

STUDIO DELLA VARIABILITA' GENETICA E GESTIONE DELLA BIODIVERSITA' DELLA RAZZA ROMAGNOLA

Filippini F. (1), Bozzi R. (2), Ridolfi M. (1), Forabosco F. (1) e L. Migni (1)

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

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

RIASSUNTO - L'ANABIC, su incarico della Regione Emilia Romagna, ha realizzato un' importante iniziativa a supporto degli allevatori per la salvaguardia della biodiversità della razza Romagnola. L'iniziativa ha avuto come scopo la realizzazione di: A) piani di accoppiamento e B) la sostituzione delle bovine di basso valore genetico con manze di alto valore genetico. Sono state realizzate nuove procedure per gli accoppiamenti programmati che privilegiano i seguenti aspetti: basso coefficiente di consanguineità ($F_{(x)} \leq 0,02$) atteso nella discendenza, impiego del maggior numero di tori con seme privilegiando i tori più giovani, quelli "fuori linea" e con più alto Indice Genetico.

PAROLE CHIAVE: Romagnola, Biodiversità, Accoppiamenti Programmati.

INTRODUZIONE

L'ANABIC, su incarico della Regione Emilia Romagna, ha realizzato un' importante iniziativa (*azione*) a supporto degli allevatori per la salvaguardia della biodiversità della razza Romagnola. Obiettivo dell'*azione* è di incentivare interventi che salvaguardino la biodiversità nella razza. Tale *azione* ha come scopo la realizzazione di piani di accoppiamento che possano garantire: la più bassa consanguineità (massimo 2%), la salvaguardia delle linee di sangue meno frequenti (fuori linea), un elevato indice pedigree dei vitelli, la compensazione dei caratteri negativi o dei difetti delle fattrici (evitando di proporre tori che presentano difetti riscontrati nelle fattrici).

MATERIALI E METODI

E' stata verificata la reale disponibilità di seme di tori Romagnoli e sono risultati disponibili complessivamente 71 tori testati. Per questi tori si è proceduto alla verifica della congruità del numero di dosi per i piani di accoppiamento (almeno 50). Inoltre sono stati analizzati gli indici genetici e le altre informazioni disponibili sulla progenie (es. tare genetiche) tramite la banca dati del Libro Genealogico e sono stati inclusi solo i tori con un Indice Selezione Toro IST \geq 100 (Indice Selezione Toro) e non portatori di tare. A partire dai 71 tori iniziali sono stati individuati ed impiegati nei piani di accoppiamento complessivamente 34 tori.

1) Sono state individuate le fattrici candidate al programma di accoppiamenti dando priorità a quelle con indice più alto nella razza e a quelle "fuori linea" (vacche discendenti da soggetti poco o per niente rappresentati in popolazione) e successivamente a quelle con indici maggiori per singolo allevamento. Sono state considerate tutte le bovine iscritte al Libro Genealogico, che risultavano non eliminate ed in allevamenti con almeno un controllo nel biennio 2001-2002. Le fattrici candidate ai programmi di accoppiamento sono state quindi tutte quelle presenti negli allevamenti che avevano effettuato almeno una inseminazione artificiale nei due anni precedenti (513 allevamenti su 709) e che avevano una valutazione lineare (in 437 allevamenti a marzo 2003).

2) Sono state realizzate le procedure per il calcolo degli accoppiamenti programmati, per la loro registrazione e stampa per singolo allevatore. Gli accoppiamenti prevedono una scheda preliminare in cui gli allevatori, unitamente ai tecnici del L.G., individuano le priorità aziendali. Per ogni allevamento sono stati richiesti i seguenti parametri selettivi minimi facoltativi che la procedura può considerare: gli Indici Genetici calcolati sulla media degli indici genetici dei tori utilizzati (Tabella 1), il peso a 365 giorni del toro, il punteggio minimi e la facilità di parto.

Inoltre l'allevatore poteva indicare eventuali tori desiderati e tori indesiderati (sino ad un massimo di tre) e la percentuale massima di tori giovani da impiegare.

Dopo aver inserito le informazioni richieste, la procedura (Filippini e Ridolfi, 2003), per ogni toro inserito nel piano generale degli accoppiamenti, carica dagli archivi centrali del Libro Genealogico tutte le informazioni anagrafiche, genealogiche, genetiche (relative agli indici del toro) e di morfologia. Quindi per ogni fattrice per cui viene richiesto l'accoppiamento vengono acquisite dagli archivi centrali del Libro Genealogico tutte le informazioni anagrafiche, genealogiche, genetiche (relative agli indici della fattrice) e di morfologiche. Successivamente la procedura elabora le informazioni per il calcolo degli accoppiamenti.

Per ogni abbinamento vacca-toro viene calcolata la consanguineità dell'eventuale discendente. Sono esclusi tutti i tori che diano un nato con coefficiente di consanguineità $F_{(x)} > 0,02$ (Wright, 1922).

$$F_{(x)} = \sum \left(\left(\frac{1}{2} \right)^{n' + n'' + 1} * (1 + F_a) \right);$$

dove:

$F_{(x)}$ = coefficiente di consanguineità;

n' ed n'' = numero di generazioni che separano il soggetto (x) dall'ascendente comune;

F_a = consanguineità iniziale;

In questa fase inizia la selezione dei tori in base ai parametri richiesti. Se la vacca è una Top Cow o ha più di 85 punti o indici genetici molto alti viene accoppiata con i migliori tori per avere discendenti con più elevati Indici Pedigree (IP). In caso diverso il calcolo degli accoppiamenti viene effettuato per migliorare i caratteri in cui la bovina è più carente e successivamente vengono integrati con i parametri minimi richiesti per l'allevamento.

Inoltre l'azione ha previsto la sostituzione delle bovine di razza Romagnola con requisiti "insufficienti". Requisiti minimi previsti per la sostituzione delle bovine "insufficienti" sono stati: iscrizione al L.G.N., presenza in allevamento, valutazione morfologica effettuata, ed un punteggio inferiore a 83 punti.

RISULTATI E DISCUSSIONE

- La prima elaborazione, effettuata tra maggio e giugno 2002 per 18 allevamenti che avevano richiesto espressamente il servizio, ha visto coinvolte 395 vacche o manze con 1185 accoppiamenti;

La seconda è stata effettuata a marzo 2003 per 437 allevamenti che avevano usato la I.A. nel 2001-2002 e con vacche o manze con valutazione lineare. Sono state elaborate 12804 proposte di accoppiamento per 4268 vacche (tre tori per vacca).

La terza elaborazione è stata effettuata a settembre 2003 e sono stati ricalcolati gli accoppiamenti per gli allevamenti in cui erano state effettuate valutazioni lineari sulle femmine, nell'ambito di una azione collaterale alle iniziative previste, al fine di completare le valutazioni sulle fattrici che ne erano ancora sprovviste. Per 259 allevamenti sono stati ricalcolati gli accoppiamenti di circa 4002 fattrici.

Mediamente sono stati calcolati gli accoppiamenti per 9,77 vacche per allevamento, con 6,27 tori di prima proposta e 6,86 per seconda e terza proposta. Al 27 Ottobre 2004 risultano effettuate 499 fecondazioni conformi ai piani di accoppiamento proposti. Nella Tabella 2 sono riportati in maniera sintetica i risultati degli accoppiamenti programmati distribuiti per provincia, per numero di allevamenti e per numero di tori.

Per quanto concerne la sostituzione delle bovine con requisiti "insufficienti" l'ANABIC ha realizzato specifiche procedure per la verifica dei requisiti minimi di 6568 fattrici. Sono risultate rispondenti ai parametri 4225 fattrici in 477 allevamenti, aggiornate successivamente in base alle nuove valutazioni lineari a 4335.

SVILUPPI FUTURI

In futuro si prevede di integrare le procedure create ad *hoc* con i programmi per l'analisi del pedigree (Boichard *et al.* 1997; Baumung e Sölkner, 2002). Le *routine* saranno quindi messe a disposizione del L.G. che le inserirà nelle procedure di calcolo degli accoppiamenti programmati.

Tabella 1. Indici genetici medi delle vacche (Vacca), tori in prima scelta, seconda scelta e terza scelta (Toro 1sc, Toro 2sc e Toro 3sc) e indici pedigree attesi (Ipatt 1, Ipatt 2 e Ipatt 3).

Table 1. Average genetic indexes for the cows, 1st, 2nd and 3rd sires' choise (Sire 1, Sire 2 and Sire 3) and expected pedigree indexes (PIexp 1, PIexp 2 and PIexp 3)

	Indice Selezione Toro (IST) <i>Bull Selection Index (BSI)</i>			Indice di Acc. Med. Gior. (AMG) <i>Average Daily Gain Index (ADG)</i>			Indice di Muscolosità (MUS) <i>Muscularity Index (MUS)</i>		
	Media	Dev. Std.	Err. Std.	Media	Dev. Std.	Err. Std.	Media	Dev. Std.	Err. Std.
	<i>Mean</i>	<i>Std. Dev.</i>	<i>Std Err.</i>	<i>Mean</i>	<i>Std. Dev.</i>	<i>Std Err.</i>	<i>Mean</i>	<i>Std. Dev.</i>	<i>Std Err.</i>
VACCA ^(*)									
<i>Cow</i>	102.1	8.6	0.13	101.4	7.7	0.12	102.0	9.1	0.03
TORI 1sc ^(**)									
<i>Sire 1</i>	126.1	8.8	0.13	119.3	11.8	0.18	124.2	8.6	0.13
TORI 2sc ^(**)									
<i>Sire 2</i>	125.8	8.9	0.14	119.5	11.8	0.18	123.7	9.0	0.14
TORI 3sc ^(**)									
<i>Sire 3</i>	125.8	9.2	0.14	119.5	12.3	0.19	123.6	9.1	0.14
Ipatt 1									
<i>PIexp 1</i>	114.1	6.2	0.09	110.4	7.0	0.11	113.1	6.3	0.10
Ipatt 2									
<i>PIexp 2</i>	113.9	6.2	0.09	110.5	6.9	0.11	112.9	6.3	0.10
Ipatt 3									
<i>PIexp 3</i>	113.9	6.4	0.10	110.5	7.3	0.11	112.8	6.4	0.10

(*) 4268 vacche; (**) nella scelta dei tori i parametri presi in considerazione sono presentati e dettagliati nel testo.

(*) 4268 cows; (**) in the choice of the bulls the parameters considered are presented and detailed in the text

Tabella 2. Programmi di accoppiamento distribuiti per toro, azienda e provincia.

Table 2. Breeding programs according to sire, farm and province.

	$\geq 25^{(*)}$									$< 25^{(*)}$								
	1°			2°			3°			1°			2°			3°		
	Bo	Fo	Ra	Bo	Fo	Ra	Bo	Fo	Ra	Bo	Fo	Ra	Bo	Fo	Ra	Bo	Fo	Ra
N° Tori																		
N° of Sires	12	20	17	11	21	15	11	23	18	13	13	11	14	11	16	17	11	15
N° Aziende																		
N° of herds	5	19	12	2	20	11	2	21	9	20	14	16	23	12	21	26	13	24
(media per toro)																		
(mean for sire)																		

^(*) ≥ 25 o < 25 = numero di programmi di accoppiamento distribuiti in prima scelta (1°), seconda scelta (2°) e terza scelta (3°) nelle province di Bologna (BO), Forlì-Cesena (FO) e Ravenna (RA).

^(*) ≥ 25 o < 25 = number of breeding programs distributed in the 1st, 2nd, and 3rd choice sires in the provinces of Bologna (BO), Forlì-Cesena (FO) and Ravenna (RA).

BIBLIOGRAFIA - REFERENCES

- Baumung R., J. Sölkner. 2002. J. Anim. Breed. Gen. 119:175-181.
- Boichard L., Maignel L., É Verrier. 1997. Genet. Sel. Evol., 29:5-23.
- Filippini F. e M. Ridolfi. 2003. Taurus 2/2003. Anno XV.
- Wright, S. 1922. Amer. Naturalist 56:330.

GENETIC VARIABILITY AND MANAGEMENT OF THE BIODIVERSITY OF THE ROMAGNOLA BREED

Filippini F. (1), Bozzi R. (2), Ridolfi M. (1), Forabosco F. (1) e L. Migni (1)

ABSTRACT - ANABIC, upon the request of the Region of Emilia Romagna, carried out an important program to help breeders safeguard the biodiversity of the Romagnola breed. The aim of the project was to A) develop a breeding plan and B) replace the cows of low genetic value with those of high genetic value. New procedures were used in the programmed breeding that favour the following aspects: low coefficient of consanguinity ($F(x) \leq 0.02$) expected in offspring, use of more sires giving preference to semen from younger sires, those “out-line” and with a higher Genetic Index.

KEY WORDS: Romagnola, Biodiversity, Programmed Breeding

INTRODUCTION

ANABIC, upon the request of the Region of Emilia Romagna, carried out an important program to help breeders safeguard the biodiversity of the Romagnola breed.

The aim of the program was to give incentives directed towards safeguarding the biodiversity of the Romagnola breed. The aim was to develop breeding plans that will guarantee: the lowest level of consanguinity (maximum 2%) safeguard the less frequent bloodlines (out-line), a high pedigree index of the calves, the compensation for negative characteristics or defects of the cows (avoiding the use of sires that show defects found in the cows).

MATERIALS AND METHODS

The availability of semen from Romagnola sires was ascertained and it was found that 71 sires were available. These sires were then tested for the congruity of the number of doses to be used for the breeding plans (at least 50). In addition the genetic indexes were analyzed along with other information about the offspring (e.g. genetic defects) using the databank of the Herdbook and only the sires with a Bull Selection Index ≥ 100 (BSI) and not a defect carrier were included. Of the 71 sires initially identified, 34 sires were used in the breeding plans.

1) The cow candidates were identified for the breeding program giving priority to those with the highest breed index and those “out-line” and then those with the highest indexes for the individual herds. All of the cows registered in the Herdbook that had been not slaughtered and were on herds that had been checked between 2001-2002 were considered. The cows that were candidates for the breeding programs were all on herds that had carried out at least one artificial insemination within the two previous years (513 herds out of 709) and had had a line evaluation (437 herds in March 2003).

2) The procedures for calculating the programmed breeding, their registration and publication for each farmer were drawn up. The breeding involved a preliminary form in which the breeder, together with technicians of the Herdbook, identify the priorities of the herds. For each herd, the following minimum facultative selective parameters were requested: the Genetic Indexes (Table 1) the weight of the sire at 365 days, the minimum score and the ease of calving. In addition, the breeder could indicate the sires he would choose or not choose (up to a maximum of 3) and the maximum percentage of young sires to be used.

After submitting the requested information, the procedure (Filippini and Ridolfi, 2003) for each sire included in the general breeding plan, gathered all the anagraphic, genealogical, genetic (related to the indexes of the sire) and morphological information was downloaded from the central archives of the Herd Book. For each cow requested for breeding all the anagraphic, genealogical, genetic (related to the indexes of the cows) and morphological information is obtained from the central archives of the Herdbook. The procedure is then to work up the information to calculate the number of breedings.

For each cow-sire combination, the consanguinity of the eventual offspring is calculated. Any sires that would give offspring a coefficient of consanguinity $F_{(x)} > 0.02$ (Wright, 1922) are excluded.

$$F_{(x)} = \sum \left(\left(\frac{1}{2} \right)^{n' + n'' + 1} * (1 + F_a) \right);$$

where:

$F_{(x)}$ = coefficient of consanguinity

n' and n'' = number of generations that separate the subject (x) from common ancestors

F_a = initial consanguinity

This phase initiates the selection of the sires based the required parameters. If the cow is a Top Cow on, has more than 85 points or a very high genetic index is bred with the best sires in order to produce offspring with the highest Pedigree Indexes (PI). In a different case, the calculation of the breeding is carried out to improve the characteristics in which the cow is most lacking and these are then integrated with the minimum parameters required for rearing.

In addition, the program provides for the substitution of cattle of the Romagnola breed that do not meet the requirements. The minimum requirements for the substitution of the “insufficient” cattle are: registration in the National Herdbook, presence on the farm and a morphological evaluation with less than 83 points.

RESULTS AND DISCUSSION

The first screening was carried out between May and June 2002 on 18 herds that specifically requested the service; 395 cows or heifers were involved with 1185 breedings;

The second screening was carried out in March 2003 on 437 herds that used artificial insemination in 2001-2002 and with cows or heifers with lineal evaluation. For this screening 12,804 breeding proposals were worked out for 4268 cows (three sires per cow).

The third screening was carried out in September 2003 and the breeding program was recalculated for the herds in which the line evaluation on the females had been carried out as part of a collateral program of the planned initiative, in order to complete the evaluation on the cows that were still not bred. The breeding of about 4002 cows was recalculated for 259 herds.

On the average, the breeding was calculated for 9.77 cows /herd with 6.27 sires of the first choice and 6.86 of the second and third choices. On October 27, 2004, 499 inseminations were carried that conformed to the proposed breeding plans. Table 2 reports the results of the programmed breeding according to province, number of herds and number of sires.

Regarding the substitution of the cows with “insufficient” requirements, ANABIC developed a specific procedure for verifying the minimum requirements of 6568 cows. Of these, 4225 cows matched the parameters on 477 herds, later updated to 4335 on the basis of the new lineal evaluations.

CONCLUSIONS

In the future, the procedures created *ad hoc* will be integrated with the programs for pedigree analysis (Boichard *et al.*, 1997; Baumung and Solkner, 2002). The routines will then be made available in the Herdbook that will be inserted in the procedures for calculating the programmed breeding.