

Dispense di Miglioramento Genetico

Alessandro Bagnato

CARATTERI QUANTITATIVI

Caratteristiche dei caratteri quantitativi:

- 1) Il fenotipo è influenzato da geni a diversi loci
- 2) il fenotipo è in parte influenzato da fattori ambientali

Esempio: Produzione di latte a 305 giorni, peso a 205 giorni dei bovini da carne

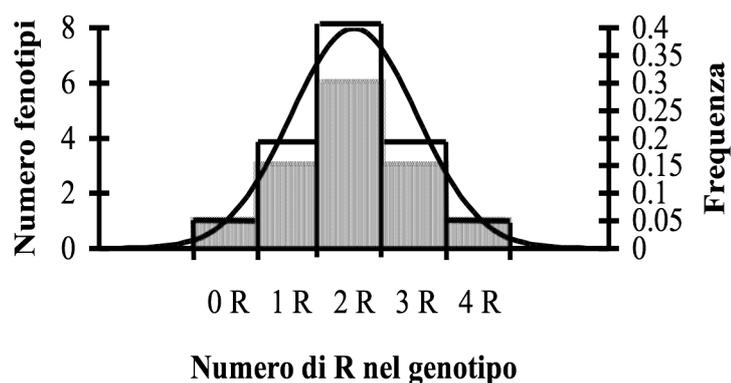
Genotipo → Molti loci → principi fondamentali Mendeliani si applicano a ciascun locus
L'influenza di ciascun locus sul fenotipo è generalmente molto piccola rispetto all'influenza di tutto il genotipo sullo stesso fenotipo.

Il colore delle cariossidi di frumento è controllata dall'azione additiva di 2 geni R_1 ed R_2

Incrociando la varietà a colore rosso con genotipo $R_1R_1R_2R_2$ con la varietà a colore bianco con genotipo $r_1r_1r_2r_2$ si ottengono in F1 cariossidi rosse con genotipo $R_1r_1R_2r_2$. In F2 si otterrà

	R_1R_2	R_1r_2	r_1R_2	r_1r_2
R_1R_2	$R_1R_1R_2R_2$	$R_1R_1R_2r_2$	$R_1r_1R_2R_2$	$R_1r_1R_2r_2$
R_1r_2	$R_1R_1R_2r_2$	$R_1R_1r_2r_2$	$R_1r_1R_2r_2$	$R_1r_1r_2r_2$
r_1R_2	$R_1r_1R_2R_2$	$R_1r_1R_2r_2$	$R_1R_1R_2r_2$	$r_1r_1R_2r_2$
r_1r_2	$R_1R_1R_2r_2$	$R_1r_1r_2r_2$	$r_1r_1R_2r_2$	$r_1r_1r_2r_2$

L'intensità del colore è determinata dal numero di alleli "R" presenti nel genotipo che sommano il loro effetto. Così il genotipo $R_1R_1R_2R_2$ sommando l'effetto di 4 geni R darà come risultato cariossidi di colore rosso intenso mentre il genotipo $r_1r_1r_2r_2$ darà un fenotipo bianco. Gli altri genotipo daranno colorazioni intermedie di rosso carico, rosso medio, rosso pallido. La distribuzione dei fenotipi è riportata nella figura sottostante



Come si nota la distribuzione dei fenotipi approssima una distribuzione normale. Più numerosi sono i geni che influenzano la caratteristica in esame maggiori sono le colonne da inserire nella distribuzione. Immaginando un numero infinito di geni che influenzano un carattere produttivo la distribuzione diviene esattamente la normale.

La produzione di latte ad esempio è un carattere quantitativo controllato da un numero enorme di geni che si può considerare praticamente infinito.

Esempio:

La produzione di latte di 16 bovine di una stalla è la seguente:

6000	6500	4500	5500
6000	5000	7000	6000
5000	6500	5500	7500
6500	7000	5500	6000

La produzione della stalla si distribuisce secondo una distribuzione normale la cui media, secondo il campione da noi selezionato, è

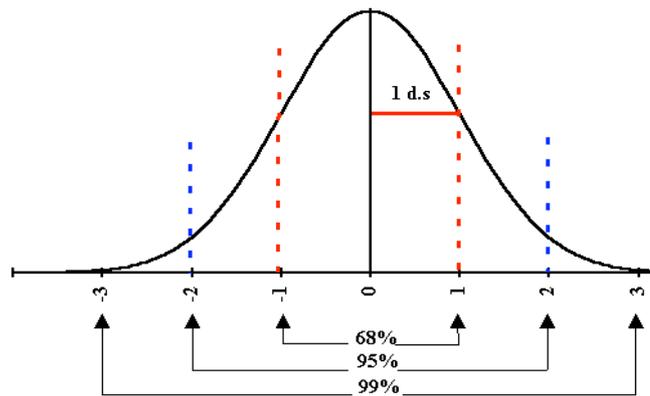
$$media = \frac{\sum x_i}{n}$$

Vi saranno quindi animali che produrranno in media, un po' meno produrranno sopra la media, solo pochi avranno una produzione eccezionale. Allo stesso modo vi sarà un certo numero di bovine che producono sotto la media e poche scarse.

Conoscere la media tuttavia non ci è sufficiente per descrivere accuratamente la produzione di quell'allevamento. Ci serve una misura che ci permetta di indicare la dispersione delle produzioni dalla media. La misura di dispersione a noi necessaria è la deviazione standard della produzione della stalla. Nel nostro caso:

$$d.s. = \sqrt{\frac{\sum x_i - \frac{(\sum x_i)^2}{n}}{n-1}} = \sqrt{\frac{586000000 - \frac{96000^2}{16}}{15}} = 816.5$$

Conoscendo le proprietà della distribuzione normale e disponendo della deviazione standard è possibile calcolare con quanta probabilità ci si aspetta nella nostra stalla produzioni di un certo tipo. Si ricorda che tra la media e ± 1 ds è compreso il 68% delle osservazioni e tra la media e ± 2 e ± 3 ds è compreso il 95% ed il 99% delle osservazioni, rispettivamente.



La deviazione standard è l'unità di misura di dispersione della curva normale.

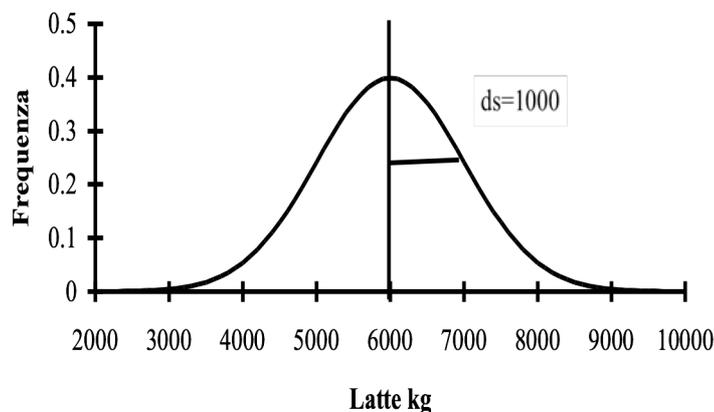
Nell'allevamento dell'esempio il 68% degli animali produrrà tra 5183 kg e 6816 kg mentre vi è la probabilità dello 0.5% di trovare animali con produzioni superiori a 8450 kg (media + 3 ds).

Se una bovina produce 7633 kg di latte ha una produzione superiore alla media di 1633 kg. Conoscendo la deviazione standard è possibile indicare la sua superiorità rispetto alla media di popolazione in "unità di deviazioni standard": invece di dire che la bovina ha una produzione superiore alla media di 1633 kg possiamo dire che la sua produzione è superiore di $1633/816.5 = 2$ deviazioni standard. Invece di esprimere la superiorità "in centimetri" abbiamo espresso la sua superiorità "in metri", dove "1 metro" vale 816.5 centimetri.

Abbiamo cioè riportato la produzione della bovina alla distribuzione normale calcolando z:

$$z_i = \frac{x_i - media}{d.s.}$$

Esprimendo le produzioni in unità di deviazione standard è possibile ad esempio valutare se le produzioni di due bovine in due allevamenti differenti con differente variabilità producono rispetto alla media di allevamento allo stesso livello:



Lo studio dei caratteri quantitativi richiede la conoscenza del concetto di variazione e di parametri e tecniche statistiche.

Nel modello ad un locus il modello

$$F_{ij} = \mu + BV_{ij} + D_{ij}$$

che può essere riscritto come

$$F = \mu + A + D$$

dove A sono effetti genetici additivi e D effetti di dominanza, può essere espresso come:

$$F = \mu + G$$

ossia il fenotipo è determinato da un fattore comune e dal genotipo dell'animale

La varianza (variazione) tra i fenotipi è data da

$$\sigma_F^2 = \sigma_G^2$$

e può essere partizionata a sua volta in:

$$\sigma_F^2 = \sigma_A^2 + \sigma_D^2$$

Quando **più di un locus** è coinvolto nel controllo dell'espressione fenotipica si ha:

$$G = A + D + I$$

dove A è l'effetto genetico additivo, D l'effetto di dominanza e I è l'effetto di interazione tra geni a diversi loci (epistasi)

La varianza genetica diviene:

$$\sigma_G^2 = \sigma_A^2 + \sigma_D^2 + \sigma_I^2$$

Si è detto tuttavia che il fenotipo può essere influenzato anche dall'ambiente ed il modello diviene:

$$F = \mu + G + E$$

dove E sono i fattori ambientali. In termini di variabilità

$$\sigma_F^2 = \sigma_G^2 + \sigma_E^2 + 2\sigma_{G,E}$$

con $2\text{cov}(G,E)$ assunto uguale a zero.

In esteso il modello si può scrivere

$$F_{ij} = \mu + A_i + D_i + I_i + PE_i + TE_{ij}$$

ed in termini di variabilità, ponendo $2\text{cov}(G,E)$ uguale a zero

$$\sigma_G^2 = \sigma_A^2 + \sigma_D^2 + \sigma_I^2 + \sigma_{PE}^2 + \sigma_{TE}^2$$

dove PE sono i fattori ambientali che influenzano permanentemente le produzioni di ciascun individuo e TE rappresenta la somma dei fattori ambientali casuali che influenzano solo una produzione di ciascun animale.

Ereditabilità

E' un parametro specifico di una popolazione e di un carattere. E' dato dal rapporto:

$$h^2 = \frac{\sigma_G^2}{\sigma_F^2} \cong \frac{\sigma_A^2}{\sigma_F^2}$$

E' la proporzione della variabilità totale (σ_F^2) dovuta a differenze tra i valori riproduttivi degli animali nella popolazione (σ_G^2) o (σ_A^2).

In altre parole quantifica la proporzione del fenotipo determinata dai geni trasmessi all'individuo dai genitori.

Il suo valore è compreso tra 0 e 1. Alcuni valori di ereditabilità sono:

Carattere	h^2
Latte kg	.20 - .30
Grasso kg	.20 - .30
Proteina kg	.20 - .30
Grasso %	.40 - .50
Proteina %	.35 - .45
Caratteri di Fertilità	0.01 - .10
Caratteri Morfologici	.15 - .45
Longevità	.04 - .07
Fungibilità	.05 - .10

Ripetibilità

Rappresenta il grado di associazione tra misure effettuate sullo stesso animale per caratteri misurati più di una volta. Un esempio di carattere misurato più di una volta sullo stesso animale è la produzione di latte misurato in prima, seconda, terza lattazione etc.

E' data da rapporto:

$$r = \frac{\sigma_G^2 + \sigma_{PE}^2}{\sigma_G^2 + \sigma_{PE}^2 + \sigma_{TE}^2} = \frac{\sigma_G^2 + \sigma_{PE}^2}{\sigma_F^2}$$

Anche la ripetibilità è un valore che varia da 0 a 1. La ripetibilità per la produzione di latte ha ad es. un valore di 0.5 circa.

Correlazione

Oltre alle ereditabilità e ripetibilità dei caratteri, è importante conoscere anche le correlazioni genetiche tra gli stessi.

La correlazione esprime il legame tra due caratteri (o meglio tra due variabili) slegato dall'unità di misura dei caratteri stessi.

La correlazione è una misura che può avere valori compresi tra -1 e 1.

Nella tabella seguente sono indicate le correlazioni genetiche tra i caratteri produttivi nella Frisone Italiana.

	Latte	Grasso kg	Grasso %	Prot. kg	Prot. %
Latte	.26	.70	-.38	.91	-.41
Grasso kg		.27	.39	.82	.12
Grasso %			.47	-.10	.68
Prot. kg				.24	.01
Prot. %					.41

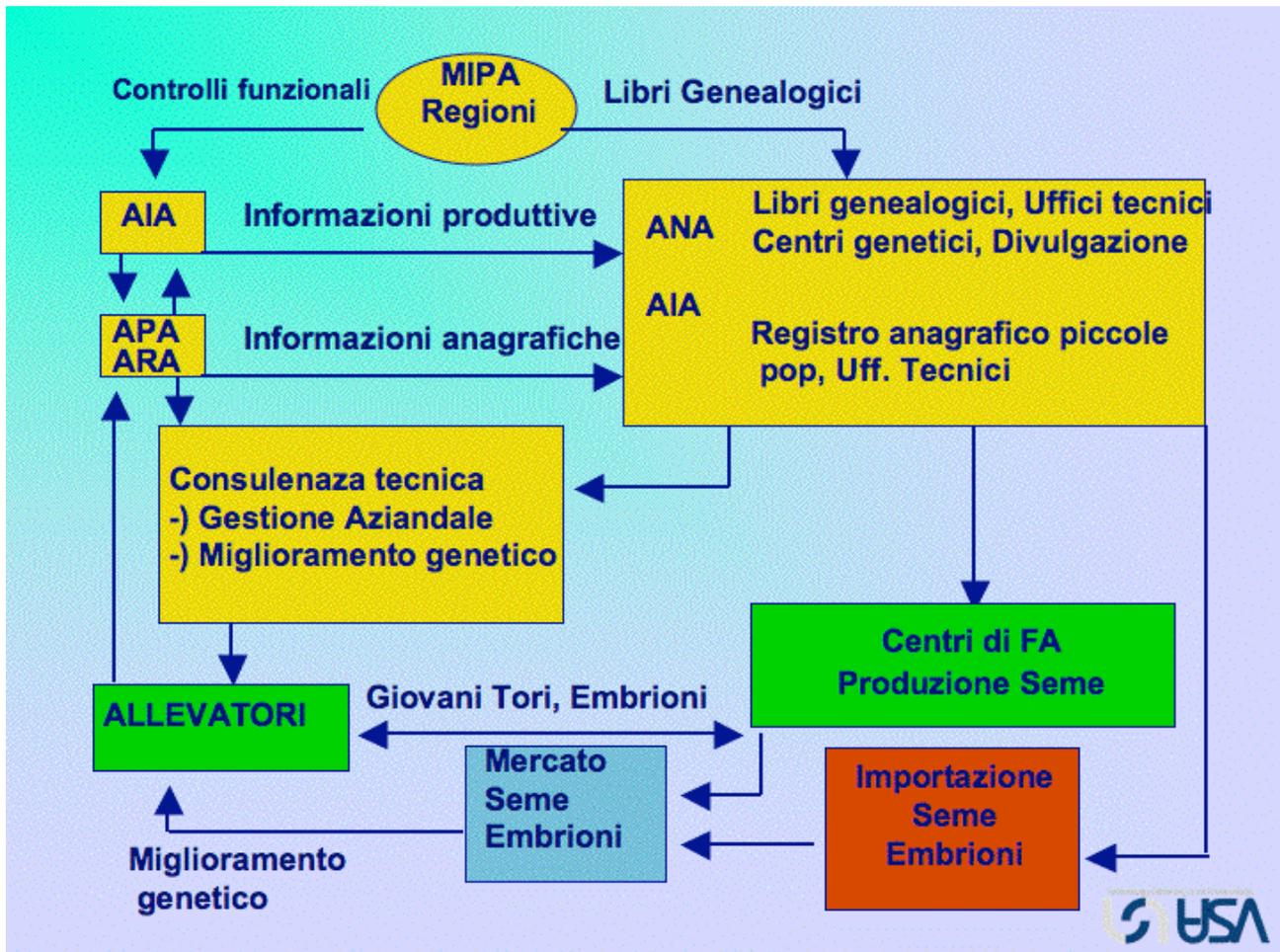
In diagonale sono indicate le ereditabilità mentre fuori diagonale sono indicate le correlazioni genetiche (da Bagnato 1990).

Nella tabella seguente sono riportate le correlazioni genetiche tra caratteri morfologici, produzione di latte (LK), longevità totale (LT) e longevità funzionale (LF).

	LK	LT	LF
Punteggio finale	.30	.17	.01
Statura	-.07	-.16	-.15
Forza	-.08	-.28	-.29
Profondità	.03	-.23	-.30
Angolosità	.47	.31	.06
Groppa angolo	.07	.13	.12
Groppa lunghezza	-.06	-.03	.01
Groppa larghezza	.05	-.14	-.20
Arti visti di lato	.17	-.02	-.16
Piedi angolo	.05	-.02	-.05
Mammella attacco			
anteriore forza	-.09	.11	.20
posteriore altezza	.29	.24	.11
Posteriore larghezza	.51	.26	-.02
Legamentp	.21	.30	.22
Profondità mammella	-.37	.04	.31
Capezzoli visti da dietro	.06	.13	.12

(da Bagnato 1993)

Il sistema Allevatori



Momenti del processo selettivo

-) Identificazione dell'obiettivo di selezione
-) Rilevamento del dato produttivo
-) Registrazione anagrafica
-) Schema di selezione
-) Valutazione genetica dei riproduttori
-) Verifica del programma di miglioramento genetico

Obiettivo di selezione

Il più semplice obiettivo di selezione è l'aumento produttivo di un singolo carattere. Il carattere è egualmente importante per tutte le aziende e il profitto cresce in proporzione alla produzione effettuata. Un carattere singolo può essere la produzione di latte.

Si può invece decidere di selezionare per più caratteri:

- a) decidere quali caratteri selezionare
- b) decidere quale peso relativo attribuire a ciascun carattere

Si parla di indici composti

I pesi relativi vengono attribuiti in base a motivazioni economiche, in base al peso relativo che si è deciso di attribuire a ciascun carattere, alle ereditabilità dei caratteri ed alle correlazioni genetiche tra gli stessi, è possibile ricavare un unico numero che è l'indice di selezione.

Oggi, nelle razze da latte, viene data maggior enfasi alla produzione di proteina e di grasso: l'obiettivo principale è quello di produrre la massima quantità possibile di materia utile nella trasformazione del latte in formaggio, burro, yogurt etc..

La maggior difficoltà nella costruzione di un indice composto è prevedere quale sarà il mercato del prodotto dopo 5 anni, ossia quando si otterranno i primi risultati della selezione.

L'indice della Frisone Italiana fino al 2002 era l'indice latte qualità morfologia (ILQM) che includeva sia caratteri produttivi che morfologici con un' enfasi economica relativa di 4:1 (importanza economica 4 ai caratteri produttivi e 1 ai morfologici). Sia i caratteri produttivi che quelli morfologici sono rappresentati nell'ILQM da due altri indici composti l'indice: latte qualità (ILQ) e l'indice complessivo mammella (ICM).

$$ILQ = 4.5[(-0.173 * IG \text{ latte}) + (IG \text{ grasso kg}) + (11.3 * IG \text{ proteina kg})]$$

$$ICM = [(0.18 * IG \text{ anteriore}) + (0.16 * \text{altezza}) + (0.05 * \text{larghezza}) + (0.20 * \text{legamento}) + (0.25 * \text{profondità}) + (0.16 * \text{capezzoli})]$$

$$ILQM = (0.90 * ILQ + 180 * ICM)$$

Nell'ILQ i pesi economici relativi sono -0.4 per il latte 0.1 per il grasso ed 1 per la proteina. I pesi nell'indice morfologico mammella sono stati attribuiti in modo che ad un indice mammella più alto corrisponda una maggiore longevità dell'animale.

In altre parole sono state utilizzate le correlazioni tra i caratteri morfologici ed il carattere longevità per costruire l'indice complessivo mammella ed effettuare una selezione per la longevità attraverso caratteri correlati.

La longevità è un carattere secondario, di rilevante interesse economico: maggiore è la longevità degli animali in azienda minore è il costo di rimonta. Inoltre se l'età media di stalla è più elevata la produzione media della stalla è maggiore, a parità di numero di animali in produzione. In particolare si è interessati alla "longevità funzionale" ossia alla capacità degli animali a rimandare la riforma dalla stalla per motivi non produttivi: es. una vacca con buona fertilità, senza problemi sanitari, di facile mungibilità, avrà una longevità funzionale elevata.

Oggi l'indice di selezione della razza Frisone è il PFT (produzione, funzionalità, tipo), che bilancia la selezione per la produzione con la funzionalità degli animali (www.anafi.it).

IL PFT (Produttività, Funzionalità e Tipo)

Il PFT è l'indice di selezione della razza Frisone Italiana. Combina qualità del latte e funzionalità. 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. Dal 1998 il rank 95 (il miglior 5% della popolazione) è il limite ufficiale per l'autorizzazione dei tori all'utilizzo in F.A..

La formula del PFT è la seguente:

$$PFT = 12,54 \times (0,42 \times \text{grasso kg} + 1,48 \times \text{proteina kg} + 0,091 \times \text{grasso\%} \times 100 + 0,27 \times \text{proteina\%} \times 100 + 5,3 \times \text{tipo} + 13 \times \text{ICM} + 9 \times \text{IAP} + 8 \times ((\text{longevità}-100)/5) + 12 \times ((\text{cellule}-100)/5,70)).$$

Tale formula determina un rapporto tra produzione e funzionalità di 59:41.

La Tabella riporta i pesi percentuali degli indici che compongono il PFT.

PRODUZIONE	PESI	FUNZIONALITA'	PESI
Latte	0	TIPO	4
Grasso	12	ICM	13
Proteina	42	Indice arti e piedi (IAP)	6
Grasso %	2	Indice cellule somatiche	10
Proteina %	3	Longevità funzionale	8

(ANAFI: <http://www.anafi.it>)

Nella razza Bruna l'indice economico è chiamato indice totale economico (ITE) ed i relativi pesi economici (oggi aggiornati vedi sito www.anarb.it) sono per il nuovo ITE 2006:

Tabella 1 - Variazioni dell'indice di selezione negli ultimi due anni.

	Vecchio Ite (fino a maggio 2005)		Ite 2005 (da maggio 2005 a maggio 2006)		Nuovo Ite 2006 (da maggio 2006)	
	Peso statistico	Importanza relativa	Peso statistico	Importanza relativa	Peso statistico	Importanza relativa
Grasso kg	1	19%				
Grasso %	0,1	2%				
Proteina kg	3	57%	5	59%	5	45%
Proteina %	0,4	8%	1	12%	1	9%
Longevità	0,8	15%	1	12%	2	18%
Velocità di mungitura			1	12%	1	9%
Cellule somatiche			0,5	6%	0,5	5%
Punteggio finale					1	9%
Forza delle pastoie					0,5	5%

Il relativo progresso genetico atteso per i caratteri di interesse risulta essere:

Tabella 2 - Stima del progresso genetico atteso in 10 anni con l'attuale lte e il nuovo lte.

	lte 2005	Nuovo lte maggio 2006
Latte	1091,84	1063,59
Proteina kg	42,94	41,76
Proteina %	0,05	0,05
Longevità funzionale in mesi	0,29	2,45
Punteggio finale	0,8	1,28
Statura	0,21	1,06
Forza-vigore	-0,16	0,25
Profondità	1,13	1,58
Angolosità	2,15	2,82
Pastoie	-0,38	0,07
Altezza tallone	-0,21	0,25
Attacco anteriore	2,64	3,22
Larghezza posteriore	2,85	3,36
Altezza posteriore	1,05	1,67
Legamento	0,75	1,22
Profondità mammella	-1,21	-0,63
Direzione capezzoli	0,37	0,62

Infine, particolarità unica dell'indice di selezione ITE è che se un animale ha genotipo AB al locus delle k-caseine il valore riproduttivo per la proteina viene aumentato del 2.5% (es: IG proteina = $30 \cdot 1.025 = 30.75$), mentre se il genotipo per le k-caseine è BB l'aumento è del 5%. Questo per favorire la produzione di latte favorevole alla caseificazione.

Gli indici economici della razze Frisone Italiana e Bruna indicano una selezione orientata non esclusivamente al miglioramento della quantità di latte prodotto ma anche alla produzione di un latte a maggior contenuto proteico e alla selezione per migliorare la funzionalità degli animali.

Attenzione a non disperdere troppo gli obiettivi di selezione: si rischia di ottenere un progresso genetico nullo per tanti caratteri invece che un buon progresso genetico per pochi caratteri.

Predizione del Valore riproduttivo

Il modello simbolico:

$$F_{ij} = \mu + A_i + D_i + I_i + PE_i + TE_{ij}$$

dove

μ	effetto costante per tutti gli animali
A_i	effetto genetico additivo
D_i	effetti genetici di dominanza
I_i	effetti genetici di interazione
PE_i	effetti ambientali permanenti, ossia somma di tutti i fattori ambientali che influenzano permanentemente le produzioni di quell'animale
TE_{ij}	effetti ambientali temporanei, ossia

è il modello genetico dal quale è possibile derivare il modello statistico utilizzato per la stima dei valori riproduttivi.

Ciò che ci interessa è il valore di A_i che è ciò che sicuramente passa alla progenie.

Non potremo mai conoscere il reale valore di A_i ma possiamo ottenerne una stima.

Per stimare il valore riproduttivo (A_i) dovremo utilizzare un modello statistico e risolvere un sistema di equazioni. Ciò che si otterrà è una stima del valore riproduttivo dell'animale e non il "reale" valore. Queste stime vengono chiamate *stima BLUP* (best linear unbiased prediction): le stime che si ottengono sono le migliori stime lineari ottenibili prive di errori sistematici.

Il BLUP - Animal Model

Fenotipi di tutti gli animali disponibili
Tutte le relazioni di parentela disponibili

Viene effettuata la stima del valore riproduttivo per tutti gli animali della popolazione (EBV o nel corrente termine utilizzato dagli allevatori *indice*)

Alla stima è associata una misura della precisione della stima che è l'accuratezza o l'errore standard della stima.

Il modello

$$F_{ij} = \mu + A_i + D_i + I_i + PE_i + TE_{ij}$$

si riduce al modello:

$$F_i = \mu + A_i + TE_i$$

assumendo

D_i e I_i uguali a zero e i caratteri misurati una sola volta, ad esempio considerando solo la prima lattazione delle bovine e non anche le successive, per cui PE_i è uguale anche esso a zero.

In questo modello

- F_i sono i fenotipi misurati sui singoli animali
 μ rappresenta i fattori ambientali non casuali ed identificabili con un effetto importante sul fenotipo e comune a gruppi di animali. Ad esempio il livello gestionale dell'allevamento, l'età dell'animale ad inizio lattazione, l'anno di inizio della lattazione, la stagione a cui è iniziata la lattazione.
 A_i l'effetto genetico additivo dell'animale, ossia il valore riproduttivo
 TE_i gli effetti ambientali casuali che non siamo in grado di misurare ed identificare e che hanno un effetto temporaneo sulle produzioni

Possiamo quindi riscrivere il modello in termini statistici (modello statistico)

come

$$F_i = \mu + A_i + TE_i$$

$y_{ijklm} = \mu^* + All_i + \eta_j + anno_k + stag_l + a_m + e_{ijklm}$

dove

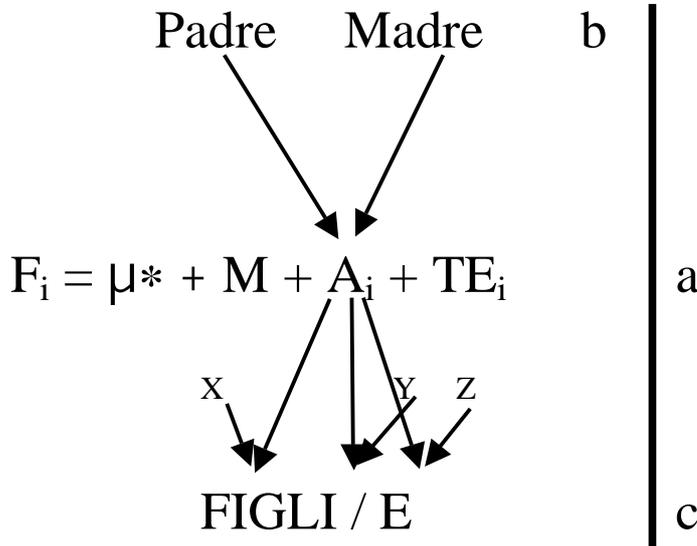
- y_{ijklm} Fenotipo (es produzione di latte a 305 giorni) misurato sull' animale m che produce nell'allevamento i, di età j all'inizio della lattazione, che ha iniziato la produzione nell'anno k e nella stagione l
 μ^* fattore comune a tutte le osservazioni
 All_i effetto dell'allevamento i di produzione. In altre parole effetto del livello gestionale sulla produzione
 η_j effetto dell'età all'inizio lattazione sulla produzione di latte
 $anno_k$ effetto dell'anno di inizio produzione sulla produzione totale
 $stag_l$ effetto della stagione di inizio produzione sulla produzione totale
 a_m effetto genetico additivo dell'animale, ossia effetto del genotipo additivo sul fenotipo
 e_{ijklm} errore, ossia parte del fenotipo che non si riesce ad attribuire a nessuna causa altro che a fattori ambientali casuali non identificabili né misurabili.

Se la produzione è misurata più di una volta si deve tenere conto anche delle diverse produzioni dello stesso animale e quindi degli effetti ambientali permanenti

In termini statistici il il modello diviene quindi:

$$y_{ijklmn} = \mu^* + All_i + Et\grave{a}_j + Anno_k + Stag_l + a_m + pe_n + e_{ijklmn}$$

Unendo tutte le quantità $All_i + Et\grave{a}_j + Anno_k + Stag_l$ nella quantità M possiamo esprimere graficamente il modello come:



Per stimare l'effetto genetico additivo dell'animale i utilizziamo tutte le informazioni disponibili, ossia sia la sua produzione (a) sia i valori genetici dei suoi genitori (b) sia il valore genetico delle figlie (c).

Il valore riproduttivo può quindi essere calcolato sia per i maschi che per le femmine nel seguente modo:

$$BV = a(F - \mu^* - M - PE) + b(\frac{1}{2}BV_{padre} + \frac{1}{2}BV_{madre}) + c(2(BV_{medio\ figli} - \frac{1}{2}BV_{medio\ accoppiamenti}))$$

dove:

$F - \mu^* - M - PE$ produzione media dell'animale corretta per il fattore comune a tutti gli animali, per gli effetti ambientali conosciuti e per l'effetto ambientale permanente.

$\frac{1}{2}BV_{padre} + \frac{1}{2}BV_{madre}$ indice medio dei genitori

$2(BV_{medio\ figli} - \frac{1}{2}BV_{medio\ accoppiamenti})$ Indice medio dei figli corretto per il livello genetico degli animali a cui l'animale di cui si sta stimando il valore riproduttivo, è stato accoppiato.

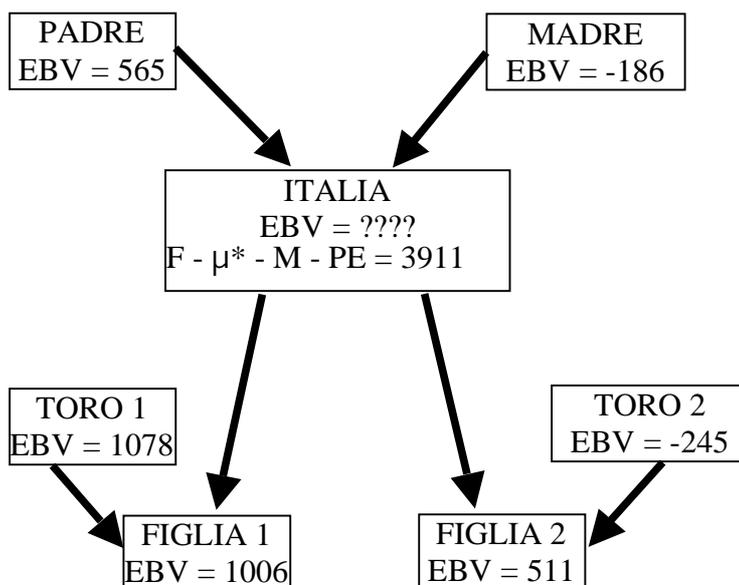
I valori di **a**, **b** e **c** dipendono dalla quantità di informazioni che derivano dai genitori dallo stesso individuo e dai figli. In altre parole è l'enfasi relativa o il peso relativo che hanno le informazioni provenienti dai genitori dall'animale o dai figli. Ad esempio quando si decide di selezionare un giovane torello la decisione è presa in base al valore genetico dei genitori e basta e quindi **b** avrà valore 1. Il torello non avrà mai **a** diverso da 0 perchè non produce latte, ma quando le sue figlie produrranno ed avranno un indice, **c** diverrà molto grande, quasi 1 perchè conta molto di più quanto esso è in grado di trasmettere alle figlie e non quanto gli è stato trasmesso dai genitori.

Nella tabella seguente sono riportati i pesi relativi per alcune combinazioni di numero di figlie e numero di lattazioni per maschi e femmine.

<i>Soggetto</i>	<i>N° latt.</i>	<i>N° Figlie</i>	<i>a</i>	<i>b</i>	<i>c</i>
Femmina	0	0	0	1	0
	1	0	.143	.857	0
	4	0	.25	.75	0
	4	2	.182	.545	.273
	4	10	.087	.261	.652
Maschio	0	0	0	1	0
	0	2	0	.667	.333
	0	10	0	.286	.714
	0	20	0	.167	.833
	0	50	0	.074	.926
	0	100	0	.038	.962
	0	500	0	.008	.992

I pesi in tabella sono valide per ereditabilità del carattere di .25, altrimenti devono essere utilizzati diversi valori.

Esempio



Proviamo a calcolare il valore riproduttivo della vacca Italia che ha 4 lattazioni e due figlie?

Il contributo dai due genitori è

$$\frac{1}{2} 565 + \frac{1}{2}(-186) = 190$$

Il contributo delle figlie è:

$$2[(\frac{1}{2}1006 + \frac{1}{2} 511) - (\frac{1}{2}1078 + \frac{1}{2}(-245) * \frac{1}{2})] = 1101$$

Ponendo tutto in una tabella:

<i>Informazione</i>	<i>Valore</i>	<i>Peso (a, b, c)</i>	<i>Contributo</i>
Sue produzioni	3911	.182	711
Genitori	190	.545	104
Figlie	1101	.273	301
TOTALE - EBV ITALIA			1116

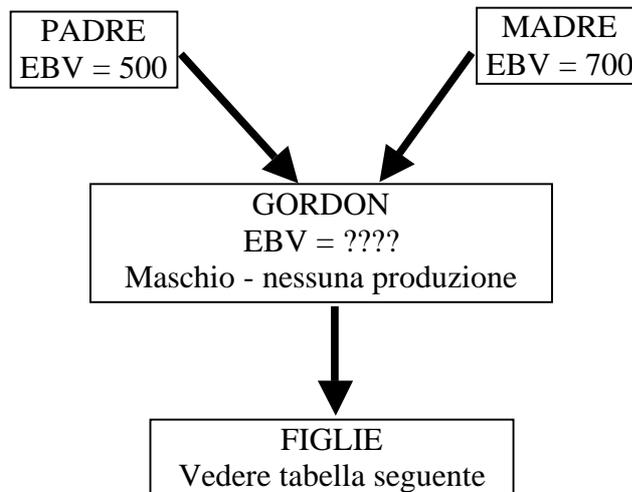
<i>Informazione</i>	<i>Valore</i>	<i>Peso (a, b, c)</i>	<i>Contributo</i>
Sue produzioni	3911	.14	559
Genitori	190	.86	163
Figlie	1101	0	
TOTALE - EBV ITALIA			722

<i>Informazione</i>	<i>Valore</i>	<i>Peso (a, b, c)</i>	<i>Contributo</i>
Sue produzioni	3911	.087	340
Genitori	190	.26	50
Figlie	1101	.65	718
TOTALE - EBV ITALIA			1108

In definitiva il valore del valore riproduttivo della vacca Italia è 1116. Per ogni animale il procedimento è lo stesso e, come si capisce, tutti i valori riproduttivi sono legati tra loro dalle relazioni di parentela e non sono valori fissi e definitivi una volta calcolati per la prima volta.

Infatti se il numero di informazioni disponibili cambiano (es. si aggiungono nuove lattazioni) i valori riproduttivi di quell'animale e di tutti i suoi parenti cambiano: gli animali con parentele più strette cambiano di più, quelli con parentele meno strette cambiano meno.

Per meglio comprendere quanto detto si valuti il seguente esempio:



Si assuma che il contributo delle figlie corretto per l'accoppiamento sia sempre lo stesso ma vari solo il numero di figlie. Il valore riproduttivo del toro cambierà di conseguenza. Allo stesso modo se il numero delle figlie restasse lo stesso ma cambiasse il loro valore riproduttivo perchè hanno aggiunto una lattazione in più o perchè hanno terminato una lattazione ancora in corso il valore del toro cambia. Per avere una idea delle cause del cambiamento si veda la tabella seguente dove sono riportati alcuni esempi.

Come premessa basti l'accenno che se dallo stesso padre e dalla stessa madre si producono 100 figli maschi in contemporanea il loro indice genetico è il medesimo. Tuttavia fino a quando non avranno delle figlie in produzione noi non possiamo sapere quali di questi sono più fortunati e hanno ricevuto dai genitori i geni che garantiscono produzioni più elevate e altri hanno invece ricevuto geni associati a basse produzioni. Lo sapremo solo quando vedremo il risultato della loro riproduzione ossia la produzione delle loro figlie. Questa infatti ci permette di "vedere" cosa è in grado di trasmettere il singolo toro ai figli e quindi se è in grado di migliorare la media oppure no.

Supponiamo di avere a che fare con un toro fortunato che ha ricevuto i geni più produttivi dai genitori. Dalla tabella possono ricavare i motivi per cui cambia l'indice di un toro. Mantenendo il valore medio degli indici delle figlie corretto per l'accoppiamento sempre costante a 800, il relativo contributo aumenta sempre più provocando l'effetto che all'aumentare del numero di figlie aumenta l'EBV totale del toro.

<i>Informazione</i>	<i>Valore</i>	<i>N° Figlie</i>	<i>Peso (a,b,c)</i>	<i>Contributo</i>	<i>EBV Toro</i>
Sue produzioni	0	Qualsiasi	0	0	
Genitori	600	0	1	600	600
	600	2	.667	400	Vedi sotto
	600	20	.167	100	Vedi sotto
	600	100	.038	22	Vedi sotto
	600	500	.008	5	Vedi sotto
Figlie	800	2	.333	267	667
	800	20	.833	666	766
	800	100	.962	769	791
	800	500	.992	793	798
	200	100	.962	192	214
	-200	100	.962	-192	-187

Allo stesso modo mantenendo il numero di figlie costante ma cambiando il valore dell'EBV delle stesse (ad esempio molte figlie chiudono la lattazione a 200 giorni e il loro indice si abbassa un po'), il contributo all'indice del toro cambia drasticamente.

In altri termini l'indice di un toro può variare:

- 1)Cambiano le produzioni delle figlie
- 2)Cambia il numero di figlie che contribuiscono all'indice del maschio
- 3)Cambia la produzione delle contemporanee
- 4)Cambia il numero di contemporanee

Le produzioni delle figlie possono cambiare perché la prima volta che si utilizzano le lattazioni queste sono in corso e vengono proiettate a 305 giorni. Se successivamente le bovine non hanno una lattazione lunga 305 giorni ma più corta, allora la produzione media si abbassa.

Allo stesso modo possono contribuire alla valutazione genetica del toro nuove figlie che prima non avevano iniziato la lattazione e quindi a parità di media degli indici delle figlie aumenta il contributo totale nel valore riproduttivo del toro.

Le stesse due cose possono succedere anche alle bovine compagne di stalla delle figlie del toro, le contemporanee, che cambiando le loro produzioni fanno cambiare l'indice delle altre vacche e quindi degli animali loro parenti.

Il ragionamento fatto per i maschi è sicuramente valido anche per le femmine e per ogni animale nella popolazione.

La teoria dell'indice di selezione, che qui non viene trattata, fornisce gli strumenti per il calcolo dei pesi (a, b e c) da attribuire alle singole informazioni (produzioni) per il calcolo del valore riproduttivo. Inoltre ci fornisce gli strumenti per il calcolo della misura di precisione di un indice, ed infine gli strumenti per la formulazione di indici aggregati (indici economici).

Nella pratica i valori riproduttivi vengono stimati partendo dal fenotipo e risolvendo un sistema di equazioni. Riprendendo il modello statistico prima descritto

$$y_{ijklmn} = \mu^* + All_i + Età_j + Anno_k + Stag_l + a_m + pe_n + e_{ijklmn}$$

quello che si vuole fare è stimare meglio che si può tutti gli effetti ambientali che influenzano la produzione (all_i $età_j$ $anno_k$ $stag_l$ pe_n) in modo da poter ricavare, assunto zero l'errore, l'effetto genetico additivo. Prima dell'animal model i tori venivano valutati secondo un modello che utilizzava le produzioni delle figlie. A titolo di esempio e per meglio comprendere come si arriva alla stima di un indice verranno di seguito stimati i valori riproduttivi di alcuni animali, prima con un sire model, e poi con un animal model.

Le valutazioni genetiche nelle grandi popolazioni

Come già accennato nelle grandi popolazioni vengono utilizzati algoritmi particolari per risolvere i sistemi di equazioni, ma il procedimento per calcolare i valori riproduttivi con un BLUP Animal Model è esattamente quello precedentemente mostrato.

Al di là dell'algoritmo di calcolo è tuttavia importante conoscere i passi e le procedure che di solito vengono utilizzate nelle valutazioni genetiche di routine, dove si deve fornire la miglior stima possibile agli operatori e quindi si utilizzano le più recenti tecniche e approcci disponibili.

Preaggiustamenti.

Un procedimento che viene comunemente effettuato, e per comunemente si intende in quasi tutte le popolazioni del mondo che hanno attiva una procedura di valutazione genetica, sono i preaggiustamenti dei fenotipi.

Ciò significa che attraverso appositi coefficienti i fenotipi vengono per così dire "standardizzati" ad una base comune a tutti. Ad esempio tutte le lattazioni vengono standardizzate ad una lunghezza di 305 giorni. Oppure tutte le lattazioni vengono "standardizzate" come se fossero iniziate ad un'età della bovina di 84 mesi nel mese di Gennaio.

I preaggiustamenti che vengono effettuati sono in genere i seguenti:

Proiezione delle lattazioni a 305 giorni.

Questo aggiustamento viene di solito utilizzato per le lattazioni aperte. Il motivo risiede nella possibilità di utilizzare lattazioni ancora da completare principalmente per valutare i riproduttori maschi. Quando le figlie di un toro in prova di prole partoriscono si utilizzano le loro lattazioni proiettate per la valutazione genetica. Se non si utilizzasse la proiezione si ritarderebbe la valutazione genetica del riproduttore fino alla fine delle lattazioni delle figlie, perdendo qualche mese di tempo. Proiettare a 305 giorni vuol dire prevedere quando latte produrrà quella bovina in 305 giorni, basandosi sulla produzione effettuata fino a quel momento e sull'ultimo controllo produttivo effettuato in azienda. Se la proiezione si rivela poi sbagliata perché l'animale viene asciugato prima o esce dall'allevamento per altri motivi, allora l'indice di suo padre ne risentirà e cambierà di conseguenza.

La proiezione viene effettuata come:

$$P_{305}=PC+UC*k_{ijk}$$

dove:

- P_{305} è la produzione prevista a 305 giorni
- PC_i è la produzione reale effettuata fino al giorno di lattazione i
- UC_i è la produzione effettuata all'ultimo controllo effettuato il giorno i di lattazione
- k_{ijk} è il coefficiente moltiplicativo per il giorno di lattazione i la stagione j e l'ordine di parto k

I coefficienti si ricavano da tabelle che vengono stimate a partire da dati della stessa popolazione. Queste tabelle possono essere aggiornate ogni 5-10 anni a seconda del cambiamento genetico nella popolazione.

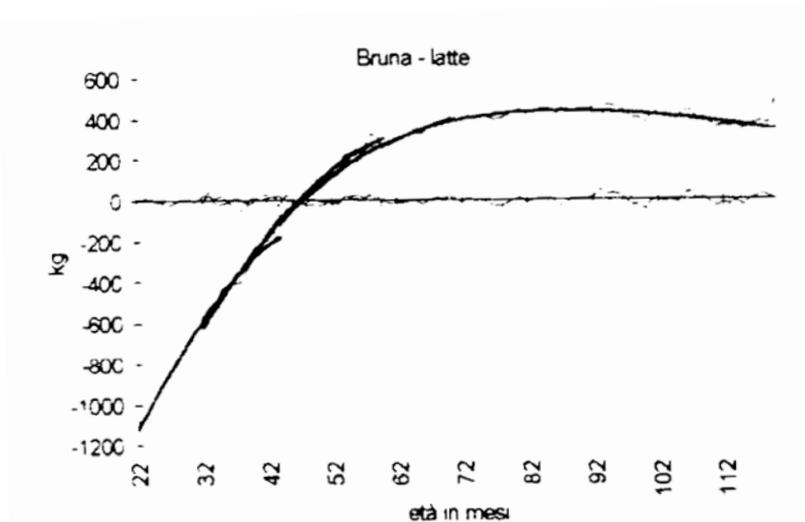
Si allega un articolo sulla stima di tali coefficienti.

Aggiustamento per il numero di mungiture

Alcune aziende mungono tre volte anziché due volte al giorno. Gli animali nelle aziende a tre mungiture sono avvantaggiati e hanno una produzione giornaliera stimata essere superiore. Allo scopo di standardizzare tutto a due mungiture le produzioni degli animali a tre vengono moltiplicate per 0.87.

Età e mese di parto

L'età al parto ed il mese di parto hanno un effetto sulla produzione di latte. Nel grafico seguente è riportato l'effetto dell'età e dell'ordine di parto sulla produzione di latte nella razza Frisona Italiana



Come si nota le bovine di primo parto e di giovane età producono meno degli animali di primo parto ma di età più avanzata. Non solo bovine di ordini di parto differenti ma stessa età producono in modo differente. La tendenza generale è che animali più vecchi, o meglio più maturi, producano di più dei giovani. Nell'effettuare un confronto tra figlie di tori differenti che hanno partorito ad età differenti si deve tenere conto di questo effetto e tutte le lattazioni vengono riportate come se fossero iniziate a 84 mesi.

Ma anche il mese di parto ha un effetto sulla produzione come si vede dal grafico successivo che riporta l'andamento delle produzioni in relazione al mese di inizio lattazione.

Anche in questo caso si riportano tutte le lattazioni come se fossero iniziate a gennaio. In altri termini tutto viene standardizzato a quella che viene chiamato "Equivalente Vacca Matura" o produzioni EVM. Il calcolo in questo caso viene effettuato come segue

$$EVM = P_{305} + k_{ijk}$$

Dove

P_{305} produzione a 305 giorni (lattazione convenzionale)

k_{ijk} coefficiente moltiplicativo per ordine di parto i, età al parto j, mese di parto k

Per le razze Frisona e Bruna i coefficienti sono anche differenti per diverse zone d'Italia.

Ad esempio si supponga di dover calcolare la produzione EVM per una bovina di razza Frisona che ha prodotto in prima lattazione 8750 kg di latte (305 giorni) ed ha partorito ad una età di 24 mesi in luglio

Ordine di parto	Età	GEN	FEB	MAR	APR	MAG	GIU	LUG	AGO	SET	OTT	NOV	DIC
1	22	1.3173	1.3153	1.3193	1.3305	1.3510	1.3829	1.4130	1.4243	1.3946	1.3620	1.3316	1.3095
1	23	1.2887	1.2867	1.2907	1.3016	1.3217	1.3529	1.3823	1.3934	1.3643	1.3325	1.3027	1.2811
1	24	1.2650	1.2630	1.2669	1.2776	1.2973	1.3280	1.3569	1.3677	1.3392	1.3079	1.2787	1.2575
1	25	1.2451	1.2432	1.2470	1.2576	1.2770	1.3071	1.3356	1.3462	1.3182	1.2874	1.2586	1.2378
1	26	1.2284	1.2266	1.2303	1.2407	1.2599	1.2896	1.3177	1.3282	1.3005	1.2702	1.2418	1.2212
...

Dalla tabella ricaviamo il coefficiente moltiplicativo 1.3569 e ricaviamo

$$EVM = 8750 * 1.3569 = 11872$$

La produzione EVM è quindi di 11872 kg. Ciò significa che se questo animale avesse effettuato questa lattazione partorendo a 84 mesi gennaio, invece che a 24 mesi luglio avrebbe prodotto 11872 kg di latte. In altri termini se questa vacca arriverà a partorire a 84 mesi in gennaio ci si aspetta che produca la quantità di latte sopra calcolata.

Intervallo parto concepimento

Anche in questo caso viene effettuato un preaggiustamento e tutte le produzioni vengono riportate ad un intervallo parto concepimento standard ad esempio di 100 giorni. Intervalli brevi tra il parto ed il successivo concepimento penalizzano la lattazione perché l'animale deve destinare una parte delle risorse allo sviluppo del feto e non interamente alla produzione di latte. Quindi per permettere il paragone tra animali con differenti intervalli tra il parto ed il concepimento si standardizzano tutte le lattazioni al medesimo intervallo.

Tutti questi preaggiustamenti fanno sì che il fenotipo che viene considerato sia già aggiustato per numerosi effetti ambientali. In altri termini è come se le produzioni degli animali che consideriamo siano state effettuate tutte da animali che hanno partorito a 84 mesi in gennaio, con una lattazione di 305 giorni di durata, con un intervallo parto concepimento di 100 giorni e tutte munte due volte al giorno.

Nel modello statistico quindi non dovremo più tenere conto di tutti questi fattori ambientali perché già considerati

Il nostro modello potrà ad esempio essere

$$y_{ijkl} = \mu^* + All_i Anno_j + a_k + pe_{i+} + e_{ijkl}$$

dove

y_{ijkl} produzione dell'animale k preaggiustata. Corrisponde al fenotipo nel modello genetico

- μ^* fattore comune a tutti. Nel modello genetico corrisponde a m insieme a All_iAnno_j
- All_iAnno_j Effettu fisso dell' i_{mo} allevamento e del j_{mo} anno di produzione. Insieme a μ^* nel modello genetico corrisponde a μ .
- a_k effetti genetici additivi. Stesso significato nel modello genetico
- pe_1 effetti ambientali permanenti. Stesso significato nel modello genetico
- e_{ijkl} errore residuo. Corrisponde agli effetti ambientali temporanei nel modello genetico

I preaggiustamenti risparmiano un po' di tempo di calcolo, ed hanno altre proprietà che rendono conveniente e favorevole il loro utilizzo.

Base Genetica

I valori riproduttivi possono essere di valore positivo o negativo. Il punto di riferimento, lo zero della scala, è la media dei valori riproduttivi della popolazione di femmine nate in un determinato anno. In altre parole la base genetica è la media genetica di popolazione di un certo anno.

Quella utilizzata oggi è la base genetica a gradini. Ciò significa che viene aggiornata ogni cinque anni. Attualmente la base genetica sono le vacche nate nel 1995.

VEDERE ARTICOLO ALLEGATO

Indici di pedigree

$$IP = \frac{1}{2} EBV_{padre} + \frac{1}{2} EBV_{madre}$$

oppure

$$IP = \frac{1}{2} EBV_{padre} + \frac{1}{4} EBV_{nonno\ materno}$$

Accuratezza del Valore riproduttivo

L'accuratezza di un indice, o del valore riproduttivo, esprime la correlazione fra la stima del valore genetico dell'animale ed il suo reale valore genetico.

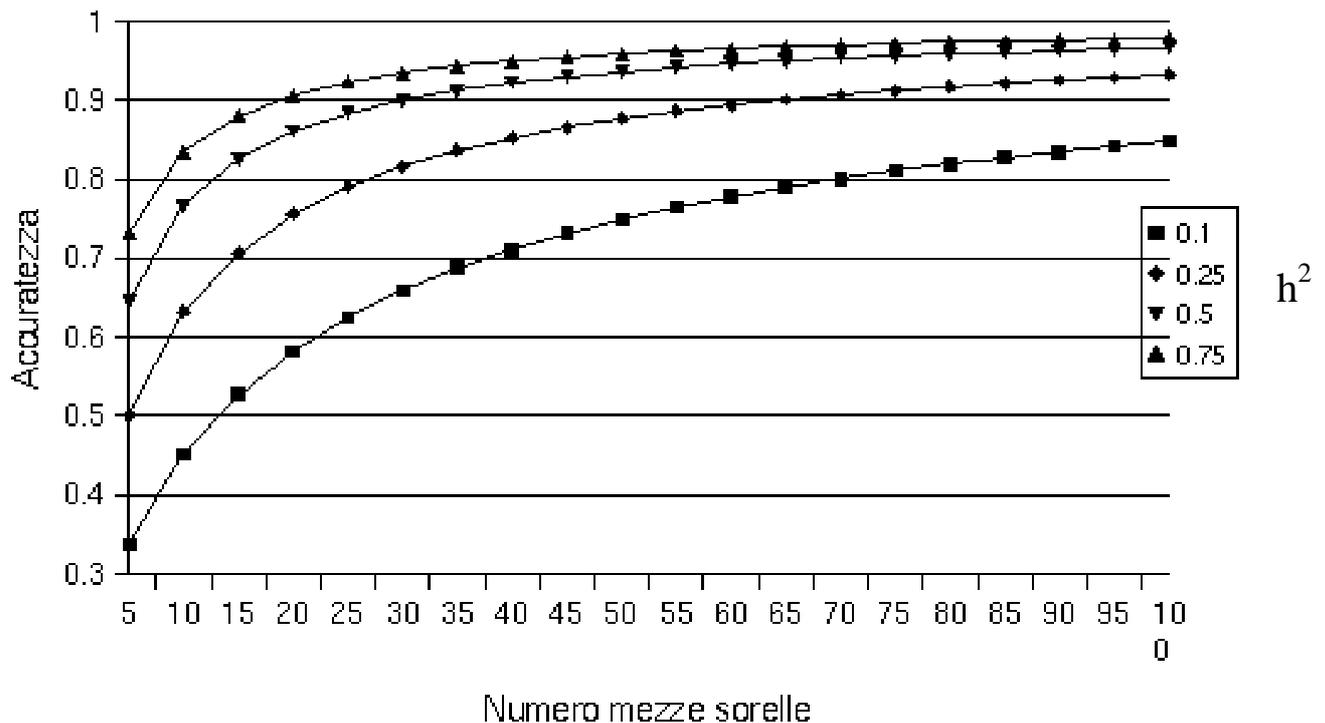
L'accuratezza dell'indice di un toro calcolato sulle produzioni delle figlie è:

$$r_{AA} = \sqrt{\frac{n^{\circ} \text{ figlie}}{n^{\circ} \text{ figlie} + \frac{4-h^2}{h^2}}}$$

dove h^2 è l'ereditabilità del carattere considerato.

Si nota che al crescere del numero di figlie cresce anche la precisione della stima del valore riproduttivo del toro.

Nel grafico seguente si nota il cambio dell'accuratezza in base al numero di figlie per toro (mezze sorelle) ed all'ereditabilità.



Ma la precisione della stima, ossia l'accuratezza, dipende anche dal numero di osservazioni che disponiamo sullo stesso animale.

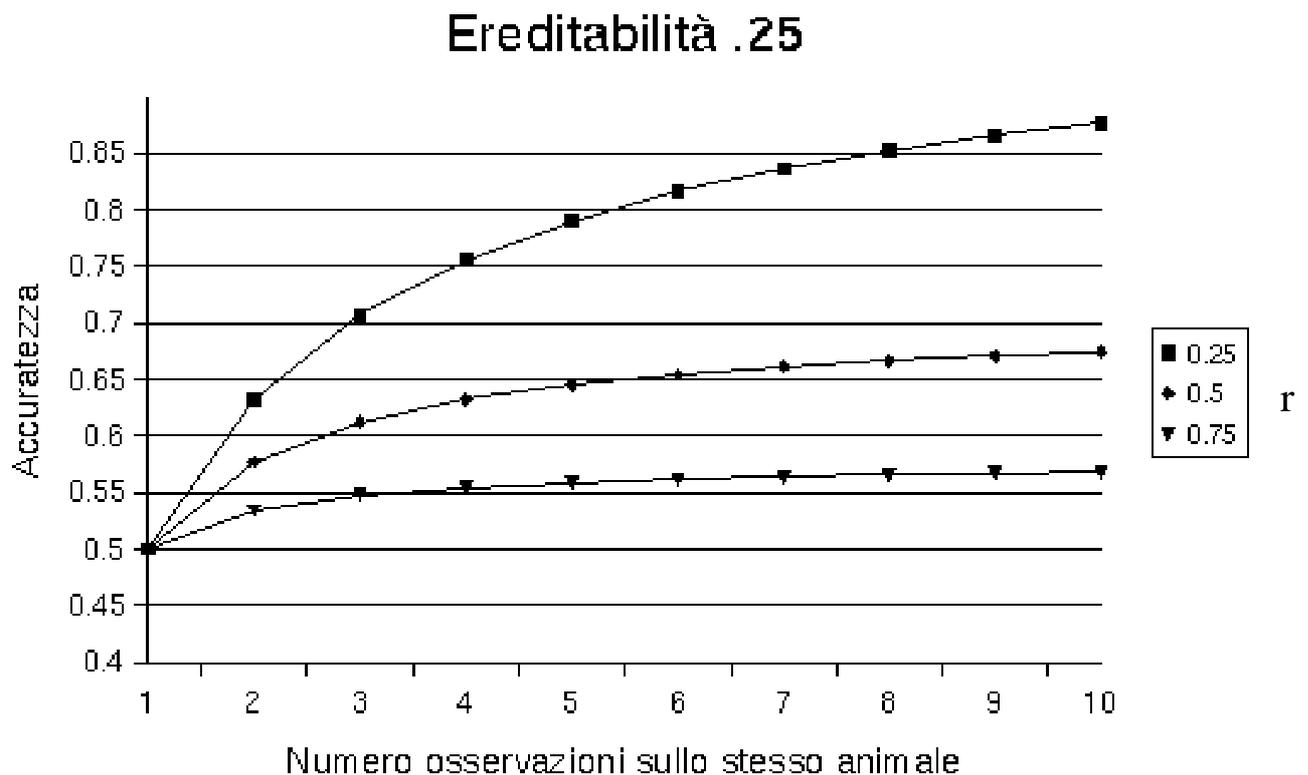
Come per le mezze sorelle si può calcolare l'accuratezza partendo dal numero di lattazioni disponibili:

$$r_{AA}^{\wedge} = \sqrt{\frac{n * h^2}{1 + (n - 1) * r}}$$

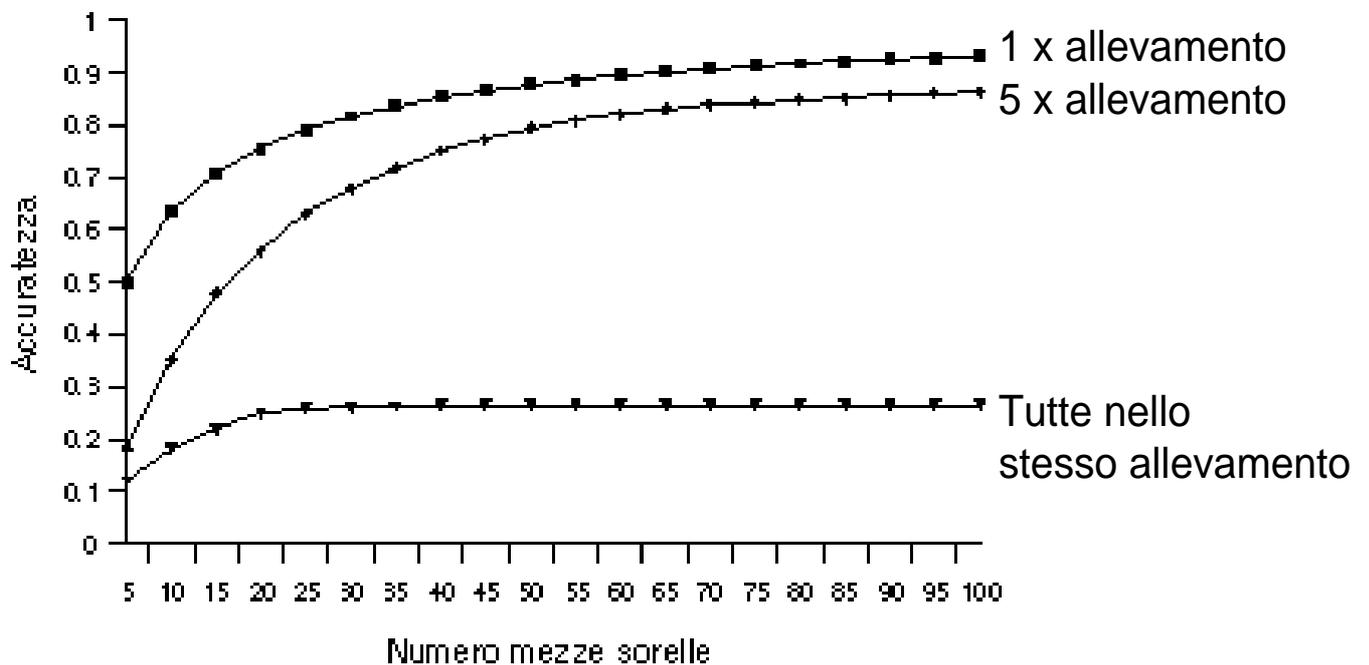
dove:

- n è il numero delle osservazioni ripetute sullo stesso animale
- r è la ripetibilità del carattere
- h² è l'ereditabilità

Nel grafico seguente vediamo come cambia l'accuratezza in base al numero di osservazioni (produzioni) ed in base alla ripetibilità.



Infine l'accuratezza del valore riproduttivo dipende anche dalla distribuzione delle figlie in allevamento. Come si può vedere anche dalla figura che segue, l'ideale sarebbe che vi fosse una figlia di ciascun maschio per ogni allevamento.



Il numero di figlie effettive si può calcolare come

$$\sum \frac{n_1 + n_2}{n_1 * n_2}$$

dove n_1 è il numero di figlie nell i -esimo allevamento di un dato toro ed n_2 è il numero di figlie di tutti gli altri tori nello stesso i -esimo allevamento.

L'accuratezza dell'EBV di un indice di pedigree è:

$$r_{AA}^{\wedge} = \frac{1}{2} * \sqrt{r_{AA\text{padre}}^2 + r_{AA\text{madre}}^2}$$

Ed in termini più generali, dalla teoria dell'indice di selezione:

$$r_{AA}^{\wedge} = \sqrt{b_1 a_{1\alpha} + b_2 a_{2\alpha} + \dots b_n a_{n\alpha}}$$

In definitiva l'accuratezza di un valore riproduttivo dipende da:

- Quantità delle informazioni disponibili:
 - numero delle lattazioni
 - numerosità della progenie
- Qualità delle informazioni disponibili:
 - distribuzione delle figlie negli allevamenti
- Parametri genetici della popolazione:

ereditabilità
ripetibilità

Errore standard della predizione

Dall'accuratezza si può ricavare l'errore standard della predizione (ESP)

$$ESP = \sqrt{(1 - r_{AA}^2) \sigma^2}$$

Alcuni valori di ESP in funzione dell'accuratezza

<i>Accuratezza</i>	<i>Latte</i>	<i>Grasso</i>	<i>Proteina</i>
.30	572	20	15
.50	520	18	14
.70	428	15	11
.80	360	13	10
.9	261	6	5
.99	84	3	2
.9999	8	.3	.2
σ_A^2	600^2	21^2	16^2