

One-Step

Il nuovo metodo per indici più precisi

Grazie all'utilizzo di tutte le informazioni genomiche a nostra disposizione, la nuova metodologia permetterà una valutazione più accurata.

Dal 2011, per la valutazione genomica Anarb aderisce al progetto Intergenomics.

La base dati del progetto è gestita da Interbull, ente che si occupa di stimare l'effetto degli SNPs (Single nucleotide polymorphisms) per i caratteri oggetto di selezione per i Paesi che partecipano al progetto. La valutazione genomica è quindi gestita da Interbull e dai membri del progetto Intergenomics.

Negli anni successivi i membri di Intergenomics hanno raggiunto l'accordo di condividere i genotipi di tutti i maschi, animali giovani e tori provati. Ciò ha permesso ai vari Paesi di adottare una propria valutazione genomica secondo metodologie proprie di ogni Paese.

Nel 2014 è iniziato, in collaborazione con Anafi e Anapri, il progetto di valutazione genomica One-Step, nel quale è stata predisposta una prima procedura di stima degli indici genomici. Solo lo scorso anno si è riusciti a integrare un software che permette la messa in routine della nuova metodologia sulle grandi popolazioni.

By using all the available genomic records, the new method will allow a more accurate evaluation of the animals. The new system also allow better enhancement of the animals raised in Italy compared to Intergenomics system. Native genetic combinations provide a more accurate estima-

I vantaggi

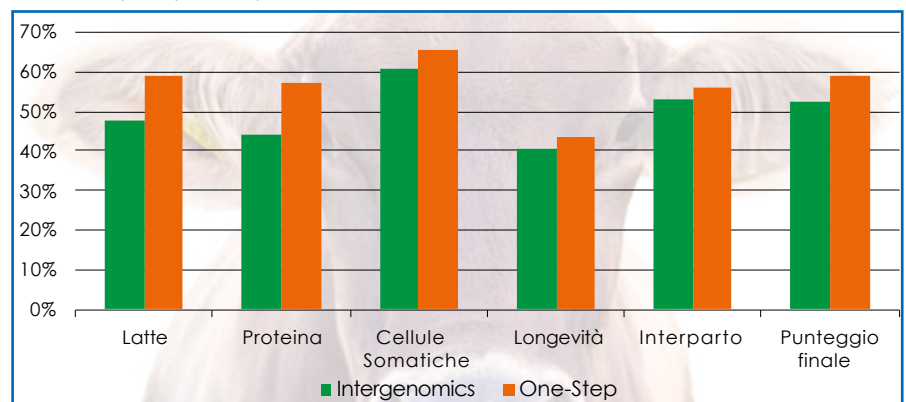
La metodologia One-Step ha diversi vantaggi rispetto a quella attualmente in uso. Dal punto di vista operativo il nuovo metodo permette di:

- migliorare la capacità predittiva degli indici genomici includendo nella popolazione di riferimento anche le femmine;
- avere la valutazione di maschi e femmine, tori esteri e tori nazionali, animali maturi e animali giovani sulla stessa scala;

- semplificare la procedura di valutazione genomica, riducendo il numero di passaggi intermedi per la stima degli indici genomici;
- avere un maggiore controllo sulla metodologia della valutazione genomica, stimando direttamente gli indici genomici.

Il vantaggio principale del metodo One-Step è comunque il miglioramento della capacità predittiva degli indici genomici includendo nella popolazione di riferimento anche le femmine. La

Grafico 1 - Capacità predittiva per i tori italiani.



Correlazioni di Pearson 2014 vs 2018.

te of the sires' merit. Furthermore, this new methodology opens the door for a new procedure which will use the records from the female population directly.

This will be crucial to be able to use new traits classified on field for selection aims quickly, especially if they concern a limi-

ted number of animals (resistance to diseases, feeding efficiency, environmental impact).

Die verfügbaren Genomdaten ermöglichen eine genauere Bewertung und der in Italien gezüchtete Bestand schneidet im

Tabella 1: Errore medio di predizione.

Caratteri	One-Step	Ufficiale	Differenza
Latte	285.45	302.85	-17.4
Proteina	9.61	10.54	-0.93
Grasso	10.61	11.12	-0.51
Punteggio Finale	4.14	4.99	-0.85
Cellule Somatiche	8.64	8.4	0.24
Velocità Mungitura	7.78	7.8	-0.02
Interparto	8.16	8.61	-0.45

stima degli indici genomici con il metodo One-Step utilizza come dati di partenza gli indici genetici tradizionali di tutti i soggetti, il pedigree e le analisi genomiche accuratamente ripulite da errori.

L'indice Edp

Gli indici genetici tradizionali sono di tre tipi: indici delle vacche (stimati a livello nazionale), indici dei tori (stimati a livello nazionale) e indici Mace dei tori esteri e italiani stimati da Interbull. Tali indici, calcolati con sistemi diversi, devono essere depurati dal contributo del pedigree prima di essere utilizzati nel metodo One-Step. L'indice finale di ciascun soggetto prende il nome di Edp (Equivalent daughter performance). La valutazione genetica tradizionale si avvale solo del pedigree per creare la matrice di parentela. Nella metodologia One-Step si usano anche le analisi genomiche per stimare la parentela dei soggetti genotipizzati. La parentela genomica è molto più precisa di

quella da pedigree, ma è disponibile solo per i soggetti genotipizzati. La metodologia One-Step combina quindi la parentela da pedigree e quella genomica per poi stimare gli indici genomici grazie all'aggiunta delle informazioni fenotipiche (nel nostro caso delle Edp).

Capacità predittiva

Il principale metodo per la verifica della qualità di una valutazione genomica è la capacità predittiva, cioè verificare quanto l'indice predetto con le informazioni genomiche e di pedigree si avvicini al valore genetico stimato. Per valutare la capacità predittiva si effettua una valutazione genomica utilizzando le informazioni a disposizione quattro anni prima (nel nostro caso del 2014). Dopodiché, si selezionano i tori che nel 2014 non avevano figlie e che nel 2018 hanno una valutazione genetica con figlie. Viene valutato come l'indice genomico del 2014 sia in grado di prevedere quello genetico del 2018.

Se consideriamo solo i tori italiani, l'aumento di correlazioni Pearson riportate nel grafico 1 è per alcuni caratteri molto sensibile. In media, le correlazioni aumentano di circa il 10% per i caratteri produttivi, del 3% per i caratteri funzionali e del 4% per i caratteri morfologici.

Unulteriore parametro che può essere utile per misurare concretamente la qualità delle valutazioni genomiche è l'errore medio della predizione; cioè, al netto dei cambi di base genetica, quanto può variare l'indice basato sulle figlie di un toro rispetto alla valutazione genomica che l'animale aveva appena nato. Facciamo un esempio leggendo la tabella nr. 1. Mediamente, con la valutazione oggi in uso, un toro varia di 303 kg il proprio indice latte quando aggiunge le informazioni sulle figlie. Con il nuovo sistema One-Step la variazione media è di 285 kg. La prima valutazione è fatta in termini assoluti e si nota un errore medio inferiore del sistema One-Step rispetto a quello attualmente in uso per i principali caratteri.

Risultati valutazione dei maschi

Per i tori, l'applicazione della nuova metodologia partirà nel 2020, per dare modo ai centri di fecondazione artificiale di fare in tempo a produrre i nuovi riproduttori basandosi sui nuovi indici. Quindi, sui prossimi numeri di questa rivista verrà dato ampio spazio

Tabella 2: Correlazioni tra valutazione ufficiale e One-Step.

Indici	Tutte le vacche	Vacche genotipizzate	Tutte le manze	Manze genotipizzate
Latte	98.9%	93.0%	99.5%	83.5%
Proteina	99.6%	92.9%	99.6%	84.3%
Grasso	99.6%	93.2%	99.6%	79.1%
Punteggio Finale	99.7%	92.2%	99.6%	83.7%
Cellule Somatiche	99.3%	96.2%	99.6%	90.3%
Mammella	99.1%	96.6%	99.5%	91.7%

Tabella 3: Analisi delle future variazioni con il metodo One-Step per le vacche.

Variazione	Numero soggetti
Vacche nelle prime 100 posizioni della nuova o della vecchia classifica che cambiano più di 20 posizioni	165
Vacche nelle prime 500 posizioni della nuova o della vecchia classifica che cambiano più di 50 posizioni	544
Vacche nelle prime 1000 posizioni della nuova o della vecchia classifica che cambiano più di 20 posizioni	644
Vacche entro rank 97 nella nuova o nella vecchia classifica che cambiano più di 3 fasce di rank	1030
Vacche entro rank 95 nella nuova o nella vecchia classifica che cambiano più di 5 fasce di rank	953
Vacche entro rank 92 nella nuova o nella vecchia classifica che cambiano più di 8 fasce di rank	2102
Vacche entro rank 80 nella nuova o nella vecchia classifica che cambiano più di 10 fasce di rank	4629

all'analisi delle variazioni attese. Per il momento riportiamo i risultati principali delle verifiche realizzate per dare una idea delle variazioni attese. In primo luogo si registra una diminuzione della deviazione standard degli indici. Il nuovo sistema restituisce tutti le valutazioni sulla base della valutazione nazionale e, di conseguenza, si osserva che gli indici hanno mediamente valori più compressi verso la media rispetto alle valutazioni Intergenomics. Questo aspetto non ha impatto tecnico, ma ci impone di non confrontare direttamente indici One-Step con indici tradizionali perché espressi su scale diverse. Le variazioni in classifica sono molto significative, soprattutto per i giovani tori genomici. Per dare un ordine di grandezza, le variazioni che si osservano nei giovani genomici sono paragonabili a quelle che erano state osservate nei tori provati all'introduzione del Testday, oppure all'adozione della prima valutazione genomica.

Valutazione delle femmine

Uno dei principali vantaggi di One-Step, è che il metodo utilizza tutte le

informazioni in modo simultaneo con il risultato di una migliore stima degli indici. Le informazioni genetiche e genomiche si propagano tramite la matrice di parentela e, di conseguenza, anche un animale con le sole informazioni di pedigree può subire variazioni degli indici in quanto vengono utilizzate anche le informazioni (genotipizzazioni) dei figli o delle figlie.

Da sottolineare che l'introduzione della valutazione One-Step non ha effetto esclusivamente sulle valutazioni delle vacche genotipizzate, ma anche su quelle non genotipizzate: l'unione della matrice di parentela genomica e da pedigree, infatti, va a modificare i legami di parentela tra tutti i soggetti. Ad ogni modo, se analizziamo l'intero gruppo di vacche e di manze si registrano correlazioni molto alte, paragonabili a quelle che si stimano tra due valutazioni genomiche successive, mentre per gli animali genotipizzati le variazioni sono più importanti.

In termini pratici, correlazioni basse si traducono in importanti cambi in classifica. Nella tabella 3 è riportato

il numero di soggetti con variazioni significative in classifica suddivise per diverse classi.

Conclusioni

L'introduzione della metodologia One-Step sarà un importante passo per la razza Bruna italiana. Il nuovo sistema valorizza meglio la popolazione allevata in Italia rispetto al metodo Intergenomics.

Le combinazioni geniche autoctone permettono di prevedere in modo più accurato il valore dei riproduttori. Questo nuovo sistema, inoltre, apre le porte ad un nuovo metodo che permette di utilizzare direttamente le informazioni raccolte sulla popolazione femmine.

Questo ultimo aspetto sarà fondamentale per un rapido utilizzo selettivo di nuovi caratteri che vengono registrati in campo, specialmente se la loro registrazione può essere fatta solo su un gruppo limitato di individui, come ad esempio la resistenza alle patologie, l'efficienza alimentare o l'impatto ambientale.

ATTILIO ROSSONI, MARA BATTAGIN,
PAOLO GOTTARDO

Vergleich zur Intergenomics-Methode besser ab. Mit Hilfe der heimischen Genkombinationen lässt sich der Wert der Vererber besser abschätzen. Die neue Methode ebnet den Weg für ein Verfahren, das die

direkte Verarbeitung der gesammelten Daten im weiblichen Viehbestand zulässt. Letzterer Gesichtspunkt ist deshalb so wichtig, weil ein rascher Zuchteinsatz der neuen, vor Ort registrierten Merkmale möglich

wird, besonders wenn diese an einer eher geringen Zahl von Exemplaren gemessen werden, wie z.B. beim Widerstand gegen Krankheiten, der Futterverwertung oder der Umweltbelastung.