

# ANABORAPI

COMMISSIONE TECNICA CENTRALE

- Indici genomici parto e facilità di nascita
- Indice di docilità
- Indice distanza genetica



---

Carrù, 10 dicembre 2020

## I-BEEF

Progetto finanziato nell'ambito della  
sottomisura 10.2 PSRN 2014 - 2020



UNIONE EUROPEA - FEASR  
fondo agricolo per lo sviluppo rurale

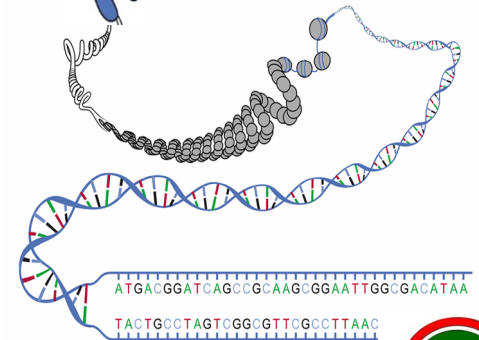
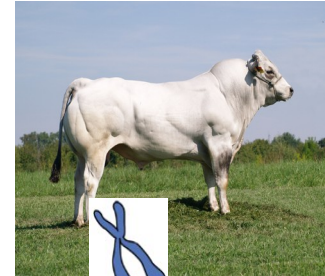
*l'Europa investe nelle zone rurali*  
MIPAAF

Direzione Generale dello sviluppo rurale

# INDICI GENOMICI Facilità di nascita e di parto

## Metodologia

- Genotipizzazione di tutti i tori FA
- ~1000 tori genotipizzati:
  - ~800 con chip 54k
  - ~200 con chip 150k
- Base comune ~42.000 SNP
- 35.500 SNP utili dopo le procedure di editing



# INDICI GENOMICI Facilità di nascita e di parto

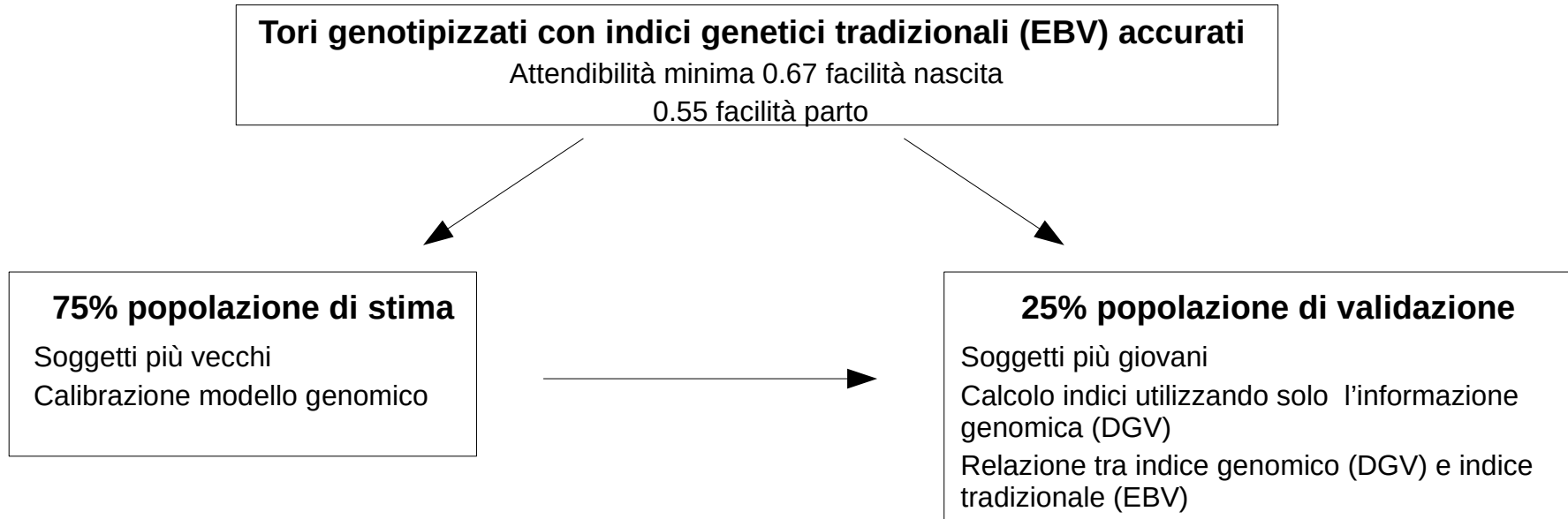
## Metodologia

- Indici deregressi (Rimozione del contributo dovuto al pedigree)
- Modello di calcolo: G-BLUP
  - matrice di parentela genomica costruita a partire dagli SNP
  - varianza associata all'effetto dell'animale è riscalata in funzione dell'attendibilità della media degli indici deregressi.
  - varianza residua eterogenea in funzione dell'attendibilità degli indici deregressi dei singoli tori



# INDICI GENOMICI Facilità di nascita e di parto

## Metodologia



# INDICI GENOMICI Facilità di nascita e di parto

## Risultati

### Caratteristiche delle popolazioni di stima e di validazione:

Carattere	$h^2$	N° tori in stima	Attendibilità media EBV tori in stima	N° tori in validazione	Attendibilità media EBV tori in validazione
Facilità di nascita	0,089	744	0,87	199	0,81
Facilità di parto	0,078	484	0,79	162	0,72

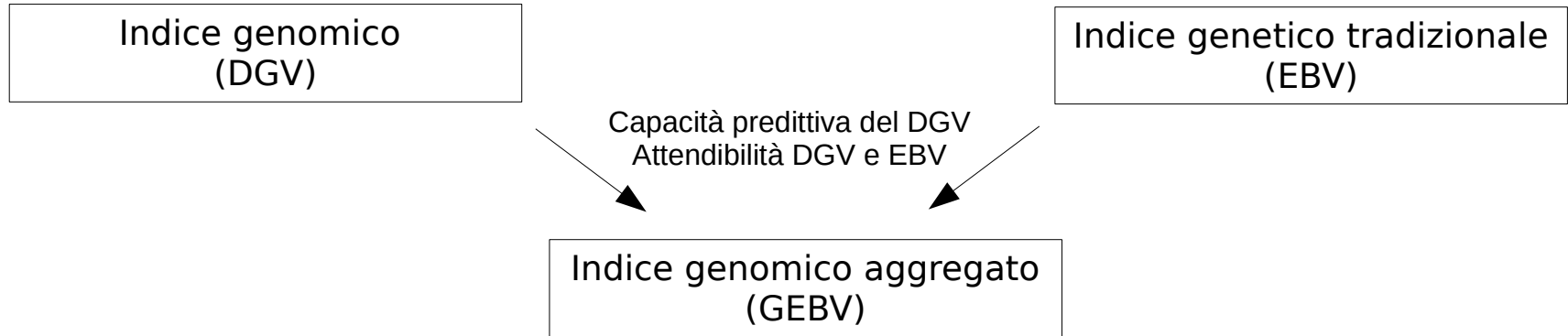
### Risultati della validazione:

Carattere	$r_{\text{DGV-EBV}}$	Attendibilità media indici pedigree	Attendibilità media DGV predetti	Differenza
Facilità di nascita	0,56	0,30	0,37	+7%
Facilità di parto	0,49	0,17	0,31	+14%



# INDICI GENOMICI Facilità di nascita e di parto

## Indici genomici e selezione genomica



- ✓ DGV ha peso maggiore per gli animali giovani che dispongono di un indice pedigree (attendibilità inferiore all'attendibilità del genomico)
- ✓ EBV ha maggiore peso nell'indice aggregato con l'accumularsi dei dati di nascita/parto sulla progenie



# INDICI GENOMICI Facilità di nascita e di parto

## Indici genomici e selezione genomica

	Facilità di nascita	Facilità di parto
	Peso del dgv	Peso del DGV
A fine performance test	55%	57%
A fine prova di progenie (80 figli)	22%	52%
Toro con 200 figli nati e 25 figlie al parto	13%	33%
Toro con 500 figli nati e 50 figlie al parto	6%	20%
Toro con 1000 figli nati e 100 figlie al parto	3%	8%

Carattere	$r_{DGV-EBV}$ Tori provati	$r_{DGV-EBV}$ Tori in prova	$r_{GEBV-EBV}$ Tori provati	$r_{GEBV-EBV}$ Tori in prova
Facilità di nascita	0,98	0,79	0,99	0,93
Facilità di parto	0,94	0,69	0,99	0,92



# INDICI GENOMICI Facilità di nascita e di parto

## Indici genomici e selezione genomica

- Pubblicazione indici genomici GEBV (stessa scala indici attuali)
- Introduzione in Indice Carne e Allevamento (stesso peso indici attuali)
- Tutti i vitelli in prova CPT genotipizzati dal 2017
- Migliore efficienza selezione torelli a fine prova per prove di progenie

---

**Carrù, 10 dicembre  
2020**





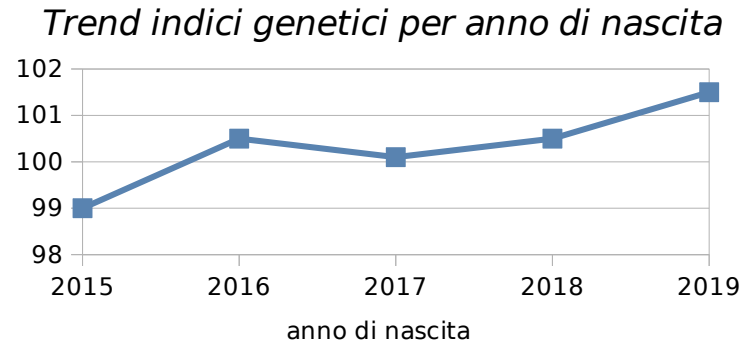
# NUOVO INDICE DOCILITÀ

## Contesto e rilevanza

2007



RILIEVO TEMPERAMENTO A 12 MESI (dal 2007)

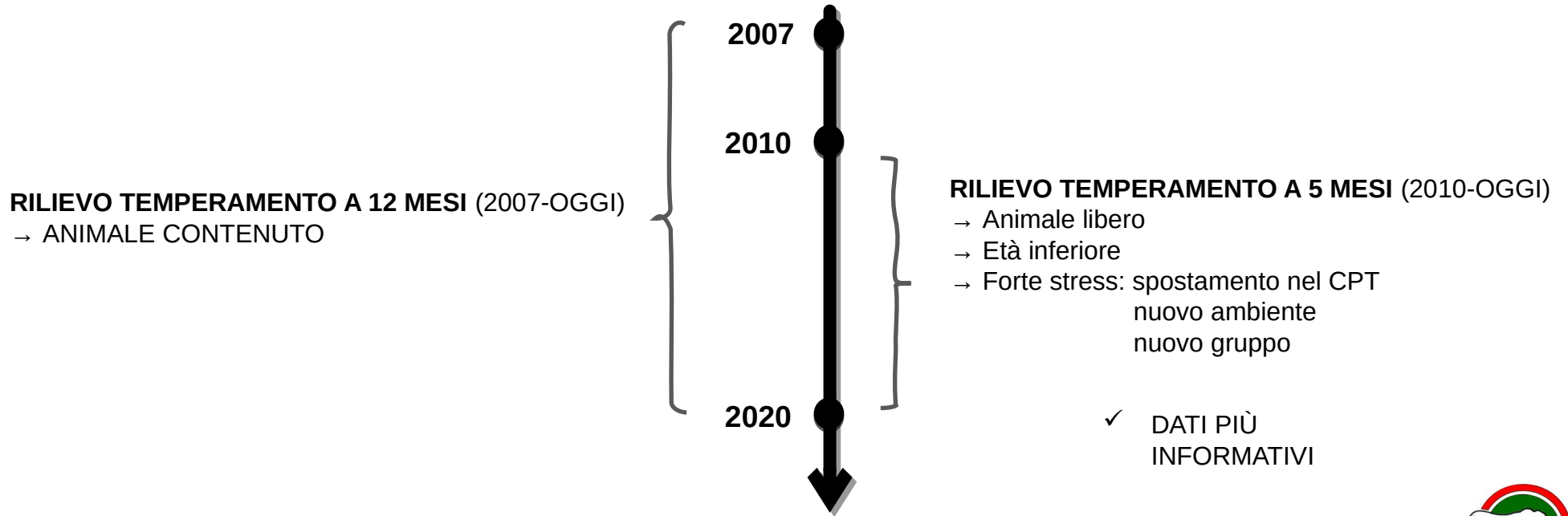


- ✓ INDICE DOCILITÀ dal 2015
- ✓ Peso 5% negli indici selezione
- ✓ Selezione per temperamento
- ✓ Animali più docili
  - + benessere
  - + produttività



# NUOVO INDICE DOCILITÀ

## Contesto e rilevanza



# NUOVO INDICE DOCILITÀ

## Rilievo

- Rilievo a 5 mesi suddiviso in 3 fasi:
  - vitello è isolato
  - avvicinamento dell'operatore
  - ricerca del contatto con l'animale fermo
- Attribuzione di un codice da 1 a 4 per ogni fase:
  1. tranquillo
  2. abbastanza tranquillo
  3. nervoso
  4. molto nervoso

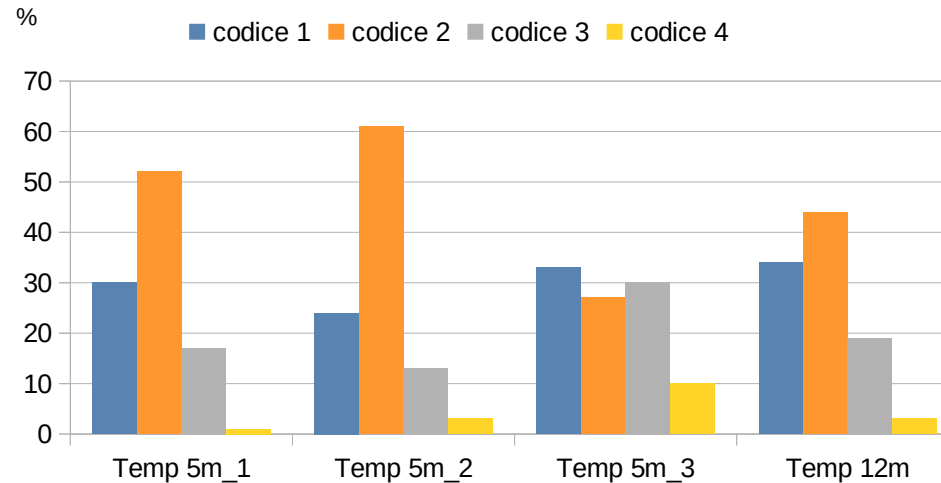


# NUOVO INDICE DOCILITÀ

## Rilievo

Rilievo 5 mesi	1533 torelli
Rilievo 12 mesi	2178 torelli

Distribuzione dei rilievi



Carrù, 10 dicembre 2020



# NUOVO INDICE DOCILITÀ

## Modello multitrait

$Temp\_5m_i = \text{turno} + \text{nparto} + \text{gest}$

$Temp\_12m = \text{turno} + \text{nparto} + \text{gest} + \text{dim} + \text{peso}$

con  $i=1,2,3$  (fasi)

nparto = primipare / pluripare

gest = madre posta fissa / madre box senza vitello / madre box con vitello

dim = <30 vacche / 30-60 vacche / >60 vacche

Ereditabilità e correlazioni genetiche tra i caratteri:

<b>Carattere</b>	Temp 5m_1	Temp 5m_2	Temp 5m_3	Temp 12m
Temp 5m_1	<b>0.21</b>	0.72	0.50	0.79
Temp 5m_2		<b>0.10</b>	0.90	0.75
Temp 5m_3			<b>0.31</b>	0.37
Temp 12m				<b>0.20</b>



# NUOVO INDICE DOCILITÀ

## Indici genetici

- La scala degli indici viene invertita trasformandola in indici di docilità
- Il modello multitrait produce 4 indici genetici (1 per ogni carattere), che vengono aggregati
- Vengono assegnati pesi relativi ad ognuno dei caratteri

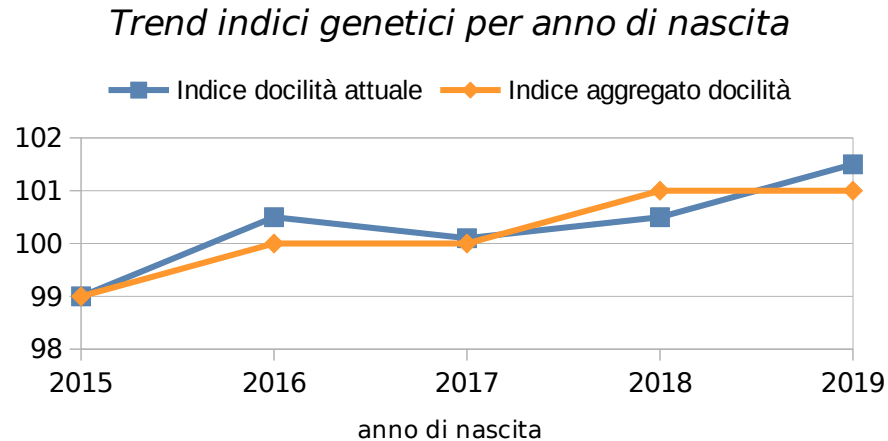
	<i>peso</i>	
Temp 5m_1	20%	} Indice aggregato docilità (correlazione con indice attuale 0.74)
Temp 5m_2	20%	
Temp 5m_3	20%	
Temp 12m	40%	



# NUOVO INDICE DOCILITÀ

## Indici genetici

- Si osserva un certo re-ranking dei tori
- Misura più precisa ed oggettiva



# DISTANZA GENETICA

## Contesto

Strategie per controllo di imparentamento e consanguineità:

- definizione delle Madri di toro (con grado di imparentamento con i padri di toro inferiore al 4%)
- contingentamento della produzione di seme dei tori FA
- tabulati di consanguineità
- piani di accoppiamento a livello aziendale
- **INDICE DI DISTANZA GENETICA.**





# DISTANZA GENETICA

## Indice e rilevanza

- L'indice di distanza genetica è calcolato per tutti i tori di FA selezionati a partire dal 2008 → 530 tori
- Esprime il valore medio della parentela di ogni toro con le bovine viventi figlie di tori di FA → 58000 vacche
- L'indicatore è riportato su media 100 e deviazione standard pari a 10.
- Valori superiori a 100 indicano tori poco imparentati con le vacche, quindi più *distanti*.

---

# Tori 533    Parentela media = 3.57%

---

Indice max = 132    Parentela = 1.84%

Indice min = 56    Parentela = 5.93%

---

---

**Strumento per individuare tori  
maggiormente fuori linea rispetto  
alla linee di sangue della fattrici  
allevate in razza**

---

