

CONFRONTO TRA MODELLI NELLA VALUTAZIONE GENETICA DEI TORI DI RAZZA CHIANINA PER IL CARATTERE LONGEVITÀ

**Forabosco F. (1), Bozzi R. (2), Filippini F. (1), Boettcher P. (3), Van Arendonk J.A.M. (4),
Bijma P. (4)**

(1) *ANABIC - Via Visciolo, 06070 S. Martino in Colle, Perugia, Italia*

(2) *Dipartimento di Scienze Zootecniche - Università di Firenze - Via delle Cascine, 5 -
50144 Firenze, Italia*

(3) *Istituto di Biologia e Biotecnologia Agraria - Consiglio Nazionale delle Ricerche -
20090 Segrate, Milano, Italia*

(4) *Animal Breeding and Genetics Group - Wageningen University - P.O. Box 338, 6700
AH Wageningen, The Netherlands*

RIASSUNTO – Obiettivo del presente studio è stato il confronto tra i valori genetici (EBV) per la longevità nella razza Chianina stimati con i modelli lineari e non-lineari. La “survival analysis” considera tra gli effetti tempo-dipendenti l’azienda-anno e la variazione nelle dimensioni aziendali; tra gli effetti tempo-indipendenti l’anno-stagione e l’età al primo parto. I modelli lineari considerano gli effetti azienda-anno e l’età al primo parto. Confrontando solo dati “uncensored” (SURVun) con un modello lineare (LIN-S3) sono state trovate correlazioni medie (da 0,50 a 0,62). Alte correlazioni sono state trovate (tra 0,71 e 0,93) quando EBV calcolati su dati “censored e uncensored” (SURVall) sono stati confrontati con LIN-S3. L’ereditabilità stimata è stata pari a 0,11, 0,09 e 0,08 rispettivamente per i modelli SURVall, SURVun e LIN-LPL; e 0,05, 0,02 e 0,02, per la longevità nei primi tre parti (LIN-S3).

PAROLE CHIAVE: Analisi di sopravvivenza, Longevità, Chianina

INTRODUZIONE

Nelle produzioni animali, incluse le razze bovine da carne, la longevità è un carattere importante perché influenza direttamente il profitto. La longevità nelle razze da carne condiziona la produzione media dell’allevamento perché aumenta il numero delle vacche in produzione e al contempo riduce il numero delle manze da allevare. Non è un carattere semplice da misurare perché al momento in cui le decisioni selettive devono essere prese l’osservazione completa non è disponibile. Sebbene la longevità sia un carattere studiato in molti Paesi, non esiste un modo univoco nel definirla così come non esiste un modo univoco per analizzare i dati fenotipici raccolti. Obiettivo del presente lavoro è la stima dei parametri genetici usati nelle valutazioni genetiche ed il confronto tra differenti approcci in una prospettiva pratica. Parametri genetici, incluse (co)varianze e EBV sono stati stimati utilizzando modelli lineari e non-lineari per la longevità. Correlazioni tra EBV sono stati calcolate per valutare le differenze tra i modelli.

MATERIALI E METODI

Il dataset è composto da 13257 osservazioni di vacche Chianine a cui sono stati aggiunti i dati riproduttivi raccolti tra il 1° gennaio 1974 ed il 31 dicembre 2000. Le vacche nate dopo il 31 Dicembre 1990 sono state escluse dal dataset. Questa decisione è stata presa allo scopo di dare a tutti i soggetti la possibilità di sopravvivere almeno 10 anni (Forabosco *et al.*, 2004).

Survival Analysis - La longevità è stata espressa come lunghezza in giorni della carriera produttiva (LPL) dal primo parto alla riforma (carriere chiuse o “uncensored”) o alla fine del periodo di studio (carriere aperte o “censored”).

In un successivo lavoro verrà presentata e discussa una diversa definizione di LPL che ha come inizio l’età alla prima fecondazione utile. L’analisi è stata eseguita utilizzando il programma “The Survival Kit V3.0” di Ducrocq e Sölkner (1998). Due diverse analisi sono state condotte; la prima analisi (SURVall) ha considerato sia i dati “censored” che “uncensored” (13257) ed

una seconda analisi (SURVun) ha utilizzato solo i dati “uncensored” (11477) per facilitare così il confronto con i modelli lineari (vedi sotto). Il seguente modello Weibull è stato usato:

$$\lambda(t) = \lambda_0(t) \exp \{ h_Y(t') + h_{var}(t') + l_0 + y_s + s_e \};$$

dove: $\lambda(t)$ è la “hazard function” individuo tempo (t) dipendente (giorni dalla nascita alla riforma), e $\lambda_0(t)$ è la “baseline hazard function” che si assume abbia una distribuzione Weibull con “scale parameter λ ” e “shape parameter ρ ”; $h_Y(t')$ è l’effetto random azienda-anno tempo-dipendente. L’effetto azienda-anno (viene riassegnato ogni anno il 1 gennaio) si assume abbia una distribuzione log-gamma; $h_{var}(t')$ è l’effetto fisso tempo-dipendente della variazione delle dimensioni aziendali (5 classi; >+60%, +60 a +15%, +15 a -15%, -15 a -60% e <-60%), questa variabile è assunta costante, cambiando ogni 1° gennaio di ogni anno; l_0 è l’età al primo parto considerata come variabile continua tempo-indipendente; y_s è l’effetto fisso tempo-indipendente anno-stagione al primo parto; s_e è l’effetto random del toro. Un modello toro è stato usato per stimarne la varianza (σ_s^2) e per lo stesso effetto è stata assunta una distribuzione di tipo multivariata normale.

Modello lineare - Anche in questo caso è stato utilizzato un modello toro per stimare l’ereditabilità e gli EBV. Due diverse analisi sono state eseguite: nella prima analisi (LIN-S3) un modello a più caratteri è stato utilizzato per stimare la longevità misurata come presenza/assenza (si/no) nei primi tre parti (al primo parto risultavano presenti tutti gli animali) e una seconda analisi (LIN-LPL) ha considerato la carriera produttiva (LPL) della vacca. La LPL nel modello LIN-LPL è stata considerata in mesi dal primo parto alla riforma.

I modelli lineari sono stati analizzati con la procedura EM REML (Expectation Maximization Restricted Maximum Likelihood) con acceleratore (Misztal, 2002). Il seguente modello è stato utilizzato:

$$Y_{lki} = h_{Yl} + l_{Ok} + s_i + e_{lki}$$

Dove: Y_{lki} = animale vivo (1) o morto (0) dopo $n + 1$ parti per il modello LIN-S3; mesi dal primo parto alla riforma per il modello LIN-LPL; h_{Yl} = effetto azienda-anno random per ciascun parto per il modello LIN-S3, effetto azienda-anno random al primo parto per il modello LIN-LPL; l_{Ok} = effetto fisso dell’età al primo parto, 25 classi; s_i = effetto random toro; e_{lki} = errore.

Correlazioni – Solo i tori presenti nella analisi lineare e non-lineare con almeno 25 figlie con carriera chiusa (uncensored) sono stati usati per calcolare le correlazioni tra EBV. Dato che il dataset usato per la survival analysis (SURVun e SURVall) era differente dal dataset usato per l’analisi lineare (LIN-LPL and LIN-S3), la correzione degli EBV per il trend genetico si è resa necessaria ed è stato per questo usato il metodo suggerito da Calo *et al.* (1973).

RISULTATI E DISCUSSIONE

Survival analysis - In questa analisi (Tabella 1), il “parameter ρ ” è risultato rispettivamente uguale a 1,98 e 2,00 per SURVall e SURVun. Inoltre, per ridurre i tempi macchina nel calcolare la varianza toro il “parameter ρ ” è stato fissato a 1,98 per SURVall e 2,00 per SURVun. Il valore di $\rho > 1$ indica che il rischio “baseline hazard” aumenta all’aumentare dell’età. L’intercetta $\text{plog}(\lambda)$ è risultata rispettivamente uguale a -14,66 e -14,32 per SURVall SURVun. Per SURVall l’ereditabilità effettiva è risultata leggermente superiore (11,2%) se comparata con SURVun (9,3%), probabilmente ciò è da attribuirsi all’inclusione di informazioni provenienti da vacche a carriera aperta (censored). Inoltre, per la stessa ragione l’attendibilità per i valori genetici stimati dei tori nel modello SURVall è stata di $0,28 \pm 0,16$; più alta che per il modello SURVun ($0,24 \pm 0,15$). *Effetto toro.* L’effetto toro, espresso come rischio relativo di riforma per il modello SURVun varia da 0,14 a 3,97 con una media di $1,25 \pm 1,07$. Per SURVall, il rischio relativo di riforma varia da 0,07 a 3,88, con una media di $1,21 \pm 0,99$. Valori bassi indicano un basso rischio relativo di riforma. Per migliorare la longevità delle vacche, tori con basso rischio di riforma sono preferibili.

Modelli lineari - I valori di ereditabilità stimati per la longevità al primo, secondo e terzo parto utilizzando un modello lineare toro (LIN-S3) variano da 2,5% a 5,3%. La correlazione genetica tra il primo ed il secondo parto è risultata pari a 0,93, più alta rispetto alla correlazione tra il secondo e terzo parto (0,84). Alti valori di correlazione stanno ad indicare una somiglianza tra i

diversi fattori genetici. La moderata correlazione genetica (0,69) tra il primo ed il terzo parto fanno presupporre che tra questi due caratteri esiste una discreta differenza in termini di sopravvivenza. L'attendibilità dei valori genetici toro per il modello LIN-S3 è $0,23 \pm 0,14$ per il primo parto, $0,20 \pm 0,11$ per il secondo parto e $0,23 \pm 0,08$ per il terzo parto. Per il modello LIN-LPL con lo stesso dataset usato per il modello SURVun, l'ereditabilità è risultata uguale a 7,7 %, la più alta ottenuta tra i diversi modelli lineari usati.

Correlazioni genetiche approssimate - Correlazioni genetiche approssimate tra EBV sono presentate in tabella 2. In questo modo è stato possibile comparare tra loro 103 tori con una attendibilità relativamente alta. Le correlazioni tra EBV tra modelli lineari e non-lineari corretti per il trend genetico sono risultati da medi ad alti, variando da 0,50 a 0,93. La correlazione più alta tra modelli lineari e non-lineari (0,93) è stata trovata tra il modello SURVall ed il 3° parto nel modello LIN-S3. I modelli lineari e non-lineari divergono in molti aspetti; i migliori risultati sono stati ottenuti quando tutte le informazioni disponibili sono state usate (sia quelle provenienti da animali con carriera chiusa che quelle provenienti da animali con carriera aperta).

CONCLUSIONI

I valori di ereditabilità sono risultati diversi usando modelli lineari e non-lineari. Il valore più alto è stato ottenuto con la "survival analysis" (11%) quando sia le informazioni provenienti da animali con carriera chiusa che quelle provenienti da animali con carriera aperta sono state utilizzate. I modelli non-lineari hanno dato risultati migliori rispetto ai modelli lineari nello studio della funzione di sopravvivenza.

Tabella 1. Parametri stimati con il modello non-lineare toro
Table 1. Parameters estimated for non-linear sire model

Parameters	SURVun	SURVall
Gamma (γ)	1.12	1.94
Rho (ρ)	2.00	1.98
Intercept [$\rho \log (\lambda)$]	-14.32	-14.66
Sire variance (σ_s^2)	0.024	0.029
h^2 (effective)	0.093	0.112

Table 2. Correlazione genetica approssimata (corretta con il metodo Calo *et al.*, 1973) tra differenti modelli.

Table 2. Approximated genetic correlation (corrected by method of Calo et al., 1973) between different models.

	Modelli non-lineare <i>Non-linear models¹</i>		Modello lineare <i>Linear model¹</i>		
	SURVun	SURVall	Parto 1 <i>Parity 1</i>	Parto 2 <i>Parity 2</i>	Parto 3 <i>Parity 3</i>
Analisi di sopravvivenza ¹ <i>Survival analysis¹</i>					
SURVun	1.00				
SURVall	0.85	1.00			
Linear LIN-S3 model ¹					
Parto 1 <i>Parity 1</i>	0.50	0.71	1.00		
Parto 2 <i>Parity 2</i>	0.60	0.86	0.99	1.00	
Parto 3 <i>Parity 3</i>	0.62	0.93	0.96	0.98	1.00
Linear LIN-LPL model ¹					
LIN-LPL	0.63	0.66	0.95	0.93	0.89

¹ 103 tori con ≥ 25 figlie con carriera chiusa. ¹ 103 sires with ≥ 25 uncensored daughters.

BIBLIOGRAFIA - REFERENCES

-Calo L.L., R. E. Mc Dowell, L. D. Van Vleck and P. D. Muller. 1973. J. Anim. Sci. 37:676-682.

- Forabosco F., A. F. Groen, R. Bozzi, J.A.M. Van Arendonk F. Filippini, P. Boettcher and P. Bijma. 2004. J. Anim. Sci. 82:1572-1580.
- Ducrocq V. and J. Sölkner. 1998. 6th World Cong. Genet. Appl. Livest. Prod., Vol. 27, pp 447-448. Anim. Genetics and Breeding Unit, Univ. of New England, Armidale, Australia.
- Misztal, I. 2002. University of Georgia, Athens. USA.

COMPARISON BETWEEN MODELS FOR GENETIC EVALUATION OF SIRES LONGEVITY IN CHIANINA BEEF CATTLE

**Forabosco F. (1), Bozzi R. (2), Filippini F. (1), Boettcher P. (3), Van Arendonk J.A.M. (4),
Bijma P. (4)**

ABSTRACT - The objective of this study was to compare EBV for longevity in Chianina beef cows estimated with linear and non-linear sire models. The survival analyses considered time dependent effects of herd-year and variation in herd size, time independent effects of year-season and age at first calving. Linear models considered herd-year effects and age at first calving; in the LIN-LPL model the herd-year was considered at 1st calving. Medium correlations were found (from 0.50 to 0.62) when only uncensored data (SURVun) were compared to the linear model (LIN-S3). Higher correlations were found (from 0.71 to 0.93) when EBV based on both censored and uncensored data (SURVall) were compared to LIN-S3. Heritability was estimated at 0.11, 0.09 and 0.08 respectively for SURVall, SURVun and LIN-LPL; and 0.05, 0.02 and 0.02, respectively, for survival in the first three parities according to LIN-S3.

KEYWORDS: Genetic Analysis, Longevity, Chianina

INTRODUCTION

In livestock production, including beef cattle, longevity is a highly important trait that affects profitability. Increased longevity of beef cows affects the average herd production due to an increase in the number of productive cows and a decrease in rearing heifers. Longevity is not an easy trait to measure because a complete observation is not available when selection decisions are to be made. Although longevity is recorded and evaluated in many countries, there is no common way to define the trait and analyze the phenotypic data collected. The objective of this paper was to estimate genetic parameters to be used in a genetic evaluation and to compare results of different approaches from a practical perspective. Genetic parameters, including (co)variances and EBV were estimated from linear and non-linear models for longevity. Correlations among EBV were calculated to evaluate differences between different models.

MATERIALS AND METHODS

Data were provided by ANABIC (National Association of Italian Beef Cattle Breeders, Perugia) and consisted of 13257 Chianina cows with records on reproductive traits collected from January 1, 1974 until December 31, 2000. For the analyses, the cows born after December 31, 1990 were excluded from the dataset. This decision was made to give all the cows at least a 10 year opportunity to express longevity (Forabosco *et al.*, 2004).

Survival Analysis

Longevity was recorded as the length of productive life (LPL), defined as days between first calving to culling or censoring. In another paper a different definition will be presented and discussed considering the LPL starting the age at first insemination. Survival analysis was performed using *The Survival Kit V3.0* by Ducrocq and Sölkner (1998). Two different analyses were implemented; the first analysis (SURVall) considered both censored and uncensored records (13257) and the second (SURVun) used only uncensored records (11477) to facilitate comparison with linear model analysis (see later). The following Weibull model was used:

$$\lambda(t) = \lambda_0(t) \exp \{ h_Y(t') + h_{var}(t') + l_0 + y_s + s_e \};$$

where: $\lambda(t)$ is the hazard function of an individual depending on time t (days from first calving to culling); $\lambda_0(t)$ is the baseline hazard function (related to the aging process) which is assumed to follow a Weibull distribution with scale parameter λ and shape parameter ρ ; $h_Y(t')$ is the random time-dependent effect of herd-year. Herd-year effect (reassigned every year on January 1) was assumed to follow a log-gamma distribution, which was algebraically integrated out from the joint posterior density. $h_{var}(t')$ is the fixed time-dependent class effect of change in herd size (5 classes; $>+60\%$, $+60$ through $+15\%$, $+15$ through -15% , -15 through -60% and $<-60\%$), this variable was assumed to be piecewise constant, changing on January 1 of each year; l_0 is the continuous time-independent class effect of age at first calving. y_s is the fixed time-independent class effect of year-season at first calving; s_e is the random sire effect. A sire model was used to estimate the sire variance (σ_s^2) and the sire effect was assumed to follow a multivariate normal distribution.

Linear model

A linear sire model was applied to estimate the heritability and breeding values (EBV). Two different analyses were implemented: in the first approach (LIN-S3 analysis) a multiple-trait model was applied to analyze longevity measured as dichotomous (yes/no) measures of survival in the first three parities (at the first parity all animals were alive) and the second approach (LIN-LPL) considered the length of productive life (LPL) of the cow. Productive life (LPL) for the LIN-LPL was counted as months from first calving to culling.

The linear models were performed using the EM REML (Expectation Maximization Restricted Maximum Likelihood) with acceleration (Misztal, 2002). The following model was used:

$$Y_{lki} = h_{Y1} + l_{0k} + s_i + e_{lki}$$

Where: Y_{lki} = animal alive (1) or dead (0) after $n + 1$ parities for the LIN-S3 model; months since first calving to culling for the LIN-LPL model; h_{Y1} = random effect of herd-year for each parity for the LIN-S3; random effect of herd-year of the first parity for the LIN-LPL model; l_{0k} = fixed effect of age at first calving, 25 classes; s_i = random sire effect; e_{lki} = error.

Correlations

Only the sires present in the linear and non-linear analysis with at least 25 uncensored daughters were used to calculate correlations among EBV. Because the dataset used for the survival analysis (SURVun and SURVall) were different from the dataset used for the linear analysis (LIN-LPL and LIN-S3), a correction of the sires EBV for the genetic trend was made as suggested by Calo *et al.* (1973). A correction for the genetic trend was also needed because sires were born in different years.

RESULTS AND DISCUSSION

Survival analysis

In these analyses (Table 1), the Weibull parameter ρ was equal to 1.98 and 2.00 for SURVall and SURVun, respectively. Therefore, the parameter ρ was fixed at 1.98 for SURVall and 2.00 for SURVun when sire variance was estimated to reduce the amount of computing time. A value of $\rho > 1$ indicates that the baseline hazard risk increases as age increases. The intercept $\text{plog}(\lambda)$ was equal to -14.66 and -14.32 for SURVall and SURVun, respectively. For SURVall the effective heritability was slightly higher (11.2%) compared to the SURVun (9.3%), probably due to an inclusion of additional information from censored cows. Moreover, for the same reason, reliability for the sires BV for SURVall was 0.28 ± 0.16 higher than for the SURVun (0.24 ± 0.15).

Sire effects

Sire solutions expressed as relative culling rate for the SURVun ranged between 0.14 and 3.97 with a mean of 1.25 ± 1.07 . For SURVall, results were similar with a relative culling rate ranging between 0.07 and 3.88, with a mean of 1.21 ± 0.99 . A low value indicates a relatively low risk of culling. To improve longevity a sire with a relative low risk of culling is desirable.

Linear model

Estimate of heritability for longevity in first, second and third parities from the linear sire model (LIN-S3) ranged between 2.5% and 5.3%. Genetic correlation between first and second parity was 0.93, which was higher than the correlation between second and third parity (0.84). This higher correlation suggests that the genetic factors that effect culling in parities 1 and 2 were similar. The moderate genetic correlation (0.69) between first and third parities suggests that greater differences exist between early and later survival in Chianina beef cattle. Reliabilities for the sires BV for LIN-S3 was 0.23 ± 0.14 for first parity, 0.20 ± 0.11 for second parity and 0.23 ± 0.08 for third parity. From the linear sire LIN-LPL with the same dataset as that used for the SURVun, heritability was equal to 7.7 %, which was the highest estimate obtained by the various linear models.

Approximate genetic correlations

Approximate genetic correlations between the EBV are shown in Table 2. In this way it was possible to compare 103 sires with relatively high reliabilities. Correlations between EBV from the survival analysis and the linear model corrected for the genetic trend were moderate to high, ranging between 0.50 to 0.93. The highest correlation between linear and non-linear models was found between SURVall and parity 3 from LIN-S3 at 0.93. Linear and non-linear models differed in many aspects; better results were found when all available data (censored and uncensored data) were used.

CONCLUSIONS

Heritabilities estimated were different using linear or non-linear models. The highest estimates were obtained with the survival analysis including both uncensored and censored data (11%). Censored as well as uncensored data are optimally combined using survival analysis which was specifically designed to deal with time dependent events and censoring.