

Report 2 - Stima dei componenti della varianza

Dott.ssa Antonia Bianca Samorè

La stima dei componenti della varianza dei 7 caratteri raccolti con le schede di valutazione morfologica supplementare è stata effettuata utilizzando i dati di 636 cavalli Haflinger: 550 femmine e 86 maschi. I caratteri considerati sono: l'altezza al garrese, la lunghezza della spalla, la misura dello zoccolo, la qualità dello zoccolo, la lunghezza della pastoja, la finezza dei tessuti e la condizione generale.

Il carattere altezza al garrese è stato considerato nelle analisi come carattere di riferimento, per valutare l'appropriatezza del modello e la validità delle stime preliminari per gli altri nuovi dei nuovi caratteri.

Il modello utilizzato per la stima dei componenti della varianza è di tipo Animal Model e tiene conto dei seguenti fattori ambientali:

1. gruppo di allevamento (20 livelli),
2. età alla rilevazione del carattere in classi (4 livelli),
3. anno di valutazione (3 livelli),
4. l'anno di nascita (19 livelli),
5. il sesso (2 livelli).

Il modello utilizzato è un modello di tipo BLUP Animal Model: le relazioni di parentela considerate risalgono fino a cinque generazioni di antenati e includono un totale di 4362 cavalli Haflinger.

La stima dei componenti della varianza (varianze e covarianze) è stata eseguita utilizzando il metodo *Restricted Maximum Likelihood Method-REML* di VCE6 (Groeneveld E, Kovač M, Mielenz N. VCE User's Guide and Reference Manual, version 6.0. Institute of Farm Animal Genetics; Neustadt, Germany: 2010 e A. Neumaier and E. Groeneveld. *Restricted Maximum Likelihood Estimation of Covariances in Sparse Linear Models*. Genet. Sel. Evol., 1(30):3–26, 1998).

Le stime sono state eseguite con modelli *Single Trait Models* e con un modello *Multiple Traits* considerando i 7 caratteri e le covarianze tra essi.

Tabella 2 – Stima dei componenti della varianza con modelli single traits dei caratteri misurati in centimetri o con un punteggio.

	<i>Altezza al garrese (cm)</i>	<i>Lunghezza della Spalla (cm)</i>	<i>Condizione Generale (punteggio)</i>
<i>Varianza genetica</i>	6,15	2,04	0,09
<i>Varianza residua</i>	3,72	4,70	0,16
<i>Varianza fenotipica</i>	9,88	6,74	0,25
<i>ereditabilità</i>	0,62	0,30	0,37
<i>Errore standard dell'ereditabilità</i>	0,078	0,078	0,067

Tabella 3 – Stima dei componenti della varianza con modelli single traits rilevati con codifiche o qualifiche

	Misura dello Zoccolo (codifica)	Qualità dello Zoccolo (qualifica)	Lunghezza della Pastaia (codifica)	Finezza dei Tessuti (codifica)
Varianza genetica	0,08	0,11	0,08	0,16
Varianza residua	0,23	0,22	0,17	0,31
Varianza fenotipica	0,31	0,34	0,25	0,47
ereditabilità	0,27	0,34	0,33	0,33
Errore standard dell'ereditabilità	0,141	0,039	0,038	0,152

Le ereditabilità dei caratteri morfologici, stimata con un modello single trait variano da 0,27 per la misura dello zoccolo, con errore standard di 0,141, al valore di 0,62 (errore standard pari a 0,078) per la misura in centimetri dell'altezza al garrese. L'altezza al garrese risulta avere valori di ereditabilità in linea con quelli precedentemente stimati nella popolazione Haflinger Italiana, a supporto del modello di analisi considerato.

Le tabelle 4-5-6 riportano rispettivamente le stime di ereditabilità, correlazioni genetiche, e relativi errori standard delle stime, e le correlazioni fenotipiche dei 7 caratteri morfologici risultanti dalle analisi con il modello di tipo *multiple trait animal model*.

I valori di ereditabilità stimati con il modello *multiple traits e i modelli single traits*, considerando gli errori standard delle stime, sono generalmente confrontabili, con poche eccezioni. I valori delle stime risultanti nel modello multiple trait tengono conto anche delle varianze degli altri caratteri e delle covarianze con essi.

Le correlazioni genetiche tra i caratteri sono a volte positive, ad indicare che all'aumentare della codifica o della misura di un carattere è associato un aumento genetico della codifica/misura dell'altro carattere. Hanno invece valore negativo le correlazioni tra due caratteri, quando all'aumentare della misura/codifica di un carattere è associato un andamento contrario sulla scala/codifica dell'altro carattere.

Il significato delle correlazioni, sia genetiche che fenotipiche, è quindi strettamente legato non solo al segno e all'entità del legame di correlazione, ma anche alla scala utilizzata per la rilevazione dei due caratteri morfologici. Determinante è inoltre l'andamento lineare della scala di rilevazione, da un estremo all'altro del carattere biologico, e il valore ricercato per ogni carattere.

Quindi, per valutare le stime di correlazioni genetiche, è importante considerare il valore assoluto della relazione, il segno della stessa e l'entità dell'errore standard della stima. In generale, correlazioni genetiche e fenotipiche con valori inferiori al valore assoluto di 0,10, quando si tiene conto dell'errore standard della stima, indicano generalmente legami deboli, di entità quasi nulla, a supporto di una lieve o nulla relazione. E la debole relazione dipende probabilmente da relazioni casuali o deboli, spesso dovute al campione di dati considerato.

Interessanti, invece, sono le correlazioni genetiche con valori moderati, intorno allo 0,30. In questa analisi sono moderate, per esempio, le relazioni genetiche tra il carattere lunghezza della spalla e tutti gli altri caratteri, sia i caratteri misurati in centimetri sia quelli misurati con codifiche di rilevazione. Queste correlazioni sono di tipo genetico e hanno valore positivo o negativo, ma con valore assoluto sempre superiore a 0,29.

La maggiore correlazione genetica stimata è quella tra il carattere finezza dei tessuti e misura dello zoccolo (con un valore pari a 0,79) e numerose sono le correlazioni genetiche con valore assoluto superiore a 0,10.

I valori ottenuti sono delle stime, e determinante è anche la valutazione del significato biologico della relazione stimata. Difficile è infatti ipotizzare una relazione genetica, che risulterebbe pari quasi all'80%, tra il carattere finezza dei tessuti e la misura dello zoccolo. L'entità notevole di questo legame dovrà quindi essere supportata da ulteriori analisi e da una raccolta dati più estesa.

Tabella 4 – Stima delle ereditabilità (sulla diagonale) e correlazioni genetiche (fuori dalla diagonale)

	<i>Altezza al garrese (cm)</i>	<i>Lunghezza della Spalla (cm)</i>	<i>Lunghezza della Pastoia (codifica)</i>	<i>Misura dello Zoccolo (codifica)</i>	<i>Qualità dello Zoccolo (qualifica)</i>	<i>Finezza dei Tessuti (codifica)</i>	<i>Condizione Generale (punteggio)</i>
<i>Altezza al garrese</i>	0,66	0,36	0,06	0,20	0,003	0,09	-0,22
<i>Lunghezza della Spalla</i>		0,29	-0,29	-0,38	0,40	0,34	0,32
<i>Lunghezza della Pastoia</i>			0,54	0,05	0,24	0,26	0,55
<i>Misura dello Zoccolo</i>				0,27	0,02	0,79	0,15
<i>Qualità dello Zoccolo</i>					0,29	0,13	0,34
<i>Finezza dei Tessuti</i>						0,27	0,20
<i>Condizione Generale</i>							0,39

Tabella 5 – Stima degli errori standard delle stime di ereditabilità (diagonale) e correlazioni genetiche (fuori dalla diagonale)

	<i>Altezza al garrese (cm)</i>	<i>Lunghezza della Spalla (cm)</i>	<i>Lunghezza della Pastoia (codifica)</i>	<i>Misura dello Zoccolo (codifica)</i>	<i>Qualità dello Zoccolo (qualifica)</i>	<i>Finezza dei Tessuti (codifica)</i>	<i>Condizione Generale (punteggio)</i>
<i>Altezza al garrese</i>	0,061	0,115	0,067	0,117	0,086	0,125	0,088
<i>Lunghezza della Spalla</i>		0,067	0,107	0,131	0,147	0,198	0,096
<i>Lunghezza della Pastoia</i>			0,080	0,152	0,119	0,190	0,100
<i>Misura dello Zoccolo</i>				0,064	0,200	0,097	0,139
<i>Qualità dello Zoccolo</i>					0,067	0,257	0,117
<i>Finezza dei Tessuti</i>						0,095	0,127
<i>Condizione Generale</i>							0,065

Tabella 5 – Stima delle correlazioni fenotipiche

	<i>Altezza al garrese (cm)</i>	<i>Lunghezza della Spalla (cm)</i>	<i>Lunghezza della Pastoia (codifica)</i>	<i>Misura dello Zoccolo (codifica)</i>	<i>Qualità dello Zoccolo (qualifica)</i>	<i>Finezza dei Tessuti (codifica)</i>	<i>Condizione Generale (punteggio)</i>
<i>Altezza al garrese</i>		0,38	0,05	0,14	-0,07	-0,04	-0,09
<i>Lunghezza della Spalla</i>			-0,02	-0,004	-0,09	-0,07	0,07
<i>Lunghezza della Pastoia</i>				-0,05	-0,13	-0,15	-0,11
<i>Misura dello Zoccolo</i>					0,10	0,29	0,14
<i>Qualità dello Zoccolo</i>						0,17	0,10
<i>Finezza dei Tessuti</i>							0,15

Invece la correlazione genetica stimata di 0,36 tra l'altezza al garrese e la lunghezza della spalla, entrambe misure rilevate in centimetri, è di un valore atteso e risponde alle interpretazioni biologiche: ci si attende che un allungamento osseo misurato con un aumento dell'altezza sia associato anche a un allungamento della spalla.

La lunghezza della spalla risulta invece negativamente correlata con la lunghezza della pastoia ($-0,29 \pm 0,107$) e la misura dello zoccolo ($-0,38 \pm 0,131$) e positivamente con la qualità dello zoccolo ($0,40 \pm 0,147$). In questo caso il valore ottimale per la lunghezza della spalla è quello di una buona lunghezza, mentre nelle scale utilizzate per il rilevamento di pastoia e zoccolo, i valori ottimali sono quelli intermedi (intorno al 3). Questo confonde di fatto l'interpretazione della relazione.

Le due rilevazioni relative allo zoccolo, la misura e la qualità dello zoccolo, hanno una bassa relazione tra loro, molto vicina a zero (correlazione genetica tra misura e qualità dello zoccolo pari $0,02 \pm 0,20$), mentre la lunghezza della pastoia sembra associata geneticamente a una buona qualità dello zoccolo ($0,24 \pm 0,119$).

La finezza dei tessuti, con una ereditabilità stimata di $0,27 \pm 0,095$ sembra invece positivamente legata a livello genetico agli altri sei caratteri qui considerati, anche se con valori di correlazioni genetiche comprese tra 0,10 e 0,26. Si tratta comunque di relazioni di lieve o al massimo moderata entità, soprattutto quando si considerano gli errori standard delle stime. A questo proposito, prima di proseguire con la raccolta delle informazioni fenotipiche del carattere "finezza dei tessuti" si suggerisce di procedere con una accurata definizione del carattere da rilevare, in modo che la sua valutazione sia assolutamente indipendente dagli altri aspetti del cavallo. Infine, si sottolinea l'importanza, per questo carattere soprattutto, di eseguire rilevazioni di soggetti che siano omogenei per tipologia (sesso, età, parametri ambientali) in modo che l'esperto possa apprezzarne le differenze.

La condizione generale risulta avere una ereditabilità di valore moderato ($0,39 \pm 0,065$) e correlazioni genetiche con gli altri 6 caratteri che variano da $-0,22 \pm 0,088$ con l'altezza al garrese (al diminuire dell'altezza al garrese aumenterebbe geneticamente la tendenza verso forme più grasse e viceversa), a valori di $0,55 \pm 0,10$ con la lunghezza della pastoia (forme più grasse sono associate geneticamente a una pastoia più lunga). Con valori e interpretazione analoghi a quelli dell'altezza al garrese, la condizione generale risulterebbe associare geneticamente spalle di lunghezza maggiore con forme più grasse dell'animale (correlazione genetica pari a $0,32 \pm 0,096$). Valori maggiori per la qualità dello zoccolo (ovvero zoccoli di qualità che tende a essere insufficiente) nel campione analizzato risulterebbero associati a valori maggiori di condizione corporea (verso soggetti più grassi) con una relazione pari a $0,34 \pm 0,117$. Come invece atteso a livello biologico, la misura dello zoccolo in questo campione risulta non avere una associazione genetica con la condizione corporea (valore di $0,15 \pm 0,139$ ovvero un valore che possiamo considerare nullo).

In conclusione, i caratteri analizzati risultano avere ereditabilità generalmente moderate. Questi valori potrebbero motivare quindi un loro utilizzo in programmi di valutazione genetica. Le relazioni genetiche e fenotipiche esistenti indicano inoltre la presenza legami genetici tra i vari caratteri, legami da stimare e approfondire prima di un loro utilizzo in programmi di miglioramento genetico. Le stime qui riportate sono infatti da considerarsi stime preliminari che necessitano di conferme poiché strettamente dipendenti dal campione. Il campione qui valutato presenta una elevata variabilità tra i soggetti per età, tipologia e area geografica. Si raccomanda quindi di proseguire e ampliare la raccolta delle informazioni, procedendo anche con la definizione della tipologia di cavalli da valutare, con una attenzione particolare all'età dei cavalli e dettagliando la valutazione dei caratteri. Questo determinerebbe la possibilità di ulteriori analisi basate su informazioni raccolte su un gruppo di cavalli maggiormente omogeneo rispetto a quello qui analizzato.

Una ulteriore considerazione interessa poi la definizione delle scale di rilevazione dei caratteri considerati. L'utilizzo di scale effettivamente biologiche da un estremo all'altro è particolarmente importante al fine di

permettere una corretta interpretazione delle stime dei parametri genetici e un loro utilizzo in programmi di selezione. Oltre alla definizione delle scale appropriate, si raccomanda inoltre di definire in modo dettagliato e condiviso i caratteri da rilevare affinché l'esperto possa valutare il carattere in modo indipendente dallo stato generale del cavallo o dalla rilevazione degli altri caratteri.

Con l'avvio del rilevamento di questi caratteri a livello di popolazione, si raccomanda infine la rilevazione dell'informazione relativa all'esperto che esegue la valutazione. Tale informazione al momento non era disponibile, o non sufficientemente dettagliata, per la sua considerazione nel modello di analisi.

Il miglioramento delle condizioni di rilevazione dei caratteri, una dettagliata definizione degli stessi, l'armonizzazione delle valutazioni tra gli esperti e la valutazione di cavalli omogenei, è il requisito essenziale che porterà alla raccolta di informazioni sufficienti per approfondire le stime preliminari qui eseguite. Questo al fine di poter valutare l'effettiva inclusione di questi nuovi caratteri nei programmi di miglioramento genetico del cavallo Haflinger Italiano.