

ANARE - Accoppiamenti programmati e consigliati Razza Rendena

ANARE informa i soci che è pubblicato ONLINE sul sito dell'associazione (<http://www.anare.it>) un nuovo strumento da consultare ai fini dell'ottimizzazione degli accoppiamenti della razza Rendena per le Madri di Toro (MT, 350 Vacche) e per tutte le Femmine della popolazione (6226 Vacche).

Si tratta di due *fogli Excel* dedicati a tutti gli allevatori di razza Rendena.

Il **primo file**, Accoppiamenti_programmati_2017.XLS, è suddiviso in due tabelle:

- *'Miglior Accoppiamento'* - riporta l'indicazione relativa al miglior toro di razza Rendena da impiegare per la fecondazione delle bovine MT di interesse;
- *'Accoppiamento 3 opzioni (tori)'* - riporta per ogni bovina i tre migliori tori di razza Rendena individuati tra i 16 Padri di Toro. La scelta di un toro alternativo al primo, comporterà vantaggi lievemente minori per miglioramento genetico e livelli di consanguineità sul futuro vitello nato.

Il **secondo file**, Accoppiamenti_consigliati_2017.XLS, è anch'esso suddiviso in due tabelle:

- *'Migliori 5 accoppiamenti ver. 1'* - riporta per ogni vacca della popolazione (con indicazione anche del codice aziendale) l'indicazione dei 5 migliori accoppiamenti possibili per ogni bovina con i 24 giovani tori in prova di progenie e i relativi ILQCM e F attesi sui vitelli nati da detti accoppiamenti;
- *'Migliori 5 accoppiamenti ver. 2'* - riporta le stesse indicazioni della precedente tabella ma in forma più sintetica indicando per ogni vacca i tori utilizzabili (SI) o meno nell'accoppiamento ottimizzato (NO).

ISTRUZIONI:

I fogli elettronici si trovano all'indirizzo: <http://www.anare.it> nella sezione 'Pubblicazioni', sotto le voci "Accoppiamenti Programmati 2017" e "Accoppiamenti Consigliati 2017", scaricabili o apribili con un doppio click sul link.

Le tabelle si possono infatti salvare, o consultare direttamente sul sito ANARE.

In base alla colonne A (Accoppiamenti programmati) o B (Accoppiamenti consigliati) contenente la 'Matricola VACCA' è possibile ritrovare le proprie vacche e vedere i tori consigliati (1°, 2°, 3° in accoppiamento programmato su MT o 1°, 2°, 3°, 4° e 5° per accoppiamenti consigliati), con riportati sulla stessa riga il NOME della vacca, il TORO (MATRICOLA e NOME), l'ILQCM e la % di consanguineità/inbreeding relativa al vitello che nascerà da questo accoppiamento.

Si informa che il software utilizzato:

- ✓ massimizza nel tempo il progresso genetico di un gruppo di animali tenendo sotto controllo le relazioni di parentela della generazione corrente;
- ✓ ottimizza il contributo genetico (numero di accoppiamenti) di ogni candidato (padri di toro, madri di toro, etc.) tenendo conto sia del miglioramento genetico che della parentela;
- ✓ ottimizza l'utilizzo di tutti i torelli di razza Rendena scelti per la campagna di fecondazione in corso;
- ✓ minimizza nel tempo la crescita della consanguineità/inbreeding nella razza.

Considerati i notevoli vantaggi che l'elaborazione proposta può portare alla razza, è altamente consigliabile per gli allevatori seguire attentamente le indicazioni sui tori consigliati.

CONTRIBUTO SCIENTIFICO:

Il miglioramento genetico è “di fatto” antagonista della variabilità genetica e quindi può essere un ostacolo per la conservazione di una piccola razza a rischio di estinzione quale la Rendena. Il miglioramento genetico porta infatti ad aumento dei valori genetici per i caratteri produttivi, ma fa accrescere la consanguineità della popolazione, in quanto i migliori individui sono tipicamente tra loro imparentati a qualche livello.

La consanguineità, o inbreeding, (indicata in generale con il simbolo con F , o coefficiente di consanguineità) è il risultato dell'accoppiamento tra individui imparentati, e tende ad accrescere l'omozigotità, con possibili effetti di depressione da inbreeding, cioè a possibili peggioramenti delle performance individuali in termini di crescita, produzione del latte, fertilità, risposta immunitaria e sopravvivenza. D'altra parte la Genetica finalizzata alla conservazione mira al solo contenimento della consanguineità, senza favorire in alcun modo il progresso genetico; da qui nasce l'importanza di effettuare oculati accoppiamenti tra maschi e femmine, specie in una piccola popolazione per massimizzare il progresso genetico contenendo la crescita della consanguineità. Questo approccio si definisce Optimal Contribution Selection (OCS) e consiste appunto nella scelta degli accoppiamenti in modo da ottimizzare il progresso genetico e da contenere l'aumento di consanguineità.

Applicazioni dell'OCS sulla Razza Rendena:

- L'implementazione delle strategie di OCS o di accoppiamenti ottimizzati sulla razza Rendena avvengono attraverso il software EVA (Aarhus Universitet, Norvegia), che produce appunto OCS attraverso la proposta di una serie di piani di accoppiamento con l'obiettivo di scegliere gli individui più meritevoli da un punto di vista produttivo considerando anche le relazioni di parentela tra di essi. Ai fini di provare l'applicabilità di una strategia di OCS negli accoppiamenti della razza Rendena, si è deciso di considerare i tori scelti della corrente campagna di fecondazione (16 Padri di toro e 24 torelli in prova di progenie) con le femmine Madri di Toro (350 soggetti) e con tutta la popolazione vivente di bovine che avessero già partorito almeno una volta oppure in età per essere fecondate da manze (6226 esemplari).

Il merito genetico è stato valutato sulla base dell'indice ILQCM assegnato a ciascun animale nell'ambito delle valutazioni genetiche effettuate nel 2017, mentre il livello di inbreeding è stato calcolato a partire dalle relazioni di parentela ricavate dall'anagrafica dell'ANARE con il software EVA.

- A tutti i tori è stata assegnata la possibilità di accoppiarsi con un eguale numero di bovine: i padri di toro in base alle percentuali di utilizzo approvate dalla CTC ANARE, i restanti torelli in prova con un potenziale accoppiamento su circa 260 vacche, considerando una omogenea e uniforme distribuzione del seme. Il software si avvale dell'anagrafica per calcolare i valori individuali di inbreeding e, noti valore genetico e numero di accoppiamenti consentiti per ciascun animale, decide come abbinare gli individui massimizzando una funzione di valore genetico stimato sotto il vincolo di accoppiare individui con i più bassi rapporti di parentela (ottenuta attraverso la matrice delle relazioni di parentela tra animali in anagrafica).

- Considerando quindi i valori genetici individuali (ILQCM), il numero di accoppiamenti individuati per toro, e le relazioni di parentela tra gli individui desunte dall'anagrafica, il software EVA ha quindi calcolato i migliori abbinamenti maschio-femmina (3 per i Padri di toro e 5 per i torelli in progeny test).

- I ogni accoppiamento vengono assegnati a ciascuna bovina i migliori candidati (3 o 5) in base ad un ordine progressivo di scelta consigliata che vede il primo toro come miglior scelta e quelli successivi come scelte via via inferiori per risultato in termini di inbreeding.

A partire dalla corrente campagna di fecondazione, l'ANARE ha messo a disposizione dei propri allevatori questo nuovo strumento informatico in grado di individuare e consigliare quale sia il miglior toro da

utilizzare sulle vacche presenti in allevamento (sia Madri di Toro che tutte le restanti femmine della popolazione viventi in età da riproduzione).

Questo programma prende spunto dalle attività previste nell'ambito della misura PSRN (Bando Biodiversità, misura 10.2) nell'ambito del progetto Dual Breeding che è descritto nel sito istituzionale ANARE (www.anare.it).

Con questa modalità di servizio agli allevatori, ANARE intende supportare ulteriormente quanto fatto in anni precedenti con gli accoppiamenti suggeriti agli allevatori (spediti in forma cartacea) e utili a ridurre la consanguineità. Con l'attuale programma, invece, l'obiettivo di riduzione della consanguineità viene affiancato, come più volte ribadito, alla massimizzazione della crescita genetica.

L'utilizzo del software EVA è il risultato di una collaborazione tra ANARE ed il Dipartimento DAFNAE dell'Università degli Studi di Padova.