

UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI PADOVA
Dipartimento di Agronomia, Alimenti, Risorse
naturali, Animali e Ambiente.

Corso di laurea magistrale Scienze e Tecnologie animali

Analisi sull'uso di indici di selezione sostenibili per
razze locali a duplice attitudine: caso di studio sulla
razza Grigio alpina

Relatore

Prof. Roberto Mantovani

Correlatore

Dott. Enrico Mancin

Laureanda

Angelica Oian

Matricola n. 2058037

ANNO ACCADEMICO 2022/23

Indice

Riassunto	5
Abstract	7
1. Introduzione	9
1.1 Domesticazione e selezione genetica delle razze bovine	9
1.2 Caratteristiche e importanza delle razze locali	10
1.3 Razza Grigio Alpina	12
1.3.1 La storia della Razza.....	12
1.3.2 Diffusione attuale e tipo di allevamento	13
1.3.3 Caratteristiche morfologiche.....	13
1.4 Benessere animale e selezione genetica	15
1.5 Fondamenti di genetica	17
1.5.1 Ereditabilità, correlazione genetica e fenotipica.....	17
1.5.2 Indici genetici	18
2. Obiettivi e scopo del lavoro	21
3. Materiale e metodi	22
3.1 Data editing	22
3.1.1 Dati disponibili	22
3.1.2. Pulizia dati longevità	22
3.1.3. Pulizia dati fertilità.....	23
3.1.3. Pulizia dati latte e cellule somatiche.....	24
3.2 Metodi di analisi dei dati	25
3.2.1 Modello di analisi per i caratteri produttivi (LATTE, SCS).....	25
3.2.2 Modello di analisi per la fertilità (FERT)	26
3.2.3 Modello di analisi per la longevità (LONG).....	26
3.2.4 Aspetti computazionali	26
3.2.5 Simulazione progresso genetico (R)	27

4. Risultati	28
4.1 Statistiche descrittive	28
4.2 Ereditabilità.....	33
4.3 Correlazioni	34
4.4 Risposta genetica a diversi scenari di selezione	36
5. Discussione	42
5.1 Statistiche descrittive	42
5.2 Ereditabilità.....	44
5.3 Correlazioni	45
5.4 Risposta genetica a diversi scenari di selezione	47
6. Conclusioni.....	48
7. Bibliografia.....	49

Riassunto

Da sempre la specie bovina ha giocato un ruolo chiave per la civilizzazione umana. Proprio grazie alla sua utilità l'uomo ne inizia a controllarne l'accoppiamento favorendo la riproduzione di individui con i fenotipi migliori. 200 anni fa iniziò la selezione con lo scopo di standardizzare la morfologia e la produttività degli animali fino ad arrivare a oggi dove troviamo numerose razze bovine, tra cui la Grigio Alpina soggetto di questo studio.

Visto i problemi emersi negli ultimi anni causati dalla selezione intensiva effettuata soprattutto nelle razze cosmopolite, l'interesse per la creazione di nuovi scenari di selezione basati su caratteristiche riguardanti la fitness dell'animale è aumentata. In questo studio sono stati analizzati i dati forniti dalla Associazione nazionale allevatori bovini di razza Grigio Alpina (ANAGA) con lo scopo di proporre un indice di selezione favorevole per la selezione di caratteri quali longevità (LONG) e fertilità (FERT), per migliorare la fitness della razza già sufficientemente selezionata per la produzione di latte (LATTE). Sono state calcolate le ereditabilità dei vari caratteri, le loro correlazioni genetiche e fenotipiche e, infine, è stato proposto un indice di selezione adatto a valorizzare opportunamente con la fitness con la produzione del latte.

La razza Grigio Alpina presenta una buona produzione di latte (16,73 kg/d) specialmente considerando le caratteristiche di essere razza a duplice attitudine e diffusa in ambiente montano, ha una longevità superiore alla media rispetto alle razze più note (LONG, 6,68 anni), e anche l'intervallo parto concepimento (FERT) risulta ottimale, con valori di 94 giorni.

Per quanto riguarda le ereditabilità stimate, la produzione di LATTE (0,20) è risultata in linea con quella di altre razze a duplice attitudine, mentre l'ereditabilità per le cellule somatiche (SCS) è risultata leggermente più alta rispetto ad altre razze (0,13). La LONG (0,07) e FERT (0,02) hanno invece palesato valori bassi, ma comunque in linea quanto riportato in bibliografia per questi caratteri.

Attraverso la valutazione della tendenza genetica per i diversi caratteri è risultato evidente come la selezione sia stata finora realizzata con l'obiettivo di migliorare il principalmente il carattere LATTE, mentre gli altri caratteri non hanno subito miglioramenti significativi.

Per quanto riguarda la struttura genetica tra i caratteri studiati, si sono ottenute correlazioni positive e medio alte tra LONG e LATTE (0,49) e FERT e LATTE (0,40); più basse, ma sempre positive tra LONG e FERT (0,09). Correlazioni negative sono state ottenute invece tra: LATTE e SCS (-0,12) e LONG e SCS (-0,52). Questi risultati mostrano che la selezione per il carattere LONG è favorevole anche per il miglioramento della produzione di latte (LATTE) e per il miglioramento della salute della mammella (correlazione negativa per SCS indica una diminuzione delle SCS all'aumento di LONG) ma sfavorevole per FERT.

Tenendo conto dei risultati ottenuti sono stati proposti degli indici di selezione (7 scenari ipotetici) che mirano a selezionare maggiormente i caratteri LONG e FERT rispetto al LATTE, già sufficientemente selezionato. Questi indici hanno mostrato come la selezione per il carattere LONG sia possibile favorendo anche un ulteriore incremento della produzione di LATTE in alcuni degli scenari analizzati, un miglioramento della salute della mammella, mentre la il carattere FERT risulta difficile da migliorare sensibilmente.

Abstract

Among livestock species, bovine have always played a key role in human civilization. Thanks to its utility, humans began to control its mating, favoring the reproduction of individuals with the best phenotypes. Cattle selection is dated back to about 200 years ago, with the aim to standardize morphology and animal's productivity. Today, numerous cattle breeds are under selection plans, including the Alpine Grey, that is the subject of the present study.

Given the problems that have emerged in recent years, caused by the intensive selection, carried out especially in commercial breeds, the interest in new selection scenarios based on fitness traits has increased. In this study, data provided by the National Association of Alpine Grey Cattle Breeders (ANAGA) were analyzed with the aim to propose a favorable selection index for the selection of traits such as longevity (LONG) and fertility (FERT), to improve the fitness of the breed already sufficiently selected to produce milk (LATTE). The heritability of the traits and their correlations have been calculated and finally a suitable selection index has been proposed accounting for fitness beside milk production.

The Alpine Grey present a good aptitude for milk production (i.e., 16.73 kg/d) especially if we consider the breed is a dual-purpose diffused in mountain areas. The Alpine Grey has shown a substantial higher longevity compared to the best-known commercial breeds (LONG: 6.68 years), and an optimal day open interval (FERT) with a mean value of 94 days.

The heritability of studied traits resulted in agreement with estimates obtained for similar dual-purpose breeds (0.20), slightly higher than other commercial breeds for somatic cells score (SCS; 0.13), while LONG (0.07) and FERT (0.02) showed low heritability values, although in agreement with literature.

Through the evaluation of genetic trends from Estimated Breeding Value (EBV) it was evident how selection was carried out mainly to improve milk yield, while the other traits did not show significant improvements.

The genetic correlations between analyzed traits resulted positive and significant correlations between LONG and LATTE (0.49) and FERT and LATTE (0.40); Still positive but of low value resulted the genetic correlation between LONG and FERT (0.09). Negative correlations were obtained between: LATTE and SCS (-0.12);

LONG and SCS (-0.52). These results show that selection for the LONG trait is also favorable for the improvement of milk production (MILK) and udder health (negative correlation for SCS suggest a reduction of SCS with the increase of LONG) but unfavorable for FERT.

Considering the results obtained, selection indices (7 different scenarios) have been proposed with the aim to select speed-up selection for the LONG and FERT traits, as respect to already selected milk (LATTE). These selection indexes have shown how selection for LONG trait is feasible, not being detrimental also for milk yield and udder health (as shown by some of the analyzed scenarios) while selection for FERT is not significant.

1. Introduzione

1.1 Domesticazione e selezione genetica delle razze bovine

La domesticazione del bestiame e della specie bovina ha giocato un ruolo chiave nella civilizzazione umana. Nutrendosi di foraggi non digeribili dall'uomo, i bovini forniscono carne, latte, pelle e forza lavoro per trasporto o trazione (Zhang et al., 2020). La domesticazione delle razze moderne è molto recente (XVIII secolo) (Felius et al., 2014) ma la storia di *Bos tauros* è ben più profonda.

La tribù Bovini risale al Miocene, periodo in cui avviene la separazione dalla tribù Boselaphini (Zhang et al., 2020). In questo periodo la tribù aumenta di taglia e acquisisce la tipica dentizione robusta in risposta all'aumento dell'aridità stagionale (Bibi, 2007).

Questa tribù è suddivisibile in altre tre sottotribù: Pseudorygina, a cui appartiene solo il Saola (*Pseudoryx nghetinhensis*); Bubalina, nella quale sono presenti i due generi di bufali non estinti (*Bubalus* e *Syncerus*); e Bovina a cui appartengono bisonti (genere *Bison*) e tori (genere *Bos*). All'interno di quest'ultima sotto-tribù ricadono tutte le razze di Toro moderne (*Bos tauros*) discendenti dell'Uro (*Bos primigenius*, figura 1) diffuso in Europa tra il Pleistocene e l'Olocene (Zhang et al., 2020). Le prime prove archeologiche della domesticazione di bovini risalgono a circa 10.500 anni fa nella mezzaluna fertile (Taberlet et al., 2011).

In questo periodo l'uomo inizia a controllare l'accoppiamento degli animali favorendo la riproduzione di individui con fenotipi più adatti ai suoi scopi; ciò ha portato gli animali ad adattarsi all'ambiente locale e soddisfare i bisogni dell'uomo in maniera sostenibile (Taberlet et al., 2011). La situazione inizia a cambiare circa 200 anni fa quando emerge il concetto di razza. In questo periodo viene messa in atto una maggiore selezione con lo scopo di standardizzare la morfologia delle razze e la loro performance produttiva (Taberlet et al., 2011).

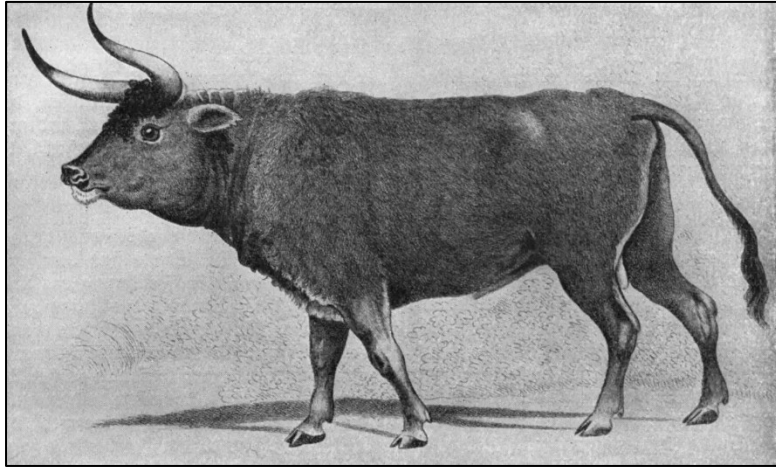


Figura 1: Una raffigurazione dell'Uro (Bos primigenius) risalente al XVI secolo.

Nel XIX e XX secolo le razze produttive generate da questa selezione, prevalentemente di origine europea, iniziano a diffondersi in tutto il mondo. Attualmente le razze da latte più importanti sono la razza Frisona e la razza Jersey mentre le razze da carne più diffuse sono la razza Angus, Charolais, e Limousine (Zhang et al., 2020).

1.2 Caratteristiche e importanza delle razze locali

Il 90% della produzione animale spetta a solo 14 razze altamente produttive. Esse sono state diffuse in tutto il mondo rimpiazzando le razze locali. Secondo uno studio del 2011 il 16% delle razze bovine risulta estinto (Taberlet et al., 2011).

Nello stesso anno la FAO (Organizzazione delle Nazioni Unite per l'Alimentazione e l'Agricoltura) riporta che in Italia sono registrate 61 razze bovine di cui 9 in stato di rischio critico, 5 in stato di pericolo, 19 estinte, 27 non a rischio e 1 in stato di rischio ignoto. Per questo è bene riportare i problemi che l'abbandono delle razze locali può comportare alla società tra cui:

- Il declino delle produzioni di piccola e media gestione, in favore della intensificazione degli allevamenti;
- Un cattivo controllo delle malattie;
- La perdita di pascoli;
- Un cattivo controllo dell'inbreeding;
- L'incapacità di adattarsi a un cambio di domanda da parte del consumatore;
- Minore capacità d'adattamento per l'animale in caso di cambiamento ambientale, tra cui anche quello climatico.

Ecco perché negli ultimi anni è cresciuto molto l'interesse per le razze rustiche in quanto presentano delle caratteristiche in grado di risolvere le problematiche causate dalla poca variabilità genetica. Le razze locali infatti presentano:

- Ottima capacità di adattamento ambientale e climatica;
- Longevità più elevata rispetto alle razze specializzate;
- Maggior resistenza alle malattie, che potrebbe anche aiutare nella diminuzione dell'uso di antibiotici;
- Maggior fertilità;
- Supporto all'economia locale (Gandini & Villa, 2003);
- Maggiore redditività attraverso la produzione di alimenti ad alto valore aggiunto (DOP, IGP);
- Produzione con costi più moderati.

Pertanto, è importante preservare le razze locali e investire sullo studio di esse con la formulazione di nuovi indici genetici, in grado di selezionare i migliori riproduttori basandosi su caratteristiche quali fertilità e longevità. In generale è bene iniziare a rivedere la selezione intensiva attuata fino ad ora nelle razze da allevamento, in modo da prediligere il miglioramento della fitness dell'animale e il suo benessere, anche a scapito di una moderata diminuzione dei caratteri produttivi, ma favorendo un aumento di adattabilità, resistenza e resilienza della razza.

Sarebbe inoltre opportuno aumentare la consapevolezza dei consumatori, allevatori e investitori riguardo queste tematiche.

1.3 Razza Grigio Alpina

1.3.1 La storia della Razza

La razza Grigio Alpina appartiene al gruppo delle razze grigie dell'arco alpino, probabilmente una delle più antiche abitanti delle Alpi. L'origine della razza risale ai ceppi del XIX secolo situati in alcune vallate dell'Alto Adige e del Trentino, in particolare in Val Passira, Val Senales, Val Sarentino, Valle di Fassa e Valle di Fiemme. Tutti poi confluiti nell'attuale razza Grigio Alpina. L'isolamento delle vallate rendeva molto difficili gli scambi genetici quindi le caratteristiche della razza sono rimaste pressoché inalterate da allora (Ruminantia.it, 2023).

Solo pochi allevatori hanno attuato una selezione della razza cercando di migliorarne la purezza agli inizi del 1900. In questi anni, infatti, venne fondata la prima associazione di selezione nel Trentino-Alto Adige (1905); il cui compito era la gestione della selezione locale dei tori.

Uno dei principali motivi che spinsero gli allevatori a fondare questa associazione fu la paura di perdere l'identità della razza. In questo periodo, infatti, la politica autarchica del governo Fascista impose di incrociare la razza con la Bruna Svizzera mettendone così a rischio l'unicità.

Dopo la Seconda guerra mondiale, quindi, vennero costituite le prime associazioni locali di allevatori che portarono nel 1949 alla fondazione della Federazione Allevatori di razza Grigio Alpina di Bolzano.

Nel 1956 venne anche rifondata la Società di allevatori Grigio Alpina con sede a Predazzo (TN), che aveva visto i suoi inizi nel 1905. Quest'ultima aderì in seguito alla Federazione Provinciale Allevatori di Trento.

L'attuale Associazione Nazionale Allevatori Bovini di Razza Grigio Alpina venne costituita il 19 giugno 1980. Il 28 settembre 1981 il Ministero dell'Agricoltura e delle Foreste concesse il riconoscimento ufficiale al Libro Genealogico della Razza Grigio Alpina che divenne così Libro Genealogico nazionale e venne prima affidato in gestione all'Associazione Italiana Allevatori e poi nel 1985 all'A.N.A.G.A. (Associazione nazionale allevatori bovini di razza Grigio Alpina).

1.3.2 Diffusione attuale e tipo di allevamento

Secondo quanto riporta la FAO, al momento la razza Grigio Alpina non è considerata una razza a rischio. Si stima una popolazione di circa 25.000 capi (di cui 17.583 registrati all'anagrafe) e 1.788 allevamenti presenti in Italia (dati aggiornati a dicembre 2020; Associazione nazionale allevatori bovini di razza Grigio Alpina, 2023).

Da sempre, questa razza, è stata allevata in contesti marginali grazie alla sua capacità di adattarsi alle condizioni ambientali delle aree montane. Attualmente è diffusa nelle zone di alta montagna dell'Alto Adige e nelle vallate dolomitiche del Trentino e del Bellunese; altri singoli gruppi si possono trovare lungo l'arco alpino o in altre zone collinari e montane d'Italia.

È importante sottolineare che il ruolo che gioca questa razza per l'ambiente montano non è rimpiazzabile (Marsoner et al., 2018) poiché tramite il pascolo mantiene invariato l'importante ecosistema presente oltre ad essere una forma di reddito per molti allevatori locali.

1.3.3 Caratteristiche morfologiche

La Grigio Alpina è una razza ritenuta a duplice attitudine produttiva (latte e carne), descritta come rustica, frugale con eccellente capacità di convertire foraggi in latte e carne in modo molto efficiente. È una razza longeva e di buona fertilità il cui allevamento si basa sul pascolo. È di taglia piccola (120-125 cm di altezza al garrese), robusta e con ottime capacità di adattamento ad ambienti non favorevoli al pascolo.

Lo standard di razza prevede le seguenti caratteristiche (figura 2): il mantello si presenta di colore argento chiaro con sfumature più scure alla testa, al collo, alla spalla, ai fianchi, alle cosce e agli arti; la pelle è fine e morbida; gli occhi sono grandi e brillanti; le corna sono fine, bianche alla base, nere in punta, dirette in avanti verso l'alto ed a punte divergenti; la coda è molto sottile, lunga e con fiocco abbondante (Ruminantia.it, 2023).



Figura 2: esemplare di razza Grigio Alpina.

La produzione del latte media all'anno è di circa 50 quintali con ottimi titoli in grasso e proteine (AIA, 2023). Il latte prodotto da questa razza risulta essere adatto sia alla trasformazione in formaggi sia alla produzione di latte per il consumo diretto. Uno degli obiettivi primari per la selezione della Grigio Alpina è proprio quello di massimizzare la quantità di latte prodotta senza peggiorarne i titoli di grasso e proteine.

L'allevamento di vitelloni medio-pesanti risulta essere altrettanto efficace, con una resa al macello del 58%, caratteristiche di conformazione della carcassa molto buone, un accrescimento giornaliero medio di 1.200 g/giorno e una qualità della carne eccellente.

1.4 Benessere animale e selezione genetica

La perdita di diversità negli animali da allevamento è un danno collaterale dovuto alla selezione genetica effettuata dall'uomo. Negli ultimi 10 anni la popolazione mondiale è passata da circa 6.9 miliardi di abitanti a 7.8 miliardi (WDI, 2023) e con essa è aumentata anche la domanda di generi alimentari di origine animale o derivati (Roche et al., 2018).

Questa richiesta da parte dei consumatori ha portato ad una selezione intensiva negli animali da allevamento, principalmente mirata alla selezione per caratteri produttivi come produzione di latte e produzione di carne (Cole et al., 2021).

I cambiamenti che sono avvenuti nella gestione degli animali da reddito in relazione alla crescita globale hanno condotto ad una intensificazione degli allevamenti portando ad utilizzare pochi tipi genetici entro le specie allevate (Brito et al., 2021). La produzione di latte per vacca è più che raddoppiata negli ultimi 40 anni e molte vacche ora producono più di 10.000 kg di latte per lattazione (ANAFIBJ, 2023). Gli allevatori di razze rustiche sono minacciati dal successo delle razze commerciali e dalle elevate performance produttive per questo spesso le razze rustiche e locali vengono rimpiazzate a causa della forte pressione economica (Taberlet et al., 2011). La selezione genetica attuata nel XIX e XX secolo ha portato ad una frammentazione della specie bovina in tante razze definite, con caratteri ben distinti attraverso l'interruzione del flusso genico tra esse. Il fenomeno di frammentazione di una popolazione è noto per avere delle conseguenze gravi nel lungo periodo causando: un aumento della deriva genetica e della consanguineità; una riduzione della fitness; ed è noto per essere una delle cause principali dell'estinzione delle specie (Taberlet et al., 2011).

È ormai noto come negli allevamenti siano presenti razze molto commerciali e diffuse, perché facili da allevare, con ottime produzioni e con standard stabili; ma la letteratura scientifica afferma che questa selezione ha portato a gravi danni al benessere dell'animale. Ad esempio, l'aumento della resa del latte è accompagnato da una diminuzione della fertilità, un aumento di problemi metabolici o agli arti e un declino della longevità. (Oltenu & Broom, 2010). È stata notata anche la presenza di una correlazione genetica negativa sia tra resa del latte e fertilità che resa del latte e longevità. Ciò indica che il deterioramento genetico riguardante la

fertilità e la salute dell'animale è una chiara conseguenza dovuta dalla selezione genetica (Oltenacu & Broom, 2010).

Questa standardizzazione e omogeneità tra gli animali in allevamento hanno di certo garantito alti livelli di produttività e competitività a livello economico al contrario a livello genetico hanno peggiorato la resistenza e unicità delle razze. Alcuni caratteri adattivi possono essere persi rapidamente a causa di incroci mal gestiti o della selezione intensiva portando alla diluizione di importanti loci adattivi presenti nelle razze tradizionali. Caratteri come la resistenza alle infezioni locali e alle malattie parassitarie, adattamento a foraggi di bassa qualità e comportamento gregario possono essere rapidamente persi e difficili da recuperare (Taberlet et al., 2011).

Fortunatamente questi fenomeni non si sono ancora manifestati nelle razze locali in quanto la selezione per i caratteri produttivi è iniziata in anni più recenti. Proprio per questo non è ancora troppo tardi per evitare l'insorgenza di tutte quelle problematiche che si sono manifestate nelle razze commerciali, ma è necessario l'intervento repentino da parte degli allevatori e della comunità scientifica.

1.5 Fondamenti di genetica

1.5.1 Ereditabilità, correlazione genetica e fenotipica

L'ereditabilità viene definita come un parametro che misura la facilità con la quale i genitori trasmettono alla prole un determinato fenotipo. Questa viene spiegata attraverso il rapporto:

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

Equazione 1: formula per il calcolo dell'ereditabilità h^2 :ereditabilità; σ_G^2 :varianza genetica; σ_F^2 :varianza fenotipica.

Questo rapporto assume valori compresi tra 0 e 1 dove valori vicini allo 0 indicano che la variabilità è spiegata da fattori ambientali e la selezione per questi caratteri sarà difficile. Valori vicini ad 1 indicano che il fenotipo è quasi completamente spiegato dalla variabilità genetica (Pagnacco, 2004).

Generalmente valori compresi tra 0,50 – 0,80 sono considerati elevati, quindi il fenotipo dell'animale rispecchia il suo genotipo e l'ambiente ha uno scarso effetto su di esso. La selezione, quindi, sarà facile e con buoni risultati, questi valori sono assunti dai caratteri morfologici.

Valori intermedi, 0,20 – 0,50, indicano che il fenotipo potrebbe essere influenzato anche dagli effetti ambientali, è il caso dei caratteri associati alla produzione di latte e dei suoi componenti. Valori molto bassi (0 – 0,20) suggeriscono che gli effetti ambientali mascherano quasi completamente il genotipo e la selezione di questi caratteri sarà molto limitata, l'efficienza riproduttiva ad esempio ha valori compresi in questo ultimo range (Pagnacco, 2004).

I fenotipi sottoposti a selezione possono essere indipendenti tra loro oppure presentare legami più o meno stretti chiamati correlazioni. Per questo motivo a volte attraverso la selezione di un carattere è possibile ottenere indirettamente il peggioramento o miglioramento di un altro. La formula per il calcolo della correlazione è:

$$C = \frac{COV_{xy}}{\sigma_x^2 \sigma_y^2}$$

Equazione 2: formula per il calcolo della correlazione genotipica.

Dove cov_{xy} indica la covarianza tra le due variabili x e y ; σ_x^2 indica la varianza della variabile x ; σ_y^2 indica la varianza della variabile y .

La correlazione può assumere valori compresi tra -1 e +1 dove i valori vicini a -1 indicano una correlazione negativa, ossia la selezione per il miglioramento di entrambi i caratteri non sarà possibile. Valori vicini a +1, invece, indicano che sarà possibile effettuare una selezione per entrambi i caratteri, per questo la correlazione è di grande importanza e interesse per i programmi di selezione (Pagnacco, 2004).

1.5.2 Indici genetici

La performance delle vacche da latte (e in generale di tutti gli animali da allevamento) è data da una funzione che mette in relazione sia fattori ambientali, che fattori genetici, e le loro interazioni. Il processo selettivo per il miglioramento della performance può essere riassunto in 4 momenti principali: definizione di un obiettivo di selezione; raccolta dati; elaborazione dati; definizione di un programma di selezione (Pagnacco, 2004).

Tramite questi passaggi si arriva all'elaborazione di un indice di selezione che permette di individuare gli animali geneticamente superiori da usare per la riproduzione (Pagnacco, 2004). Tutte le associazioni di allevatori producono periodicamente indici genetici come servizio per i soci. È nota infatti la presenza di diversi indici di selezione nazionali ed esteri (Brito et al., 2021), differenti tra loro in base al tratto maggiormente enfatizzato: produzione; riproduzione; salute; efficienza; conformazione muscolare ecc.. E' normale che nei prossimi anni questi indici continueranno ad essere modificati a causa del cambiamento nella richiesta del mercato o nelle condizioni di produzione (Cole et al., 2021). Il merito genetico o EBV (Estimated Breeding Value) di un animale è stimato assumendo che alcuni caratteri siano controllati da multipli geni e che ognuno di essi abbia un effetto sul fenotipo (Cole & VanRaden, 2018). Il processo di stima si basa su uno o più fenotipi, tiene conto di vari effetti ambientali che possono influenzarli e stima il valore genetico degli animali considerando anche il grado di parentela (Pagnacco, 2004). Gli effetti ambientali includono fattori come la nutrizione, il clima, l'esposizione alle malattie, (J. B. Cole & VanRaden, 2018).

La fase finale dell'elaborazione dei dati coinvolge la risoluzione di un sistema di equazioni simultanee che stima contemporaneamente gli effetti ambientali che

influenzano un determinato fenotipo e l'effetto genetico che contribuisce alla stima. L'effetto genetico animale rappresenta l'effetto additivo di ogni animale, noto anche come valore riproduttivo o BV (Breeding Value), Il Breeding Value (valore riproduttivo) è una misura utilizzata nell'allevamento animale per valutare l'effetto genetico di un individuo sulla sua progenie. Rappresenta la componente genetica dell'attributo considerato, come ad esempio la produzione di latte, il peso vivo, la resa della carne, o altri caratteri di interesse nella selezione degli animali. Questo modello è conosciuto come BLUP (Best Linear Unbiased Prediction), un Mixed Linear Model implementato nel 1972 (Weigel et al., 2017). L'equazione generale per questo modello è la seguente

$$y = Xb + Zu + e$$

Equazione 3: equazione generale per il modello BLUP.

Dove y indica le misurazioni fenotipiche effettuate su un gruppo di animali; b rappresenta gli effetti , corretti, che sono riconosciuti influenzare il fenotipo, u comprende gli effetti randomici come il valore di inbreeding; X e Z comprendono le incidenze delle matrici che mappano il fenotipo corretto per i fattori u e b ; e e rappresenta gli effetti randomici residui (Weigel et al., 2017).

Gli indici di selezione sono stati raffinati nel tempo con lo scopo di selezionare per specifiche caratteristiche. Tramite la valutazione, classificazione e combinazione di uno o più caratteri sono stati creati molti indici di selezione (Brito et al., 2021).

Attualmente gli indici di selezione sono variabili in base al paese in cui vengono utilizzati, perché diverse sono le necessità economiche e diverse le razze presenti sul territorio. In generale i caratteri più comunemente utilizzati per la creazione degli indici sono: resa del latte, grasso e proteine; longevità; fertilità (intervallo parto concepimento); salute della mammella (SCS, mastiti); tasso di parto (distocie, natimortalità); e conformazione (conformazione della mammella, valutazione degli arti) (Cole & VanRaden, 2018).

Annualmente vengono modificati e inseriti nuovi caratteri a causa dei cambiamenti di mercato e negli ultimi anni alcuni paesi hanno aggiunto altri caratteri riguardanti la fitness e la salute degli animali (Cole & VanRaden, 2018).

L'interesse nell'utilizzo della genetica per migliorare il benessere animale è aumentato negli ultimi anni anche grazie alla pressione attuata dai consumatori

sempre più interessati a queste tematiche (Cole & VanRaden, 2018). Uno scarso benessere animale ha come conseguenza un maggior numero di animali che presentano malattie. Come conseguenza la produttività è diminuita e con essa anche la fertilità; oltre che un aumento nelle spese veterinarie, nell'utilizzo di farmaci e nei costi di gestione generali della stalla. Questi animali hanno anche una maggior probabilità di morire in stalla che comporta un'ulteriore perdita di profitto nel caso degli animali destinati alla produzione di carne (VanRaden et al., 2016).

Conoscendo la correlazione negativa tra i caratteri legati alla fitness e i caratteri produttivi (Oltenacu & Broom, 2010) è chiaro che la creazione di indici di selezione che possano favorire entrambi i caratteri è molto complessa e nel breve periodo potrebbe portare ad una riduzione della produttività. È importante però valutare i benefici nel medio lungo periodo. La profittabilità, infatti, potrebbe rimanere invariata se non addirittura aumentare (Cole et al., 2021) visto la propensione attuale da parte dei consumatori nell'acquistare prodotti derivanti da allevamenti dove il benessere animale è di interesse e anche grazie alle minori spese veterinarie o di gestione delle problematiche sanitarie.

2. Obiettivi e scopo del lavoro

Lo scopo di questo studio è quello di creare nuovi indici genetici per la selezione della razza Grigio Alpina. Diversamente da quelli già presenti, questo studio preliminare ha lo scopo di creare degli indici che valutino anche i caratteri legati alla fertilità e alla longevità, per migliorare la fitness di questa razza già sufficientemente selezionata per la produzione di latte.

Viste le correlazioni negative riscontrate nelle selezioni per i caratteri produttivi e viste le peculiarità delle razze locali, è bene preservare questa unicità ed effettuare una selezione diversa rispetto a quella attuata nelle razze commerciali in modo da evitare la perdita di variabilità genetica e il peggioramento di caratteri legati al benessere e alla fertilità.

3. Materiale e metodi

3.1 Data editing

3.1.1 Dati disponibili

I dati a disposizione sono stati forniti dalla Associazione nazionale allevatori bovini di razza Grigio Alpina (ANAGA).

Questo studio ha usato tre diversi dataset riportati di seguito: anagrafica; pedigree; controlli latte test day.

Il dataset test day conteneva informazioni riguardanti i caratteri di produzione: resa del latte, grasso e proteina per matricola (riportate in kg/d); e la conta delle cellule somatiche (riportata in \log_2/count ; tabella 1).

Riportava, anche, dati anagrafici come numero di matricola, codice aziendale, data di nascita della vacca, data parto e numero di lattazione. I dati iniziali rappresentavano 241.043 lattazioni di 67.567 matricole con un totale di 1.640.670 osservazioni test – day. Le osservazioni sono state registrate con un intervallo medio di 4 settimane tra il 1981 e il 2022.

3.1.2. Pulizia dati longevità

Per calcolare i parametri genetici di dati inerenti alla longevità il seguente data editing è stato svolto.

Come prima scrematura sono state rimosse tutte le matricole non presenti nel dataset anagrafica.

Successivamente sono state rimosse anche le osservazioni nella quale la produzione di latte non era stata correttamente registrata (ad esempio valori come “NA” o 0).

Un'altra pulizia è stata fatta basandosi sulla DIM (durata media di lattazione). Dopo averla calcolata sono stata rimosse quelle osservazioni con valori negativi o maggiori di 500 giorni.

L'ultima pulizia sulle osservazioni test – day è stata fatta per rimuovere errori di trascrizione come: la presenza di due date parto per la stessa lattazione, la presenza della stessa data parto per due lattazioni diverse, errori nella compilazione del codice aziendale o matricole riportate due volte.

Il numero di singole osservazioni test-day al termine della pulizia risulta 1.453.633 con una perdita totale di 187.037 osservazioni.

Raggruppando nuovamente per le lattazioni totali è stato calcolato l'interparto per ogni lattazione e sono state rimosse le osservazioni che non rientravano nei range fisiologici per la razza (maggiore di 700 giorni o negativo). Infine, sono state rimosse matricole che riportavano una età al parto anomala, rimanendo così con 208.055 lattazioni (32.988 lattazioni in meno) totali di 55.896 matricole (11.671 matricole perse). Il data set finale che verrà usato per questo studio comprendeva l'88,6% delle osservazioni e l'82,7% degli animali presenti nel dataset iniziale.

3.1.3. Pulizia dati fertilità

In questo studio, l'intervallo tra parto e concepimento è stato considerato come un carattere rappresentativo della fertilità.

I tratti legati alla fertilità sono stati analizzati utilizzando due fonti di dati: il dataset dell'inseminazione e il dataset del Test-Day (TD). Il dataset TD è stato filtrato per eliminare le lattazioni in cui gli animali hanno trascorso del tempo in due o più mandrie, poiché non è possibile attribuire due diversi "effetti mandria" alla stessa lattazione.

Il dataset dell'inseminazione è stato pulito seguendo una procedura specifica. Gli animali con una data di nascita incoerente sono stati eliminati. Inoltre, quando c'erano più date di parto per la stessa parità, è stata mantenuta solo quella che garantiva un intervallo di parto di 287 ± 5 giorni. Nel caso in cui una vacca cambiava allevamento durante la lattazione, l'allevamento in cui ha trascorso più tempo è stato considerato come l'effetto dell'allevamento per quella lattazione.

Dopo questi controlli, i dati del Test-Day e quelli dell'inseminazione sono stati uniti seguendo la seguente procedura:

dal dataset del Test-Day è stata creata una riga per ogni lattazione di ciascuna vacca. In questa riga, la data di parto della lattazione target è stata considerata come data iniziale, mentre la data del parto successivo è stata considerata come data finale.

Dal dataset dell'inseminazione, gli eventi che si sono verificati tra queste due date sono stati uniti. Se la data di un parto successivo era assente, tutti gli eventi di inseminazione che si sono verificati dopo la data del parto sono stati considerati. Successivamente, sono stati rimossi gli eventi di inseminazione che mostravano una distanza superiore a 305 giorni dalla successiva data del parto.

Gli eventi di prima inseminazione per ogni lattazione, che si sono verificati al di fuori dell'intervallo di 20 a 180 giorni dopo il parto, sono stati eliminati.

Dopo questa fase di editing dei dati, sono stati ottenuti 36701 dati di parto concepimento (lattazione) relativi a 12.013 animali.

3.1.3. Pulizia dati latte e cellule somatiche

La pulizia è stata eseguita utilizzando la procedura descritta da Mancin et al., 2021, ma utilizzando dati più aggiornati, vedi sopra.

Tabella 1. Statistica descrittiva per i caratteri di produzione.

Carattere	min	max	media	SD
Prod. Latte totale (kg/g)	0,60	45,20	16,73	5,37
SCS (\log_2/count)	-3,64	10,84	2,33	1,86
Longevità funzionale (anni)	2,02	18,42	6,68	2,60
Intervallo parto concepimento	6,00	279,00	94,98	44,68

Tabella 1: descrittive dei caratteri produttivi e non presenti nel data set iniziale.

3.2 Metodi di analisi dei dati

3.2.1 Modello di analisi per i caratteri produttivi (LATTE, SCS)

I caratteri produttivi sono stati analizzati attraverso il seguente modello di stima test – day:

$$y_{ijklmno} = HTD_i + LN_j + GL_k + \sum_{r=1}^3 \varphi_r x AP - LN_l + \sum_{r=1}^3 \psi_r x MP - LN_m + Pe_n + a_n + e_{ijklmno}$$

Equazione 4: Equazione per la stima dei caratteri produttivi.

dove $y_{ijklmno}$ è il singolo test – day o^{th} della matricola n^{th} ; HTD_i è l'effetto corretto per il test day del gruppo; LN_j rappresenta l'effetto corretto del numero di lattazioni (dove sono presenti 3 livelli che corrispondono alle prime 3 lattazioni); GL_k è l'effetto corretto delle k^{th} gestazioni, divise in classi in base alla loro durata (18 classi dove il valore 1 corrisponde a nessuna gestazione e le successive rappresentano intervalli di 15 giorni da 1 a 240 giorni di gestazione); $AP - LN$ è l'effetto corretto di l^{th} dell'età durante la lattazione (con un totale di 42 classi); $MP - LM$ è l'effetto corretto del mese m^{th} (36 classi corrispondente a un singolo mese dell'anno e ogni j lattazione); Pe è la componente permanente ambientale, $N(0, \sigma_e^2)$; a è la componente genetica additiva, $N(0, \sigma_a^2)$; e $e_{ijklmno}$ è il termine residuo casuale, $N(0, \sigma_e^2)$. I polinomi di Legendre del quarto ordine descrivono la forma della curva di lattazione per gli effetti fissi di $AP - LN$ e $MP - LN$, con φ e ψ come coefficienti di regressione fissi per il polinomio di Legendre di ordine r variabile tra 0 e 3.

3.2.2 Modello di analisi per la fertilità (FERT)

La fertilità è stata descritta con il seguente modello:

$$y_{ijkm} = HYM_i + NP_j + Pe_n + a_n + e_{ijkm}$$

Equazione 5: equazione per la stima della fertilità (FERT).

y_{ijkm} rappresenta il fenotipo o distanza parto-concepimento (FERT), HYM_i indica l'effetto sistematico in classi rappresentante la combinazione dell'allevamento con l'anno e mese di parto, (11917 livelli); NP_j rappresenta il numero di lattazione (5 livelli) Pe_n (12.013 livelli), a_n (39.925 livelli) and e_{ijkm} rappresentano rispettivamente gli effetti ambientali permanenti, genetici e residui, che sono stati campionati da una distribuzione normale.

3.2.3 Modello di analisi per la longevità (LONG)

Per la longevità è stato usato il seguente modello:

$$y_{pijm} = H_p + YS_i + QMP_j + a_m + e_{ij}$$

Equazione 6: Equazione per la stima della longevità (LONG).

Dove y_{ijm} rappresenta il fenotipo espresso come durata della carriera LONG, H_i indica l'effetto sistematico categorico dell'allevamento (1092 livelli), YS_i rappresenta l'anno e la stagione di nascita; QMP_j è l'effetto sistematico categorico del livello di produzione di latte dell'individuo rispetto alla mandria in cinque quantili (5 livelli); a_m (33.745 livelli) ed e_{ij} rappresentano rispettivamente l'effetto genetico additivo e il termine residuo casuale campionato da una distribuzione normale. Il vettore y_{ijm} del modello contiene sia dati non "censored" che dati censored (incompleti) a destra (30%), ovvero relativi ad animali ancora in vita. Per i dati non censored, è stato utilizzato l'approccio di aumentazione dei dati bayesiani.

3.2.4 Aspetti computazionali

Per stimare la varianza è stato usato un algoritmo della famiglia Gibbs Sampling, e le analisi sono state svolte usando il programma gibbs2cen. Il programma ha generato un totale di 200.000 campioni, considerato un burn – in di 20.000 e trattenendo un campione ogni 100 sui 180.000 rimanenti. L'ereditabilità è stata stimata dalla varianza delle componenti stimate applicando il modello single – trait, mentre le covarianze genetiche e fenotipiche sono state stimate attraverso il modello bi – traits.

La matrice della covarianza usata nel modello bi – traits è la seguente:

$$G = \begin{vmatrix} \sigma_{a1}^2 & \sigma_{a1a2} \\ \sigma_{a1a2} & \sigma_{a2}^2 \end{vmatrix}; PE = \begin{vmatrix} 0[\sigma_{pe1}^2] & 0[\sigma_{pe1pe2}] \\ 0[\sigma_{pe1pe2}] & 0[\sigma_{pe2}^2] \end{vmatrix}; R = \begin{vmatrix} \sigma_{e1}^2 & 0[\sigma_{e1e2}] \\ 0[\sigma_{e1e2}] & \sigma_{e2}^2 \end{vmatrix};$$

Equazione 7: matrici delle covarianze: genetica = G; fenotipica = PE; residua = R.

dove G è la matrice della covarianza genetica additiva dei caratteri 1 e 2 ($\sigma_{a1}^2; \sigma_{a1a2}; \sigma_{a2}^2$); PE è la matrice della covarianza della permanente ambientale dei caratteri 1 e 2 ($\sigma_{pe1}^2; \sigma_{pe1pe2}; \sigma_{pe2}^2$); e R è la matrice della covarianza della residua dei caratteri 1 e 2 ($\sigma_{e1}^2; \sigma_{e1e2}; \sigma_{e2}^2$).

Nei modelli single trait la PE non è stata considerata. Nei modelli bi – traits invece è stata inserita in modo da avere una stima più accurata e corretta anche per i fattori ambientali.

3.2.5 Simulazione progresso genetico (R)

La risposta selettiva (R) rispetto ai pesi assegnati per ogni caratteristica è stata stimata attraverso la seguente formula:

$$R = \left(\frac{i}{\sigma_i} \right) * b' * P^{-1}$$

Equazione 8: formula per il calcolo di R (risposta selettiva).

Dove i è l'intensità di selezione impostata fissa a 1.755, che corrisponde allo 0,10 degli animali selezionati nella popolazione assumendo una distribuzione normale; σ_i è la deviazione standard dell'intensità di selezione, calcolata nel seguente modo $\sigma_i = (b' P b)^{1/2}$; b è il vettore dei pesi per l'intensità di selezione è b' è lo stesso vettore trasposto con $b = P^{-1} G a_s$. In questa formula, P e G rappresentano la varianza fenotipica e genotipica e a_s è il vettore contenente i pesi economici standardizzati assegnati ad ogni carattere. La risposta selettiva finale standardizzata (R_{dsi}) è stata calcolata come $R_{dsi} = R/\sigma_i$.

4. Risultati

4.1 Statistiche descrittive

Dal database finale sono stati creati dei grafici per evidenziare le tendenze delle seguenti caratteristiche: produzione di latte (LATTE); cellule somatiche nel latte (SCS); fertilità prendendo come riferimento l'intervallo parto concepimento (FERT); e longevità (LONG).

Come si può notare dal grafico 1 la produzione media di latte per anno (LATTE) kg/d, ha un andamento altalenante ma può essere considerata in crescita ed attualmente la media di produzione si afferma sui 17 kg/d. Nel grafico 2 viene riportato l'andamento dell'EBV (Estimated Breeding Value) per lo stesso carattere. Come riportato nel grafico 3 il contenuto di cellule somatiche nel latte (SCS) oscilla tra valori di circa $2,6 \log_2/\text{count}$ e $2,0 \log_2/\text{count}$ con una media attuale di $2,39 \log_2/\text{count}$. Nel grafico 4 viene riportata la tendenza per l'EBV dello stesso carattere.

I grafici 5 e 6 riportano rispettivamente: la tendenza dell'intervallo parto concepimento (FERT), il quale si stabilizza attualmente su valori di 80 giorni; il trend dell'EBV calcolato per questo carattere.

Infine, nel grafico 7 è raffigurato l'andamento della longevità media per anno (LONG). Nei vari anni la media è rimasta quasi costante, con valori che oscillano tra i 4 e i 5 anni. Nel grafico 8 viene riportato la tendenza per l'EBV dello stesso carattere.

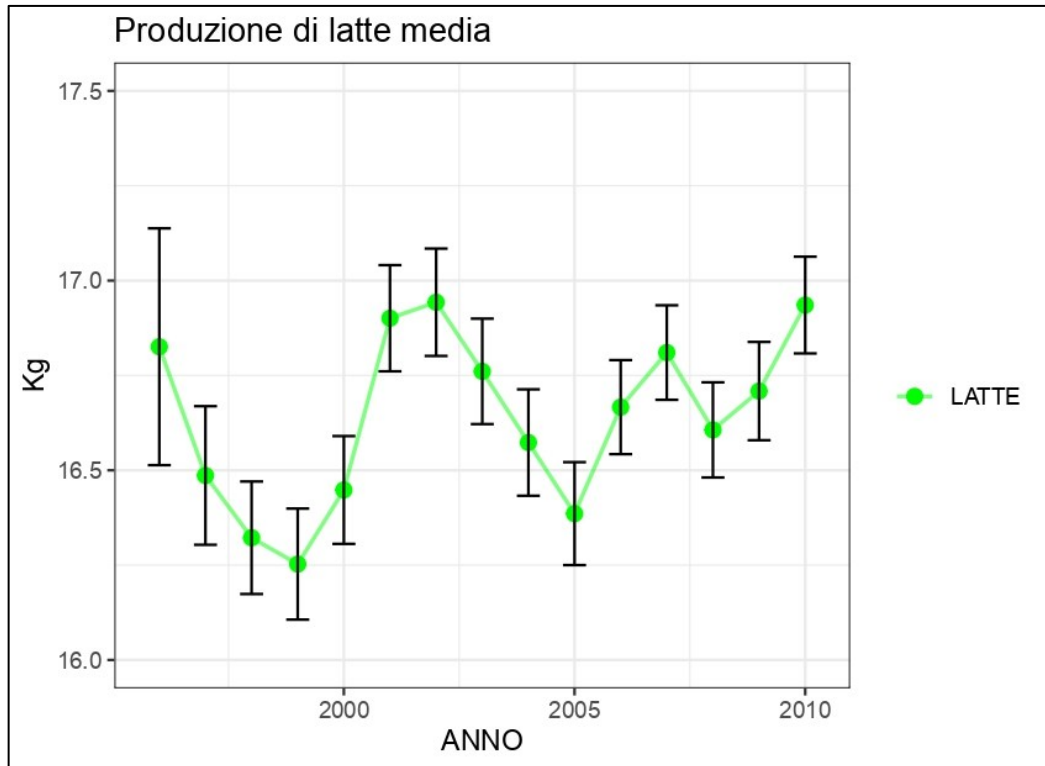


Grafico 1: grafico della produzione di latte media per anno.

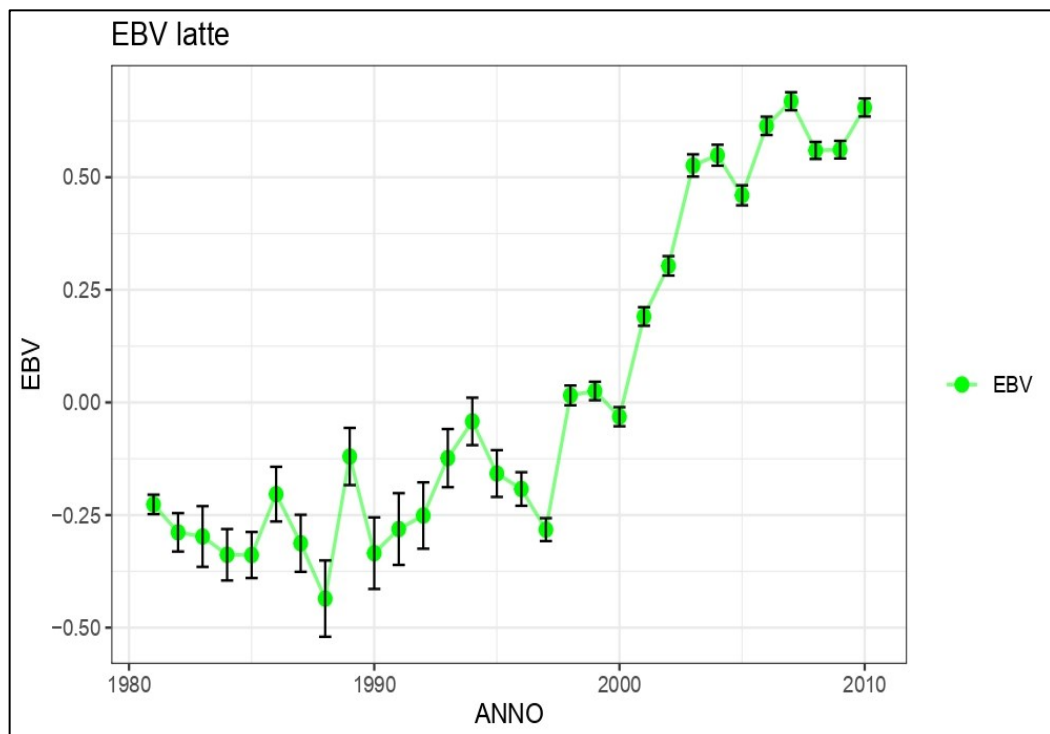


Grafico 2: EBV (estimated breeding value) medio per anno per il carattere latte.

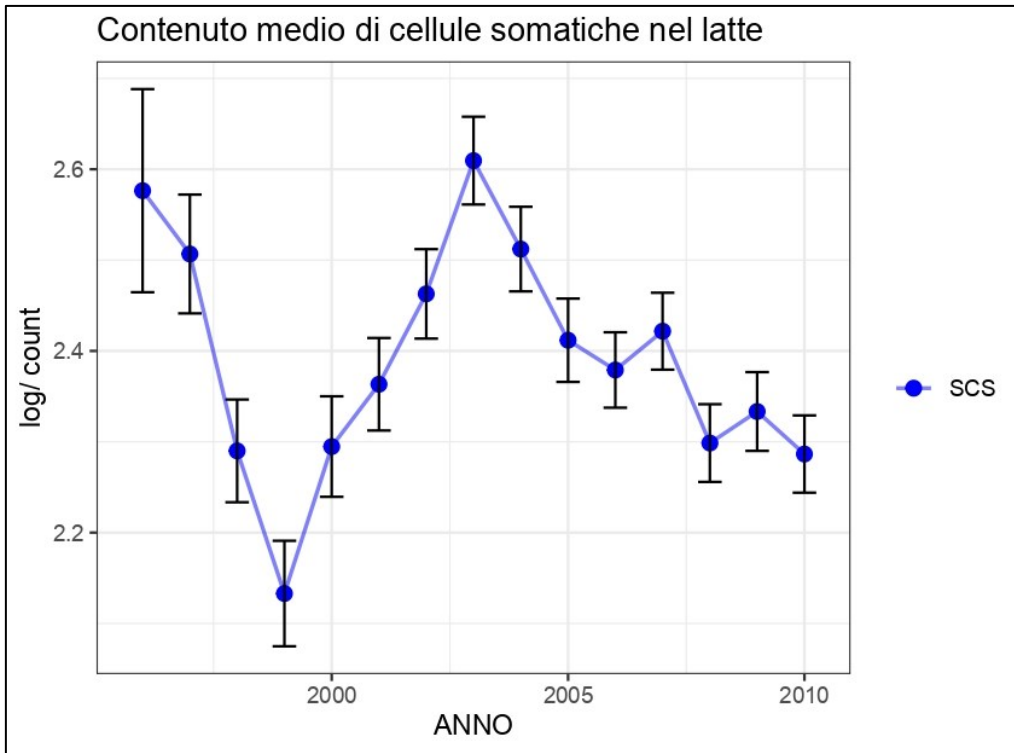


Grafico 3: grafico delle cellule somatiche medie presenti nel latte per anno.

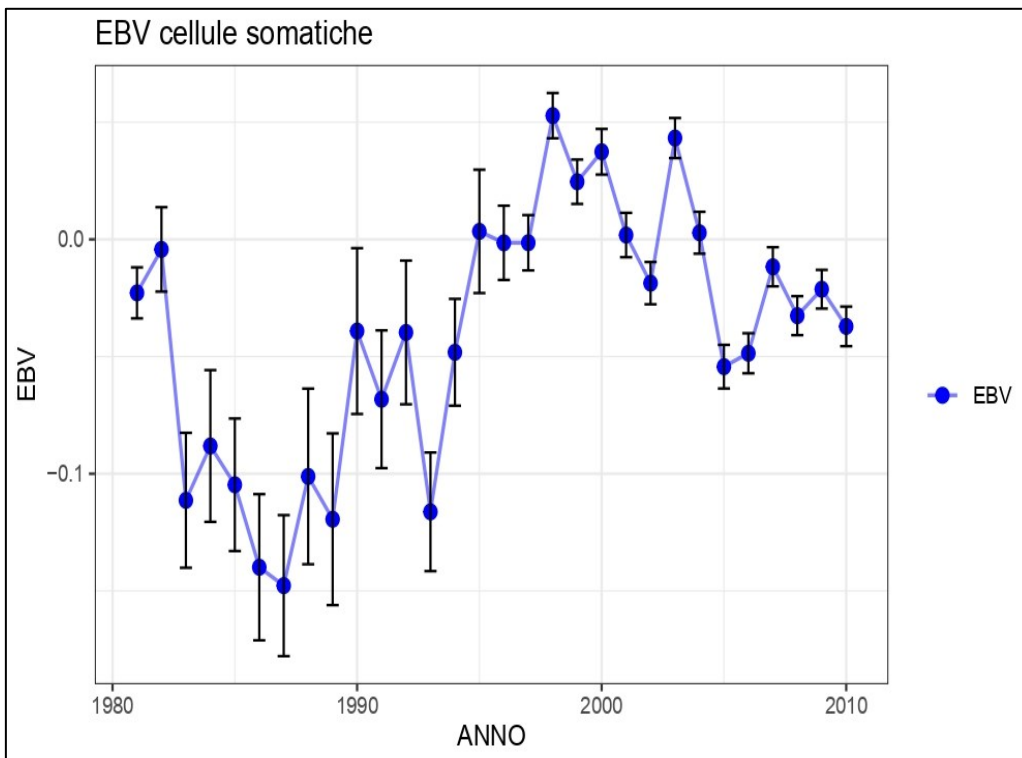


Grafico 4: EBV medio anno per le cellule somatiche.

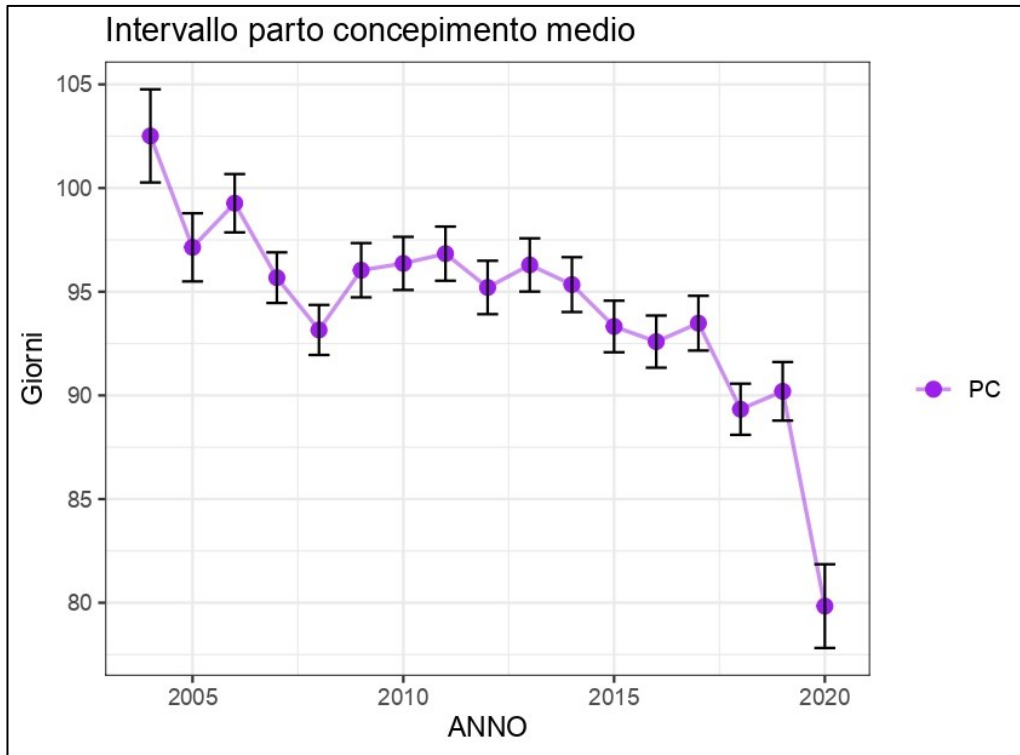


Grafico 5: grafico intervallo parto concepimento (PC) medio per anno.

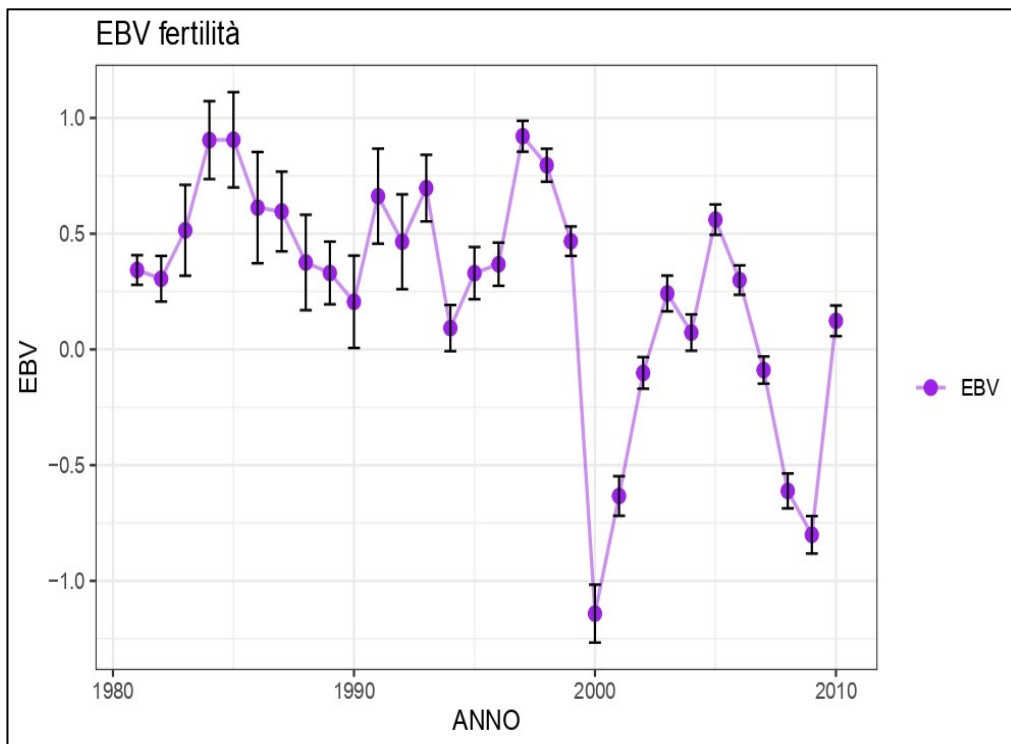


Grafico 6: EBV medio per anno per il carattere della fertilità PC (parto concepimento).

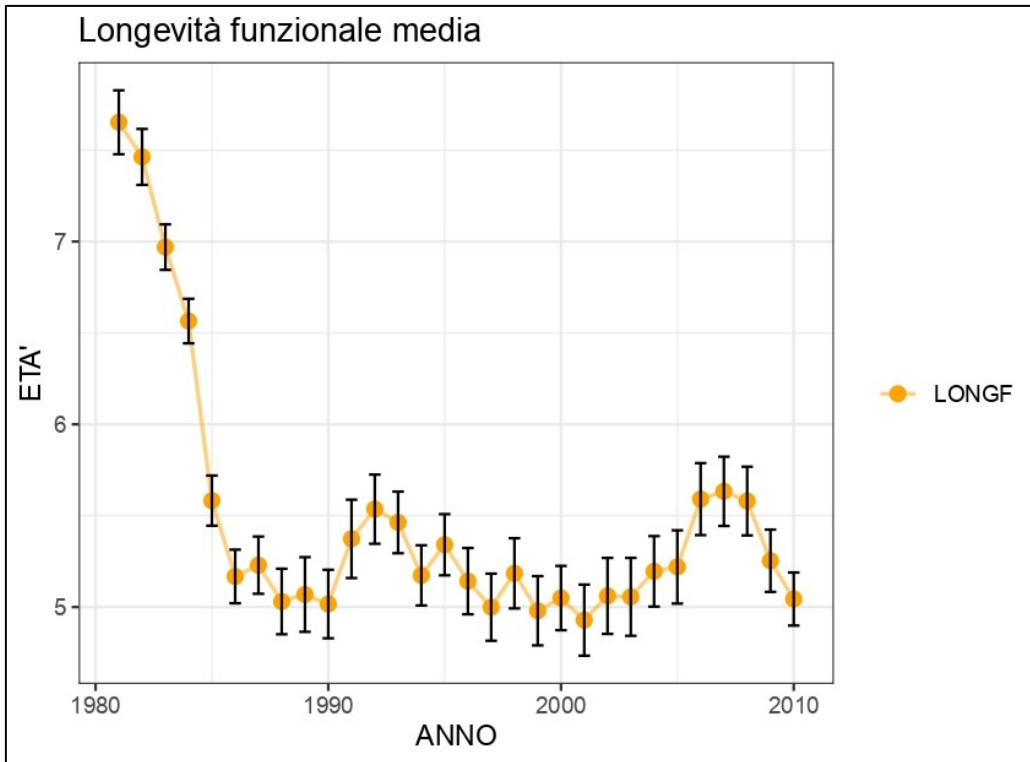


Grafico 7: grafico della longevità media (LONGF) per anno.

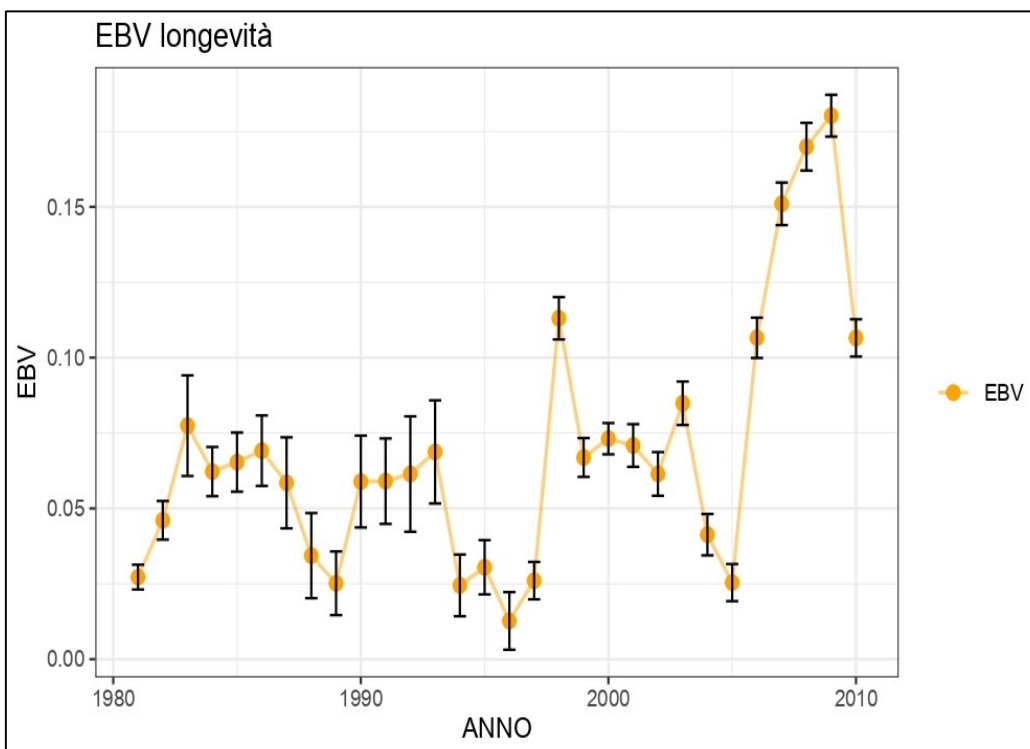


Grafico 8: EBV per il carattere longevità medio per anno.

4.2 Ereditabilità

In questo studio sono stati calcolati i valori dell'ereditabilità dei seguenti caratteri (tabella2):

- Longevità (LONG);
- Somatic cells score (SCS);
- Produzione di latte (LATTE);
- Intervallo parto concepimento (PC).

Tratto	V_g	V_r	V_{amb}	h^2
LONG	0,24 (0,16 – 0,33) 0,000274	3,01 (2,92 – 3,10) 0,0032	-	0,07 (0,049 – 0,100) 0,000248
SCS	0,38 (0,34 – 0,42) 0,0007	1,62 (1,61 – 1,63) 1,83 e-05	0,84 (0,81 – 0,88) 0,0004	0,13 (0,12 – 0,15) 8,253 e-05
LATTE	2,23 (2,04 – 2,42) 0,0143	5,37 (5,35 – 5,39) 0,0002	3,08 (2,95 – 3,21) 0,0064	0,21 (0,19 – 0,23) 0,0001
PC	43,2 (27,0 – 63,2) 116,223	1689,3 (1652 – 1726) 503,4135	93,41 (58,11 – 124,91) 399,0888	0,02 (0,02 – 0,04) 3,444 e-05

Tabella 2: v_g – variabilità genetica; v_r – variabilità residua; v_{amb} – variabilità della permanete ambientale; h^2 – ereditabilità. Tra parentesi viene riportato HPD (highest posterior distribution) 95%. In corsivo (sotto le parentesi) viene riportata la varianza.

La Grigio Alpina rappresenta un esempio perfetto di razza locale con duplice attitudine. Il valore di ereditabilità calcolato in questo studio per la produzione di LATTE è risultato 0,21, un valore ottimale nonostante sia stato analizzato utilizzando i dati test – day, noti nel dare un valore più basso all'ereditabilità a causa dell'elevata varianza ambientale (Mancin et al., 2021).

Anche il valore calcolato per le SCS risulta ottimo (0,13) e leggermente sopra la media. Solitamente, infatti, questo carattere viene considerato a bassa ereditabilità con una media di 0,08.

I valori di ereditabilità dei caratteri di longevità (LONG) e fertilità (FERT) mostrano invece valori molto bassi, rispettivamente: 0,07; 0,02. Tuttavia è noto che i caratteri legati alla fitness hanno un'ereditabilità più bassa rispetto a quelli morfologici o produttivi (Visscher et al., 2008).

4.3 Correlazioni

La stima delle correlazioni genetiche è riportata sopra la diagonale della tabella della figura 3. Sono state stimate le correlazioni tra caratteri produttivi resa del latte (LATTE), somatic cells score (SCS), longevità (LONG) e fertilità (FERT), prendendo in considerazione il valore parto concepimento.

LATTE		-0.117	0.402	0.493
SCS	-0.051		-0.029	-0.52
FERT	0.075	-0.015		0.096
LONG	0.188	-0.078	-0.019	
	LATTE	SCS	FERT	LONG

Figura 3: correlazioni genotipiche sopra la diagonale e fenotipiche sotto la diagonale stimate per i seguenti caratteri: LONG – longevità funzionale; SCS – cellule somatiche; FERT (carattere parto concepimento) – LATTE – produzione di latte. In grassetto sono riportate le correlazioni con maggior significatività.

La correlazione tra SCS e LONG risulta forte e negativa (-0,52) come quella tra SCS e LATTE (-0,12). Queste sono però da intendere in modo positivo in quanto significa che le cellule somatiche nel latte diminuiscono sia all'aumentare della produzione di latte sia all'aumentare della longevità.

Correlazioni negative sono state osservate anche tra SCS e FERT (-0,02)

Correlazioni positive invece, già corrette per i fattori ambientali, sono state calcolate tra LONG e LATTE (0,49). Anche la correlazione tra LATTE e FERT è risultata positiva con un valore di 0,40; ma questa è da intendere in senso negativo, in quanto all'aumento della produzione di latte consegue un aumento dell'intervallo parto-concepimento, riducendo quindi la fertilità. La correlazione tra FERT e LONG è risultata positiva con un valore di 0,096, anche questa indice che una maggiore longevità funzionale è in qualche modo legata ad una minore fertilità. Le correlazioni fenotipiche sono riportate nella figura 3 sotto la diagonale della tabella e rispecchiano la tendenza di quelle genotipiche ma con valori inferiori. La correlazione fenotipica tra SCS e LONG è negativa (-0,078). Anche le correlazioni tra FERT e SCS rispecchiano quella genotipiche, con un valore di -0,015, come quella tra LATTE e SCS -0,051. Positiva è la correlazione tra i caratteri di produzione e quelli di longevità e fertilità. Tra LATTE e LONG si osserva un valore di 0,188. Tra FERT e LATTE è stata calcolata una correlazione di 0,075. L'unica correlazione fenotipica discordante con quella genotipica è quella tra FERT e LONG che risulta essere negativa con un valore di -0,019.

4.4 Risposta genetica a diversi scenari di selezione

La tabella 3 riporta i pesi economici assegnati ad ogni scenario e le restrizioni assegnate ai caratteri presi in considerazione.

Scenario	LONG	SCS	FERT	LATTE
S1	0	0	0	1
S2	0	0	-0,3	0,7
S3	0,2	0	-0,3	0,5
S4	0,3	0	-0,3	0,4
S5	0 ¹	0 ¹	0 ¹	1
S6	0 ¹	0	0 ¹	1
S7	0	0	0 ¹	1

Tabella 3: tabella dei pesi economici assegnati per ogni scenario. LONG – longevità funzionale; SCS – cellule somatiche; FERT – fertilità (parto concepimento); LATTE – produzione di latte. ¹ Carattere soggetto a restrizione.

Sono stati simulati sette diversi scenari di selezione.

Nel primo scenario S1 è stata selezionata solo la produzione di latte (LATTE) al fine di valutare come gli altri caratteri si modificano selezionando solo per la produttività. Nello scenario S2, è stata nuovamente massimizzata la produzione di latte, ma con una leggera attenzione al deterioramento della fertilità (-0,3). Nel terzo scenario, si prosegue in questa direzione attribuendo maggior importanza ai caratteri legati al benessere, il 50% del peso per LATTE e ripartendo il restante 50% tra fertilità (FERT) e longevità (LONG).

Nel quarto scenario, seguendo questa tendenza è stato attribuito ancora più valore alla selezione per questi due caratteri (-0,3 FERT e 0,3 per la LONG). Come alternativa in S5, è stato testato l'impatto dell'indice di selezione ristretto, in cui è stato garantito un peso genetico uguale a 0 per tutti i caratteri legati al benessere come SCS, LONG e FERT. Infine, sono stati sviluppati scenari simili in cui è stata massimizzata la produzione di latte, ma viene applicata la restrizione alla selezione per LONG e FERT (S6), o solo per FERT (S7).

Esaminando i risultati in termini di progresso genetico di questi scenari, dallo scenario S1 (figura 4) si evince, come previsto, che massimizzando la selezione per la produttività si ottiene un notevole incremento della produzione di latte (0,73).

Sorprendentemente, si osserva anche un aumento della longevità (0,20) e si registra anche un aumento genetico della salute della mammella. Il valore negativo per SCS (-0,22) è infatti da valutare positivamente in quanto indica una riduzione di SCS nel latte. Come atteso, nello scenario 2 (figura 5), anche se in misura più leggera, si verifica un aumento del deterioramento dei parametri riproduttivi, in questo caso l'intervallo tra parto e concepimento (0,07). S2 e S3 (figura 6) presentano caratteristiche molto simili tra loro e molto vicine alla tendenza di S1. Da questi scenari si possono evincere due cose: i) l'aggiunta di un peso di 0,3 al carattere fertilità non ha portato a nessun miglioramento, ma si è verificato un costante calo, ii) l'aggiunta di 0,2 nello scenario 3 ha portato a risultati simili ma con un leggero miglioramento, soprattutto per quanto riguarda il carattere SCS.

Lo scenario S4 (figura 7) prosegue ulteriormente con questa tendenza, dove si osserva un calo del progresso genetico per la produzione di latte (0,66), ma si registra ancora un lieve miglioramento dei caratteri di benessere (0,05, -0,47, 0,25 per FERT, SCS e LONG). La situazione cambia drasticamente osservando gli scenari S5 (figura 8), S6 (figura 9), S7 (figura 10), in cui è stato utilizzato l'indice di selezione ristretto. Nel primo scenario S5, in cui sono stati ristretti tutti i caratteri tranne il latte, con una massimizzazione della sua produzione, si osserva un drastico calo del progresso genetico per LATTE (0,18) che raggiunge il valore più basso tra tutti gli scenari. Invece, lo scenario S6 mostra che rimuovendo la selezione per SCS si ottengono dei benefici: si registra, infatti, un aumento del progresso per LATTE e SCS migliorando così la salute della mammella. Infine, l'ultimo scenario S7 mostra come una selezione volta a restrizioni solo per la fertilità possa portare a un progresso genetico maggiore per il latte rispetto a S5 e S6, ma anche a un grande deterioramento della salute della mammella (SCS) dell'animale.

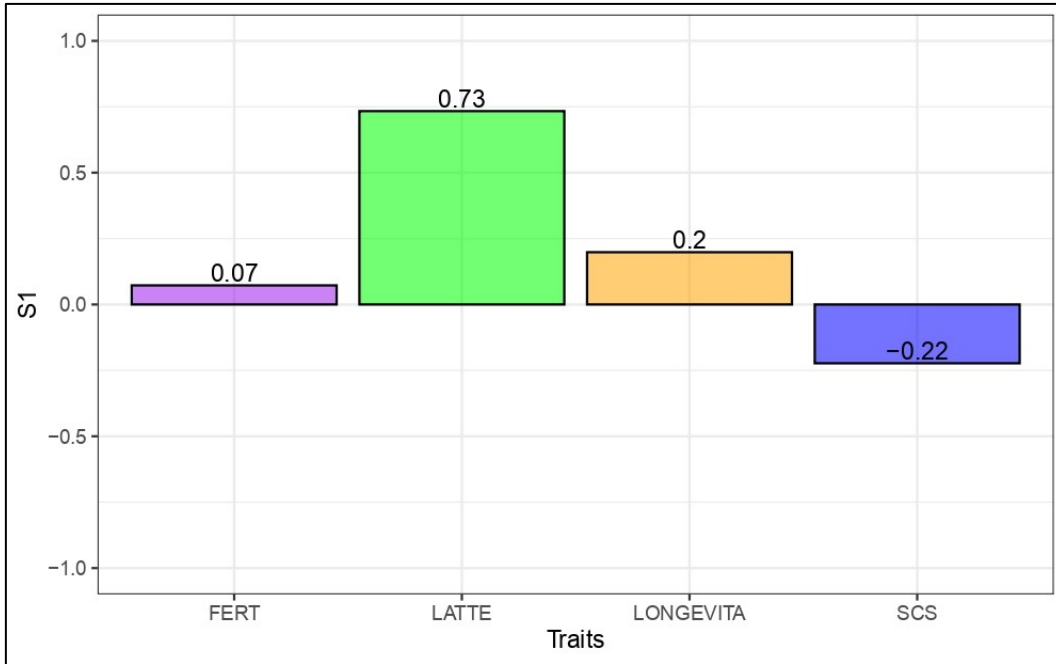


Figura 4: Scenario di selezione S1

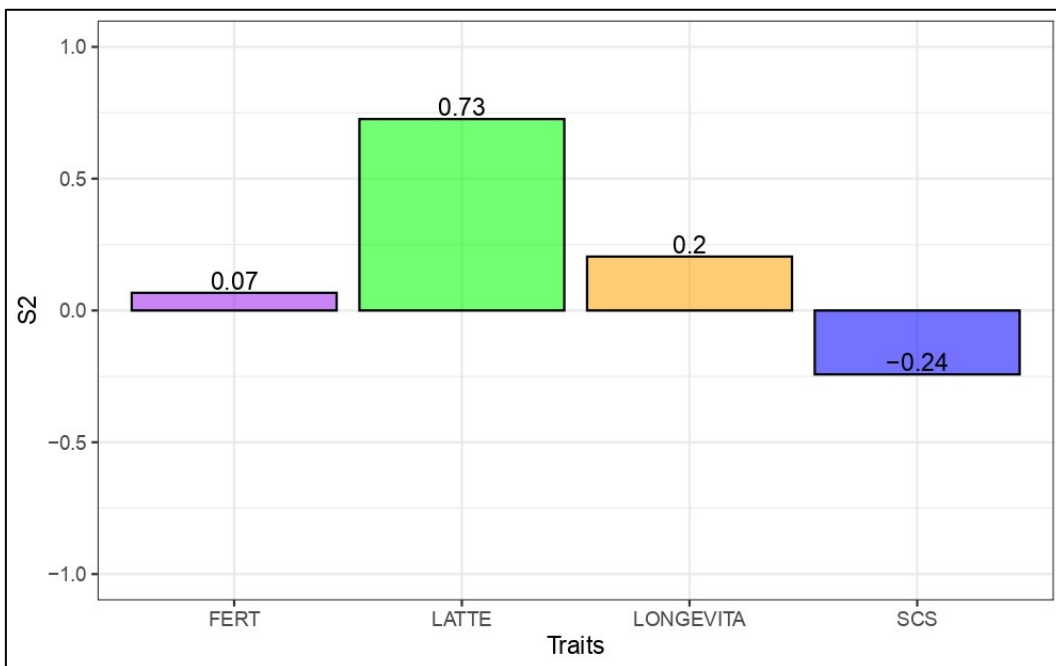


Figura 5: Scenario di selezione S2

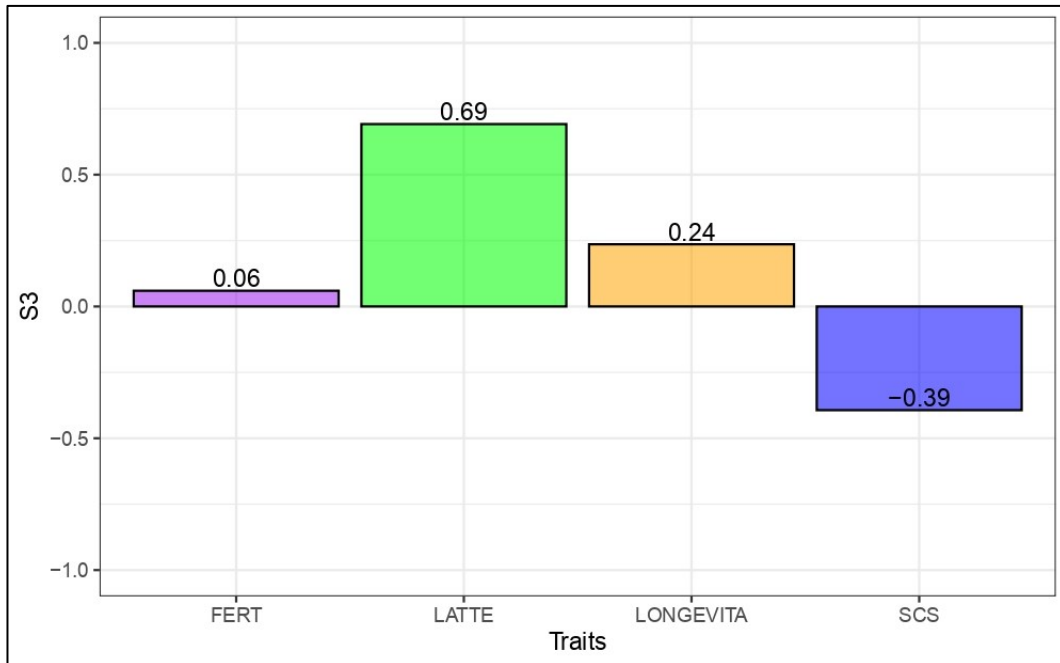


Figura 6: Scenario di selezione S3

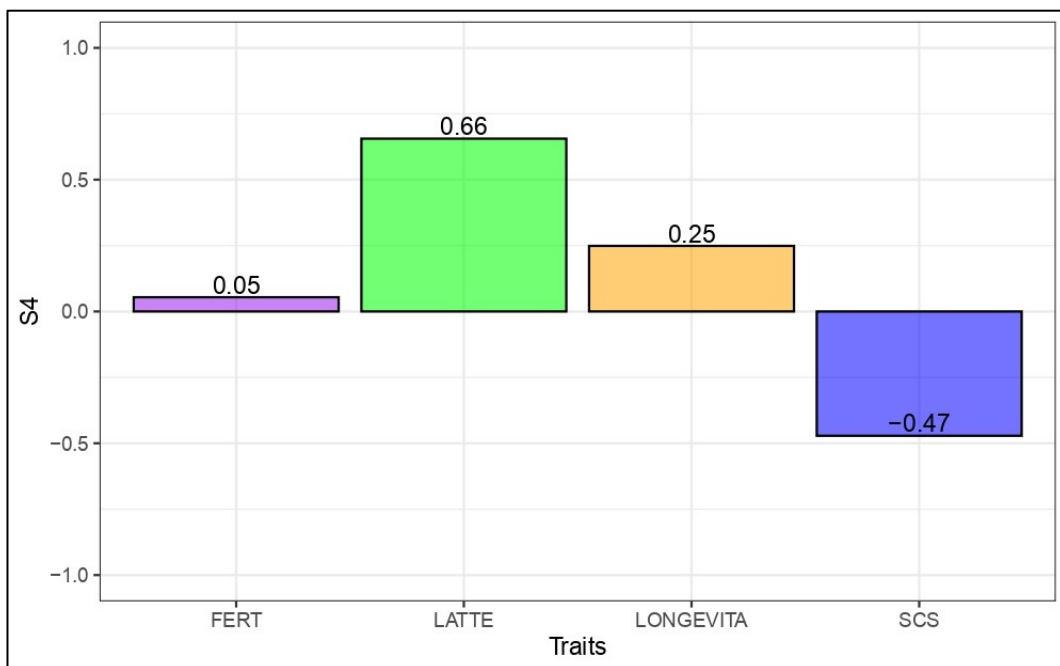


Figura 7: Scenario di selezione S4

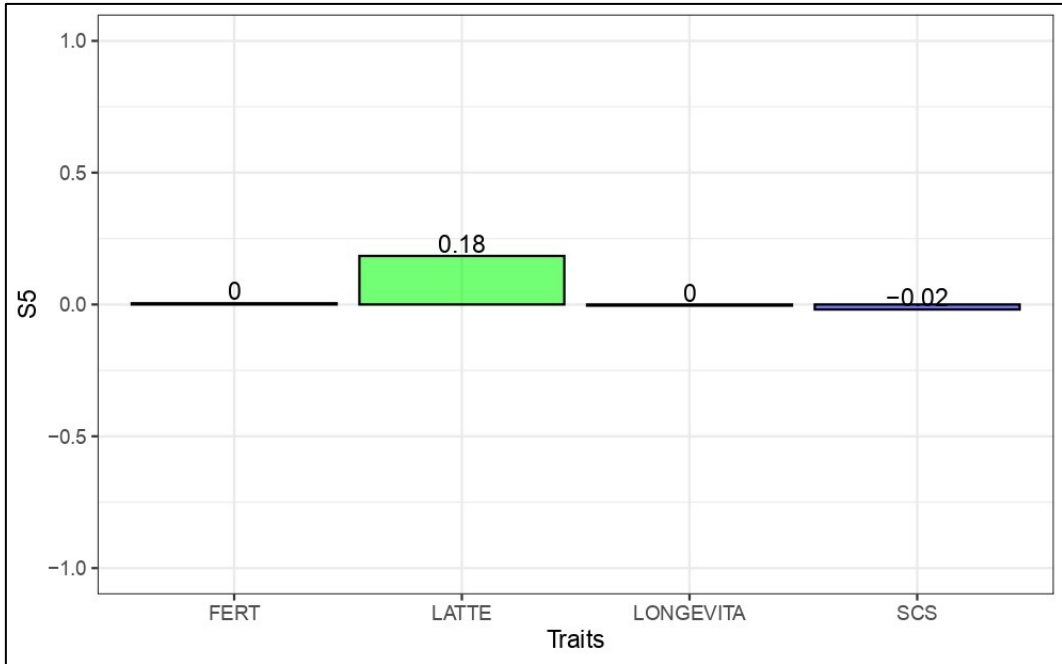


Figura 8: Scenario di selezione S5

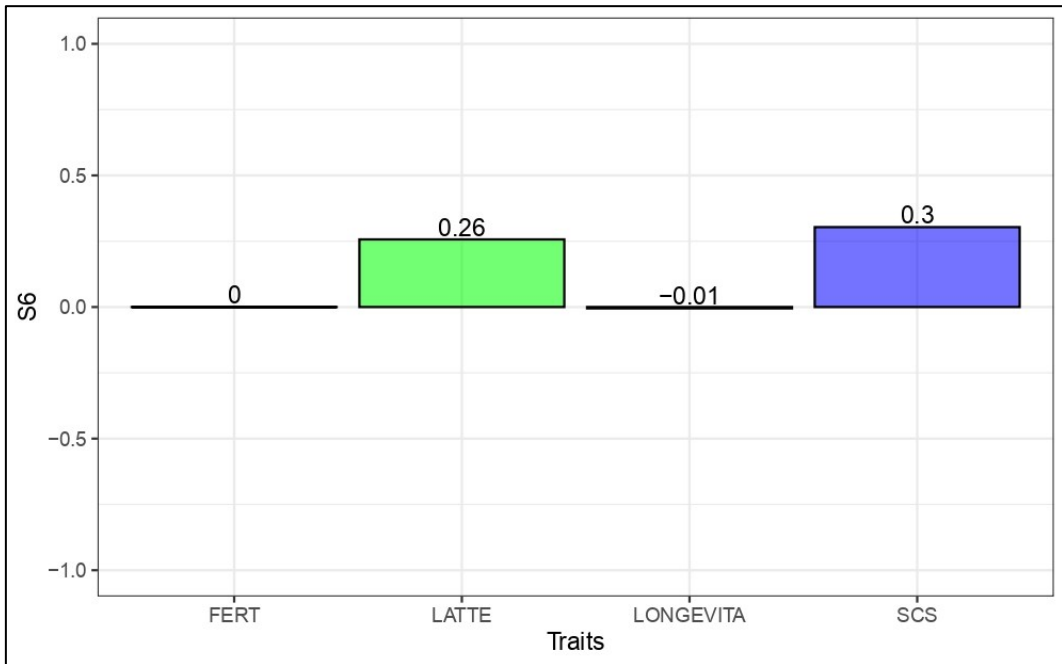


Figura 9: Scenario di selezione S6.

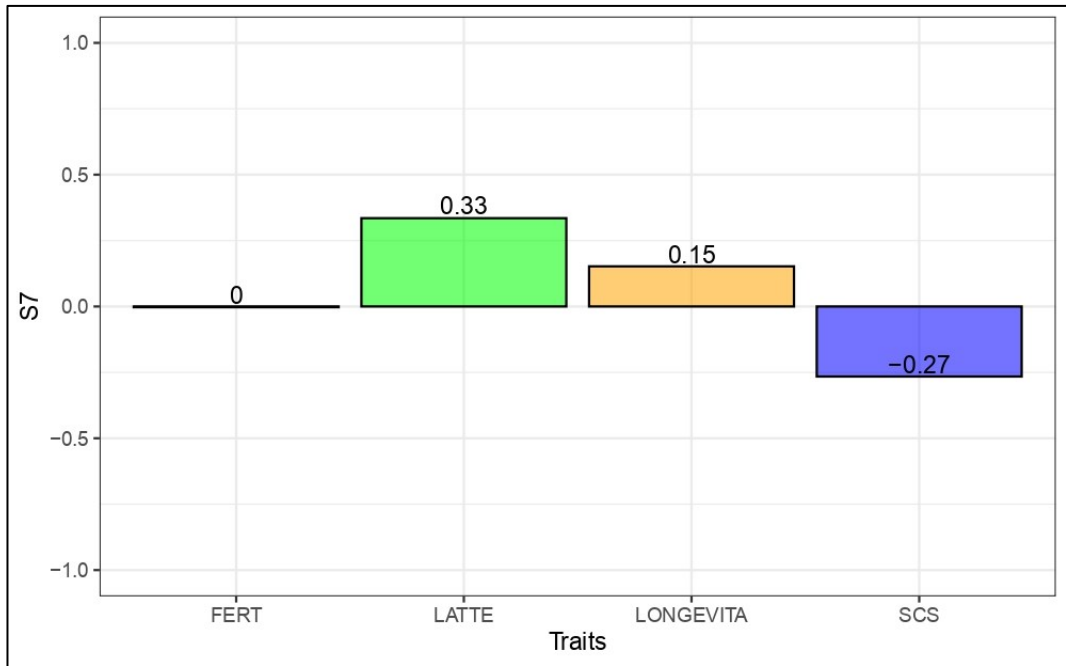


Figura 10: Scenario di selezione S10.

5. Discussione

5.1 Statistiche descrittive

Come si nota visivamente dal grafico riportato nei risultati (grafico 1) la produzione media di latte per anno (kg/d) ha un andamento altalenante ma può essere considerata in crescita. Attualmente la media di produzione si afferma sui 17 kg/d, molto inferiore rispetto a quella osservata nelle razze selezionate come: la bruna svizzera con una produzione media di 31 kg/giorno (Gibson & Dechow, 2018); o la frisona con 35 kg/giorno (ANAFBIJ, 2023). Come possiamo notare dal grafico 2 anche l'EBV ha subito un miglioramento negli ultimi anni a conferma del fatto che la selezione effettuata per questo carattere è stata fatta correttamente.

Le cellule somatiche SCS (grafico 4) riportano valori compresi tra $2,6 \log_2/\text{count}$ e $2 \log_2/\text{count}$. Valori come questi garantiscono una buona salute della mammella e quindi una bassa incidenza di mastiti (Gibson & Dechow, 2018). Valutando anche l'EBV per SCS (grafico 5) possiamo notare che in questo caso la selezione effettuata ha avuto risultati stabili ma senza una effettiva migioria del valore genetico per il carattere.

Per discutere il grafico 6, dove viene riportata la tendenza per l'intervallo parto concepimento (PC), è necessaria una premessa. L'intervallo parto concepimento (D.O. days open) viene usato per valutare la fertilità delle vacche in allevamento. Indica il periodo compreso tra il parto e l'inseminazione che induce la gravidanza. Questo periodo dovrebbe essere di 85 giorni per essere considerato ottimale, più è vicino a questo valore più il soggetto potrà essere ritenuto fertile e minore saranno anche i tentativi di inseminazione da effettuare (Marconi & De Rensis, 1999). Allo stesso tempo questo dato può essere influenzato da due fattori principali: la manualità dell'operatore nell'effettuare l'inseminazione; e dalla lunghezza del VWP (Voluntary Waiting Period), ossia il periodo post- partum che l'allevatore attende prima di fecondare nuovamente il soggetto (Marconi & De Rensis, 1999).

In generale come si nota dal grafico 5 l'intervallo PC per la razza Grigio alpina negli anni ha assunto valori sempre più vicino a quelli ottimali fino a stabilizzarsi con una media di 80 giorni negli ultimi anni. Dati AIA riportano un intervallo medio

di 143 giorni per la razza Frisona (ANAFBIJ, 2023) e una media di 149 giorni per la Bruna Svizzera (Gibson & Dechow, 2018).

Valutando anche la tendenza dell'EBV per lo stesso carattere (FERT) possiamo affermare che, come per SCS, non ci siano stati interventi mirati per la selezione di questo carattere che negli anni non è stato migliorato ma mantenuto stabile.

Nel grafico 7 possiamo analizzare l'andamento della longevità (LONG) per questa razza, la cui media si afferma tra i 4 e i 5 anni. Generalmente la longevità media delle vacche da latte è compresa tra i 3 e i 4,5 anni (Hu et al., 2021), uno studio effettuato su 45.464 soggetti di razza Bruna svizzera ha registrato una media della longevità pari 2,14 anni (Gibson & Dechow, 2018). Possiamo affermare che la Grigio Alpina ha una longevità superiore alle razze specializzate e in linea con le razze locali, note per essere generalmente più longeve (Taberlet et al., 2011). Anche l'EBV per LONG mostra un miglioramento minimo nella selezione per il carattere che negli ultimi anni resta però in calo (grafico 8). La selezione per questo carattere quindi al momento non è di interesse o non sta portando ad un effettivo miglioramento.

5.2 Ereditabilità

I risultati dell'ereditabilità calcolati per la Grigio Alpina non riportano valori elevati, ad eccezione per il carattere produzione di latte (LATTE) e per le cellule somatiche nel latte (SCS), dove comunque il valore fatto registrare risulta medio-basso o basso, rispettivamente, anche se i valori registrati sono molto più grandi di quelli dei caratteri LONG e FERT. L'ereditabilità per la longevità (LONG) ha valori generalmente compresi tra 0,01 e 0,30 che non risultano essere ottimali (Hu et al., 2021). Nonostante il valore qui calcolato ricada in questo range (0,07), può essere comunque ritenuto buono in quanto è noto che i caratteri legati alla fitness hanno un'ereditabilità più bassa rispetto a quelli morfologici (Visscher et al., 2008). I valori ottenuti sono molto simili a quelli delle razze commerciali. Ad esempio il valore di ereditabilità medio della longevità per la razza Frisona è 0,08, mentre per la Bruna svizzera è 0,09 (Visscher et al., 2008).

Si può concludere che i caratteri legati alla longevità hanno in generale una bassa ereditabilità.

Anche per il carattere legato alla fertilità (FERT, intervallo parto concepimento), l'ereditabilità è risultata molto bassa (0,02) e quindi difficilmente ereditabile.

Diversa è l'ereditabilità dei caratteri produttivi come LATTE e SCS che riportano valori soddisfacenti di 0,21 e 0,13. L'ereditabilità del carattere SCS di solito viene risulta bassa, con valori di 0,08 per la razza frisona (Kheirabadi & Razmkabir, 2016) al contrario di quanto calcolato in questo studio.

L'ereditabilità del LATTE invece risulta in linea con tutte le altre razze a duplice attitudine come la Simmenthal (0,18) (Mancin et al., 2021).

5.3 Correlazioni

Come si nota nella figura 3, riportata precedentemente, la correlazione tra longevità (LONG) e produzione di latte (LATTE) è risultata positiva e di medio valore. Lo stesso si può notare per LATTE e FERT anche se la valenza in questo caso è negativa, in quanto indica che all'aumentare della produzione di latte aumenta anche l'intervallo parto concepimento, quindi un peggioramento nella fertilità.

Uno studio svolto su degli esemplari di razza bruna ha calcolato una correlazione tra longevità e produzione di latte pari a 0,23 (Hu et al., 2021), inferiore a quello calcolato per la Grigio Alpina in questo studio (0,53). Al contrario di quanto viene riportato nella letteratura per le razze commerciali, dove i soggetti con maggiore produzione di latte hanno riportato una diminuzione della vita media in allevamento (Hu et al., 2021), nella Grigio Alpina si osserva una tendenza opposta. La correlazione tra FERT e LONG rispecchia, invece, la tendenza osservata nelle razze commerciali, ossia un aumento di intervallo parto concepimento all'aumentare della longevità (Hu et al., 2021).

Questi risultati sono rassicuranti per la selezione della longevità, in quanto dimostrano che la Grigio Alpina ha ottime potenzialità per poter essere selezionata per LONG aumentando indirettamente anche la produzione di latte. Diversamente, per la fertilità, la selezione sarà più complicata.

Buono è anche il risultato ottenuto per la correlazione dei caratteri di longevità e SCS. Questa correlazione fortemente negativa indica in realtà che all'aumentare della produzione di latte il contenuto di cellule somatiche diminuisce; quindi, una buona salute della mammella garantisce anche una maggior permanenza in allevamento. Anche la correlazione tra SCS e LATTE è negativa (-0,12) e quindi ha un effetto positivo, con una diminuzione di cellule somatiche all'aumentare della produzione di latte. Questa correlazione negativa viene riscontrata anche nella razza Rendena (Sartori et al., 2023) e nella Reggiana (Mancin et al., 2023) al contrario di quanto si nota nelle razze altamente selezionate. Questo risultato può essere spiegato da un fattore di diluizione delle cellule somatiche nel latte. Nelle razze locali, infatti, dove la selezione non ha ancora peggiorato la salute degli animali, in particolare la salute della mammella, un aumento della produzione di latte ma un

costante numero di cellule somatiche porta inevitabilmente ad una concentrazione minore, quindi valori di SCS ottimali.

Infine, la correlazione negativa osservata tra SCS e FERT suggerisce che le vacche con una salute della mammella compromessa sono quelle che hanno ottenuto un intervallo parto concepimento più ampio (Gibson & Dechow, 2018).

La selezione per i caratteri legati alla fitness è quindi molto complicata, soprattutto per il carattere FERT viste le correlazioni calcolate, se infatti la correlazione negativa tra FERT e LONG può essere fisiologicamente spiegabile e normale, le altre correlazioni vanno attentamente valutate e possono essere attenuate da una corretta gestione della salute e benessere dell'animale in allevamento.

5.4 Risposta genetica a diversi scenari di selezione

Dalle simulazioni riguardanti la risposta al progresso genetico emergono diversi aspetti di rilievo. Innanzitutto, rispetto a razze più cosmopolite come la Frisona, nella razza Grigio Alpina una selezione mirata alla produzione non comporta una significativa perdita dei caratteri di fitness. Ciò può essere attribuito a correlazioni positive tra la produzione di latte SCS e LONG. Pertanto, in generale, nella razza Grigio Alpina è possibile selezionare per la produzione di latte con una certa "libertà", pur mantenendo un'attenzione adeguata sugli aspetti funzionali.

Un altro aspetto rilevante che emerge dalle simulazioni riguarda la difficoltà nel selezionare per la fertilità. Ottenere una risposta genetica positiva o nulla per questo carattere si rivela una sfida complessa. Ad esempio, nello scenario S7, per ottenere una risposta genetica nulla per la fertilità, si osserva una drastica riduzione della produzione di latte da 0,73 in S1 a 0,33 in S7. Ciò è attribuibile, alla forte correlazione genetica positiva calcolata, che però porta a un effetto negativo (maggiore produzione di latte corrisponde ad un aumento dell'intervallo tra parto e concepimento) e a una bassa ereditabilità, che limita notevolmente la risposta genetica per la fertilità. Pertanto, in generale, tra gli scenari presenti S2 e S4 possono garantire un buon compromesso tra la produzione di latte e il mantenimento delle caratteristiche funzionali, con un lieve, ma insignificante, aumento evidenziato in S2.

6. Conclusioni

Vista la complessità delle correlazioni tra i caratteri presi in analisi è necessario trovare il migliore compromesso possibile per la selezione. L'obiettivo principale è quello di selezionare verso un miglioramento per la fitness della razza visto l'allarmante stato di declino del benessere delle razze commerciali da allevamento (J. B. Cole & VanRaden, 2018). Contrariamente a quanto riportato in letteratura per le razze commerciali (J. B. Cole & VanRaden, 2018), le correlazioni tra produzione di latte e longevità e produzione di latte e SCS sono positive per la razza Grigio Alpina. Quanto osservato conferma che le razze rustiche risultano geneticamente più robuste, permettendo la selezione contemporanea per longevità e produzione di latte mantenendo allo stesso tempo una buona salute della mammella. Si osserva, però, come una selezione per questi caratteri possa portare a un peggioramento della fertilità che a causa della correlazione negativa e della sua scarsa ereditabilità rende complessa la sua selezione. Questo fenomeno non va trascurato ma momentaneamente può essere accettato per permettere un miglioramento dei caratteri di longevità e SCS.

A questo punto si osserva come tra i modelli di selezione presentati, i migliori per la razza Grigio Alpina siano S2 o S4. Dove la longevità, la produzione di latte e la salute della mammella vengono migliorati e la fertilità viene preservata.

7. Bibliografia

Associazione nazionale allevatori bovini di razza Grigio Alpina. (n.d.). *Chi siamo – Grigio Alpina*.

Bibi, F. (2007). Origin, paleoecology, and paleobiogeography of early Bovini. *Palaeogeography, Palaeoclimatology, Palaeoecology*, 248(1–2), 60–72. <https://doi.org/10.1016/j.palaeo.2006.11.009>

Brito, L. F., Bedere, N., Douhard, F., Oliveira, H. R., Arnal, M., Peñagaricano, F., Schinckel, A. P., Baes, C. F., & Miglior, F. (2021). Review: Genetic selection of high-yielding dairy cattle toward sustainable farming systems in a rapidly changing world. *Animal*, 15, 100292. <https://doi.org/10.1016/j.animal.2021.100292>

Cole, J. B., & VanRaden, P. M. (2018). Symposium review: Possibilities in an age of genomics: The future of selection indices¹. *Journal of Dairy Science*, 101(4), 3686–3701. <https://doi.org/10.3168/jds.2017-13335>

Cole, John B., Dürr, J. W., & Nicolazzi, E. L. (2021). Invited review: The future of selection decisions and breeding programs: What are we breeding for, and who decides? *Journal of Dairy Science*, 104(5), 5111–5124. <https://doi.org/10.3168/jds.2020-19777>

Felius, M., Beerling, M. L., Buchanan, D. S., Theunissen, B., Koolmees, P. A., & Lenstra, J. A. (2014). On the history of cattle genetic resources. *Diversity*, 6(4), 705–750. <https://doi.org/10.3390/d6040705>

Gandini, G. C., & Villa, E. (2003). Analysis of the cultural value of local livestock breeds: A methodology. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 120(1), 1–11. <https://doi.org/10.1046/j.1439-0388.2003.00365.x>

Gibson, K. D., & Dechow, C. D. (2018). Genetic parameters for yield, fitness, and type traits in US Brown Swiss dairy cattle. *Journal of Dairy Science*, 101(2), 1251–1257. <https://doi.org/10.3168/jds.2017-13041>

http://bollettino.aia.it/Contenuti.aspx?CD_GruppoStampe=TB&CD_Specie=C4.

(2023).

Hu, H., Mu, T., Ma, Y., Wang, X. P., & Ma, Y. (2021). Analysis of Longevity Traits in Holstein Cattle: A Review. *Frontiers in Genetics*, 12(August). <https://doi.org/10.3389/fgene.2021.695543>

Kheirabadi, K., & Razmkabir, M. (2016). Genetic parameters for daily milk somatic cell score and relationships with yield traits of primiparous Holstein cattle in Iran. *Journal of Animal Science and Technology*, 58, 1–6. <https://doi.org/10.1186/s40781-016-0121-5>

Mancin, E., Gomez Proto, G., Tuliozi, B., Schiavo, G., Bovo, S., Fontanesi, L., Sartori, C., & Mantovani, R. (2023). *Uncovering Genetic Parameters and Environmental Influences on Fertility, Milk Production, and Quality in Autochthonous Reggiana Cattle*.

Mancin, E., Sartori, C., Guzzo, N., Tuliozi, B., & Mantovani, R. (2021). Selection response due to different combination of antagonistic milk, beef, and morphological traits in the Alpine grey cattle breed. *Animals*, 11(5). <https://doi.org/10.3390/ani11051340>

Marconi, P., & De Rensis, F. (1999). Gli Indici Di Fertilità Per La Valutazione dell'efficienza riproduttiva della bovina da latte. *Vetjournal*.

Marsoner, T., Egarter Vigl, L., Manck, F., Jaritz, G., Tappeiner, U., & Tasser, E. (2018). Indigenous livestock breeds as indicators for cultural ecosystem services: A spatial analysis within the Alpine Space. *Ecological Indicators*, 94(August 2017), 55–63. <https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2017.06.046>

Oltenacu, P. A., & Broom, D. M. (2010). The impact of genetic selection for increased milk yield on the welfare of dairy cows * Department of Animal Science , Oklahoma State University , Stillwater , OK + Centre for Animal Welfare and Anthrozoology , Department of Veterinar. *Animal Welfare*, 19(S), 39–49.

Pagnacco, G. (2004). *Genetica animale applicata*, Milano, Casa Editrice

Ambrosiana

- Roche, J. R., Berry, D. P., Delaby, L., Dillon, P. G., Horan, B., Macdonald, K. A., & Neal, M. (2018). Review: New considerations to refine breeding objectives of dairy cows for increasing robustness and sustainability of grass-based milk production systems. *Animal*, *12*(s2), S350–S362. <https://doi.org/10.1017/S1751731118002471>
- Ruminantia.it. (2023). *Vi raccontiamo le razze_ la Grigio alpina – Ruminantia – Web Magazine del mondo dei Ruminanti.*
- Sartori, C., Mancin, E., Tuliozi, B., Oian, A., Guzzo, N., Proto, G. G., & Mantovani, R. (2023). *Breeding for fitness and health in mountains and plains : functional traits in local dual purpose Alpine cattle Take home msg To estimate genetic parameters for functional traits in Italian Alpine.*
- Taberlet, P., Coissac, E., Pansu, J., & Pompanon, F. (2011). Conservation genetics of cattle, sheep, and goats. *Comptes Rendus - Biologies*, *334*(3), 247–254. <https://doi.org/10.1016/j.crv.2010.12.007>
- VanRaden, P. M., Wright, J. R., Tooker, M. E., & Norman, H. D. (2016). Value of selecting for cow and calf livability. *Interbull Bulletin No. 50*, *50*, 30–33.
- Visscher, P. M., Hill, W. G., & Wray, N. R. (2008). Heritability in the genomics era - Concepts and misconceptions. *Nature Reviews Genetics*, *9*(4), 255–266. <https://doi.org/10.1038/nrg2322>
- Weigel, K. A., VanRaden, P. M., Norman, H. D., & Grosu, H. (2017). A 100-Year Review: Methods and impact of genetic selection in dairy cattle—From daughter–dam comparisons to deep learning algorithms. *Journal of Dairy Science*, *100*(12), 10234–10250. <https://doi.org/10.3168/jds.2017-12954>
- Zhang, K., Lenstra, J. A., Zhang, S., Liu, W., & Liu, J. (2020). Evolution and domestication of the Bovini species. *Animal Genetics*, *51*(5), 637–657. <https://doi.org/10.1111/age.12974>

