

## VARIABILITÀ GENETICA DELLE RAZZE BIANCHE ITALIANE DA CARNE

Bozzi R. (1), Forabosco F. (2), Filippini F. (2)

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

(2) ANABIC – Via Visciolosa, 06070 S. Martino in Colle, Perugia, Italia

**RIASSUNTO** – Scopo del presente lavoro è stato calcolare la numerosità effettiva ( $N_e$ ) delle razze Chianina, Marchigiana e Romagnola usando due differenti metodi: 1) probabilità di origine genica; 2) probabilità di identità per origine. I risultati sono stati impiegati per calcolare il rapporto esistente tra consanguineità teorica e realizzata. La numerosità effettiva delle tre razze è in linea con quanto trovato su altre razze da carne europee ma i calcoli della  $N_e$  fondati sui risultati del secondo metodo sembrano sottostimare questo parametro. La razza che sembra avere un miglior equilibrio in termini di rappresentazione dei fondatori sembra essere la Romagnola. La consanguineità teorica ottenibile è, nel migliore dei casi, meno della metà di quella realizzata. Il risultato è legato indubbiamente al processo selettivo, ma uno studio per individuare le linee di sangue maggiormente utilizzate può essere di valido ausilio.

**PAROLE CHIAVE:** Analisi pedigree, Razze bovine Italiane da carne, Diversità genetica, Probabilità di origine genica.

### INTRODUZIONE

La sopravvivenza a lungo termine di una popolazione dipende dal mantenimento di una sufficiente variabilità genetica per la fitness individuale e per l'adattamento della popolazione stessa. Una delle strade per descrivere la variabilità genetica di una popolazione animale è la sua evoluzione nel tempo analizzata attraverso le informazioni di pedigree degli animali (Boichard *et al.*, 1997) mentre un'altra importante fonte di informazione è quella derivante dalle misure basate sulla probabilità di identità per origine. Queste ultime derivano dal coefficiente di consanguineità ed il numero effettivo di popolazione ( $N_e$ ) che ne deriva è funzione del tasso di consanguineità realizzato nella popolazione. L'andamento della consanguineità nel tempo, metodo usato per stimare la deriva genetica di una popolazione, si basa sulla relazione tra aumento della consanguineità e diminuzione dell'eterozigosi per un dato locus in una popolazione chiusa, non selezionata, panmittica e di dimensione finita. Questo è però raramente vero per le popolazioni allevate e quasi nessuna di queste condizioni si verifica in pratica. Dall'altro lato le misure basate sulla probabilità di identità per origine si basano sul contributo genetico dei fondatori (ancestrali senza genitori conosciuti) della popolazione in esame e possono servire a caratterizzare delle strategie di gestione o comunque a rilevare cambiamenti nelle strategie prima che i risultati appaiano in termini di consanguineità realizzata.

L'uso congiunto dei due sistemi ed il confronto dei risultati ottenuti con i due metodi sopra proposti può servire quindi come valido strumento per evidenziare aumenti importanti di consanguineità, in special modo nelle linee selezionate. Il presente lavoro riporta i risultati ottenuti con i due metodi sopra descritti per le razze Chianina, Marchigiana e Romagnola.

### MATERIALI E METODI

Gli archivi genealogici utilizzati nel presente lavoro appartenevano alle razze Chianina, Marchigiana e Romagnola rispettivamente con 260441, 350710 e 119489 informazioni. Le informazioni contenute nella matrice di parentela erano: animale, padre, madre, data di nascita, sesso, provincia e azienda. Sono stati calcolati: il numero effettivo di popolazione con il metodo classico ( $N_e$ ), attraverso l'equazione  $1/2\Delta F$  (Delta F) e con il metodo proposto da Lande & Barrowclough (L) (1987) con una equazione del tipo  $N_e = 4*((L/N_{em}*L_m)+(L/N_{ef}*L_f))^{-1}$  dove  $L$ ,  $L_m$  e  $L_f$  sono rispettivamente gli intervalli di generazione totale, paterno e materno e  $N_{em}$  e  $N_{ef}$  il

numero effettivo di maschi e femmine per generazione calcolato tenendo conto della varianza della numerosità della progenie; il numero effettivo di ancestrali ( $f_a$ ); il numero effettivo di genomi fondatori ( $f_g$ ) (Boichard, 2002). È stata inoltre calcolata la differenza percentuale tra la consanguineità teorica ( $1/2$  coeff. parentela dei viventi) e quella realizzata (Diff). L'intervallo medio di generazione è stato considerato di 5 anni. Allo scopo quindi di ottenere una evoluzione nel tempo dei parametri considerati la popolazione di riferimento è stata considerata di questa ampiezza, a partire dai soggetti nati nel 1973 fino ai soggetti nati nel 2000, per un totale di 24 singoli periodi per ciascuna razza.

## RISULTATI E DISCUSSIONE

Analizzando congiuntamente i risultati per le tre razze si osserva come il  $N_e$  calcolato con il metodo classico tende a decrescere passando dalle popolazioni più vecchie alle attuali, questo comportamento è confermato dai trend di  $f_a$  e  $f_g$ , che presentano valori ridotti ma uguale andamento. Peraltro, il sistema stesso di calcolo di questi due parametri, che nel primo caso tiene conto solo della variabilità dei fondatori e di eventuali colli di bottiglia mentre nel secondo considera anche le perdite casuali di geni durante la segregazione, porta a valori finali di  $N_e$  più bassi. L'unica razza che si è discostata da questo comportamento è la Romagnola, dove dopo un iniziale aumento di  $N_e$  si è osservato una diminuzione costante ma di poca entità del parametro. Una spiegazione a tale differenza può venire dal diverso sistema di gestione della razza, nella Romagnola infatti la FA è meno diffusa e l'uso dei tori in FN può aver portato ad un miglior equilibrio della popolazione. Passando ai valori ottenuti con il metodo L, questi risultano decisamente bassi, ed è quindi ipotizzabile una sottostima del parametro, mentre quelli ottenuti con l'equazione  $1/2\Delta F$  hanno un andamento oscillante e, nelle stime più recenti, decisamente superiori a quanto ottenuto con gli altri sistemi. I valori ottenuti per l'ultimo intervallo di generazione considerato (96-00) sono peraltro in linea con quanto trovato in popolazioni bovine austriache (Baumung *et al.*, 2002) e spagnole (Gutierrez *et al.*, 2003).

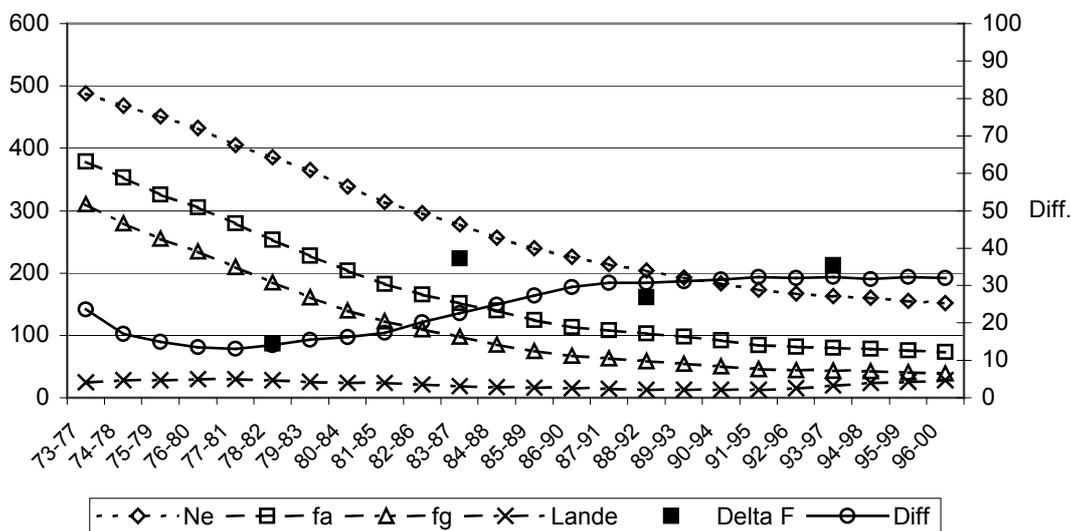
È interessante inoltre notare come il rapporto tra consanguineità teorica e realizzata presenti andamento sostanzialmente differente nelle tre razze. Per la Chianina questo valore è sempre rimasto sotto il 35% a dimostrazione di una selezione abbastanza spinta e di scelte di accoppiamento per linee familiari, con un maggior equilibrio peraltro negli ultimi anni. Nella Marchigiana, dopo un periodo critico intorno agli anni '80 si è assistito ad un netto miglioramento del rapporto che attualmente si attesta a valori intorno al 50%. Situazione ancora più complessa si ha per la razza Romagnola dove ad un periodo iniziale in cui la consanguineità realizzata era minore di quella teorica, è seguita una fase di rapido declino con valori che attualmente oscillano tra quelli delle due razze prima menzionate. Se da un lato il livello di consanguineità realizzata (come media di tutti gli individui) presenta valori ridotti (2%) per tutte e tre le razze, dall'altro la consanguineità teorica ottenibile è, nel migliore dei casi, meno della metà della prima. Il risultato, come ricordato prima, è senza dubbio da ritenersi legato alla selezione attuata su queste popolazioni, ma nondimeno uno studio per individuare le linee di sangue maggiormente utilizzate, così come effettuato per popolazioni suine (Toro *et al.*, 2000), potrebbe essere un valido strumento per un riequilibrio della numerosità effettiva di popolazione. Pur attuando infatti le scelte selettive derivanti dai programmi di miglioramento genetico, si può pensare ad un uso più intenso di quei tori, tra i selezionati, meno rappresentati nella popolazione attuale; in alcuni casi specifici, come già succede per la razza Romagnola, si può prevedere il recupero di alcune linee di sangue dimenticate.

## CONCLUSIONI

L'uso delle informazioni ricavate dalle misure basate sulla probabilità di identità per origine possono essere considerate uno strumento molto utile per descrivere la struttura di una popolazione dopo un ridotto numero di generazioni e, in presenza di informazioni anagrafiche non complete, permettono una migliore stima del numero effettivo di popolazione. Può essere quindi necessario effettuare alcune piccole modifiche agli attuali programmi di selezione in modo da ottenere lo stesso guadagno genetico nel breve termine senza peraltro perdere la

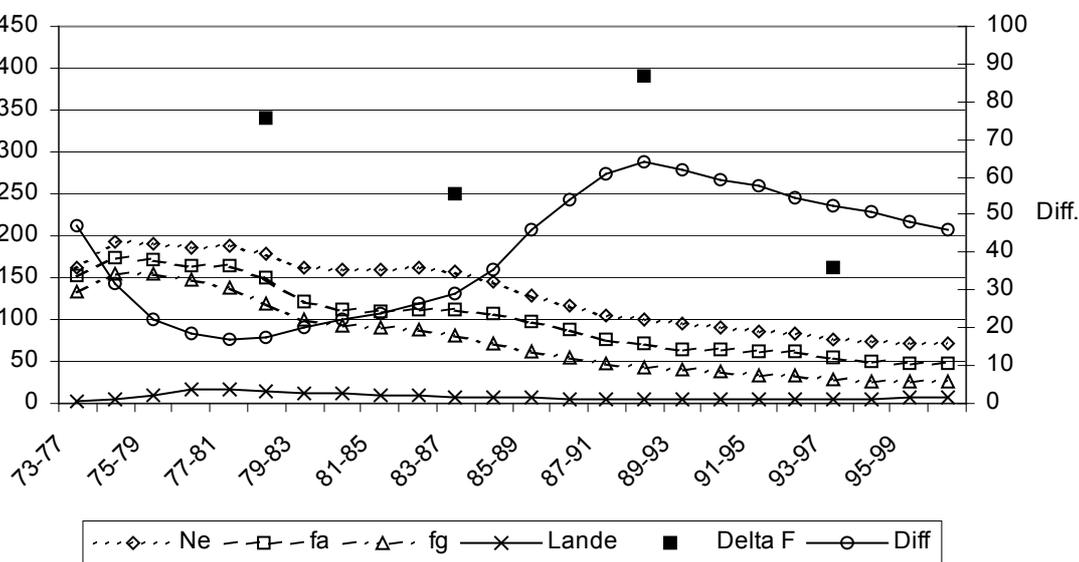
variabilità genetica a medio e lungo periodo, sfruttando proprio le informazioni scaturite da tali analisi.

Figura 1 – Analisi di pedigree per la razza Chianina  
Figure 1 – Pedigree analysis in Chianina breed



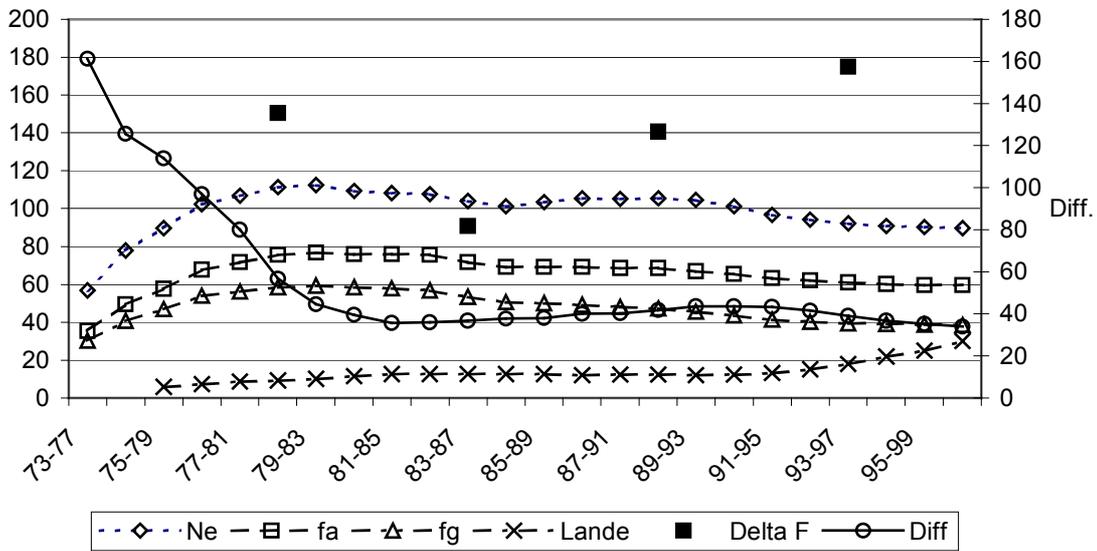
Diff = scala valori di destra; *Diff* = right hand scale.

Figura 2 – Analisi di pedigree per la razza Marchigiana  
Figure 2 – Pedigree analysis in Marchigiana breed



Diff = scala valori di destra; *Diff* = right hand scale.

Figura 3 – Analisi di pedigree per la razza Romagnola  
Figure 3 – Pedigree analysis in Romagnola breed



Diff = scala valori di destra; *Diff* = right hand scale.

#### BIBLIOGRAFIA- REFERENCES

- Baumung R., Sölkner J. 2002. J. Anim. Breed. Gen., 119:175-181.
- Boichard L., Maignel L., Verrier É. 1997. Genet. Sel. Evol., 29:5-23.
- Boichard L. 2002. Proc. 7<sup>th</sup> WCGALP. 28-13. Montpellier, August, 19-23, France.
- Gutierrez J.P., Altarriba J., Díaz C., Quintanilla R., Cañón J., Piedrafita J. 2003. Genet. Sel. Evol., 35:43-63.
- Lande R., Barrowclough G.F. 1987. Viable Population for Conservation. pp. 87-123. M.E. Solué (Ed.) Cambridge University Press, UK.
- Toro M.A., Rodríguez J., Silio L., Rodríguez C. 2000. Cons. Biol., 14, 6:1843-1851.

## GENETIC VARIABILITY OF ITALIAN BEEF CATTLE BREEDS DERIVED FROM PEDIGREE INFORMATION

Bozzi R. (1), Forabosco F. (2), Filippini F. (2)

**ABSTRACT** – Aim of the present work was to determine the effective number of population ( $N_e$ ) of Chianina, Marchigiana and Romagnola breeds using two different methods: 1) probability of gene origin; 2) probability of identity by descent. The results will be used to calculate the ratio between theoretical and realized inbreeding. Effective number of population of the three breeds is similar to the values found in other European beef cattle breeds but the second method seems to underestimate this parameter. Romagnola breed seems to have the best equilibrium in terms of founders representation. Theoretical inbreeding is, in the best case, less than the half of the realised one. This result is surely connected to the breeding policies, but nevertheless a study to find the more employed blood lines could be useful.

**KEYWORDS:** Pedigree analysis, Italian beef cattle, Genetic diversity, Probabilities of gene origin.

### INTRODUCTION

The long-term survival of a population depends on the maintenance of sufficient genetic variation for individual fitness and population adaptability. One way to describe such genetic variability of a population is its evolution along time analysed through animals' pedigree information (Boichard *et al.*, 1997) whereas another important source of information is that derived by the measures based on probability of identity by descent. These last derived from coefficient of inbreeding and the effective number of population ( $N_e$ ) is a function of the inbreeding realised in the population. The trend in inbreeding along time, widely used to quantify the rate of genetic drift of a population, relies on the relationship between the increase in inbreeding and decrease in heterozygosity for a given locus in a closed, unselected, and panmictic population of finite size. This is rarely true for livestock population and in practice almost none of these conditions is respected. On the other side the former measure is based on the contribution of the founders (ancestors without known parents) of the population under study and it could be useful to characterise breeding policies or anyway to detect changes in those strategies before the results appear in terms of realised inbreeding. The joined use of the two systems and the comparison of the results between the two methods employed could be a valid tool to detect important increases of inbreeding, especially within the most used lines.

The present paper reports the results obtained with the two abovementioned methods for Chianina, Marchigiana and Romagnola breeds.

### MATERIALS AND METHODS

Data used in the present paper belonged to Chianina, Marchigiana and Romagnola with 260441, 350710 e 119489 information respectively. Information included in the matrix relationship were: animal, sire, dam, date of birth, sex, province and herd. Data were used to compute: effective number of population through the classic approach ( $N_e$ ), through the equation  $1/2\Delta F$  ( $\Delta F$ ) and with the method proposed by Lande & Barrowclough (L) (1987) with a formula  $N_e = 4*((L/N_{em}*L_m) + (L/N_{ef}*L_f))^{-1}$  where L,  $L_m$  and  $L_f$  are the average generation intervals for total population, paternal and maternal respectively and  $N_{em}$  and  $N_{ef}$  are the effective number of males and females for generation taking into account the variance in progeny number; effective number of ancestors ( $f_a$ ); effective number of founder genomes ( $f_g$ ) (Boichard, 2002). Besides, it has been computed the difference (expressed as ratio) between the theoretical inbreeding ( $1/2$  of the average relationship among all the parents) and the realised one (Diff.). Average interval generation was considered of 5 years. In order to obtain an evolution over time of the parameters the reference population has been considered of this amplitude, starting from animals born in 1973 since animals born in 2000, for a total of 24 single periods for each breed.

## RESULTS AND DISCUSSION

Observing the results for the three breeds together it could be noted that  $N_e$  computed with the classic approach tends to decrease moving from ancient to recent populations, this behaviour is confirmed by the trend of  $f_a$  and  $f_g$ , which showed lower values but similar tendency. Moreover, the method of calculation in the first case considers only the genetic variability of the founders and the bottlenecks whereas in the second case it also considers the random loss of alleles during segregation leading to lower final values of  $N_e$ . The only breed that did not agree to this trend is the Romagnola, in which after an initial increase of  $N_e$  it has been observed a constant decrease but with low magnitude of the parameter. An explanation to that could come from the different breeding policy of this breed; in fact artificial insemination is less widespread in Romagnola breed and the use of the natural service bulls could have led to a better equilibrium of the population. The values obtained with the method L result quite low, it is possible to hypothesised an underestimate of the parameter, whereas the values obtained with the equation  $1/2\Delta F$  present an unsteady trend, and in the more recent estimates definitely higher than that obtained with the other methods. Values obtained for the last generation interval considered (96-00) are in agreement with those found in Austrian (Baumung *et al.*, 2002) and Spanish (Gutierrez *et al.*, 2003) beef cattle populations.

It is noteworthy to point out how the ratio between theoretical and realised inbreeding presents substantially different trend among the three breeds. In Chianina breed this value is always below 35% as evidence of a quite strong selection intensity and a breeding strategies within parental lines, with a greater equilibrium in these last years. In Marchigiana breed, after a critical period around the eighties, we can observe a steady improvement of the ratio that at present is around 50%. A more complicated situation arises for Romagnola breeds whereas after a first period during which the realised inbreeding was lower than theoretical one, follows a phase of rapid decrease with values that at present oscillate between those of the other two breeds. If in one way the realised inbreeding (as average of all the individuals alive) presents reduced values (around 2%) for all the three breeds, from the other side the theoretical inbreeding is, in the better situation, roughly one half of the first. The result, as mentioned before, is undoubtedly related to the breeding policies adopted in these populations, but nevertheless a study to individuate the more used blood lines, such that proposed for swine population (Toro *et al.*, 2000), could be an useful tool for re-equilibrate the effective number of population. Even if the selection policies derived from the breeding plans have to be realised, it could be programmed a more intense use of those bulls, among the proven ones, less represented in the present populations; in some specific cases, as already applied for Romagnola breed, it could be foreseen the recovery of some neglected blood lines.

## CONCLUSION

The use of the information derived from probability of gene origin could be considered as a very useful tool for describing a population structure after a small number of generations and, in presence of incomplete pedigree information, they led to better estimates of effective size. Thus, it could be useful to add some modifications to the current selection programmes in order to obtain both genetic gains in the short-term and maintenance of genetic variability in the middle or long term, exploiting the information originated from these analyses.