



Composites per la morfologia

PATRICK STRATZ, Qualitas SA

Con la pubblicazione dei valori genetici di aprile 2023, gli attuali valori genetici dei blocchi e della nota totale morfologica degli animali di razza Bruna saranno sostituiti dai Composites portando molti vantaggi per la genomica.

Durante la stima dei valori genetici (SVG) per i caratteri della descrizione lineare e classificazione (DLC) si stimano attualmente dei valori genetici per le note dei blocchi. Ciò significa che i VG dei blocchi telaio, bacino, arti e mammella non sono calcolati in base alla descrizione dei singoli caratteri dei rispettivi blocchi, ma che corrispondono ad un valore genetico della nota dei blocchi morfologici. Ai tempi della tradizionale stima dei VG si trattava della soluzione migliore visto che oltre ai singoli caratteri DLC si considerano indirettamente anche gli errori morfologici (per esempio una mandibola raccorciata o un retto infossato), i fattori di correzione degli Handheld (orario, età alla valutazione) e pure le

correzioni manuali degli esperti. Per la stima dei VG genomici, i valori genetici dei blocchi sono superati per differenti motivi. Tutti questi fattori d'influsso riducono la relazione tra le note dei blocchi e i singoli caratteri DLC. Ciò ha un effetto, oltre alla complessità delle note, sul calcolo degli effetti SNP delle note dei blocchi. Di conseguenza, il profilo dei VG dei singoli caratteri DLC corrisponde in parte male con i valori genetici dei blocchi – in particolare per i giovani tori.

Composites sostituiscono i valori genetici delle note dei blocchi

L'alternativa ai valori genetici delle note dei blocchi è data dai Composites. I Composites non sono altro che degli indici dai valori genetici dei singoli caratteri DLC del blocco corrispondente e che rappresentano e sostituiscono la nota dei blocchi. In altre parole, si utilizzano i valori genetici dei singoli caratteri DLC per predire i valori genetici delle note dei blocchi. I parametri per la loro ponderazione possono essere scelti artificialmente oppure mediante i valori di classificazione dei tori provati in progenie. Quest'ultimo è il metodo utilizzato poiché è così possibile raggiungere una migliore corrispondenza del profilo dei valori genetici dei singoli caratteri DLC con i valori genetici delle note dei blocchi.

Adattamento ai bisogni del settore

Il modello con i Composites offre anche la possibilità di considerare e correggere delle correlazioni sfavorevoli nei modelli zootecnici. Un esempio per una correlazione sfavorevole è la grandezza per la nota della mammella. Per questi due caratteri sussiste una correlazione genetica positiva. Vale a dire che un progresso zootecnico nella nota della mammella corrisponde anche ad un progresso zootecnico nella grandezza. Con il nuovo sistema è possibile evitare questa correlazione in modo che animali con un elevato VG per la grandezza ottengono un valore genetico mammella inferiore mediante una correzione della grandezza e viceversa. Queste correzioni causano però una riduzione artificiale della varianza genetica e quindi è necessario cercare di correggere il meno possibile e solo il necessario.

Vantaggi per la pratica

Con l'introduzione dei Composites, i profili dei caratteri individuali DLC corrisponderanno meglio con i valori genetici delle note dei blocchi e si migliora la predizione soprattutto per i razzatori più giovani. Se necessario, i Composites possono essere adattati ai bisogni del settore. [24] ■

Effetti sui VG dei tori

Martin Rust, Braunvieh Schweiz

Con l'adattamento della stima dei valori genetici per i blocchi morfologici si avranno anche dei cambiamenti dei valori genetici e quindi una modifica nella classifica dei tori. Gli effetti maggiori saranno osservati soprattutto presso i giovani tori e presso i tori con un profilo ereditario estremo per l'altezza al sacro. In generale si avrà una leggera riduzione della distribuzione e il valore medio dei tori IA sarà corretto verso il basso.

Tabella 1: paragone tra VG morfologici attuali e Composites per tori BS scelti

| Toro | n. BDTA | Label VG | VG morfologico (sistema attuale) | | | | | VG morfologico (Composites) | | | | |
|-------------|---------------------|----------|----------------------------------|-----|-----|-----|-----|-----------------------------|-----|-----|-----|-----|
| | | | NT | TE | BA | AR | MA | NT | TE | BA | AR | MA |
| PETE-ET | CH 120.1309.0035.2 | G | 125 | 110 | 122 | 113 | 143 | 122 | 106 | 111 | 112 | 140 |
| HUGE SG-ET | CH 120.1377.9862.4 | G | 126 | 121 | 109 | 121 | 137 | 119 | 114 | 120 | 111 | 126 |
| BENDER-ET | IT 34.990.885.777.8 | G | 123 | 130 | 119 | 110 | 127 | 119 | 131 | 125 | 106 | 118 |
| DOBOY-ET | US 3.133.889.643.0 | G | 117 | 112 | 121 | 106 | 126 | 113 | 111 | 110 | 102 | 122 |
| AMIR | CH 120.1253.2069.1 | G | 120 | 118 | 115 | 122 | 122 | 116 | 114 | 106 | 112 | 123 |
| HAEGAR | CH 120.1185.8292.1 | G | 113 | 106 | 101 | 112 | 122 | 107 | 104 | 89 | 104 | 116 |
| JURI | CH 120.1484.6666.6 | GA | 132 | 119 | 124 | 121 | 149 | 125 | 115 | 124 | 118 | 137 |
| COLLAPS | CH 120.1593.4333.8 | GA | 130 | 118 | 128 | 121 | 145 | 124 | 117 | 114 | 113 | 136 |
| GUY | CH 120.1553.5565.6 | GA | 130 | 112 | 123 | 128 | 144 | 125 | 113 | 110 | 125 | 135 |
| CAVIEZEL-ET | CH 120.1597.1531.9 | GA | 121 | 93 | 106 | 120 | 142 | 117 | 103 | 101 | 116 | 130 |
| TELL P-ET | CH 120.1615.2751.1 | GA | 131 | 125 | 124 | 125 | 139 | 124 | 119 | 118 | 120 | 130 |