

Studio e stima delle componenti della varianza nuovo indice genetico “correttezza degli arti”

Il dataset fornito da ANACRHAI al Centro di Ricerca sul Cavallo Sportivo era costituito da 16.881 record relativi alla rilevazione lineare dei caratteri:

ARTI: qualità (**ART_QUAL**),
 anteriori visti di fronte (**ANT_F**),
 Posteriori visti di lato (**POS_L**),
 Posteriori visti da dietro (**POS_D**)

ANDATURE: Impulso (**IMP**)

I soggetti sotto riportati non disponendo di data di nascita sono stati eliminati poiché era impossibile determinarne “l’età alla valutazione”:

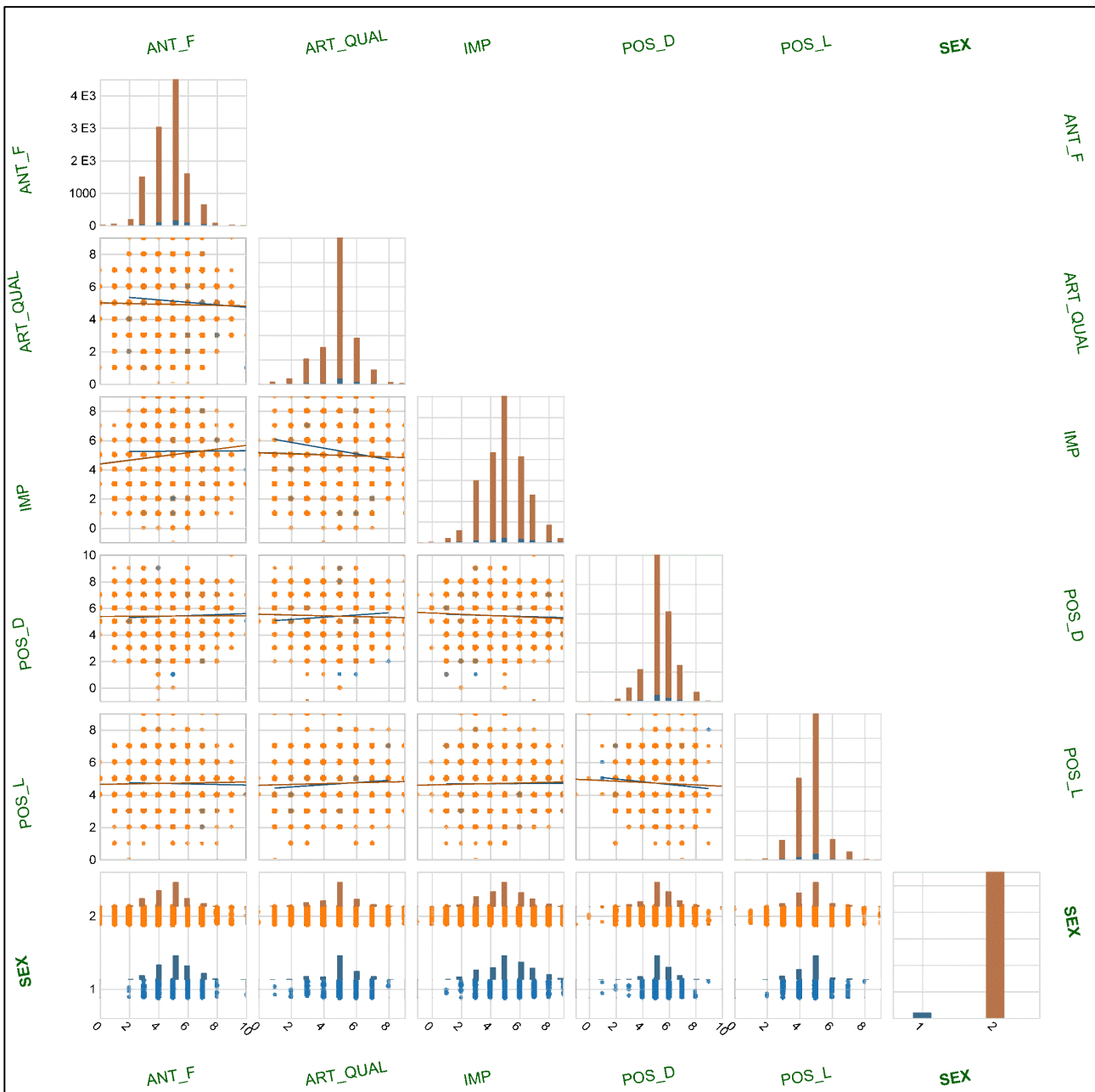
PED_ID	Data_estesa_val	Anno_val	nome	Codice_soggetto
16361	06/02/2021	2021	EGNA	BZ29648
16169	17/09/2020	2020	FERRARA DI MONTEBALD	VR11541
15752	12/09/2018	2018	CALCI	528005000031794
12158	01/05/2010	2010	TRAVAGLIATO	VE11041
11253	05/10/2008	2008	BIENNO	A.23747/T
11338	05/10/2008	2008	BIENNO	TN12621
9608	08/10/2005	2005	CALDARO	AR11900
9611	08/10/2005	2005	CALDARO	VR11249
9263	20/10/2004	2004	CONA VENETA	BZ21574
9134	09/10/2004	2004	EGNA	BZ21836
8813	21/10/2003	2003	CONA	BZ20972
8626	26/07/2003	2003	FERRARA MONTEBALDO	VR11218
7267	27/01/2001	2001	EBBS (A.)	A.00254/T
6210	10/09/1999	1999	CAROVILLI (IS)	IS10811
6205	10/09/1999	1999	CAROVILLI (IS)	IS10812
5279	08/01/1998	1998	MELDOLA	FO10868
5060	12/10/1997	1997	AGNONE	AR11699
5157	12/10/1997	1997	AGNONE	AR11704
4062	16/09/1996	1996	CARPI (MO)	MO10884

I soggetti TV10918 e TN12042 sono stati eliminati poiché presentavano nelle valutazioni tutti valori “-1”

I soggetti BZ13510 e BZ14021 risultavano duplicati.

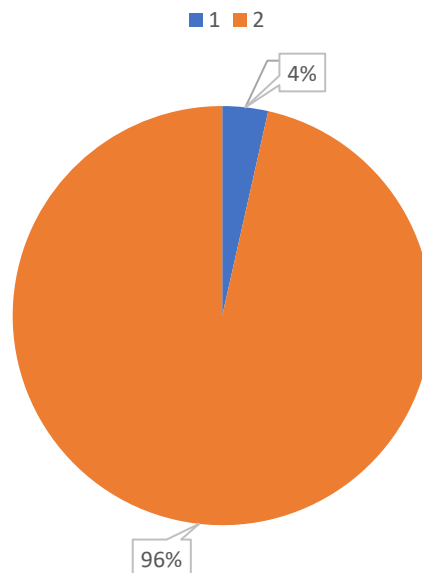
Statistiche descrittive :

ANT_F	ART_QUAL	IMP	POS_D	POS_L	SEX
Min. : 0.000	Min. :0.000	Min. :1.000	Min. :1.000	Min. :0.000	M: 382
1st Qu.: 4.000	1st Qu.:5.000	1st Qu.: 4.000	1st Qu.: 5.000	1st Qu.:4.000	F: 10464
Median : 5.000	Median :5.000	Median : 5.000	Median : 5.000	Median :5.000	
Mean : 4.684	Mean :4.894	Mean : 4.959	Mean : 5.379	Mean :4.688	
3rd Qu.: 5.000	3rd Qu.:5.000	3rd Qu.: 6.000	3rd Qu.: 6.000	3rd Qu.:5.000	
Max. :10.000	Max. :9.000	Max. : 9.000	Max. :10.000	Max. :9.000	

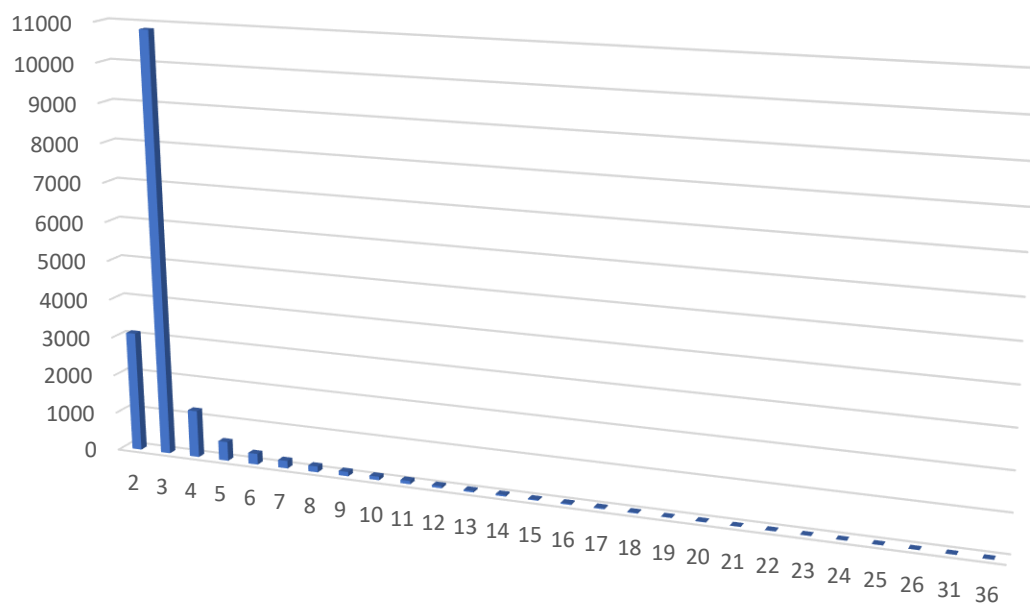




numerosità per sesso (1 maschi, 2 femmine)



numerosità per "età alla valutazione"



La percentuale di soggetti raggruppati per "età alla valutazione" è del 18% per i soggetti di età fino a 2 anni, del 65% per quelli esclusivamente di 3 anni e del 17% per quelli con "età alla valutazione" superiore ai 3 anni

Stima dell'Indice e delle componenti della varianza

Nell'analisi genetica di qualsiasi fenotipo quantitativo vi è un parametro che assume una grandissima importanza non solo di descrizione generale delle caratteristiche di quel fenotipo, ma anche di pratica utilità operativa per la selezione. Si tratta dell'ereditabilità, un parametro che misura la facilità con cui i genitori trasmettono ai figli un determinato fenotipo. Per esempio, se la progenie di uno stallone molto alto è tutta mediamente molto più alta della media, significa che questo carattere (l'altezza al garrese) viene trasmesso facilmente e si parla quindi di elevata ereditabilità. Al contrario, se un soggetto ha un'andatura ottimale ma i suoi figli no, significa che il carattere è poco trasmissibile e quindi poco ereditabile. Il diverso comportamento ereditario dei caratteri che misuriamo sugli animali è noto agli allevatori da tempo immemorabile, ma ha sempre rappresentato qualcosa di misterioso e di difficilmente spiegabile in assenza di una interpretazione genetica dei fatti biologici.

Il fenomeno biologico della diversa ereditabilità dei caratteri quantitativi viene esattamente spiegato dal rapporto: $h^2 = \sigma^2_G / \sigma^2_P$ che dice quale parte della variabilità fenotipica sia attribuibile a variabilità genetica. Questo rapporto, che assume evidentemente valori compresi tra 0 e 1, ma che può anche essere espresso in percentuale, assumerà quindi valori bassi quando σ^2_G sarà piccola in relazione a σ^2_P . In questi casi la maggior parte della σ^2_P sarà dovuta a variabilità ambientale e il cammino della selezione sarà lento e faticoso. Se invece h^2 è elevato la variabilità fenotipica sarà quasi tutta spiegata da variabilità genetica, avendo quella ambientale scarsa importanza. La scelta di un fenotipo superiore equivarrà quindi alla scelta di un genotipo superiore e tutta la progenie rispecchierà le caratteristiche del genitore. Per esempio, lo stallone alto avrà una progenie tutta alta.

Valori elevati di ereditabilità (0,50 - 0,80) indicano che la variabilità fenotipica è molto ben spiegata da quella genetica. In buona sostanza il fenotipo di un animale rispecchia bene il suo genotipo perché l'ambiente ha uno scarso effetto su quel carattere. In questi casi scegliere gli animali in base al fenotipo dà risultati soddisfacenti in termine di selezione perché scegliamo molto probabilmente anche gli animali con genotipo migliore. Solitamente i caratteri che descrivono la morfologia degli animali hanno elevata ereditabilità. Le misure somatiche e dello sviluppo muscolare ad esempio rientrano in questo gruppo e giustificano la scelta dei riproduttori in base alle loro *performance* misurate a parità di condizioni ambientali (Performance Test).

Valori di ereditabilità intermedia (0,20 - 0,50) suggeriscono che il genotipo possa essere anche molto mascherato dalle condizioni ambientali e che pertanto una scelta basata sui soli fenotipi dei candidati alla selezione possa dare risultati incostanti.

Valori bassi di ereditabilità (0 - 0,20) annunciano possibilità selettive limitate. Il genotipo in questi casi è quasi completamente mascherato dall'ambiente e il fenotipo del genitore non dà praticamente alcuna indicazione utile per prevedere il genotipo di un individuo.

Se i caratteri misurati sono più di uno possiamo realizzare:

- più indici *single trait*, uno per ogni carattere misurato, ma ciascuno basato sulla sola informazione contribuita da quel carattere ignorando quindi le correlazioni genetiche e fenotipiche che lo legano agli altri caratteri misurati. Questo approccio è quello più semplice dal punto di vista della complessità del calcolo, ma è anche quello che, trascurando informazioni la cui raccolta ha avuto comunque un certo costo, spreca per così dire delle risorse disponibili;
- più indici *multiple trait*, uno per ogni carattere misurato, ma tenendo conto delle correlazioni genetiche e fenotipiche che legano i diversi caratteri. Questo è l'approccio più corretto, ma anche quello più laborioso. Una legittima giustificazione per non utilizzare il metodo *MT* si verifica quando le correlazioni tra i caratteri sono molto piccole, cioè vicine a zero, oppure stimate in modo inaffidabile. Merita di essere menzionato il fatto che le correlazioni genetiche, cruciali per questo tipo di indice, sono soggette ad ampie variazioni statistiche se vengono calcolate con metodi rudimentali o su campioni di dati insufficienti.

Le Associazioni delle razze più evolute tendono a fornire agli allevatori indici *MT* per i diversi caratteri che vengono rilevati, nonché un *indice aggregato* in base al quale l'Associazione stessa indica i riproduttori più importanti (i maschi solitamente). la complessità del calcolo degli indici *MT* fa sì che talvolta si elaborino solo indici *ST*, ma questo dipende da condizioni di ordine tecnico che possono variare nel tempo e che sono specifiche di ogni singola realtà zootecnica

Gli indici *MT* includono quindi, opportunamente pesate per le varianze e covarianze genetiche e fenotipiche, anche le informazioni fornite da un diverso carattere che aumenta la precisione della stima e come vedremo permette un più celere progresso genetico nella popolazione

È intuitivo quindi che l'ideale sarebbe disporre di un unico indice che permetta di scegliere senza incertezze l'animale migliore. Un tale indice include il merito genetico per i diversi caratteri valutati, ciascuno "pesato" per un coefficiente di importanza nell'ambito del contesto delle prestazioni desiderate.

Per la stima dell'indice genetico "**correttezza degli arti**" sono stati utilizzati i 10.846 soggetti che corrispondevano ai soli cavalli valutati all'età di 3 anni (65% del campione totale).

I caratteri utilizzati per lo studio del modello sono stati quelli relativi agli arti e alle andature: qualità arti (**ART_QUAL**), anteriori visti di fronte (**ANT_F**), Posteriori visti di lato (**POS_L**), Posteriori visti da dietro (**POS_D**) e Impulso (**IMP**).

Per la stima dell'ereditabilità, delle componenti della varianza e degli indici BLUP AM MT è stato utilizzato il seguente modello statistico:

$$Y_{ijkl} = \mu + \text{SESSO}_i + \text{ESPERTO}_j + a_k + e_{ijkl}$$

dove: Y = caratteri osservati; μ = media; SESSO = effetto fisso del sesso ($i = 1$ maschio, 2 femmina); ESPERTO $_j$ = effetto fisso del valutatore ($j = 1 - 19$); a = effetto casuale animale ($k = 1 - 62865$), e = residuo.

Nella tabella sottostante sono riportati, le ereditabilità dei caratteri (in diagonale), le correlazioni genetiche (sopra la in diagonale) e quelle fenotipiche (sotto la in diagonale).

	ART_QUAL	ANT_F	POS_L	POS_D	IMP
ART_QUAL	0,29 ± 0,022	-0.03 ± 0.064	0.05 ± 0.081	-0.20 ± 0.075	-0.08 ± 0.065
ANT_F	-0.02 ± 0.018	0,27 ± 0,021	-0.18 ± 0.081	0.16 ± 0.075	0.17 ± 0.065
POS_L	-0.02 ± 0.017	0.04 ± 0.017	0,13 ± 0,018	-0.19 ± 0.093	0.01 ± 0.082
POS_D	0.03 ± 0.017	-0.01 ± 0.017	0.00 ± 0.015	0,15 ± 0,017	-0.09 ± 0.078
IMP	-0.01 ± 0.018	0.04 ± 0.017	0.05 ± 0.016	-0.00 ± 0.016	0,23 ± 0,020

Le ereditabilità dei caratteri stimati ricadono nella categoria di quelli a ereditabilità bassa o intermedia variando da un minimo di 0,13 a un massimo di 0,29.

Le correlazioni genetiche e fenotipiche sono tutte basse e in alcuni casi negative sottolineando la nota difficoltà che si ha nel selezionare caratteri di questo tipo. Tali valori consentono pertanto di dire che in questo caso anche la stima di indici single trait sarebbe efficace, ma come ben noto una serie di numeri tende a confondere le scelte dell'allevatore che invece vengono facilitate dall'espressione del valore genetico dell'animale, rispetto alla media, in un unico indice aggregato:

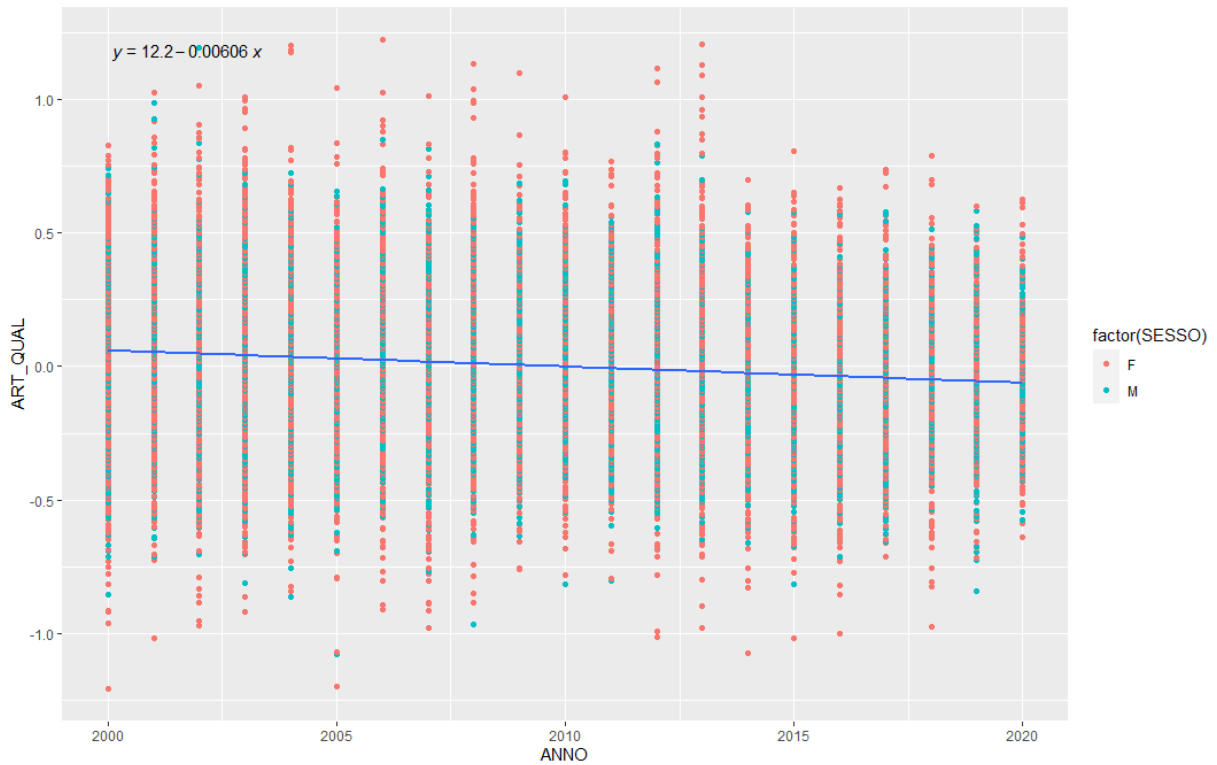
$$\text{IND TOT} = 0,2 * \text{ART_QUAL} + 0,2 * \text{ANT_F} + 0,2 * \text{POS_L} + 0,2 * \text{POS_D} + 0,2 * \text{IMP}$$

ad ogni carattere è stata data la stessa enfasi selettiva poiché tutti contribuiscono allo stesso modo, o meglio, sembrerebbero avere lo stesso peso, nel determinare una buona "correttezza degli arti".

Scopo dell'Associazione di razza sarà rielaborare o rivedere i coefficienti utilizzati in base agli schemi selettivi desiderati.

Trend genetico degli indici BLUP AM per anno di nascita dei caratteri considerati

Qualità degli arti (ART_QUAL)

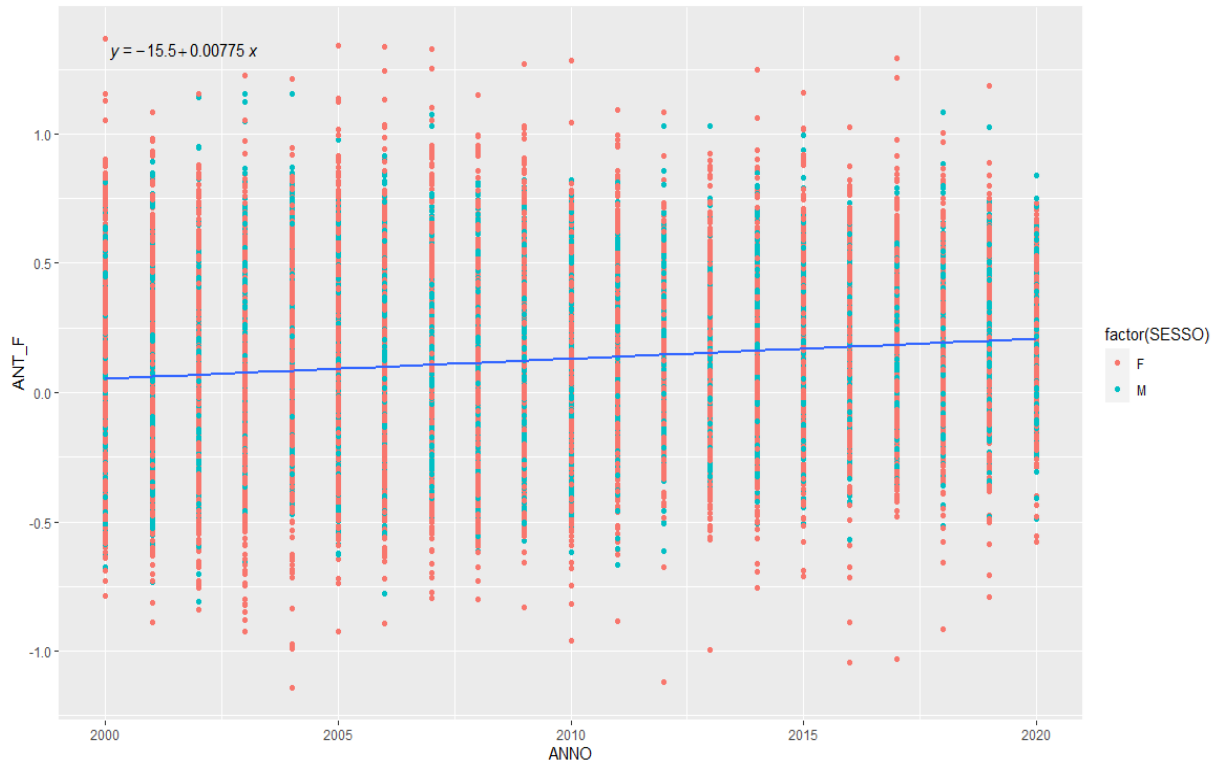


Qualità / Qualität			
Esili e gracili / Schwach	0	1	2
Più leggeri ma asciutti / Leicht		3	4
Asciutti e proporzionati / Proportionert			5
Robusti e grossolani / Grob		6	7
Grossolani pesanti / Schwer	8	9	10

$h^2 = 0,29$

Nonostante il valore più alto di ereditabilità, il trend decrescente degli indici BLUP AM indica l'inefficacia della valutazione di questo carattere ai fini del progresso genetico. Questo, infatti, potrebbe incontrare difficoltà nella valutazione da parte degli esperti di razza.

Anteriori visti di fronte (ANT_F),

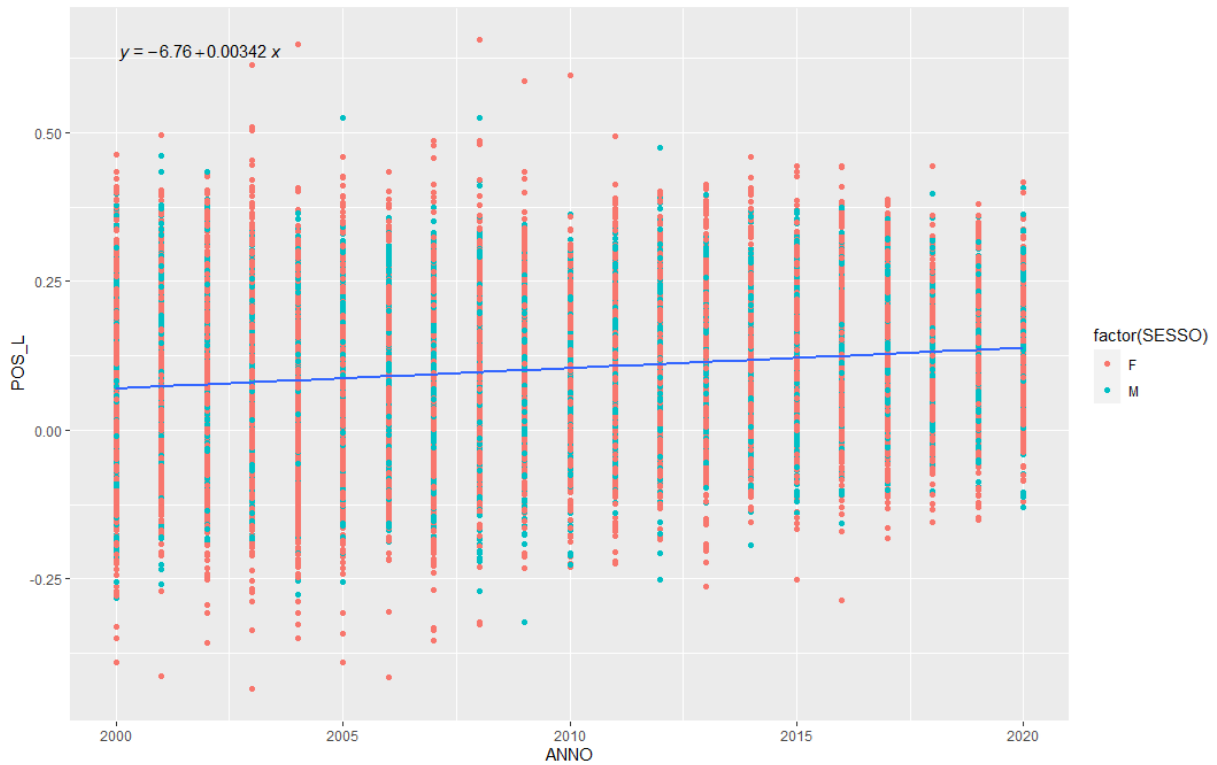


Appiombi di fronte / Stellung von vorne			
Molto cagnolo / Stark zeheneng	0	1	2
Cagnolo / Zeheneng		3	4
Corretti / Korrekt			5
Mancino / Zehenweit		6	7
Molto mancino / Stark Zehenweit	8	9	10

$h^2 = 0,27$

In questo caso, a parità di ereditabilità, il trend genetico degli indici BLUP AM si presenta leggermente crescente; questo carattere quindi sembrerebbe risultare più vantaggioso ai fini del progresso genetico in quanto potrebbe essere di più facile valutazione da parte degli esperti di razza

Posteriori visti di lato (POS_L),



Posteriori di Lato Hintergliedmaßen von der seite			
Molto falciati / Stark säabelbeining	0	1	2
Falciati / säabelbeining		3	4
Corretti / Korrekt			5
Piuttosto dritti / Steil		6	7
Dritti / Gerade	8	9	10

$h^2 = 0,13$

In questo caso, sebbene il valore di ereditabilità sia molto basso, il trend genetico degli indici BLUP AM si presenta leggermente crescente; anche questo carattere quindi sembrerebbe risultare più vantaggioso ai fini del progresso genetico in quanto potrebbe essere di più facile valutazione da parte degli esperti di razza

Posteriori visti da dietro (POS_D)



Posteriori visti da dietro Hintergliedmaßen von hinten					
Cagnolismo garr.aperti / faßbeining	0	1	2	3	4
Corretti / Korrekt					5
Mancinismo garr.vaccini / Kuhhessing	6	7	8	9	10

$h^2 = 0,15$

Come nei casi precedenti il trend decrescente degli indici BLUP AM indica l'inefficacia della valutazione di questo carattere ai fini del progresso genetico. A differenza del precedente, però, tale trend non è dovuto ad una difficoltà nella valutazione da parte degli esperti di razza, ma al fatto che questo carattere presenta poca variabilità poiché solo nella classe 5 trova animali corretti.

Impulso (IMP)



ANDATURE / GÄNGE			
Impulso / Schub			
Corte e rilevate / Kurz u.erhaben	0	1	2
Corte e con poco impulso / Kurz mit wenig schub	3		4
Sufficientemente impulso / Genügend schub	5		
Ampie e con sufficiente impulso	6	7	
Raumgreifend mit Genügend schub			
Ampie e con forte impulso	8	9	10
Raumgreifend mit starkem schub			

$h^2 = 0,23$

In questo caso, il trend genetico degli indici BLUP AM si presenta tendenzialmente crescente; anche questo carattere quindi sembrerebbe risultare più vantaggioso ai fini del progresso genetico in quanto potrebbe essere di più facile valutazione da parte degli esperti di razza.

INDICE TOTALE



$$\text{IND TOT} = 0,2 * \text{ART_QUAL} + 0,2 * \text{ANT_F} + 0,2 * \text{POS_L} + 0,2 * \text{POS_D} + 0,2 * \text{IMP}$$

L'indice totale presenta comunque un trend leggermente positivo ad evidenziare che forse la selezione di tipo fenotipico dovrebbe essere integrata assolutamente da un indice genetico.

INDICE TOTALE 2



$$\text{IND TOT} = 0,33 * \text{ANT_F} + 0,33 * \text{POS_L} + 0,33 * \text{IMP}$$

Eliminando dalla stima dell'indice totale i caratteri a trend negativo, il coefficiente angolare del trend genetico aumenta (da 0,00456 a 0,0147) il che si traduce in una maggior velocità del progresso genetico.

I risultati dell'analisi genetica hanno rilevato correlazioni fenotipiche e genetiche inconsistenti. Per stilare un indice più efficace, come riportato in letteratura, sarebbe necessario inserire nella sua stima anche un carattere misurabile ad ereditabilità elevata (vedi altezza al garrese); in questo modo caratteri a bassa ereditabilità sarebbero fortemente avvantaggiati nella stima delle correlazioni genetiche e fenotipiche dall'alta ereditabilità del carattere biometrico utilizzato.

Per validare questa tipologia di valutazione lineare e quindi riuscire ad eliminare o a meglio valutare i caratteri più difficili sarebbe necessario che ciascuna esperto valuti almeno due volte lo stesso animale al fine di poter statisticamente testare la ripetibilità dell'esperto e la riproducibilità della metodologia.

Perugia 31 gennaio 2023



prof. Maurizio Silvestrelli

