

FATTORI CHE INFLUENZANO LA STABILITÀ DELLE CLASSIFICHE INERENTI GLI INDICI MORFOLOGICI LINEARI DELLE RAZZE CHIANINA, MARCHIGIANA E ROMAGNOLA

Mantovani R. (1), Forabosco F. (2), Bittante G. (1)

- (1) Dipartimento di Scienze Zootecniche - Università di Padova – Agripolis, Viale dell'Università, 16 - 35020 Legnaro, Padova, Italia
- (2) ANABIC – Via Visciolosa, 06070 S. Martino in Colle, Perugia, Italia

RIASSUNTO – Obiettivo del presente lavoro è stata l'individuazione di possibili elementi in grado di influire sulla stabilità delle classifiche relative agli indici morfologici nelle razze Chianina, Marchigiana e Romagnola. Sono stati a questo scopo utilizzati le vacche e i tori con indici morfologici nel miglior 10% (rank ≥ 90) e sono state esaminate le variazioni di posizione di classifica e le variazioni in assoluto dell'indice e dell'accuratezza (per i maschi calcolata anche sulla base del numero di figlie effettive) rispetto ad un ricalcolo effettuato dopo un anno. Tra le fonti di variazione esaminate la razza ha influito in misura variabile sulle classifiche di femmine e maschi. Il valore di accuratezza iniziale (basso, medio o alto) non influenza differenzialmente le posizioni di classifica di vacche e tori. Al contrario, la numerosità dei dati che contribuiscono al calcolo degli indici ha evidenziato, seppure limitatamente alla linea femminile, una significativa influenza sulla stabilità delle classifiche, dato che solamente le valutazioni genetiche ottenute con ≥ 6 osservazioni entro allevamento-anno limitano forti cambiamenti nelle classifiche.

PAROLE CHIAVE: Classifiche, Indici genetici, Caratteri morfologici lineari, Chianina, Marchigiana, Romagnola.

INTRODUZIONE

Le valutazioni genetiche rappresentano un momento fondamentale in qualsiasi programma di miglioramento genetico poiché forniscono gli strumenti (indici genetici) utili alla selezione (Bittante *et al.*, 1990; Falconer, 1990). Il calcolo degli indici genetici si basa su modelli matematico-statistici che traducono operativamente la teoria del "complesso poligenico", secondo cui ogni carattere "misurabile" è sotto il controllo di un numero molto elevato di geni, unità elementari del patrimonio ereditario. Il valore genetico individuale è dunque una "stima" della somma degli effetti prodotti dall'azione dei singoli geni che controllano l'espressione del carattere, e come tutte le stime è affetta da "errore". Qualsiasi valore genetico dovrebbe pertanto essere esaminato in relazione alla sua "accuratezza", indicatore che esprime in quale misura (da 0 a 100%), il valore genetico stimato sia vicino al "vero" valore genetico dell'animale (Van Vleck, 1979). L'accuratezza di un indice genetico è legata, oltre che all'ereditabilità del carattere, alla quantità di dati e di relazioni di parentela che concorrono al calcolo dell'indice stesso. In definitiva, molte informazioni portano a stime piuttosto accurate dell'indice genetico, sebbene sia stato dimostrato che ritardare le scelte dei riproduttori per disporre di indici più accurati non sia remunerativo per il progresso genetico, che si giova soprattutto di più brevi intervalli di generazione (Meuwissen, 1990; Ruane e Thompson, 1991). Pur tuttavia, le scelte selettive, soprattutto se basate su sistemi di rapido ricambio generazionale, richiedono di ridurre al minimo il rischio di forti variazioni temporali dei valori genetici e delle classifiche dei miglioratori. Questo soprattutto nella linea femminile, dove la ridotta efficienza riproduttiva limita il numero di informazioni accessibili per la valutazione genetica e dove, quindi, le scelte selettive, in quanto meno accurate, possono essere più a rischio. Nell'ottica di contribuire a ridurre questo rischio, il presente lavoro ha inteso esaminare i possibili fattori influenti sulle posizioni di classifica e sulle variazioni dell'indice morfologico e dell'accuratezza nelle razze Chianina, Marchigiana e Romagnola (Forabosco, 2002).

MATERIALE E METODI

Sono stati utilizzati i valori genetici inerenti l'indice morfologico (IM, riportato a media 100 e deviazione standard pari a ± 10) ed i corrispondenti valori (%) di accuratezza animal model (Misztal e Wiggans, 1988; Misztal, 1991), stimati nell'ambito di due successivi cicli di valutazioni genetiche effettuate presso l'ANABIC (settembre 2003 e settembre 2004). Dal ciclo di valutazioni 2003 sono state estratti le vacche (n=1506) ed i tori (n=162) con IM entro il miglior 10% (rank \geq 90). Per i tori è stato calcolato anche un valore di accuratezza di tipo sire model, basato cioè sul numero di figlie effettive (Fikse and Banos, 2001) e sull'ereditabilità del carattere secondo un coefficiente $k=(4-h^2)/h^2$. Per vacche e tori sono stati quindi definite 3 fasce di accuratezza animal model iniziale: bassa (<45% per vacche e <55% per tori), media (45-55% per vacche e 55-70% per tori) e alta (>55% per vacche e >70% per tori). Ulteriore classificazione è stata fatta in base alla numerosità di informazioni contribuenti al calcolo dell'indice; le vacche sono state classificate in 6 gruppi in base alla quantità di dati per allevamento-anno: 1, >1 ma figlie ad un solo toro, 2, da 3 a 5, da 6 a 10 e >10 dati. I tori sono stati invece differenziati in 2 classi sulla base del numero di FE: <5 o \geq 5 FE. Questi fattori sono stati utilizzati nell'analisi della varianza (SAS, 1990) assieme al fattore razza e alle interazioni con la razza per studiare gli effetti prodotti sul valore di rank o sulle le variazioni in assoluto dell'IM e dell'accuratezza (sia animal model che sire model) rispetto al ciclo di valutazioni 2004.

DISCUSSIONE DEI RISULTATI

La tabella 1 riporta le medie stimate per l'effetto della razza sulle variazioni di rank (esprese come differenza tra la media alla successiva valutazione ed il valore atteso pari a rank 95), di IM e accuratezza della linea femminile e maschile. Come si può osservare dai dati tabulati, la situazione si è alquanto differenziata tra vacche e tori valutati, tanto che nel caso delle femmine le variazioni nelle posizioni di classifica e di accuratezza si sono differenziate tra le razze, mentre lo stesso non è avvenuto, almeno relativamente alle variazioni nelle posizioni di classifica, per i tori. Ciò può essere attribuito alla più modesta differenziazione tra le razze Marchigiana e Romagnola osservata in questa sottopopolazione. Tutto sommato le differenziazioni legate alle razze possono essere ricondotte alla diversa struttura e numerosità dei dati afferenti a ciascuna razza, che vede agli estremi le razze Chianina da un lato, in quanto caratterizzata da numerosità entro allevamento anno elevate, la Marchigiana dall'altro, contraddistinta dalla presenza di molti allevamenti ma di dimensioni piuttosto ridotte. Sia per la linea femminile che per quella maschile non sono emerse differenze sul rank della successiva valutazione, nonostante alcune significative variazioni di IM e di accuratezza (tabella 2). In sostanza, l'accuratezza iniziale non sembra poter essere utilizzata come "predittore" di possibili variazioni nelle posizioni di classifica del miglior 10% delle vacche e dei tori, che cambiano, di fatto, indipendentemente dall'accuratezza di valutazione iniziale. In definitiva, la dimensione e caratteristiche del data-set utilizzato in cicli di valutazioni successive può produrre variazioni anche notevoli nei valori di indici e di accuratezza, ma più limitate e non differenti per accuratezza iniziale risultano le posizioni di classifica. Guardando all'effetto del numero di osservazioni sulle variazioni di ranking, IM e accuratezza (tabella 3), emerge come sia in particolare la singola informazione entro allevamento-anno a contribuire alle più ampie e significative variazioni, sia per quanto riguarda l'IM che l'accuratezza sia, in relazione al alle classifiche del top 10% degli animali, anche se solo limitatamente alle vacche. In sostanza, dunque, le femmine che vengono valutate ma che sono singolarmente presenti entro la cella ambientale allevamento-anno risultano, nell'ambito del miglior 10%, maggiormente suscettibili di variazioni tanto nell'indice che, soprattutto, nelle posizioni di classifica. Per dare alcuni valori specifici, ben il 30% delle femmine incluse nel top 10% dei soggetti esce da questo gruppo di merito dopo un anno, mentre un 20% ca. dei soggetti figli di un unico toro nello stesso allevamento anno o presenti in numero inferiore a 5 entro allevamento-anno sono suscettibili di uscire dal primo gruppo di merito. Solamente nei soggetti indicizzati sulla base di 6 o più

osservazione la probabilità di uscire dal gruppo delle vacche rank ≥ 90 si riduce ulteriormente, dato solo un 16% di questi animali escono dalla soglia del miglior 10%. Per quanto riguarda i tori, invece, la sottopopolazione dei maschi non sembra risentire di possibili variazioni di classifica in relazione al differente numero di figlie effettive alla prima valutazione, anche se in questo caso la scarsa numerosità complessiva di dati ha reso possibile la creazione di due sole classi poco differenziabili, che non permettono di trarre considerazioni esaustive sull'argomento ma portano a dover rinviare ad una più ampia disponibilità di dati ulteriori analisi.

CONCLUSIONI

Il presente lavoro ha evidenziato come l'unico fattore veramente in grado di ridurre il rischio selettivo nelle vacche e quindi in grado di mantenere una certa stabilità nelle classifiche, sia la numerosità dei dati attraverso cui si procede al calcolo degli indici genetici. Infatti quando l'indice genetico è frutto di un numero di confronti con contemporanee inferiore a 6, la possibilità di vedere modificata la classifica nell'ambito del top 10% dei soggetti è maggiore, e quasi raddoppia per animali valutati singolarmente entro allevamento-anno, rispetto a situazioni con 6 o più osservazioni. Nessuna relazione è emersa invece con il valore di accuratezza iniziale degli indici, probabilmente perché questa è funzione anche della numerosità dei rapporti di parentela, oltre che dei rilievi morfologici. Ulteriori analisi su una più ampia serie di dati si rendono invece necessarie per la linea maschile.

Tabella 1 - Effetto della razza sulle variazioni di ranking medio rispetto all'atteso (95), di IM e di accuratezza (animal model, AM o sire model, SM).

Table 1 - Effect of breed on changes in expected animal ranking (95), Type Index (TI) and accuracy (calculated both animal model, AM or sire model, SM).

Soggetto – Item	Razza – Breed			P
	Chianina	Marchigiana	Romagnola	
Vacche – Cows:				
Ranking	-3.7	-2.7	-1.2	<0.01
IM – TI	2.3	2.4	2.3	n.s.
Accuratezza - Accuracy AM	1.3	1.2	1.6	0.02
Tori – Bulls:				
Ranking	-5.3	-2.8	-2.9	n.s.
IM – TI	3.2	2.9	4.4	0.04
Accuratezza - Accuracy AM	2.7	2.7	4.3	0.02
Accuratezza – Accuracy SM	3.0	4.2	4.9	n.s.

Tabella 2 - Effetto dell'accuratezza sulle variazioni di ranking medio rispetto all'atteso (95), di IM e di accuratezza (animal model, AM o sire model, SM).

Table 2 - Effect of accuracy on changes in expected animal ranking (95), Type Index (TI) and accuracy (calculated both animal model, AM or sire model, SM).

Soggetto – Item	Accuratezza - Accuracy ^(*)			P
	Bassa - Low	Media - Medium	Alta – High	
Vacche – Cows:				
Ranking	-2.7	-2.8	-2.1	n.s.
IM – TI	1.9	2.7	2.4	<0.01
Accuratezza - Accuracy AM	1.3	1.6	1.2	<0.001
Tori – Bulls:				
Ranking	-3.5	-5.5	-2.0	n.s.
IM – TI	2.8	4.1	3.6	0.06
Accuratezza - Accuracy AM	3.4	4.3	2.0	<0.01
Accuratezza – Accuracy SM	5.2	4.7	2.2	n.s.

(*) Accuratezza Bassa = <45% per vacche, <55% per tori; Media = 45-55% per vacche, 55-70% per tori; Alta = >55% per vacche, >70% per tori.

Low Accuracy = <45% for cows, <55% for bulls; Medium = 45-55% for cows, 55-70% for bulls; High = >55% for cows, >70% for bulls.

Tabella 3 - Effetto del numero di informazioni usate per le valutazioni genetiche sulle variazioni di rank rispetto all'atteso (95), di IM e di accuratezza (animal model, AM o sire model, SM).

Table 3 - Effect of no. of data used for genetic evaluation on changes in expected animal ranking (95), type index (TI) and accuracy (calculated both animal model, AM or sire model, SM).

Osservazioni – Observations	Soggetto – Item			
	Ranking	IM – TI	Accuratezza Accuracy AM	Accuratezza Accuracy SM
Vacche – Cows ^(*) :				
- 1	-5.5	3.0	2.5	-
- >1 ma 1 padre – but 1 sire	-2.4	2.1	1.1	-
- 2	-2.5	2.6	1.3	-
- 3-5	-1.8	2.1	1.2	-
- 6-10	-1.3	2.0	1.0	-
- >10	-1.7	2.2	1.2	-
Significatività – Probability	<0.001	<0.01	<0.001	
Tori – Bulls ^(**) :				
- <5	-3.8	3.4	2.5	2.7
- ≥5	-3.5	3.6	4.0	5.4
Significatività – Probability	n.s.	n.s.	0.04	0.04

(*) : Osservazioni entro allevamento-anno - No. of observation within herd-year

(**) : N. di figlie effettive - No. of effective daughters

BIBLIOGRAFIA - REFERENCES

- Bittante G., Andrighetto I., Ramanzin M. 1990. Liviana Ed., Padova.
- Falconer D.S. 1990. Longman Scientific & Technical, NY, USA.
- Fikse W.F, Banos G. 2001. J. Dairy Sci., 84 (7), 1759-1767.
- Forabosco F. 2002. Taurus, XIV (1), 5-7.
- Meuwissen T.H.E. 1990. PhD Thesis - Wageningen, The Netherlands.
- Misztal I., Wiggans G.R. 1988. J. Dairy Sci. 71 (Suppl. 2): 27-32
- Misztal I., Wiggans G.R., Lawlor T.J., Short T. 1991. J. Dairy Sci. 74: 2001-2009.
- Ruane J., Thompson R. 1991. Livest. Prod. Sci. 28: 1-20.
- SAS. 1990. SAS Institute Inc, Cary, NC, USA.
- Van Vleck D. L. 1979. Cornell Univ., Ithaca, NY, USA.

FACTORS AFFECTING CHANGES IN ANIMAL RANKING FOR A TYPE INDEX IN CHIANINA, MARCHIGIANA AND ROMAGNOLA BREEDS

Mantovani R. (1), Forabosco F. (2), Bittante G. (1)

ABSTRACT – This study has aimed to analyse possible sources of variation that could affect animal ranking for a type index (TI) from linear type evaluation in Chianina, Marchigiana and Romagnola breeds. Cows and bulls within the best 10% of estimated breeding values (BVs) for type (ranking ≥ 90) were used in the study. Changes in animal ranking for cows and bulls and absolute changes in TI and accuracy were obtained from a subsequent genetic evaluation performed after one year. For bulls, accuracy variations were calculated both as animal and sire model accuracy, the latter obtained through effective daughters. Among the sources of variation analysed, ANOVA revealed a variable breed effect between sexes. However, the initial level of accuracy (low, medium or high) was not related to different animal ranking after one year. On the other hand, the number of data used for estimating BVs has shown a significant effect on cows' ranking. Particularly, when BVs were obtained from ≥ 6 observations within herd-year (HY) effect, changes in animal ranking were of lower magnitude than with fewer within HY observations.

KEYWORDS: Ranking, Genetic indexes, Linear type trait, Chianina, Marchigiana, Romagnola.

INTRODUCTION

Genetic evaluation is the major step in any animal breeding programme, since it produces tools (i.e., breeding value) useful for the selection process (Bittante *et al.*, 1990; Falconer, 1990). Genetic indexes are the results of models linked with the polygenic complex theory, for which each quantitative trait is under the control of a very high number of genes. The individual breeding values (BVs) are therefore estimates of the produced by the genes involved in controlling a trait (sum), and since they are obtained by mathematical models, they are also affected by error. For this reason, every BV should be examined taking into account its accuracy, that relates the correlation (0-100%) between estimated and true BV (Van Vleck, 1979). Accuracy is linked not only to the heritability of the trait but also to the number of data that contribute to estimate the BV, i.e. field observations and pedigree records. Accordingly, a high number of data contributes to a high accuracy, although it has been demonstrated that delaying animal selection in order to get higher accuracy has a negative effect on genetic progress, that is sped up by shorter generation intervals rather than higher accuracies (Meuwissen, 1990; Ruane e Thompson, 1991). However, animal selection in programmes with short generation intervals requires to reduce the risk of great changes in animal ranking, and particularly in females, where the reduced reproductive efficiency led to a low accuracy, increasing the risk of selection. Aiming to contribute to reduce the risk in selection, this study evaluated the source of variation affecting the changes in animal ranking of cows and bulls for a type index (TI) from linear type evaluation in Chianina, Marchigiana and Romagnola breeds (Forabosco, 2002). Moreover, the absolute changes for the type index (TI) and for accuracy were also evaluated in the study.

MATERIALS AND METHODS

Animal model estimated breeding values (BV) for TI (expressed on a base that used a general mean of 100 and standard deviation of ± 10) and the companion accuracy values (as %; Misztal e Wiggans, 1988; Misztal, 1991) obtained in two subsequent genetic evaluations performed for Chianina, Marchigiana and Romagnola by ANABIC (September 2003 and September 2004), were used in the study. From the former genetic evaluation, cows (n=1506) and bulls (n=162) with an estimated BV within the best 10% of all BVs, i.e. ranking ≥ 90 , were extracted. For each

animal the ranking at the subsequent evaluation and the absolute difference between the BV and accuracy at year 2003 and the subsequent BV were calculated. For bulls, differences were obtained also for accuracy calculated on a sire model basis, i.e. as a linear function of the effective daughters and the heritability (h^2) of the trait using a coefficient $k=(4-h^2)/h^2$ (Fikse and Banos, 2001). For each data-set pooled by breed animals were classified in three different initial accuracy (referred to 2003 accuracy): low accuracy (<45% for cows and <55% for bulls), medium (45-55% for cows and 55-70% for bulls) and high accuracy (>55% for cows and >70% for bulls). Animals were also classified on the basis of the number of data contributing to their genetic evaluation. Cows were classified according to 6 different classes of within herd-year (HY) field data as follows: 1, >1 but daughter of a single bull within HY, 2, from 3 to 5, from 6 to 10 and >10 observations. Bulls were classified on the basis of the number of effective daughters (ED). Due to the low number of records only two classes were used: <5 or ≥ 5 ED. The breed, the level of accuracy, the number of field data or effective daughters and the interactions between breed and the other two sources of variation were analysed via ANOVA (SAS, 1990).

RESULTS AND DISCUSSION

The breed effect resulted variable between sexes (Table 1) and probably related to the different number and structure of data contributing in each breed to BV's estimates. In spite of some significant TI and accuracy changes, no differences were found out both for males and females in the ranking at the second genetic evaluation (Table 2). In other words, the initial accuracy do not produce a different response in cow and bull rankings after one year and, therefore, it cannot be used as "predictor" of possible changes in animal ranking within the best 10% of cows and bulls. As a final point, dimensions and features of data set used in subsequent genetic evaluations can produce high changes in the values both of the indexes and accuracy, while the ranking changes are lower and not dissimilar for animal in different initial accuracy level. The effect of the number of observations within herd-year (Table 3) showed to be responsible of the widest and the most significant changes in IM, accuracy and animal ranking, although in the latter case only for cows. Indeed, the females evaluated but individually present within herd-year, i.e. with no contemporary comparison, resulted more susceptible to changes both in the BVs, accuracy and in the ranking positions within the group of cows ranking ≥ 90 . As a matter of fact, the 30% of the females within the best 10% exit this group after one year, while about a 20% of cows evaluated with ≥ 1 observation but daughter of a single bull, i.e. with no actual within herd-year comparison, or evaluated in herd-year with up to 5 observations were susceptible to get out from the first merit group of cows. Only in animals with an index obtained from 6 or more within herd-year observations, the probability of getting out from the top 10% cows was reduced. Indeed, only the 16% of these animals exit the cows ranking ≥ 90 group after one year. In comparison to cows, bulls' ranking was not affected by the different number of ED at the first evaluation, even if in this case the low number of data made possible only two classes of ED. Therefore, this approach do not allow exhaustive considerations on this topic, and a higher number of data for a further analysis is needed.

CONCLUSIONS

The present study pointed out that the main factor which can really reduce the selection risk in cows avoiding great changes in animal ranking is the number of data used for genetic evaluation. Indeed, when the BVs are obtained from a number of comparison with contemporaries lower than 6, higher changes in animal ranking within the best 10% of animals are expected, particularly when there is no contemporary comparison. On the contrary, no relations between animal ranking changes and the initial level of accuracy were found. Further analysis on a wider data set is necessary for bulls.