

Azione 9: Stima di indici genetici e genomici, di piani di accoppiamento e gestione riproduttiva in relazione alle nuove finalità.

Stime dei parametri genetici per i caratteri Ingestione di sostanza secca, Residual feed intake emissioni di metano ed azoto.

Premessa

Un aspetto di criticità dell'allevamento bovino è quello connesso alla emissione di sostanze inquinanti derivanti dalle fermentazioni ruminali (metano) oppure dalle deiezioni (ossido di azoto e ammoniaca provenienti da feci e urine). Queste sostanze, oltre ad essere inquinanti, sono materiali organici provenienti dagli alimenti, non trasformati in prodotti zootecnici a discapito della efficienza alimentare degli animali.

La riduzione dell'impatto ambientale del settore bovino si configura come uno degli obiettivi da perseguire, anche attraverso la via della selezione: questa può essere fatta direttamente, basandosi su misure individuali di impatto ambientale, o indirettamente, selezionando per caratteri che, in qualche maniera, sono legati ad esso.

La selezione per migliorare la longevità delle bovine, ad esempio, rappresenta un modo indiretto per ridurre l'impatto ambientale in quanto è necessario allevare un numero di animali più contenuto per garantire la rimonta aziendale. Questa riduzione non è solo imputabile direttamente agli animali (una riduzione del numero di animali allevati corrisponde ad una minor produzione di CH₄, CO₂, reflui zootecnici etc.), ma anche al fatto che il sostentamento di questi richiederà di impiegare meno terra e di contenere, di conseguenza, anche l'utilizzo di concimi di sintesi e pesticidi. Va da sé che la selezione per caratteri come fertilità, resistenza alle malattie, mastiti in particolare, contenimento dell'inbreeding, indirettamente contribuiscono ad aumentare la longevità delle vacche e a contenere l'impatto ambientale.

Inoltre, il mantenimento di indirizzi selettivi, ove previsti, che vedono nella duplice attitudine l'obiettivo finale, rappresenta di per sé uno strumento utile, innanzitutto, al mantenimento della variabilità genetica di una popolazione in quanto la selezione per latte e carne porta ad evidenziare e selezionare, data la correlazione genetica sfavorevole tra le due attitudini, linee di sangue diverse. Secondariamente questo può favorire il contenimento dell'impatto ambientale in quanto esistono ricerche che indicano che grazie alla duplice attitudine, a parità di latte e carne prodotti, è richiesto un minor numero di animali (Zehetmeier et al.; 2012), anche in considerazione della minore rimonta necessaria.

Vi è inoltre la possibilità di fare selezione diretta per l'impatto ambientale; a tal fine è necessario disporre di fenotipi che misurano le emissioni dei bovini, in particolare sulle femmine in produzione. Nel giugno 2020 ICAR, ha pubblicato sul proprio sito istituzionale (<https://www.icar.org/>) le linee guida per il rilevamento dell'ingestione e dell'emissione di Metano in bovine da latte.

Non solo femmine in produzione, anche informazioni raccolte su animali in accrescimento possono essere utili al fine di ridurre l'impatto ambientale. In particolare, aver la possibilità di disporre di dati di ingestione individuale consente di derivare misure di efficienza alimentare, ed individuare, quindi, gli animali che a parità di performance di crescita consumano meno sostanza secca. Il **“Residual Feed Intake” (RFI)** è una modalità innovativa di espressione di efficienza alimentare individuale che è diffusamente impiegata come parametro di selezione nelle razze da carne (Arthur e coll., 2001; Alberta's Agriculture Industry, 2006; Iowa Beef Center, 2010) avendo

dimostrato un discreto valore di ereditabilità (compreso tra 0.16 e 0.39, Arthur e Herd, 2008). Inoltre, è la misura indiretta più correlata con le emissioni di inquinanti in atmosfera (CH₄, CO₂ e azotate).

In sintesi, sia ragioni di ordine ambientale che economiche, impongono di adottare strategie di gestione delle popolazioni animali finalizzate ad una utilizzazione sempre più efficiente degli alimenti.

Materiali e Metodi

L'ANAPRI dispone di una struttura per la realizzazione di prove di accrescimento in ambiente controllato, nella quale attualmente viene svolta l'attività di performance-test per controllare l'attitudine alla produzione di carne dei maschi candidati riproduttori. Oltre che per la P.R.I., la struttura è stata messa a disposizione anche per la rilevazione dati nelle razze Rendena, Grigio Alpina, Reggiana e Pinzgauer.

Nell'agosto 2018 è stata completata l'installazione di sistemi di misurazione dell'ingestione individuale di alimento, al fine di effettuare una serie di rilievi finalizzati a valutare il comportamento alimentare di ciascun soggetto sottoposto alla prova di Performance test per la valutazione dell'attitudine carne. In particolare, per ciascuno dei 10 box presenti in una singola stalla, sono installate 2 apparecchiature di controllo individuale dell'ingestione. In ogni box sono ospitati 5-6 soggetti in modo da controllare contemporaneamente circa 50-60 torelli per un periodo di circa 60 d. Ogni postazione di controllo consiste in un cassone che può contenere circa 80-90 kg di una miscela mista per bovini, posizionato sulla mangiatoia, e dotato di una bilancia elettronica che consente l'accesso individuale per l'alimentazione. Ogni animale accede liberamente durante la giornata e grazie ad un dispositivo di identificazione elettronico viene rilevata l'ora di accesso e di uscita dalla postazione, unitamente alla quantità di alimento consumato per tutti gli accessi nelle 24 h. La rilevante mole di dati è archiviata in continuo su supporti informatici per le successive elaborazioni.

Per ogni soggetto è stata calcolata la quantità media di sostanza secca ingerita giornalmente, non considerando nel calcolo le prime 5 giornate di rilevazione; inoltre è stata sviluppata una procedura di editing che individua giornate in cui i valori di ingestione non sono conformi, informazioni che non sono considerate per il calcolo della ingestione media osservata nel periodo di prova.

Oltre al dato di ingestione individuale sono disponibili anche dati di accrescimento derivati dall'analisi delle rilevazioni del peso vivo che periodicamente vengono effettuate. In particolare, ai fini delle elaborazioni per l'RFI sono state prese in esame almeno tre pesate consecutive per ogni soggetto, scelte di modo che una fosse immediatamente prima dell'inizio del periodo di rilevamento dell'ingestione individuale e una immediatamente dopo. La terza pesata (o le altre pesate) deve essere effettuata durante il periodo di rilevamento dell'ingestione individuale la cui durata era di 60 giorni.

Periodicamente, inoltre, erano effettuati campionamenti della dieta somministrata al fine di stabilirne la composizione, in particolare in relazione al contenuto di Proteina Grezza per il calcolo dell'escrezione azotata.

Disponendo dei dati di accrescimento (Acc), peso vivo medio (PV) e di ingestione misurata (IM) per le batterie di soggetti che hanno concluso il periodo di controllo, si è proceduto all'interpolazione per ottenere i coefficienti della equazione generale di previsione della ingestione stimata (IS) secondo il seguente modello:

$$IS = \alpha + \beta (Acc) + \gamma (PV^{0.75}) + \varepsilon$$

Si è quindi calcolato del RFI per ogni soggetto come:

$$\mathbf{RFI = IM - IS}$$

Relativamente alle emissioni, la produzione di metano è stata prevista con la seguente equazione:

$$\mathbf{CH4 (g/d) = [IM*18.5*(6.5*10)]/55.65 \text{ IPPC (2006, Tier 2)}}$$

Per quanto riguarda l'azoto, in letteratura è dimostrato che la variabile più correlata con le escrezioni fecali e urinarie è l'ingestione di azoto. Sulla base della formulazione delle diete si è calcolato il contenuto di PG e quindi disponendo della IM si è stimata la quantità di N ingerito mediamente al giorno:

$$\mathbf{Azoto ingerito (g/d) = IM (kg \text{ ss/d}) * [PG (\%ss) * 0.16/100] * 1000}$$

Di seguito vengono riportate le equazioni specifiche di previsione della escrezione individuale sviluppate ad hoc per i vitelloni (Dong e coll., 2014) ed impiegate nella presente elaborazione:

$$\mathbf{Azoto urinario, g/d = -14.12 + 0.51 * (Azoto ingerito, g/d) (e.s.r. + 4.07)}$$

$$\mathbf{Azoto fecale, g/d = 15.82 + 0.20 *(Azoto ingerito, g/d) (e.s.r. + 2.68)}$$

$$\mathbf{Azoto Totale = Azoto urinario + Azoto fecale}$$

Per ogni soggetto sottoposto alla prova erano quindi disponibili le seguenti informazioni: sostanza secca ingerita (kg/d), residual feed intake (kg/d), emissioni di metano (g/d), escrezione di azoto urinario (g/d), escrezione di azoto fecale (g/d), escrezione di azoto totale (g/d).

Ai fini della stima dei parametri genetici si sono considerati solo i dati pertinenti ai soggetti di razza Pezzata Rossa Italiana, Grigio Alpina e Rendena. Le altre razze che disponevano di fenotipi non sono state considerate in questo lavoro in quanto presentavano una numerosità eccessivamente limitata.

Complessivamente sono stati analizzati 374 record di cui 290 (77,5%) di Pezzata Rossa Italiana, 47 (12,6%) di Grigio Alpina e 37 di (9,9%) Rendena.

È stata fatta una analisi della varianza dei dati rilevati nel presente studio, al fine di individuare quali fattori considerare nel modello di valutazione genetica. A tale scopo si è utilizzata la procedura PROC GLM del pacchetto statistico SAS. In particolare, il modello considerato contemplava i seguenti fattori esplicativi:

- ✓ Effetto Fisso Gruppo di contemporanei: si sono considerati come contemporanei tutti i vitelli presenti in quel particolare box, in un particolare turno di valutazione (73 numero di livelli).
- ✓ Effetto Fisso Razza: tre livelli per le tre razze di cui si sono analizzati i dati (Pezzata Rossa Italiana, Grigio Alpina e Rendena).
- ✓ Peso vivo all'inizio del periodo di rilevamento della ingestione individuale: fattore considerato come covariata individuale.

Sulla base della significatività degli effetti dimostrata nello spiegare la variabilità dei singoli caratteri si è definito poi il modello per la stima dei parametri genetici, modello single trait ove ciascun carattere era analizzato singolarmente.

Si è, quindi, costruito un pedigree unico unendo quelli di ogni singola razza. Non si è considerato l'intero pedigree ma sono stati estratti tutti i soggetti con osservazioni e i loro ascendenti andando a ritroso fino a 4 generazioni. Questo taglio è stato necessario al fine di evitare possibili distorsioni nella stima dei parametri genetici come suggerito da altri autori che può verificarsi quando il numero di dati è poco consistente rispetto al numero di genealogie disponibili.

Il pedigree contava complessivamente 3.250 soggetti di cui 1.776 (54,6%) afferenti alla Pezzata Rossa Italiana, 746 (23,0%) alla Grigio Alpina e 728 (22,4) alla Rendena.

Per la stima delle componenti di varianza si è utilizzata una procedura Gibbs Sampling mediante il software gibbs3f90 del pacchetto BLUPF90 sviluppato da I. Mistzal. Nel complesso si sono generate 500.000 catene con relative stime delle componenti di varianza considerando un burn-in di 200.000 e per le analisi di distribuzione marginale a posteriori sono state campionate 3.000 catene finali campionandone 1 ogni 100. Si sono calcolati quindi i valori di varianza dell'errore, varianza genetica additiva ed ereditabilità per ciascuno dei singoli caratteri analizzati.

Il modello di analisi teneva conto degli stessi effetti risultati significativi all'analisi della varianza ad eccezione del peso ad inizio prova per l'analisi del carattere RFI, non significativo nell'influenzarne la variabile dipendente (vedere sezione risultati).

L'ereditabilità (h^2) è stata calcolata sulla base della seguente formula matematica, ed è espressa in termini percentuali.

$$h^2 = (\text{Varianza Genetica} / \text{Varianza Totale}) * 100$$

Dove:

$$\text{Varianza Totale} = \text{Varianza Genetica} + \text{Varianza Errore}$$

Una volta disponibili i valori dei parametri genetici si è effettuata una prima valutazione genetica; gli indici ottenuti per i singoli caratteri sono espressi con media 100 e deviazione standard (ds) 12. A tal fine si è utilizzata la procedura BLUP90IOD2 del pacchetto BLUPF90 sviluppato da I. Mistzal. Si è proceduto poi, con l'analisi dei residui, in particolare andando a vedere i valori medi degli stessi entro fattore razza.

Considerata la struttura dei dati disponibili, in particolare in considerazione del fatto che le informazioni fenotipiche sono recenti, non è stato possibile fare alcuna validazione di una procedura di valutazione genomica. Tuttavia, quando sarà raggiunta una sufficiente numerosità di informazioni anche i dati genomici potranno essere utilizzati al fine di ottenere valutazioni genetiche più accurate come già in essere per i dati di Performance test inerenti la valutazione dell'attitudine carne nella razza Pezzata Rossa Italiana.

Si è fatto un tentativo, limitatamente alla PRI, di analisi GWAS, ma con scarsi risultati, data la bassa numerosità del data set a disposizione. I risultati di tale tentativo non sono riportati nella presente relazione.

Risultati

Statistiche Descrittive

Le tabelle 1 e 2 riportano rispettivamente le statistiche descrittive generali e differenziate per razza per i seguenti caratteri: sostanza secca ingerita (kg/d), RFI (kg/d), emissioni di metano (g/d), escrezione di azoto urinario (g/d) ed escrezione di azoto fecale (g/d). In generale, il livello medio di ingestione di sostanza secca è risultato pari a 10,093 kg/d; l'escrezione di Azoto nel suo complesso era pari a 155,2 g/d, mentre quella di metano pari a 218,1 g/d. Notevole la performance media di accrescimento (IMG) con un valore di 1,531 kg/d.

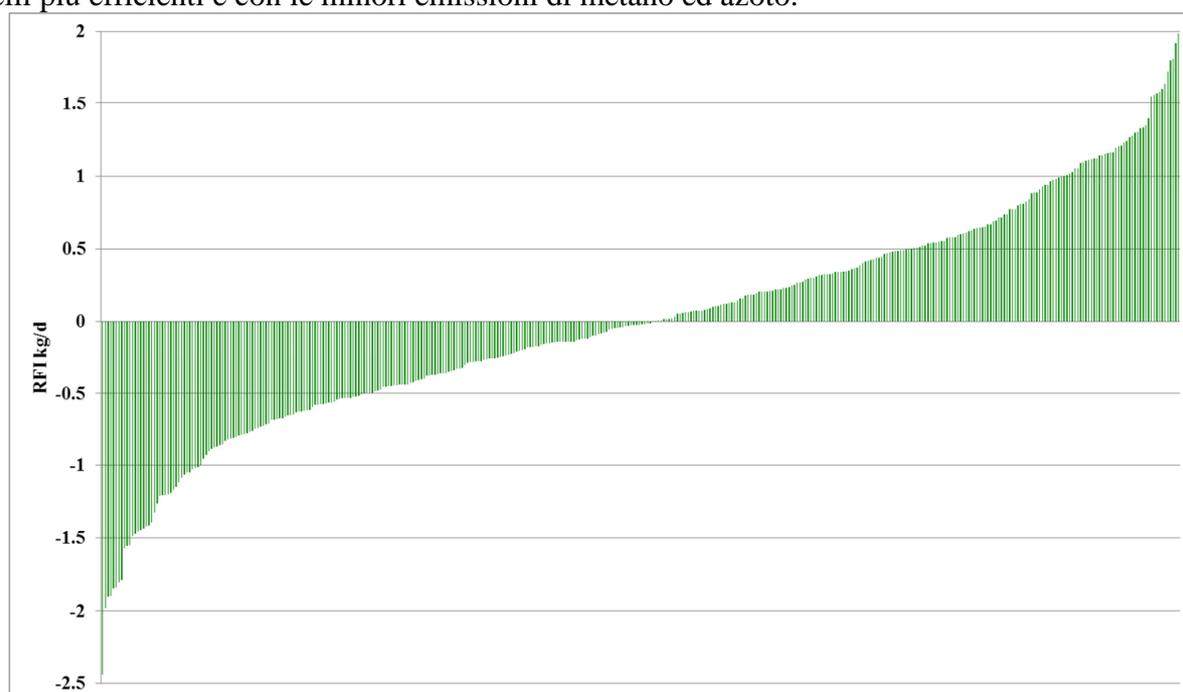
Queste differenze, come detto devono essere confermate sulla base dati più ampia. In secondo luogo, un aspetto di non poco conto è rappresentato dal fatto che le curve di sviluppo, e quindi la precocità, tra animali afferenti a razze diverse, non siano le stesse.

In figura 1 è riportata la distribuzione dei valori di RFI. Si evidenzia una notevole variabilità individuale; i soggetti con valore di RFI negativi sono quelli più efficienti e con le minori emissioni di metano ed azoto.

Tabella 1: Statistiche descrittive generali per i caratteri incremento medio giornaliero (Kg/d), sostanza secca ingerita (kg/d), RFI (kg/d), escrezione di azoto urinario, fecale e totale (g/d).

Carattere	N° Tori	Media	Dev. Std.	Minimo	Massimo
IMG (Kg/d)	374	1.531	0.26	0.83	2.35
Ingestione S.S. (Kg/d)	374	10,093	1,117	6,683	12,651
RFI (Kg/d)	374	0,002	0,759	-2,443	1,985
CH4 (g/d)	374	218,1	24,1	144,4	273,4
N Fecale(g/d)	374	59,0	5,0	44,3	70,6
N Urinario (g/d)	374	96,1	12,7	58,6	125,7
N Totale (g/d)	374	155,2	17,7	102,9	196,3

Figura 1: Variabilità del dato individuale di RFI (kg/d). I soggetti con valore di RFI negativi sono quelli più efficienti e con le minori emissioni di metano ed azoto.



I valori medi nonché la variabilità dei caratteri d'interesse si differenziano in relazione alla razza. Tuttavia, qualsiasi confronto tra razze è prematuro in quanto vi è uno sbilanciamento significativo dei dati a favore della PRI che, da sola, conta per il 77,5% delle osservazioni. Queste prime evidenze sperimentali individuano la Rendena come la razza più efficiente (valore di RFI più basso) tra quelle coinvolte nel presente lavoro. Molto buona l'efficienza media osservata anche per i tori di razza Grigio Alpina. Notevoli gli accrescimenti registrati per la PRI e la Rendena. In termini di ingestione la Grigio Alpina è quella che consuma meno sostanza secca rispetto alle altre.

Tabella 2: Statistiche descrittive differenziate per razza per i caratteri incremento medio giornaliero (kg/d), sostanza secca ingerita (kg/d), RFI (kg/d), emissioni di metano (g/d), escrezione di azoto urinario, fecale e totale (g/d).

Carattere	P.R.I.			Rendena			Grigio Alpina		
	N°	Media	D.S.	N°	Media	D.S.	N°	Media	D.S.
IMG (Kg/d)	290	1,556	0,252	37	1,598	0,317	47	1,320	0,195
Ingestione S.S. (Kg/d)	290	10,314	1,061	37	9,772	0,968	47	8,984	0,816
RFI (Kg/d)	290	0,091	0,768	37	-0,334	0,648	47	-0,278	0,641
CH4 (g/d)	290	222,9	22,9	37	211,2	20,9	47	194,1	17,6
N Fecale(g/d)	290	60,0	4,8	37	57,1	4,1	47	54,5	3,6
N Urinario (g/d)	290	98,6	12,2	37	91,1	10,5	47	84,4	9,3
N Totale (g/d)	290	158,7	17,0	37	148,2	14,6	47	138,9	12,9

In tabella 3 le correlazioni fenotipiche tra i caratteri sostanza secca ingerita (kg/d), RFI (kg/d), emissioni di metano (g/d), escrezione di azoto urinario (g/d) ed escrezione di azoto fecale (g/d). si può osservare come, l'ingestione di S.S. abbia una correlazione fenotipica con le emissioni prossima all'unità. Questo dipende dal fatto che le quantità di N-escreto e di Metano emesso sono calcolate sulla base di una formula che tiene conto della sostanza secca ingerita. Interessante il fatto che la correlazione fenotipica tra RFI da un lato, sostanza secca ingerita ed emissioni dall'altro siano elevate (0,69-0,70) e favorevoli.

Quindi, pur non trattandosi di correlazioni su base genetica, che è prematuro stimare, si può affermare che una selezione per RFI bassi (animali efficienti) può determinare una riduzione delle emissioni di Metano ed Azoto. Si ricorda che l'RFI è una misura di efficienza alimentare che tiene conto dell'ingestione e dell'accrescimento. Pertanto, tale numero è indipendente dall'incremento medio giornaliero con cui la correlazione fenotipica è pari a zero. Di conseguenza la selezione per RFI non influenzerebbe le performance di accrescimento ma consentirebbe una riduzione delle emissioni e del consumo di alimento.

Tabella 3: Correlazioni fenotipiche tra i caratteri IMG (kg/d) sostanza secca ingerita (kg/d), RFI (kg/d), emissioni di metano (g/d), escrezione di azoto urinario, fecale e totale (g/d).

	IMG	Ingest.	RFI	CH4	N Fecale	N Urin.	N Totale
IMG	1	0,42	0,00	0,42	0,46	0,46	0,46
Ingest. S.S.		1	0,69	1,00	0,98	0,98	0,98
RFI			1	0,69	0,70	0,70	0,70
CH4				1	0,98	0,98	0,98
N Fecale					1	1,00	1,00
N Urinario						1	1,00
N Totale							1

Dati valori di correlazione prossimi all'unità da questo punto in poi basterebbe considerare due sole variabili: RFI e sostanza secca ingerita. Questo dipende dal fatto che le emissioni individuali, non sono misurate con strumenti dedicati, ma sono derivate singolarmente sulla base della quantità ingerita sulla base delle formule riportate in precedenza. Tuttavia, per completezza si riportano per tutti i caratteri di interesse i risultati dell'analisi della varianza e le stime dei parametri genetici, nonché degli indici genetici, anche se tra loro identiche.

Risultati dell'Analisi della Varianza.

In tabella 4 sono riportati i risultati dell'analisi della varianza; per tutte le variabili, ad eccezione del RFI, tutti i fattori esplicativi si sono dimostrati statisticamente significativi. Nel caso specifico del RFI, l'effetto del peso ad inizio prova non è risultato statisticamente significativo; questo può essere spiegato col fatto che il calcolo del RFI tiene indirettamente già conto di questo fattore. Per le altre variabili, tutte legate alla quantità ingerita di sostanza secca, invece, tale effetto è significativo: maggiore è il peso di un animale maggiore è dunque la quantità di sostanza secca ingerita e, di conseguenza, maggiori sono le emissioni di metano, escrezione di azoto urinario e fecale.

Tabella 4: Risultati dell'analisi della varianza dei caratteri di interesse (N.S.: non significativo).

Carattere	Devianza Totale	Coeff. Det. R ²	Gruppo contemp.	Razza	Peso inizio prova
Ingestione S.S. (Kg/d)	466	68.5%	<0.0001	<0.0001	<0.0001
RFI (Kg/d)	214	48.9%	<0.0001	<0.0001	N.S.
CH4 (g/d)	217.475	68,5%	<0.0001	<0.0001	<0.0001
N Totale (g/d)	116.724	70.9%	<0.0001	<0.0001	<0.0001
N Fecale (g/d)	9262	70.9%	<0.0001	<0.0001	<0.0001
N Urinario (g/d)	60.226	70.9%	<0.0001	<0.0001	<0.0001

Molto elevati i valori del coefficiente di determinazione R² che passano dal 48,9% del RFI al 70,9% delle escrezioni di Azoto. Tutto sommato, il modello considerato, seppur semplice, consente di ripulire in maniera consistente i dati dai "fattori di disturbo" non genetici dalla stima delle componenti di varianza. Non si è considerato l'effetto dell'età all'inizio della prova in quanto altamente correlata con il peso, fattore che, tra l'altro, nelle diverse analisi esplorative non si è dimostrato mai statisticamente significativo.

Stima dei parametri genetici

La tabella 5 riporta i risultati dell'analisi delle componenti di varianza finalizzate alla stima dei parametri genetici per i caratteri oggetto di studio. Ad essa si rimanda per eventuali considerazioni. Entrando solo nello specifico del RFI, il valore di varianza genetica è risultato pari a 0.1017 kg²/d² a cui corrisponde una deviazione standard di 0.3189 kg/d. Questo sta ad indicare che vi è un'ampia variabilità genetica e, quindi spazio per la selezione.

È necessario sottolineare, ancora una volta, che si tratta di stime preliminari che si basano su un numero di dati poco consistente. A conferma di quanto detto i valori consistenti dell'errore standard delle stime ottenute, con valori di varianza e di ereditabilità che, potenzialmente, potrebbero assumere valori addirittura negativi (vedere limite inferiore dell'intervallo di confidenza), quindi al di fuori dello spazio ammissibile per ciascun parametro. Ovviamente i valori di varianza non possono essere negativi, ma questo fatto rappresenta un ulteriore indicatore che le stime ottenute presentano ancora un elevato valore di incertezza. Sarà, quindi, necessario ripetere le analisi

effettuate allargando la base dati a disposizione. Ciò che invece è favorevole è il valore medio di queste stime, sia per le varianze genetica che per le ereditabilità, lasciando presumere che nel determinismo di tali caratteri la componente genetica sia importante, con valori di ereditabilità appunto che variano dallo 0,263 (26,3%) del RFI allo 0,316 (31,6%) dell’azoto fecale escreto, valori tra l’altro in linea con quanto riportato in bibliografia.

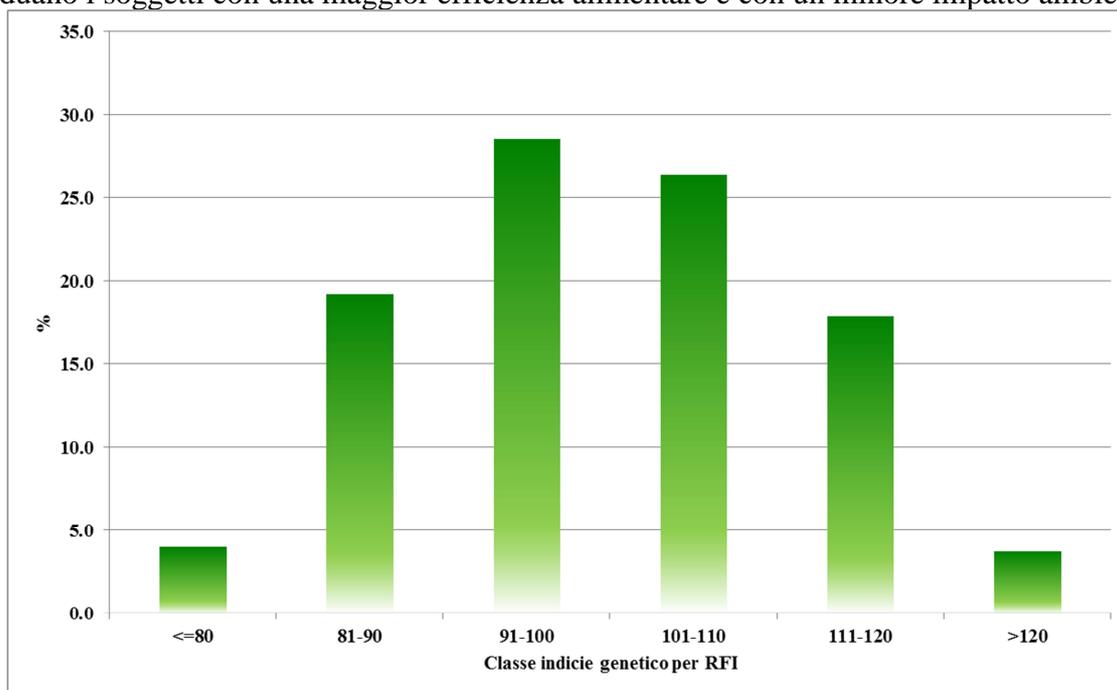
Tabella 5: Parametri genetici stimati per i vari caratteri oggetto di interesse. Sono riportati i valori medi e di Posterior Standard Deviation (PSD), l’intervallo di confidenza al 95% delle stime per ciascun parametro genetico (Varianza dell’errore, Varianza Genetica Additiva, ereditabilità).

Carattere	Varianza dell’errore		Varianza Genetica Additiva		Ereditabilità h^2	
	Media \pm PSD	Intervallo di conf. 95%	Media \pm PSD	Intervallo di conf. 95%	Media \pm PSD	Intervallo di conf. 95 %
Ing. S.S.	0,3499 \pm 0,1028	0,1484 \langle >0,5513	0,161 \pm 0,1096	-0,053 \langle >0,377	0,312 \pm 0,201	-0,082 \langle >0,707
RFI	0,2814 \pm 0,069	0,1467 \langle >0,4161	0,101 \pm 0,071	-0,038 \langle >0,241	0,263 \pm 0,176	-0,082 \langle >0,608
CH4	163,30 \pm 47,96	69,23 \langle >257,37	75,63 \pm 51,19	-24,68 \langle >175,96	0,313 \pm 0,201	-0,082 \langle >0,707
N Totale	80,63 \pm 23,97	33,66 \langle >127,61	37,98 \pm 25,58	-12,16 \langle >88,12	0,313 \pm 0,201	-0,081 \langle >0,713
N Fecale	6,39 \pm 1,90	2,66 \langle >10,12	3,02 \pm 2,03	-0,97 \langle >7,00	0,316 \pm 0,203	-0,081 \langle >0,714
N Urinario	41,67 \pm 12,37	17,43 \langle >65,91	19,56 \pm 13,20	-6,31 \langle >45,43	0,316 \pm 0,202	-0,081 \langle >0,712

Indici genetici

In tabella 6 sono riportate le statistiche descrittive, calcolate su base generale e differenziate per razza, degli indici genetici calcolate per tutti i soggetti con dati. I valori medi e di variabilità degli indici RFI non si discostano in maniera marcata quando si considerano razze diverse. Leggermente maggiore è la variabilità degli indici genetici calcolati per i soggetti di razza PRI. In figura 2 la distribuzione complessiva degli indici genetici, che si avvicina alla normalità.

Figura 2: Distribuzione delle classi di indice genetico per il carattere RFI. I valori superiori a 100 individuano i soggetti con una maggior efficienza alimentare e con un minore impatto ambientale.



In questa fase non ha senso fare altri tipi di considerazione riguardo agli indici, in modo particolare in relazione all'evoluzione temporale, in quanto i soggetti con dati sono tutti tra loro contemporanei.

Tabella 6: Statistiche descrittive, generali e differenziate per razza, degli indici genetici stimati per i vari caratteri oggetto di interesse.

		N° tori	Media	Dev. Std.	Minimo	Massimo
Generale	Ingestione S.S.	374	100.0	12.0	68	128
	RFI	374	100.0	12.0	64	133
	CH4	374	100.0	12.0	68	128
	N Totale	374	100.0	12.0	68	128
	N Fecale	374	100.0	12.0	68	128
	N Urinario	374	100.0	12.0	68	128
PRI	Ingestione S.S.	290	99.6	12.3	68	128
	RFI	290	100.0	12.4	64	133
	CH4	290	99.6	12.3	68	128
	N Totale	290	99.6	12.3	68	128
	N Fecale	290	99.4	12.2	68	128
	N Urinario	290	99.7	12.3	68	128
Rendena	Ingestione S.S.	37	101.7	11.7	76	125
	RFI	37	101.0	10.8	71	124
	CH4	37	101.7	11.7	76	125
	N Totale	37	101.8	11.5	76	123
	N Fecale	37	102.3	11.4	77	124
	N Urinario	37	101.4	11.4	76	123
Grigio A.	Ingestione S.S.	47	101.1	10.8	75	124
	RFI	47	99.7	10.4	76	120
	CH4	47	101.1	10.8	75	124
	N Totale	47	101.1	10.7	77	124
	N Fecale	47	101.5	10.7	77	124
	N Urinario	47	100.9	10.8	76	124

La tabella 7 riporta i risultati dell'analisi dei residui; il valore medio generale, ma anche entro razza sono pari a zero, indicatore che non vi sono delle distorsioni nel modello dovute al fatto che si considerano soggetti appartenenti a razze diverse.

Tabella 7: Statistiche descrittive, generali e differenziate per razza, dei residui del modello.

	N° tori	Media	Dev. Std.	Minimo	Massimo
Tutto	374	0.000	0.407	-1.482	1.578
Rendena	37	0.000	0.413	-1.063	0.979
Grigio Alpina	47	0.000	0.350	-0.791	0.712
PRI	290	0.000	0.415	-1.482	1.578

Conclusioni

I caratteri di comportamento alimentare rilevati presso la stazione di controllo di Fiume Veneto hanno evidenziato per ora una interessante componente genetica additiva e sono pertanto risultati ereditabili. Il carattere di riferimento è rappresentato dal Residual Feed Intake, misura innovativa con cui esprimere l'efficienza alimentare e altamente legato anche alle emissioni.

Dallo studio è emerso come la selezione per questo carattere non determinerebbe una riduzione delle Performance di crescita, in quanto misura indipendente rispetto all'incremento medio giornaliero. In altri termini, utilizzando l'RFI verrebbero selezionati gli animali che richiedono una minor spesa per il loro sostentamento con una significativa riduzione dei costi di alimentazione. Contemporaneamente si otterrebbe una significativa riduzione delle emissioni di azoto e metano per effetto della positiva e favorevole correlazione fenotipica osservata con RFI.

L'approccio multirazza attuato si è dimostrato utile, in particolare per le razze a minor numerosità; con il passare del tempo, grazie ad una maggior disponibilità di informazioni, sarà fondamentale procedere alla ristima dei parametri genetici al fine di ottenere varianze genetiche ed ereditabilità più precise; quelle ottenute nel presente lavoro hanno evidenziato, infatti, errori standard consistenti.

In questo studio si sono sviluppate le procedure necessarie per la valutazione genetica dei soggetti in prova e si sono resi disponibili i primi indici, in particolare per il carattere Residual Feed Intake, e ciò rappresenta un traguardo di indubbio valore tecnico-pratico.

Nell'ottica di considerare effettivamente questo nuovo carattere per definire il destino dei candidati riproduttori sarà necessario però definire le correlazioni genetiche con gli altri caratteri oggetto di rilevazione durante la prova di performance. Un altro aspetto di non poco conto sarà inoltre la valutazione delle relazioni tra RFI e deposito adiposo, in altre parole se ad RFI più basso (animali più efficienti) corrisponda anche una minor deposizione di tessuto adiposo. Quest'aspetto potrebbe risultare importante per la qualità della carne, in particolare per le sue caratteristiche organolettiche, che sono influenzate anche dalla quantità di grasso in essa presente.

Bibliografia consultata

- Asher A., Shabtay M., Cohen-Zinder Y., Aharoni J., Miron R., Agmon I., Halachmi A., Orlov A., Haim L. O., Tedeschi G. E., Carstens K., A., Johnson and A. Brosh, 2018. Consistency of feed efficiency ranking and mechanisms associated with inter-animal variation among growing calves. *J. Anim. Sci.*, 96, 990-1009.
- Dong R.L., Zhao G. Y., Chai L. L., Beauchemin K. A., 2014. Prediction of urinary and fecal nitrogen excretion by beef cattle. *J. Anim. Sci.* 92, 4669–4681.
- Harvey C.F, Kuehn L—A-, Thallman R.M., Snelling W.M., 2020. Heritability and genetic correlations of feed intake, body weight gain, residual gain, and residual feed intake of beef cattle as heifers and cows *J. Anim. Sci.* 2020 1-6.
- Huuskonen A., Huhtanen P., Joki-Tokola E., 2013. The development of a model to predict feed intake by growing cattle. *Livestock Science* 158, 74-83.
- IPCC 2006, Guidelines for National Greenhouse Gas Inventories. Vol. 4 Agriculture, forestry and other land use.
- INRA 2007. L'alimentation des bovins, ovins et caprins. Editions Quae, INRA, RD 10, 78026 Versailles Cedex, Paris
- Misztal, IS. Tsuruta, T. Strabel, B. Auvray, T. Druet, and D. H. Lee. 2002. BLUPF90 and related programs (BGF90). Communication No. 28-07 in Proc. 7th World Cong. Genet. Appl. Livest. Prod., Montpellier, France.
- Guidelines for Recording Feed Intake for Genetic Evaluation. June 2020. Section 19 Feed Intake. <https://www.icar.org/>.
- Recording Dairy Cattle Methane Emission for Genetic Evaluation. June 2020. Section 20 MethaneVersion. <https://www.icar.org/>.