Tasso non-ritorno a 56 giorni	Tasso di concepimento
Inferiore a 95	29,80	17,1	75%	58%
Tra 95 e 105	27,32	17,2	77%	60%
Superiore a 105	25,87	17,3	79%	62%

12. INDICATORE FERTILITA' MASCHILE (BFE)

12.1. I dati

Per il calcolo di questo indicatore della fertilità maschile, vengono utilizzati i dati presenti nella banca data ANAFIBJ sul tasso di non ritorno a 56 giorni (NR56) che a partire dal 2006 è disponibile per tutte le vacche in lattazione. Sulla base di queste informazioni è stato possibile calcolare la percentuale del tasso di non ritorno per tutti i tori di servizio. I dati utilizzati prendono in considerazione le inseminazioni degli ultimi 5 anni e i tori con età superiore ai 15 mesi. In questo modo vengono utilizzate le informazioni più utili e recenti, evitando così alterazioni nel risultato finale.

12.2. Gli effetti ambientali

È stato definito un modello di analisi per calcolare questo indicatore, sulla base di modelli presenti in bibliografia, facendo degli aggiustamenti che prendessero in considerazione aspetti legati all'età del toro e la sua provenienza considerando nello specifico lo stato del toro (genomico, progenie, provato) e il centro di F.A. che produce il seme, e aspetti legati alla fertilità delle vacche come l'intervallo tra il parto e il concepimento, espresso come classi di days-open, l'energia spesa nella produzione di latte (EVM) e l'ordine di parto. Gli animali vengono confrontati tra loro a parità di anno-azienda-giorno di inseminazione, permettendo di tenere conto contemporaneamente di tutti gli effetti gestionali interni ad ogni allevamento.

12.3. Gli effetti casuali

Vengono considerati come effetti casuali l'effetto del toro e l'effetto ambientale permanente della vacca.

12.4. L'espressione dell'indicatore

L'indicatore del BFE viene espresso su scala 100 e deviazione standard a 5, come per gli altri caratteri funzionali. I tori con indice superiore a 100 risulteranno più fertili rispetto alla media della popolazione. Tale indicatore sarà disponibile per tutti i tori italiani ed esteri utilizzati in Italia e con almeno 80% di attendibilità.

13. INDICE PREDETTO EFFICIENZA ALIMENTARE (PFE)

13.1. I dati

Per il calcolo di questo indice vengono utilizzati i dati presenti nella banca dati ANAFIBJ provenienti dai controlli funzionali e dalle valutazioni morfologiche. Sulla base dei dati di conformazione viene stimato il peso dell'animale, che viene poi corretto per l'età al momento del controllo funzionale, mentre dai controlli funzionali viene estratta la produzione latte e corretta per la % di grasso: i valori ricavati vengono utilizzati per predire l'ingestione di sostanza secca. Il rapporto fra la quantità di latte prodotta il giorno del controllo, corretta per i titoli di grasso e proteine, e l'ingestione alimentare predetta, rappresenta l'efficienza alimentare dell'animale. Viene utilizzato un modello animale di ripetibilità (basato su misure ripetute della stessa caratteristica sullo stesso animale).

13.2. Gli effetti ambientali

Gli effetti ambientali (fissi) utilizzati nel modello comprendono l'interazione fra età al parto e ordine di parto, l'interazione fra i giorni di lattazione raggruppati in classi di 30 e l'ordine di parto e l'effetto allevamento-anno-giorno di controllo.

13.3. Gli effetti casuali

Vengono considerati come effetti casuali l'effetto dell'animale e l'effetto ambientale permanente della vacca.

13.4. L'espressione dell'indicatore

L'indice relativo all'efficienza alimentare viene espresso su scala 100 e deviazione standard 5, come per gli altri caratteri funzionali. I tori con indice superiore a 100 trasmetteranno una maggior efficienza alimentare rispetto alla media della base genetica.

Carattere	Ereditabilità	Media fenotipica	Deviazione standard fenotipica
Efficienza alimentare	0,32	1,27	0,03

14. VALUTAZIONE GENOMICA

Da dicembre 2011 la genomica, branca della genetica che si occupa dello studio del genoma (patrimonio genetico), è diventata uno degli strumenti selettivi al servizio degli allevatori di Frisona Italiana. Sino ad oggi gli strumenti utilizzati per stimare il valore genetico degli animali da reddito si basavano su 2 tipi di informazioni:

- a. dati fenotipici (risultati progenie)
- b. anagrafica (padre, madre e progenie)

Con l'avvento di nuove tecnologie di analisi del DNA è ora possibile "conoscere", per ogni animale, una parte dei suoi geni (genotipo), stimarne il valore e calcolare un **indice genomico**.

Questa nuova metodologia permette di:

1. stimare con un'attendibilità maggiore rispetto ad un indice pedigree il valore genetico di un animale giovane;
2. ridurre l'intervallo di generazione;
3. massimizzare la scelta dei torelli da inviare alle prove di progenie e/o da utilizzare come padri e madri;
4. aumentare l'attendibilità dei tori in prova quando il numero di figlie è limitato;
5. selezionare le migliori vitelle per la rimonta.

Il calcolo di un indice genomico è basato in sintesi su:

1. genotipizzazione dei singoli animali;
2. raccolta fenotipi (indici genetici tradizionali – EBV);
3. stima valore dei singoli marcatori (SNP) che compongono il genotipo;
4. calcolo indice genomico diretto (DGV) e complessivo (GEBV).

ANAFIBJ è ufficialmente accreditata a livello internazionale dall'ICAR, per la verifica dei genitori. Inoltre, ANAFIBJ partecipa al progetto Interbull GenoEX-PSE, in base al quale vengono scambiati i marcatori di parentela in modo da poter verificare le progenie proveniente da tori esteri.

14.1. I dati

I dati utilizzati per la stima degli effetti dei marcatori, si riferiscono sia ai genotipi dei tori che ai loro indici genetici tradizionali (EBV), utilizzati come fenotipo di partenza per la stima degli effetti dei singoli marcatori. Per quanto riguarda i genotipi, questi sono stati raccolti attraverso la collaborazione di ANAFIBJ con 2 progetti di ricerca (SelMol e Prozo), un accordo di collaborazione con i centri di F.A. italiani, scambi di materiale con alcuni Paesi Europei (Irlanda e Svizzera) e con un accordo internazionale siglato con il Nord America, con l'Inghilterra e con la Svizzera. Molti altri hanno fornito anche genotipi. In totale sono ora disponibili oltre 260 mila animali con genotipi. La base dati genomica disponibile a Maggio 2019 è riportata nella tabella seguente:

Base dati genomica	Numerosità
Totale tori genotipizzati	206.897
Totale manze/vacche genotipizzate	58.691
Popolazione di training	33.932

Va ricordato, inoltre, che il numero di animali genotipizzati è in continuo aumento in quanto i vari centri di F.A. e allevatori continuano a raccogliere campioni dai vitelli, al fine di pre-selezionare i migliori.

14.2. Modello statistico

Per poter calcolare un indice genomico è necessario stimare il valore dei singoli marcatori (attualmente oltre 68 mila) che compongono il genotipo di un animale. Questa stima presuppone l'utilizzo di un modello matematico che partendo dagli indici tradizionali di un gruppo di tori ad alta attendibilità (tori provati) fornisca delle equazioni di stima basate appunto sui marcatori individuali. Queste equazioni potranno essere utilizzate per calcolare il valore genomico degli animali giovani o senza progenie. Schematicamente il processo di stima può essere così riassunto:

1. pulizia dei dati in entrata (controllo sesso, call rate, genitori)
2. identificazione popolazione di riferimento (tori provati)
3. stima effetti marcatori utilizzando EBV tradizionali della popolazione di riferimento
4. calcolo indice genomico per tutti gli animali

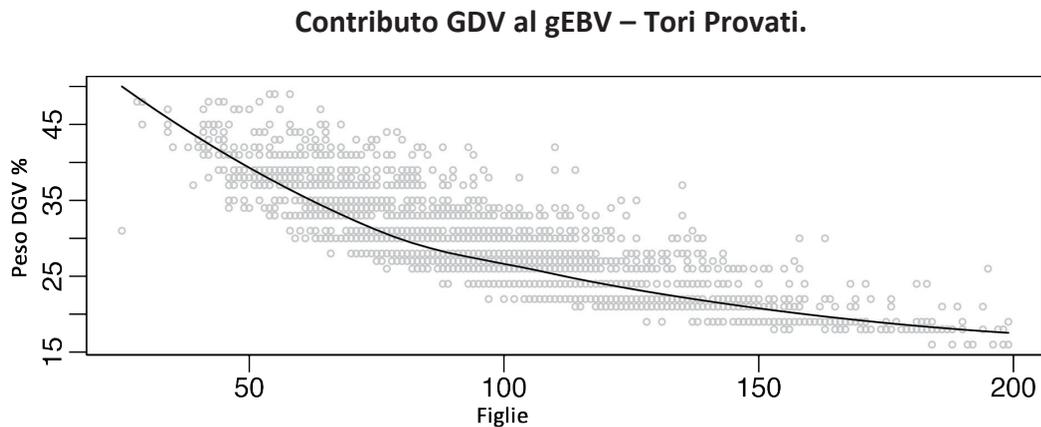
Il modello utilizzato in ANAFIBJ per la stima degli effetti include non solo i 68 mila marcatori che si ottengono dopo le iniziali operazioni di editing (pulizia) ma anche un effetto così detto "poligenico", inserito nel modello attraverso le informazioni di parentela degli animali. La parte della variabilità non spiegata dai marcatori genetici può essere "recuperata" incorporando le parentele tra gli animali nel modello:

$$DGV = \text{Marcatori} + \text{Parentela Classica} + \text{errore}$$

14.3. Indice Genomico dei tori

Una volta ottenuto il valore dei singoli marcatori è possibile calcolare un indice genomico diretto sia per i tori con figlie che per quelli senza figlie (tori giovani). Nel caso dei tori con figlie, l'informazione genomica diretta è combinata con l'indice tradizionale in modo da aumentarne l'attendibilità. Il risultato finale è il GEBV. Il peso delle due informazioni (genomico diretto e EBV tradizionale) dipende dal numero di figlie disponibili; all'aumentare del numero di figlie, diminuisce il peso dell'indice genomico diretto. Questo rapporto può essere osservato nella figura 1, dove è riportato per il GPFT, il peso della genomica in funzione del numero di figlie.

Figura 1. **Tori provati.** Contributo dell'indice genomico diretto in funzione del numero di figlie.



Nel caso dei tori giovani (un toro giovane non ha figlie, quindi non è disponibile un indice tradizionale), viene utilizzato l'indice genomico diretto (GDV) è ottenuto direttamente dal modello senza combinarlo con altre informazioni.

14.4. Indice Genomico delle femmine

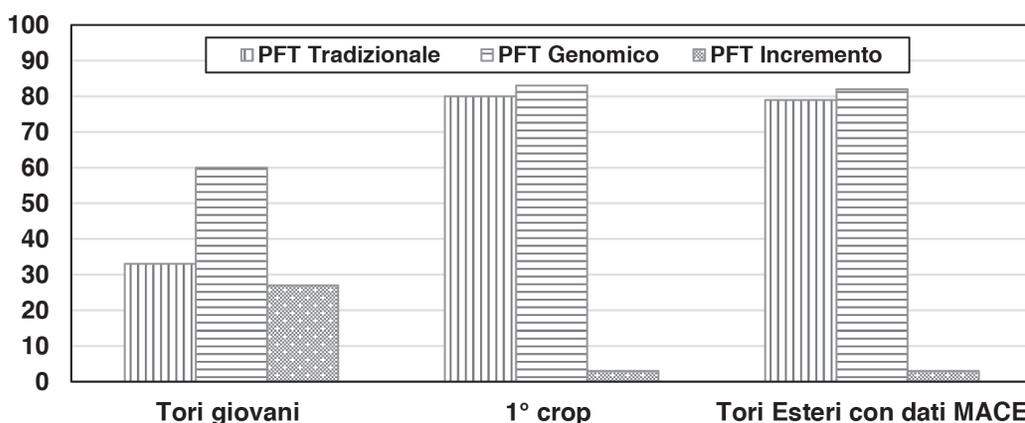
Lo stesso approccio della genomica maschile si può applicare anche alla selezione femminile. Possono essere calcolati gli indici genomici di tutti i caratteri eccetto la facilità di parto, la mastite e la mungibilità. Per gli animali giovani, dei quali non si hanno a disposizione informazioni sulle loro performance o sulla loro progenie, viene sempre usato solamente l'indice calcolato con l'analisi del DNA (GDV). Nel caso delle vacche che hanno informazioni sulle loro performance (lattazioni, punteggi ecc..) il loro indice tradizionale (IGV) non è basato solo sul pedigree ma anche su loro fenotipo. Per questo nel calcolare l'indice genomico si combinano l'indice tradizionale (IGV) e quello calcolato con l'analisi del DNA (GDV). Il peso dell'indice tradizionale IGV nell'indice genomico dipende dalla sua attendibilità (e quindi dal numero di lattazioni) ma è comunque inferiore rispetto a quanto accade con i tori provati. Infatti gli indici convenzionali delle vacche hanno meno informazioni rispetto ai tori provati, per cui l'attendibilità, e quindi il peso è molto più basso. In pratica mentre per i tori provati il loro indice genomico è simile a quello calcolato con le figlie, nelle vacche si riscontrano maggiori differenze tra il loro IGV e l'indice genomico. Per gli animali giovani, di cui non sono disponibili informazioni sulle loro prestazioni o sulla loro progenie, viene utilizzato l'indice genomico diretto (GDV). Riassumendo:

Indici	Tori Provati	Torelli/Manze/Vitelli	Vacche
Indice Tradizionale (IGT/IGV)	Pedigree + Fenotipi figli	Pedigree	Pedigree + Fenotipo
Indici Genomico Diretto (GDV)	DNA + Pedigree	DNA + Pedigree	DNA + Pedigree
Indice Genomico (GEBV)	GDV & IGT	GDV	GDV & IGV

14.5. Attendibilità

Uno dei più grossi vantaggi della valutazione genomica risiede nella maggiore attendibilità degli indici ottenuti, soprattutto nel caso dei tori senza figlie. Se un toro giovane viene valutato solo attraverso un indice pedigree, la sua attendibilità supera raramente il 35%. Attraverso l'uso della genomica è possibile ottenere degli indici con attendibilità intorno al 65-70%, circa il doppio rispetto a quella ottenuta con il metodo classico. Lo stesso ragionamento vale anche per le femmine, gli indici genomici hanno un'attendibilità tra 60 e 70% per diversi caratteri. Ciò significa che una manza appena nata con l'analisi del DNA ha circa la stessa attendibilità di una vacca con 3 lattazioni. Questo forte aumento di attendibilità, rispetto all'indice pedigree tradizionale che ha circa il 30% di attendibilità, dovrebbe spingere ad utilizzare maggiormente il numero di manze utilizzate come potenziali madri di toro. Nella figura 2 si può osservare, per l'indice di selezione nazionale (PFT), la differenza di attendibilità ottenuta con la valutazione tradizionale e quella genomica sia per i tori provati (Italiani od esteri) che per quelli giovani.

Figura 2. **Attendibilità Tradizionale e Genomica.** Indice di selezione nazionale (PFT) sia per tori provati che per quelli giovani

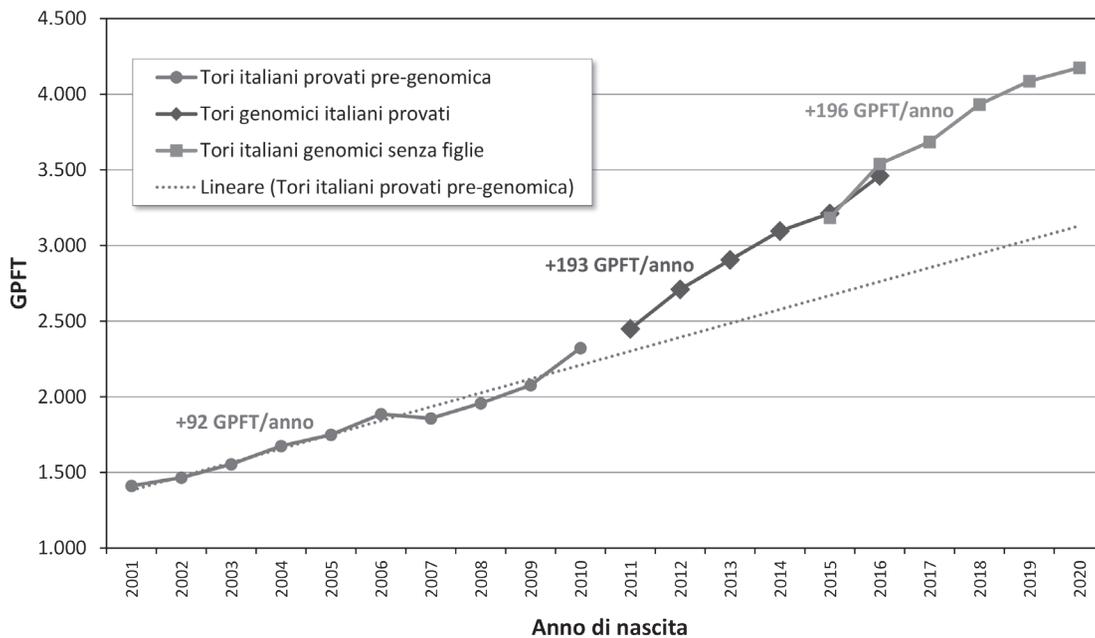


Nel caso dei tori giovani l'incremento medio per il PFT è di circa il 25%, mentre per i tori provati l'incremento è più ridotto. Questo è un risultato atteso perché sta ad indicare che per i tori con figlie, la genomica aggiunge poco: sono le figlie che forniscono i dati per la stima.

14.6. Trend Genetico

Il trend del GPFT negli ultimi anni ha avuto un incremento notevole; nel grafico del GPFT si nota facilmente come l'incremento annuale del GPFT dal 2009 al 2020 sia decisamente superiore a quello del periodo pre-genomica.

Figura 3. Trend genetico per gPFT. L'impatto della genomica sul programma di selezione della razza, trend genetico del gPFT per i tori provati e per i giovani tori.



I tori provati nati fino al 2009 erano selezionati senza l'uso della genomica, mentre già nel 2010 la genomica inizia ad avere un impatto sul sistema. Una linea di tendenza tratteggiata (rossa) è riportata per evidenziare quale sarebbe stato il trend genetico senza l'introduzione della genomica. Se guardiamo al periodo 2009-2020 si può notare:

- La linea di tendenza tratteggiata in rosso mostra un progresso genetico di 92 punti all'anno;
- La linea blu indica tori genomici con figlie, che confermano che la genomica ha soddisfatto le sue promesse con risultati eccellenti;
- Nel periodo con l'uso della genomica vediamo un progresso genetico di 194 punti all'anno. La differenza quindi mostra che l'uso della genomica ha portato ad un incremento del GPFT di 102 punti extra. Quindi si può dire che la genomica ha aggiunto il 111% extra di progresso genetico.

14.7. Aplotipi e Fattori Genetici

La genomica è in continua evoluzione e di continuo vengono aggiunti nuovi DNA chip, potendo così identificare disordini genetici e/o caratteri di interesse zootecnico non ancora identificati. Grazie all'analisi del DNA e della genealogia possiamo verificare quali animali sono portatori di questi caratteri. Negli ultimi anni, si è data particolare attenzione agli aplotipi (segmenti di DNA) e ai fattori genetici (singoli geni conosciuti). Quando il gene causale è sconosciuto viene usato un segmento del DNA mentre quando il gene causale è conosciuto viene applicato un test diretto sul fattore genetico. Nel caso dei fattori genetici si usano soltanto 1 o 2 marcatori con un impatto funzionale e non un gruppo di marcatori, come per l'identificazione degli aplotipi.

La disponibilità di questi test sul DNA permette di:

- monitorare la presenza di caratteri (desiderati o non desiderati)
- sfruttare caratteri desiderati
- ridurre la presenza di caratteri non desiderati o evitare che vengano diffusi
- evitare accoppiamenti rischiosi
- evitare investimenti in torelli con caratteri non desiderati o con difetti genetici.

In questa maniera per i centri di F.A. si riducono i rischi nel fare investimenti su torelli che successivamente potrebbero manifestare alcuni di questi difetti genetici, mentre il vantaggio per gli allevatori è quello di ridurre e/o evitare i problemi di salute nel loro allevamento. In questo modo la genomica sta fornendo valore aggiunto agli allevatori.

La tabella riporta tutti i caratteri genetici attualmente sotto controllo. Da novembre 2015 sono stati aggiunti i test diretti su marcatori che determinano alcuni fattori genetici, come la K-caseina.

Caratteri genetici ora in monitoraggio

Carattere	Letale	Effetto
Riproduzione	S	Brachispina, HH1, HH2, HH3, HH4, HH5, HH6, BLAD, Atrofia muscolare spinale, Citrullinemia, CVM, DUMPS, Dismielinizzazione spinale, Distonia muscolare congeniale, Malattia di sciropo d'acero, Osteopetrosi
Piedi	S	Sindattilia (Mulefoot)
Corna	N	Polled (Senza corna)
Sopravvivenza	S	Carenza di colesterolo, Cardiopatia dilatativa, Factor XI, Sindroma Ehlers-Danlos
Pelo	N	Rosso recessivo, Rosso dominante, Telstar, Silver color dilutor
Latte	N	Alfa S2 caseina, Beta-caseina AB, Beta-Lactoglobulina, Kappa-caseina AB, Kappa-caseina ABE, Kappa-caseina ABCE

Da febbraio 2016 ANAFIBJ ha aggiunto il processo di imputazione (stima di parti di genotipo mancanti utilizzando informazioni di individui con gli stessi segmenti di DNA) anche sui difetti genetici, permettendo così di avere informazioni su animali genotipizzati con pannelli di DNA dove questi fattori non sono inclusi. Grazie all'imputazione l'informazione di questi fattori genetici viene estratta anche per animali genotipizzati con altri pannelli di DNA (pannelli che non contengono informazioni su questi fattori). Importante è sottolineare che i pannelli di DNA senza informazioni sui fattori genetici non hanno a disposizione un test diretto per la loro identificazione, ma grazie all'imputazione è possibile rintracciare la trasmissione di segmenti di DNA che contengono i fattori genetici. Ad oggi l'informazione su questi difetti è disponibile su circa 300 mila animali. Per ogni animale è specificato se il risultato è basato su un test diretto o proviene dall'imputazione. Importante è sottolineare che i test con imputazione sono soltanto indicativi e quindi non essendo ufficiali non vengono pubblicati, ma tali informazioni sono disponibili per i centri di F.A. e piani di accoppiamento.

RAZZA JERSEY

1. INDICE DI SELEZIONE

1.1 Indice Qualità Jersey (IQJ)

È l'indice di selezione della razza Jersey in Italia. Introdotto per la prima volta nel 2001, prendeva in considerazione solo il contenuto di latte e proteina; successivamente nel 2005 vengono apportate delle modifiche che riguardano l'introduzione della morfologia della mammella nell'indice stesso, con l'obiettivo di avere animali produttivi ma al tempo stesso maggiormente funzionali. Attualmente il rapporto tra produzione e morfologia è 84:16, come riportato in dettaglio nella tabella sottostante

La formula dell'IQJ è la seguente:

$$\text{IQJ} = 1,33 \times (-0,03 \times \text{latte kg} + 2,94 \times \text{proteina kg} + 1,55 \times \text{forza attacco anteriore} + 1,51 \times \text{legamento} + 13,06 \times \text{profondità della mammella})$$

Pesi percentuali degli indici che compongono l'IQJ:

PRODUZIONE	PESO	FUNZIONALITÀ	PESO
Latte Kg	19	Forza attacco anteriore	2
Grasso Kg	0	Legamento	2
Proteina Kg	65	Profondità mammella	12

2. INDICI CARATTERI PRODUTTIVI

2.1 I dati

I dati produttivi relativi a tutti i controlli mensili effettuati dai controllori delle ARA vengono ricevuti mensilmente dall'Associazione Italiana Allevatori (AIA). Si utilizzano tutti i controlli compresi fra 5 e 305 giorni e un massimo di tre lattazioni per vacca. Oltre ai normali controlli di regolarità formale e di contenuto, si eliminano i controlli considerati anomali rispetto alla curva stimata di ogni bovina per ogni lattazione.

2.2 Gli effetti ambientali

Si utilizza un modello animale. Gli indici vengono calcolati contemporaneamente per latte, grasso e proteina, in questo modo vengono sfruttate le informazioni sulle correlazioni genetiche e viene aumentata l'accuratezza totale della stima. Gli effetti fissi stimati comprendono l'ordine di parto, la stagione di parto, data parto e l'età del parto.

Entro allevamento si calcola ogni anno, utilizzando tutti i controlli presenti, la variabilità media per latte, grasso e proteina. Questo parametro misura la variabilità delle produzioni aziendali intorno alla media. Serve ad identificare gli allevamenti che hanno una variabilità superiore alla media e quelli che hanno una variabilità inferiore alla media e a riportarli sulla scala corretta.

La scala "corretta" è la variabilità entro azienda delle primipare nate nel fra 2010 e il 2015 (le vacche della Base Genetica). Questa correzione per l'eterogeneità della varianza entro allevamento fa sì che le differenze fra gli animali siano misurate su un'unica scala per tutte le aziende.

Gli animali si confrontano fra loro a parità di allevamento-anno-giorno di controllo e ordine di parto. Le vacche sono divise in primipare e pluripare. Questo ultimo effetto permette di tener conto di tutti gli effetti gestionali all'interno dell'allevamento e nel tempo.

2.3 Gli effetti casuali

L'effetto dell'animale, da cui il modello statistico (Animal Model) prende il nome, è quello che permette di stimare il valore genetico di tutti i soggetti della popolazione, sia maschi che femmine tenendo conto delle relazioni di parentela che esistono tra di essi.

2.4 L'unità di espressione dell'indice

I caratteri per cui si calcola l'indice sono la produzione di latte, grasso e proteina kg. L'indice è espresso in chili e come deviazione da una base di riferimento (o Base Genetica) che determina il livello zero degli indici. La base genetica è fissa e viene aggiornata ogni 5 anni nella valutazione di aprile. Essa ha lo scopo di esprimere l'indice rispetto al valore delle vacche attualmente presenti nelle stalle.

La base attuale è il livello genetico medio delle vacche nate nel quinquennio 2010-2015. Il dato percentuale è ricavato in base al livello produttivo fenotipico delle vacche della base, quindi la lattazione a 305 giorni, che viene aggiornato ad ogni cambio. I valori dei parametri utilizzati sono rintracciabili e sempre aggiornati sulla pagina

WEB dell'Associazione nella sezione degli Indici Genetici. È in base a questi parametri che si ricava l'indice a percentuali di ciascun soggetto secondo la seguente formula:

$$\text{grasso\%} = 100 \times (\text{grasso BASE} + \text{grasso}) / (\text{latte BASE} + \text{latte}) - \text{grasso\% BASE}$$

$$\text{proteina\%} = 100 \times (\text{proteina BASE} + \text{proteina}) / (\text{latte} + \text{BASE}) - \text{proteina\% BASE}$$

2.5 Limiti nella pubblicazione

Per tutti i soggetti, compresi i soggetti esteri si utilizza il dato INTERBULL, come da delibera n° 256 della Commissione Tecnica Centrale del 25/10/2013.

Base Genetica 2010-2015

Carattere	Media Base	Progresso genetico
Latte	7.309,40	-103,32
Grasso	365,27	-7,54
Proteina	283,11	-3,90
Grasso %	5,04	-0.40
Proteina %	3,88	0,00

3. INDICI CARATTERI MORFOLOGICI

3.1 I dati

Sono utilizzati per il calcolo i dati delle valutazioni morfologiche relative a tutte le primipare punteggiate dagli ispettori ANAFIBJ negli ultimi dieci anni con visite in azienda da due a quattro volte all'anno. A differenza dei dati produttivi la variazione in età è più contenuta e non ci sono dati ripetuti. Per ogni soggetto si utilizza una sola valutazione.

3.2 Gli effetti ambientali

Si utilizza un modello animale. Gli effetti fissi considerati sono l'interazione fra mese di parto e stadio di lattazione, l'età al parto e l'allevamento-anno-stagione di valutazione.

3.3 Gli effetti casuali

L'unico effetto casuale di cui si tiene conto è quello dell'animale. Si considerano tutte le relazioni di parentela esistenti tra i soggetti della popolazione e questo permette di stimare il valore genetico di tutti i soggetti e di tenere conto di accoppiamenti preferenziali e correttivi.

3.4 L'espressione degli indici

Si calcolano gli indici per tutti i caratteri lineari valutati a partire dal 2004 e per il punteggio finale. La Tabella riporta i dati di ereditabilità utilizzati nel calcolo.

Lo zero degli indici è il livello genetico degli animali nati nel 2010-2015, ovvero la base genetica per cui valgono le stesse regole dei caratteri produttivi. Tutti gli indici vengono standardizzati sulla variabilità delle vacche della Base Genetica. Questo fa sì che tutti i caratteri siano misurabili sulla stessa scala. La tabella riporta per tutti i caratteri, i valori di ereditabilità utilizzati nel calcolo, la media fenotipica degli animali della base genetica e l'equivalenza in punti sulla scala lineare di una deviazione standard dell'indice.

La tabella aggiornata al cambio di base è pubblicata sulla pagina web insieme agli indici.

3.5 Limiti nella pubblicazione

Per tutti i soggetti, compresi i soggetti esteri si utilizza il dato INTERBULL, come da delibera n° 256 della Commissione Tecnica Centrale del 25/10/2013.

Base Genetica 2010-2015

Carattere	Ereditabilità	Media Base	DS in punti lineari
Punteggio	0,22	80,73	1,00
Statura	0,36	26,85	2,19
Forza	0,26	26,40	1,08
Profondità	0,25	29,58	1,02
Angolosità	0,24	29,91	1,02
Angolo groppa	0,28	24,69	1,44
Larghezza groppa	0,15	25,23	0,99
Arti visti di lato	0,11	27,06	0,75
Arti visti da dietro	0,07	28,20	1,00
Angolo del piede	0,08	24,93	0,69
Funzionalità arti e piedi	0,09	25,20	1,00
Mammella anteriore	0,22	24,78	1,38
Altezza mammella	0,17	28,08	1,02
Larghezza mammella	0,28	30,39	1,29
Legamento	0,11	27,78	0,78
Profondità mammella	0,36	29,58	1,92
Posizione capezzoli ant	0,11	24,12	0,78
Dimensione capezzoli	0,18	23,13	1,14

4. INDICE CELLULE SOMATICHE (SCS)

4.1 I dati

I valori delle cellule somatiche relativi a tutti i controlli mensili effettuati dai controllori delle ARA vengono ricevuti mensilmente dall'Associazione Italiana Allevatori (AIA). Si utilizzano tutti i controlli compresi fra 5 e 305 giorni e un massimo di tre lattazioni per vacca. Oltre ai normali controlli di regolarità formale e di contenuto, si eliminano i controlli con valori anomali. Viene utilizzato un modello animale di ripetibilità (basato su misure ripetute della stessa caratteristica sullo stesso animale).

4.2 Gli effetti ambientali

Gli effetti fissi stimati comprendono l'ordine di parto, la stagione di parto, i giorni di lattazione raggruppati in classi di 30 e l'effetto allevamento-anno-giorno di controllo.

4.3 Gli effetti casuali

L'effetto dell'animale, da cui il modello statistico (Modello Animale, Animal Model) prende il nome, è quello che permette di stimare il valore genetico di tutti i soggetti della popolazione, sia maschi che femmine tenendo conto delle relazioni di parentela che esistono tra di essi.

L'effetto ambientale permanente, invece, permette di tener conto delle misurazioni ripetute sullo stesso animale.

4.4 L'espressione dell'indice

L'indice è espresso in relazione alla Base Genetica (fissa, aggiornata ogni 5 anni nella valutazione di Aprile e comprendente, ad oggi, le vacche nate fra il 2010 ed il 2015): la media è 100 e la deviazione standard (DS) 5 (valori fenotipici nella tabella sottostante). I valori fenotipici delle deviazioni standard positiva e negativa sono diversi in quanto la distribuzione dei valori è distorta.

Carattere	Ereditabilità	DS fenotipica -	Media fenotipica	DS fenotipica +
Cellule somatiche (migliaia di cellule/ml)	0,09	+50	278	-30

INDICI INTERNAZIONALI (INTERBULL)

I dati

I dati di partenza della valutazione internazionale sono gli indici genetici ufficiali calcolati da ciascun paese che aderisce al servizio. Il servizio di valutazioni internazionale viene effettuato in Svezia dal Centro Internazionale per la Valutazione dei Tori o International Bull Evaluation Service (INTERBULL). Tutti i paesi, compresa l'Italia, inviano i risultati delle proprie valutazioni ufficiali a questo centro entro date stabilite da un calendario annuale. Vengono inviati a INTERBULL tutti gli indici dei tori con almeno 10 figlie in 10 allevamenti per produzione, conformazione, cellule somatiche e fertilità, mentre per la facilità di parto i limiti sono tori con almeno 50 figlie in 10 allevamenti. Per quanto riguarda il test day model: viene inviato a INTERBULL l'indice di prima, seconda e terza lattazione pesato per il numero di controlli di ciascuna lattazione.

Il Modello MACE

Ogni carattere viene valutato da INTERBULL utilizzando una metodologia multicarattere denominata Multiple Across Country Evaluation (MACE, appunto). In questo modello l'indice per un dato carattere viene considerato come un carattere diverso per ogni paese e ciò rende possibile il calcolo delle correlazioni genetiche tra i paesi stessi. Questa correlazione misura quanto siano simili le classifiche dei tori tra un paese e l'altro. I fattori di cui si tiene conto nel modello sono la media e i gruppi genetici di madri e nonni materni nel caso che siano tori nati prima del 1986. La tabella riporta le correlazioni genetiche (gennaio 2021) fra l'Italia e alcuni dei paesi partecipanti al servizio per i caratteri per cui viene calcolato l'indice. La correlazione è da considerarsi alta oltre il valore di 0.75.

Razza Frisona

Paese	Proteina	Tipo	Cellule	Mastite	Longevità	Fertilità	Facilità parto
USA	0,87	0,84	0,89	0,76	0,75	0,91	0,70
CAN	0,86	0,78	0,90	0,83	0,76	0,85	0,71
FRA	0,84	0,87	0,93	0,83	0,62	0,85	0,72
DFS ¹	0,86	0,81	0,93	0,82	0,68	0,84	0,71
NLD	0,83	0,79	0,89	0,88	0,52	0,85	0,73
DEU	0,85	0,82	0,95	0,80	0,74	0,91	0,69
AUS	0,65	0,54	0,83	0,75	0,50	0,70	0,62
NZL	0,54	0,51	0,80	0,68	0,47	0,55	0,53

¹DFS = Danimarca, Finlandia, Svezia

Razza Jersey

Paese	Proteina	Tipo	Cellule
USA	0,86	0,79	0,85
CAN	0,86	0,79	0,87
DFS ¹	0,85	0,76	0,92
NLD	0,82	0,80	0,87
DEU	0,85	-	-
AUS	0,68	0,54	0,71
NZL	0,60	0,55	0,65

Come funziona

Quando un animale ha indice in un solo paese il modello calcola la deviazione delle figlie, cioè l'indice del toro una volta che a questo sottraiamo il contributo del pedigree, e poi la trasferisce, utilizzando le informazioni relative alla correlazione genetica e alla differenza di scala dei due indici, sulla scala di tutti gli altri paesi. Successivamente viene aggiunto alla deviazione il valore del pedigree nel paese sulla cui scala lo si vuole riportare e si ottiene così l'indice più probabile del toro. Quando un toro ha figlie in più paesi le deviazioni dal pedigree vengono pesate per il numero di figlie e poi sommate tutte insieme prima di raggiungere il contributo del pedigree.

Il Modello GMACE frisona – Tori giovani

In seguito all'introduzione delle valutazioni genomiche in diversi paesi, c'è un maggior interesse e richiesta di seme dei giovani tori a livello internazionale. Il fatto che gli indici per i tori provati dalla progenie non siano comparabili tra i paesi si estende anche ai giovani tori genomici. Per questo da agosto 2015 INTERBULL ha reso ufficiale, per i giovani tori un MACE genomico.

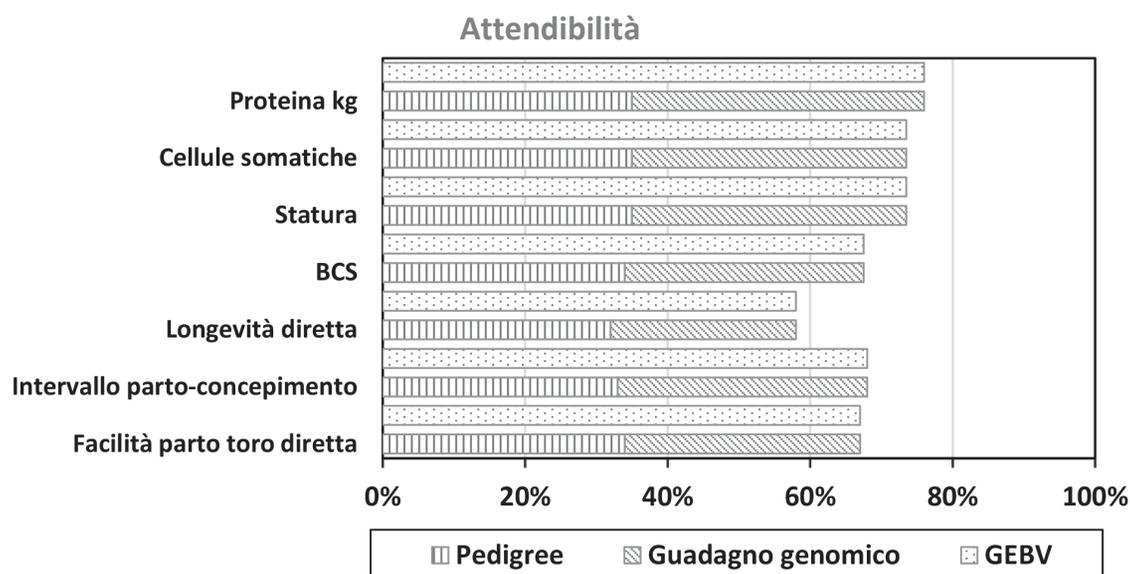
Questo processo prende il nome di GMACE (Genomic Multiple Across Country Evaluation). Sono le valutazioni genomiche internazionali per i tori senza figlie. La valutazione GMACE usa gli indici GEBV nazionali stimati in ogni paese, dove la GEBV è ufficiale, e restituisce una valutazione genomica nella scala di tutti i paesi che partecipano alle valutazioni MACE,

anche in quei paesi dove la genomica non viene applicata o non è ufficiale. Questo servizio aiuterà gli allevatori Italiani a valutare il merito genetico dei giovani tori appartenenti ai paesi non facenti parte del consorzio Intercontinentale (Stati Uniti, Canada, Gran Bretagna, Italia e Svizzera) che hanno direttamente una valutazione nazionale.

Come funziona

Ogni paese che vuole partecipare al GMACE invia a INTERBULL gli indici genomici nazionali, e per tutti i caratteri per i quali si sia passata la validazione genomica. Attualmente l'Italia ha validato tutti i caratteri per i quali già è ufficiale l'indice genomico nazionale (produzione, morfologia e funzionalità). È chiaro che lo scenario ideale sarebbe quello di avere uno scambio diretto dei genotipi tra tutti i paesi, così come avviene già all'interno dei paesi appartenenti ai consorzi Intercontinentale (Stati Uniti, Canada, Gran Bretagna, Italia e Svizzera) e EuroGenomics (Francia, Paesi Scandinavi, Germania, Spagna, Olanda/Fiandre e Polonia). Questo perché la stima degli indici genomici, partendo direttamente dal genotipo di ogni singolo animale, è molto più attendibile rispetto ad un indice pedigree, soprattutto per tori giovani senza osservazioni sulle figlie, o quando il numero di figlie è limitato. La figura 4 riporta il livello di attendibilità degli indici pedigree e genomico in diversi gruppi di caratteri.

Figura 4. Livello di attendibilità degli indici pedigree e genomico. Diversi gruppi di caratteri stimati utilizzando la banca dati genomico di ANAFIBJ.



Che cosa si pubblica

Il calcolo di INTERBULL restituisce a ciascun paese l'indice dei tori valutati in tutto il mondo (circa 70.000 tori) sulla scala di ogni paese.

Frisona - MACE e GMACE

PRODUZIONE (3 caratteri) – MORFOLOGIA (21 caratteri) - SALUTE MAMMELLA (2 caratteri) - LONGEVITÀ – FERTILITÀ (5 caratteri) - FACILITÀ DI PARTO (2 caratteri) - MUNGIBILITA'

Jersey - MACE

PRODUZIONE (3 caratteri) – MORFOLOGIA (18 caratteri) - SALUTE MAMMELLA (cellule somatiche)

GLOSSARIO GENOMICA

Allele: differente forma alternativa di un gene, responsabile di forme alternative di uno stesso carattere. Due alleli possono essere uguali (e l'organismo è omozigote per quel carattere), o diversi (eterozigote).

Aplotipi: segmenti di DNA strettamente associati tra loro che potrebbero passare da genitore a figlio.

DGV: indice genomico diretto (semplice somma degli effetti dei marcatori molecolare).

DNA: (acido deossiribonucleico). E' la sostanza, presente nel nucleo della cellula che costituisce il patrimonio genetico, formata dalla successione delle 4 basi nucleotidiche.

EBV: indice tradizionale.

Fattore genetico: variante genetica dove il gene è conosciuto (es. caseine del latte).

GEBV: combinazione dell'indice tradizionale (EBV) e dell'indice genomico diretto (DGV).

Gene: (unità fisica fondamentale dell'eredità) è un segmento di DNA che codifica per una funzione o alcune funzioni correlate.

Genoma: tutta la serie di informazioni contenute nel DNA di un individuo.

Genomica: area della biologia molecolare che si occupa dello studio del genoma degli organismi viventi.

Genotipizzazione: è il processo di determinare differenze nel genotipo di un animale attraverso l'analisi del DNA. Si confronta una determinata sequenza con un altro individuo o con una sequenza di riferimento. Identifica gli alleli ereditati dai loro genitori.

Genotipo: costituzione genetica di un individuo.

Imputazione: metodologia che serve a stimare le parti di genotipo mancanti, utilizzando le informazioni di individui della stessa famiglia.

Marcatori molecolari: pezzi di DNA molto vicini ai geni che codificano per caratteri economicamente importanti. Sono utilizzati per individuare diversi tipi di geni.

Nucleotide: parte elementare del DNA.

Pannello di marcatori molecolari SNP: kit di laboratorio utilizzato per determinare il genotipo di un certo soggetto (genotipizzazione). I kit possono contenere un numero diverso di informazioni. Sono inoltre inclusi in questi pannelli diversi marcatori che identificano geni conosciuti (es. proteine del latte).

Polimorfismo: presenza contemporanea nella stessa popolazione di due o più alleli o genotipi.

SNP: polimorfismo a singolo nucleotide (marcatore molecolare) variazione del materiale genetico a carico di un unico nucleotide. (basi azotate + zucchero + gruppo fosfato).

Toro genomico provato: toro con figlie il cui indice finale (GEBV) risulta dalla combinazione dell'indice tradizionale (EBV) e dall'indice genomico diretto (DGV).

Toro giovane genomico: toro senza figlie il cui indice (DGV) è ottenuto direttamente dai marcatori e dal pedigree.



ANAFIBJ

Ufficio Ricerca e Sviluppo
Tel. +39 0372 474 232 - 235 - 278
e-mail: ricercasvil@anafi.it

Copyright© 2021 ANAFIBJ