SCHEDE CALCOLO INDICI FRISONA E JERSEY

AGGIORNATO AD APRILE 2026

SOMMARIO:

RAZZA FRISONA

1. Indice di selezione e altri indici composti 3
2. Indici composti morfologici e funzionali 7
3. Indici per i caratteri produttivi e per le Cellule Somatiche - (SCS) 10
4. Indice salute della mammella - (MST) 13
5. Indici per i caratteri morfologici 15
6. Indice punteggio di condizione corporea - (BCS) 17
7. Indice parto aggregato - (IPA) 18
8. Indice per la mungibilità - (MLK) 21
9. Indice per la longevità - (FHL) 22
10. Indice aggregato per la fertilità - (IAF) 24
11. Indicatore fertilità maschile - (BFE) 27
12. Indice per l'età al primo parto (AFC) 28
13. Indice per l'efficienza azotata 29
14. Indice efficienza alimentare predetto - (PFE) 30
15. Indice metano enterico predetto - (pCH4) 32
16. Indice stress da caldo - (IHT) 33
17. Indice gemellarità - (TWI) 35
18. Indice Chetosi Subclinica - (BHB) 36
19. La valutazione genomica 37

RAZZA JERSEY

20. Indice di selezione 44
21. Indici per i caratteri produttivi 45
22. Indici caratteri morfologici 47
23. Indici composti morfologici 49
24. Indice cellule somatiche - (SCS) 50
25. Indice longevità - (IL) 51

Indici internazionali 52
Glossario 55

ANAFIBJ
Associazione Nazionale Allevatori della Razza Frisona Bruna Jersey Italiana

RAZZA FRISONA

1. INDICE DI SELEZIONE E ALTRI INDICI COMPOSTI

1.1. Indice Produttività, Funzionalità e Tipo (PFT)

Il PFT è l'indice di selezione della razza Frisona Italiana, che combina qualità del latte, funzionalità e tipo. Sulla base di questo indice si calcolano la classifica ed il rank ufficiale che va da 0 a 99 e divide la popolazione indicizzata in percentili. Il rank è calcolato in modo separato sui tori e sulle vacche. Il rank 99 identifica il miglior 1% dei tori e delle vacche. Da dicembre 2011 il rank 98 (il miglior 2% della popolazione) è il limite ufficiale per l'autorizzazione dei tori all'utilizzo in F.A. La tabella riporta i pesi percentuali degli indici che compongono il PFT. L'ultimo aggiornamento del PFT è di dicembre 2024, che determina un rapporto tra produzione, funzionalità e morfologia di 50:33:17. La tabella 1A riporta gli attuali pesi.

Tabella 1A: PESI PFT

PRODUZIONE	PESO	FUNZIONALITÀ	PESO	MORFOLOGIA	PESO
Latte kg	0	Longevità	6	TIPO	3
Grasso kg	5	Cellule somatiche	5	ICM (Mammella)	9
Proteina kg	40	Fertilità	14	IAP (Arti e Piedi)	5
Grasso %	1	MST (Mastite)	6		
Proteina %	4	Efficienza Alimentare	1		
		Stress termico	1		

1.2. Indice Economico Salute (IES)

IES è l'indice volto a massimizzare il progresso genetico, non solo da un punto di vista economico, ma anche di salute e di benessere animale. L'indice è basato sulla stima dei costi e dei ricavi medi nell'arco dell'intera carriera produttiva della bovina.

Per quanto riguarda i ricavi, si utilizzano il prezzo medio del latte e i parametri di pagamento qualità. Per quanto riguarda invece i costi, vengono quantificati quelli necessari per l'allevamento della manza, tenendo conto dei fabbisogni di sostanza secca essenziali per l'accrescimento, il mantenimento e la produzione, nonché le spese legate alle problematiche sanitarie, stimabili con gli indici genetici e genomici (fertilità, resistenza alla mastite, parto difficile). Tale indice viene espresso come differenza economica attesa (€) dei singoli animali (o delle figlie dei tori) rispetto alla base genetica di riferimento. Saranno necessari degli aggiornamenti periodici, sia per quanto riguarda le stime dei valori economici (da adeguare ai prezzi di mercato), che per l'introduzione di nuovi indici genetici per il benessere animale, la resistenza alle malattie, l'efficienza alimentare e l'impatto ambientale, che si renderanno disponibili nel tempo.

Tale indice, stimato sull'intera vita di una singola vacca (€), viene espresso come utile netto rispetto alla media della popolazione. L'indice viene pubblicato per i tori in fecondazione artificiale e per le bovine aventi indice genomico. La tabella riporta i pesi percentuali degli indici che compongono l'indice IES. L'ultimo aggiornamento risale a dicembre 2024, che determina un rapporto tra produzione, funzionalità e morfologia pari al 44:47:9. La Tabella 1B riporta gli attuali pesi.

Tabella 1B. Pesi nello IES

PRODUZIONE	PESO	FUNZIONALITÀ	PESO	MORFOLOGIA	PESO
Latte kg	0	Longevità	19	Statura	-4
Grasso kg	5	Cellule Somatiche	5	Locomozione	0
Proteina kg	37	Facilità Parto Vacca	2	Profondità Mammella	1
Grasso %	0	Fertilità	10	IAP	4
Proteina %	2	Body Condition Score	5		
		Resistenza alla mastite	3		
		Efficienza alimentare	1		
		Stress termico	1		
		Età al primo parto	1		
		Polled	+7.5 €/P		

1.3. Indice Caseificazione e Sostenibilità – Parmigiano Reggiano (ICS-PR)

L'obbiettivo dell'indice ICS-PR è quello di selezionare gli animali le cui figlie massimizzano il profitto aziendale, per tutte le realtà che conferiscono il latte all'industria di trasformazione casearia al fine di produrre formaggi a pasta dura a lunga stagionatura.

Tale indice deve considerare i nuovi orientamenti normativi nell'allevamento, essere redditizio per l'allevatore, nonché sostenibile nel contesto etico, socio-economico e ambientale.

Si basa sulla stima dei costi e dei ricavi medi per lattazione nell'arco dell'intera carriera

produttiva della bovina, annoverando fra i primi le spese necessarie per l'allevamento della manza (per lo più alimentari, ma anche sanitarie), la trasformazione e il trasporto del latte e le problematiche sanitarie, e fra i secondi i ricavi stimabili di tutta la carriera produttiva della bovina, nonché il valore dell'animale a fine carriera.

Nelle formule di predizione della resa in kg di formaggio viene considerata la percentuale di grasso e di proteina, la conta delle cellule somatiche (CCS) e i genotipi della k-caseina. Tale indice viene espresso come utile netto, stimato sull'intera vita di una singola vacca (€), rispetto alla media della popolazione. Il gruppo di tori utilizzato per la stima dei pesi ha attendibilità > 50% e rank > 59. La tabella riporta i pesi percentuali degli indici che compongono l'indice ICS-PR.
A questo va aggiunta una premialità di:
• 0,10 € / giorno di vita per figlie di toro k-caseina BB
• 0,05 € / giorno di vita per figlie di toro k-caseina AB

Al contrario, si aggiunge una penalità di -0,025 € / giorno di vita per figlie di toro k-caseina E e -0,05 € / giorno di vita per figlie di toro k-caseina EE.

Si determina così un rapporto tra produzione, funzionalità e morfologia pari al 35:58:7.

Tabella 1C. Pesi nell'ICS-PR

PRODUZIONE	PESO	FUNZIONALITÀ	PESO	MORFOLOGIA	PESO
Latte kg	0	Cellule	14	Statura	-2
Grasso kg	5	Facilità parto	9	Locomozione	3
Proteina kg	30	Longevità	10	Profondità Mammella	2
		Mastite	5		
		Fertilità	20		

1.4 Aggiustamento indici composti per inbreeding

L'aggiustamento degli indici composti per l'inbreeding rappresenta un passo fondamentale per garantire un miglior equilibrio tra progresso genetico e mantenimento della variabilità genetica nella popolazione Frisona Italiana. L'obiettivo è quello di evitare che la forte intensità di selezione e la riduzione dell'intervallo generazionale, caratteristiche della selezione genomica moderna, conducano a un aumento eccessivo della consanguineità, con i conseguenti effetti negativi sulla fertilità, vitalità e adattabilità degli animali.

È stata introdotta una correzione percentuale nei principali indici genetici compositi — gPFT, gIES e gICS-PR — basata sul livello di inbreeding futuro atteso (EFI o gEFI) di ciascun animale. Tale aggiustamento tiene conto della depressione da consanguineità stimata e del livello di EFI (Expected Future Inbreeding – Inbreeding atteso) individuale, applicando un approccio commercialmente sostenibile che permetta di bilanciare redditività e salute genetica della popolazione.

Le analisi condotte mostrano che l'inserimento della correzione consente di mantenere un tasso di progresso genetico annuale pressoché invariato, riducendo tuttavia l'incremento medio di consanguineità di circa 0,2 deviazioni standard (DS). Questo risultato è particolarmente rilevante in un contesto di selezione genomica, in cui l'accelerazione del progresso genetico deve necessariamente essere accompagnata da misure di controllo dell'inbreeding per salvaguardare la diversità genetica a lungo termine.

Pertanto gli obiettivi di selezione della razza Frisona Italiana da Aprile 2025 sono corretti in base al livello di consanguineità futura attesa, utilizzando le informazioni genomiche (gEFI) quando disponibili, o quelle genealogiche (EFI) in assenza di genotipizzazione. Questo approccio consente una selezione più responsabile e sostenibile, orientata non solo al miglioramento produttivo, ma anche alla tutela genetica e biologica della popolazione allevata.

2. INDICI COMPOSTI MORFOLOGICI E FUNZIONALI

2.1. Indice Composto Mammella (ICM)

L'indice ICM ha come obbiettivo di selezione una mammella funzionale. Il suo valore viene determinato sulla base dei pesi in percentuale assegnati agli indici derivanti dalle valutazioni lineari della mammella e della loro relazione con la longevità funzionale degli animali, secondo la formula seguente:

ICM = 0,20 * forza attacco anteriore +
0,20 * altezza attacco posteriore +
0,15 * legamento +
0,20 * profondità mammella +
0,10 * posizione capezzoli anteriori +
0,05 * dimensione capezzoli anteriori +
0,10 * posizione capezzoli posteriori

Con la modifica di Dicembre 2021, sono stati introdotti la posizione dei capezzoli posteriori e la dimensione degli stessi. Inoltre, è stata introdotta una 'fascia neutra' per le penalità dei tre caratteri dei capezzoli: in questo modo si vogliono premiare i tori che hanno indice ideale o che vanno nella direzione corretta. Tali fasce neutre sono:

Tabella 2A. Fasce neutre ICM

Carattere	DS fenotipica -	DS fenotipica +
Posizione capezzoli anteriori	0	1
Dimensione capezzoli anteriori	0,5	1,5
Posizione capezzoli posteriori	-1,5	-0,5

2.2. Indice Arti e Piedi (IAP)

L'IAP, utilizzato per la prima volta nel maggio 2000, combina i tre indici basati su caratteri lineari relativi ad arti e piedi e la locomozione valutati dagli ispettori. Tali caratteri sono stati pesati in funzione della loro importanza (dovuta alle correlazioni) in relazione al carattere "funzionalità arti e piedi". Gli arti visti di lato hanno un ottimo intermedio; i caratteri considerati sono i seguenti:

IAP = 0,16 * angolo del piede +
0,224 * arti visti da dietro +
0,408 * locomozione +
-0,208 * abs (arti visti di lato + 1)

2.3. TIPO

In seguito alla revisione di Dicembre 2014, l'indice per il TIPO è calcolato a partire da 17 indici basati su lineari, in modo da garantire un confronto omogeneo fra tori provati in Italia e tori di importazione. I pesi relativi sono stimati sulla base delle correlazioni genetiche esistenti tra i 17 caratteri e la loro relazione con l'attuale definizione di punteggio finale, utilizzata dagli ispettori nelle valutazioni morfologiche. Gli arti visti di lato e la posizione dei capezzoli posteriori hanno un ottimo intermedio. TIPO viene calcolato come:

TIPO = 0,000 * statura + 0,128 * forza + 0,031 * profondità +
0,158 * angolosità + 0,044 * angolo groppa +
0,013 * larghezza groppa – 0,025 * abs(arti visti di lato + 1) +
0,038 * arti visti da dietro + 0,050 * angolo del piede +
0,175 * mammella anteriore + 0,072 * altezza posteriore +
0,030 * legamento + 0,014 * profondità mammella +
0,050 * posizione capezzoli anteriori + 0,023 * dimensione capezzoli –
0,032 * abs(posizione capezzoli posteriori + 1) + 0,016 * locomozione

2.4. Indice Mungitura Automatizzata - IMA

Nel Dicembre 2021 viene rilasciato IMA – Indice Mungitura Automatizzata. Si tratta di un indice composto che ha come obiettivo quello di identificare tori le cui figlie avranno maggiori facilità nelle operazioni di mungitura (attacco, eiezione del latte, sanità mammella…). L'indice viene espresso su media 100 e deviazione standard 5 come tutti gli indici funzionali. IMA viene calcolato come:

IMA = 0,25 * posizione capezzoli posteriori +
0,20 * dimensione capezzoli anteriori +
0,20 * mungibilità +
0,15 * SCS +
0,15 * locomozione +
0,05 * ICM

Per 4 caratteri su 6 vengono poste delle penalità, in modo tale da evitare che i tori presentanti 5 caratteri buoni e uno estremamente negativo (ad esempio -3 per la dimensione dei capezzoli) abbiano comunque un indice complessivo nella media. Pertanto, le penalità assegnate sono:

- Posizione capezzoli posteriori: penalità con indice > +2 ds e penalità maggiore con indice > +3 ds
- Dimensione capezzoli anteriori: penalità con indice < -2 ds e penalità maggiore con indice < -3 ds
- Locomozione: penalità con indice < 0 ds
- Mungibilità: penalità con indice < 95 e penalità maggiore con indice < 90

2.5. Indice Benessere

Con la CTC del 2022 viene approvato anche un indice composto per il benessere. Si tratta di un indice che ha come obiettivo quello di identificare i tori che generano figlie con migliori caratteristiche morfologiche/funzionali in ottica di benessere animale; inoltre è incluso anche l'aspetto genetico, premiando i soggetti polled e penalizzando i portatori di aplotipi/geni sfavorevoli.
È un indice che viene espresso su media 100 e deviazione standard 5, come tutti gli indici funzionali. Sono inseriti i seguenti caratteri:

Benessere = 0,30 * salute mammella +
0,25 * fertilità +
0,15 * longevità +
0,15 * BCS +
0,05 * tolleranza al caldo +
0,05 * facilità parto vacca +
0,05 * locomozione

Una volta calcolato l'indice in scala 100, verranno dati i seguenti punti bonus/penalità:

- + 1,25 per soggetti polled eterozigoti
- + 2,5 per soggetti polled omozigoti
- - 5 per soggetti portatori di uno o più geni/aplotipi deleteri

In cosa consiste questo indice? Analizzando le medie fenotipiche delle figlie dei tori alti e bassi a indice, si nota che mediamente le figlie dei soggetti alti a indice vivono più a lungo e sono più performanti nella loro carriera.

Tabella 2B. Differenza medie fenotipiche figlie

	Longevità gg	Latte kg	Grasso kg	Proteina kg
Differenza medie fenotipiche figlie	133,3 gg	4.560 kg	174 kg	132

3. INDICI PER I CARATTERI PRODUTTIVI E PER LE CELLULE - (SCS)

3.1. Dati

L'ANAFIBJ riceve settimanalmente dall'Associazione Italiana Allevatori (AIA) i dati produttivi relativi a tutti i controlli mensili effettuati dai controllori delle Associazioni Regionali di Allevatori (ARA). Per i controlli alternati o AT viene ricostruita la produzione del latte a 24 ore, seguendo gli standard ICAR. Si utilizzano tutti i controlli disponibili. Ad ogni lattazione viene attribuito un peso che ne indica l'accuratezza: il controllo AT vale il 98% rispetto ad un controllo A.

Si utilizzano tutti i controlli compresi fra 5 e 305 giorni e un massimo di tre lattazioni per vacca. Oltre ai normali controlli di regolarità formale e di contenuto, si eliminano i controlli considerati anomali rispetto alla curva stimata di ogni bovina per ogni lattazione.

3.2. Effetti ambientali

Si utilizza un modello a singoli controlli a regressioni casuali: tutti gli effetti sono stimati sulla base di una funzione che spiega la variazione di ciascuno dal 5° al 305° giorno di lattazione. Gli indici vengono calcolati contemporaneamente per latte, grasso, proteina e cellule, sfruttando in questo modo le informazioni sulle correlazioni genetiche e aumentando l'attendibilità totale della stima. Gli effetti fissi stimati comprendono l'età al parto, l'ordine di parto, la stagione di parto (primaverile o autunnale), la zona di produzione (Nord, Centro, Sud e Parmigiano Reggiano) e il quinquennio di produzione (a partire dal 1990).

Utilizzando tutti i controlli presenti, entro allevamento viene calcolata ogni anno la variabilità media per latte, grasso e proteina. Tale parametro, che misura la variabilità delle produzioni aziendali intorno alla media, permette di distinguere gli allevamenti maggiormente variabili da quelli aventi una variabilità inferiore e di riportarli su una scala "corretta".

La scala "corretta" consiste nella variabilità entro azienda dovuta alle primipare nate fra il 2018 e il 2020 (le vacche della base genetica). Questa correzione per l'eterogeneità della varianza entro allevamento fa sì che le differenze fra gli animali siano misurate su un'unica scala per tutte le aziende.

Gli animali si confrontano fra loro a parità di allevamento-anno-giorno di controllo e ordine di parto. Le vacche sono divise in primipare e pluripare. Questo ultimo effetto permette di tenere conto di tutti gli effetti gestionali all'interno dell'allevamento e nel tempo.

3.3. Effetti casuali

L'effetto dell'animale, da cui il modello statistico (Animal Model) prende il nome, è ciò che permette di stimare il valore genetico di tutti i soggetti della popolazione. Nel modello a singoli controlli a regressioni casuali si ipotizza che l'animale esprima un valore genetico diverso per ogni giorno di lattazione, in risposta alle sollecitazioni ambientali. Per ogni animale viene perciò stimata una funzione sulla base di cinque parametri. Inoltre, vengono considerati contemporaneamente gli animali aventi produzioni (le vacche) e non (i tori), tenendo conto di tutte le parentele esistenti. Ciò consente di scomporre la deviazione dalle contemporanee negli effetti dovuti al padre e alla madre delle vacche in produzione, e di tenere in considerazione, ad esempio, che sulle vacche migliori di una stalla si utilizzino prevalentemente i tori migliori sul mercato.

Un secondo effetto è quello definito ambientale permanente in cui ogni vacca può avere più di una lattazione. Ecco, dunque, la necessità stimare gli effetti gestionali occasionali, che possono influenzare in modo negativo (es: una mastite che deteriora gravemente un quarto della mammella) o in modo positivo (es: un'ottima interazione con l'ambiente sanitario) le produzioni nell'intera carriera dell'animale. Anche in questo caso viene stimata una funzione a cinque parametri.

3.4. Espressione dell'indice

I caratteri per cui si calcola l'indice sono la produzione di latte, grasso e proteina kg e le cellule somatiche.

3.4.1. Caratteri produttivi

L'ereditabilità utilizzata varia a seconda del giorno di lattazione e dell'ordine di parto, ma è in generale intorno a 0,30 e stabilisce una proporzione di variabilità tra genetica e ambiente pari a 30:70.
I tre indici risultanti sono divisi per primo, secondo e terzo parto. L'indice finale è la combinazione di questi e prevede la produzione nelle tre lattazioni:

$$EBV305_{tot} = 0{,}333 * EBV305_1 + 0{,}333 * EBV305_2 + 0{,}333 * EBV305_3$$

L'indice è espresso in chili, come deviazione da una base di riferimento (o base genetica) che ne determina il livello zero. La base genetica è mobile e viene aggiornata ogni anno nella valutazione di aprile. Essa ha lo scopo di esprimere l'indice rispetto al valore delle vacche di riferimento.
La base attuale è il livello genetico medio delle vacche nate nel triennio 2018-2020. Ogni aggiornamento farà slittare in avanti il triennio di un anno. Il dato percentuale è ricavato in base al livello produttivo fenotipico delle vacche della base (la lattazione a 305 giorni), che viene aggiornato ad ogni cambio. I valori dei parametri utilizzati sono rintracciabili e sempre aggiornati sulla pagina WEB dell'Associazione, nella sezione degli Indici Genetici.
È in base a questi parametri che si ricava l'indice di ciascun animale in percentuale, secondo la formula seguente:

$$\text{Grasso\%} = 100 * (\text{grasso BASE} + \text{grasso}) / (\text{latte base} + \text{latte}) - \text{grasso\% BASE}$$

$$\text{Proteina\%} = 100 * (\text{proteina BASE} + \text{proteina}) / (\text{latte base} + \text{latte}) - \text{proteina\% BASE}$$

Un toro risulta ufficialmente provato quando ha almeno l'80% di attendibilità e almeno 30 figlie con 120 gg di lattazione. Per tutti i tori esteri si utilizza il dato INTERBULL, come da delibera n° 256 della Commissione Tecnica Centrale del 25/10/2013.

3.4.2. Cellule somatiche

L'ereditabilità utilizzata, compresa fra valori di 0,17 e 0,25, varia a seconda del giorno di lattazione e dell'ordine di parto. L'indice risultante è diviso per primo, secondo e terzo parto e viene calcolato come media di cellule per giorno di latta-

zione. L'indice finale, derivante dalla combinazione dei tre indici, prevede il livello medio di cellule nelle tre lattazioni, come espresso nella formula seguente:

$$EBV_{tot} = 0,333 * EBV_1 + 0,333 * EBV_2 + 0,333 * EBV_3$$

L'indice è espresso su una scala avente media 100 e deviazione standard 5, come deviazione da una base di riferimento (o base genetica) che determina il livello zero. La base è definita con gli stessi parametri descritti per gli indici produttivi. Anche per l'indice cellule somatiche, per i tori esteri il dato ufficiale è quello dell'indice INTERBULL.

3.4.3. Indice persistenza e tasso di maturità

Il fenotipo consiste nel rapporto percentuale presente fra la produzione a 280 giorni di lattazione e a 60. La scala dell'indice ha media 100 e deviazione standard 5. Vengono stimati tre indici persistenza, uno per ogni lattazione fra la prima e la terza, i quali vengono aggregati nell'indice persistenza totale secondo la seguente formula:

$$PERS_{tot} = 0,50 * PERS_1 + 0,25 * PERS_2 + 0,25 * PERS_3$$

Il tasso di maturità misura invece la differenza in chili presente fra la materia utile (grasso e proteina) prodotta in terza lattazione rispetto a quella prodotta in prima lattazione ed è espresso su una scala con media 100 e deviazione standard 5. Ciò permette di distinguere i tori le cui figlie migliorano la propria performance nel corso delle lattazioni successive (valori superiori a 100) da quelli che danno un migliore risultato sulle primipare (valori inferiori a 100).

4. INDICE SALUTE DELLA MAMMELLA - (MST)

4.1. Dati

I dati utilizzati provengono dai controlli funzionali mensili effettuati dai controllori delle ARA su tutti gli animali in produzione. Per ciascun controllo, la Conta delle Cellule Somatiche (CCS) viene trasformata in SCS (Somatic Cell Score) mediante la seguente formula di conversione:

$SCS = \log_2(CCS / 100.000)$.

Questa trasformazione consente di standardizzare i valori e di costruire un indice genetico che sfrutti in modo efficiente tutte le informazioni disponibili nel sistema di raccolta dati. Per aumentare la precisione della valutazione, si considerano anche le cellule somatiche differenziali (DSC – Differential Somatic Cells) presenti nel latte. Le cellule differenziali rappresentano la percentuale combinata di linfociti e di neutrofili polimorfonucleati sul totale delle cellule somatiche rilevabili nel latte e permettono, affiancate a CCS, una diagnosi di mastite più accurata. La loro inclusione all'interno di un indice di selezione aggregato si configura come un approccio innovativo, che colloca l'Italia tra i primi Paesi ad utilizzare tale carattere, nonostante la mancata raccolta sistematica dei dati relativi alla mastite clinica da parte dei veterinari (come invece avviene in altri Paesi, in particolare quelli nordici). L'analisi delle proporzioni di questi gruppi cellulari consente di identificare meglio lo stato di salute della mammella e di distinguere tra latte sano e latte con mastite subclinica o clinica. I caratteri così ottenuti sono stati validati confrontandoli con il carattere di riferimento oggetto di selezione, ovvero la mastite clinica.

Grazie a un ampio dataset comprendente le registrazioni effettive di presenza o assenza di mastite per vacca entro lattazione, sono stati identificati cinque caratteri risultanti maggiormente associati all'effettiva incidenza della mastite.

- La media SCS da 5 a 150 giorni di lattazione;
- La deviazione standard SCS entro lattazione;
- Il numero di controlli funzionali con contenuto di CCS >400.000 ccs/ml sul numero totale di controlli funzionali;
- Il numero di picchi di cellule durante la lattazione (numero di volte in cui CCS mostra un cambiamento tra <100.000 ccs/ml fino a 400.000 ccs/ml in 3 controlli funzionali successivi).
- Stato di infezione intramammaria (SI) medio di lattazione, che tiene conto congiuntamente delle cellule somatiche e delle cellule differenziali.

Nella tabella sono riportate le correlazioni genetiche di questi cinque caratteri con il carattere"mastite clinica", nonché la loro ereditabilità e il peso attribuito all'indice di selezione aggregato.

Questi indici, combinati insieme in un unico indice aggregato, riescono ad identificare gli animali più resistenti alla mastite.

Tabella 4A. Parametri MST

Carattere	Ereditabilità	Correlazione genetica con mastite clinica	Peso
SCS5-150	0,13	0,50	0,36
SCS_DS	0,05	0,60	0,15
Severità di infezione (%)	0,09	0,58	0,26
Picco	0,02	0,54	0,13
SI	0,17	0,37	0,10

4.2. Effetti ambientali

Il modello applicato è un modello multiplo a ripetibilità. Nel modello si tiene conto dell'effetto numero di controlli funzionali – ordine di parto – anno di parto, età al parto – ordine di parto – anno di parto, ordine di parto – anno – stagione di parto, allevamento di parto.

4.3. Effetti casuali

Gli effetti casuali tengono conto dell'interazione allevamento-anno-mese di parto oltre all'effetto casuale dell'animale e dell'effetto ambientale permanente ripetuto entro lattazione (prima, seconda e terza). Tutti questi effetti tenendo conto del livello genetico di tori e vacche e di tutti gli antenati conosciuti.

4.4. Espressione dell'indice

Gli indici sono disponibili per tutti gli ordini di parto (primipare, secondipare e pluripare). L'ereditabilità dell'indice MST è del 8%. L'indice è espresso su una scala che ha media 100 e deviazione standard uguale a 5. Gli animali aventi un valore dell'indice MST superiore a 100 daranno una progenie geneticamente più resistente alle mastiti.

5. INDICI PER I CARATTERI MORFOLOGICI

5.1. Dati

I dati delle valutazioni morfologiche relative a tutte le primipare punteggiate dagli ispettori ANAFIBJ, con visite in azienda da una a tre volte all'anno, sono utilizzati per il calcolo. A differenza dei dati produttivi, la variazione in età è più contenuta e non vi sono dati ripetuti. Per ogni animale si utilizza una sola valutazione.

5.2. Effetti ambientali

Esistono fra gli animali punteggiati in azienda differenze di età e di distanza dal parto tali da influenzarne lo stato morfologico. L'ispettore misura ciò che vede, motivo per cui, spetta al modello statistico tenere conto di queste differenze, attraverso l'effetto di interazione fra età e stadio di lattazione e biennio di valutazione. Gli indici vengono calcolati contemporaneamente per tutti i caratteri lineari.
Gli animali vengono confrontati fra loro a parità di allevamento-anno-giorno di valutazione: questo permette di tenere conto contemporaneamente di tutti gli effetti gestionali interni ad ogni allevamento ed anno, nonché dell'ispettore che ha effettuato la valutazione.

5.3. Effetti casuali

L'unico effetto casuale di cui si tiene conto è quello dell'animale. Si considerano tutte le relazioni di parentela esistenti tra gli animali della popolazione: ciò permette di stimare il valore genetico di tutti gli animali e di tenere conto degli accoppiamenti preferenziali e correttivi.

5.4. Espressione degli indici

Si calcolano gli indici per tutti i caratteri lineari valutati a partire dal 1984 e per il punteggio finale. Lo zero degli indici è il livello genetico degli animali nati nel 2018-2020, ovvero la base genetica per cui valgono le stesse regole dei caratteri produttivi.
Tutti gli indici vengono standardizzati sulla variabilità delle vacche della base genetica. Questo fa sì che tutti i caratteri siano misurabili sulla stessa scala, da circa -3 a +3, sia per i tori che per le vacche.
In realtà, vacche e tori non variano allo stesso modo: i tori miglioratori tendono infatti a variare, soprattutto per i caratteri legati in modo positivo alla produzione, verso estremi positivi superiori a 3. Pertanto, essendo animali altamente selezionati allo scopo di migliorare geneticamente la popolazione, i soggetti di sesso maschile risultano presentare caratteri qualitativamente superiori rispetto alla media delle vacche.
La tabella nella pagina seguente riporta, per tutti i caratteri, i valori di ereditabilità utilizzati nel calcolo, la media fenotipica degli animali della base genetica e l'equivalenza in punti sulla scala lineare di una deviazione standard dell'indice. La tabella aggiornata al cambio di base è pubblicata sulla pagina web insieme agli indici.
L'indice è pubblicato quando un toro ha almeno 10 figlie in 5 allevamenti per tutti gli animali che hanno figlie in Italia. Per i tori di importazione con figlie non ancora valutate si utilizzano indici di conversione. Per i tori esteri il dato ufficiale è quello italiano di INTERBULL.

Tabella 5A. Base genetica Frisona 2018-2020

Carattere lineare	Ereditabilità	Media Base	DS in punti lineari
Statura	0,40	34,17	2,40
Forza e vigore	0,25	29,70	1,27
Profondità	0,30	32,73	1,45
Angolosità	0,23	29,94	1,11
Angolo groppa	0,23	29,34	1,47
Larghezza groppa	0,22	24,78	1,67
Arti posteriori visti di lato	0,16	25,08	1,06
Altezza tallone	0,10	25,77	0,75
Forza attacco anteriore	0,20	25,98	1,61
Altezza attacco posteriore	0,21	28,53	1,37
Larghezza attacco posteriore	0,24	31,41	1,03
Legamento	0,16	29,94	1,10
Profondità mammella	0,30	32,19	2,33
Posizione capezzoli anteriori	0,19	25,17	1,12
Dimensione capezzoli	0,19	22,68	1,25
Arti posteriori visti da dietro	0,06	28,74	0,68
Funzionalità arti e piedi	0,10	24,27	0,73
Posizione capezzoli posteriori	0,18	31,71	1,72
Conformazione	0,14	26,85	1,23
Locomozione	0,04	26,85	0,50
Body Condition Score (BCS)	0,18	3,00	0,45

6. INDICE PUNTEGGIO DI CONDIZIONE CORPOREA - (BCS)

6.1. Dati

Il punteggio della condizione corporea è una misura visiva del grasso che copre le regioni pelviche e lombari; il suo punteggio è basato su una scala da 1 (molto sottile) a 5 (molto grasso), con incrementi di 0,25 punti. Per il calcolo dell'indice vengono utilizzate le valutazioni effettuate dagli ispettori. Tramite una valutazione visiva e/o tattile viene rilevata la quantità di grasso sottocutaneo accumulato in alcune regioni del corpo (es. zone attacco dei tendini, ossa non coperte da muscoli → ischio, coda…), in modo tale da poter definire l'apprezzamento delle riserve energetiche dell'animale. L'indice è stato inserito ufficialmente nella valutazione nazionale a partire da Dicembre 2013.

6.2. Effetti ambientali

Esistono fra gli animali presenti in azienda differenze di età, distanze di parto e livello produttivo che influenzano senza dubbio lo stato morfologico-metabolico dell'animale. L'ispettore misura ciò che vede, per questo il modello statistico usato tiene conto delle differenze attraverso l'effetto di interazione tra età e stadio di lattazione. Gli animali vengono confrontati tra loro a parità di anno-azienda-giorno di valutazione: ciò permette di tenere conto contemporaneamente di tutti gli effetti gestionali interni ad ogni allevamento e anno, nonché dell'ispettore che ha effettuato la valutazione.

6.3. Effetti casuali

L'unico effetto casuale di cui si tiene conto è quello dell'animale. Si considerano tutte le relazioni di parentela esistenti tra gli animali della popolazione e questo permette di stimare il valore genetico di tutti gli animali e di tenere conto di accoppiamenti preferenziali e correttivi.

6.4. Unità di espressione dell'indice

L'indice genetico per il BCS viene espresso su scala con media 100 e deviazione standard 5, come per gli altri caratteri funzionali. I tori con indice superiore a 100 genereranno vacche più conformate, con una condizione corporea preferibile. Nella tabella seguente è possibile osservare nel dettaglio la media fenotipica delle figlie, in funzione al livello genetico dei tori. Ogni deviazione standard (che è uguale a un 5 sulla scala dell'indice) vale circa 0,08 punti di BCS: tori con un livello genetico inferiore a 90 hanno figlie con BCS pari a 2,78, tori con EBV compreso tra 95 e 105 hanno figlie con BCS compreso tra 2,94 e 3,01 e tori con indici superiori a 110 hanno figlie con BCS pari a 3,16 punti.

Tabella 6A. Relazione tra indice BCS e fenotipo

Livello genetico del toro	Media fenotipica delle figlie
Inferiore a 90	2,78
Tra 90 e 94	2,85
Tra 95 e 99	2,94
Tra 100 e 104	3,02
Tra 105 e 109	3,09
Superiore a 110	3,16

7. INDICE PARTO AGGREGATO - (IPA)

L'indice parto aggregato (IPA) riassume tutte le informazioni in possesso dell'Associazione relative all'evento parto: facilità di parto, natimortalità e lunghezza gestazione. Tutti gli indici che lo compongono hanno una componente diretta, relativa all'effetto che il toro ha sul parto della bovina che feconda (principio riconducibile alla facilità parto toro), e una componente materna, relativa all'effetto del toro sui parti delle figlie (principio riconducibile alla facilità parto vacca). L'indice parto aggregato diretto pesa al 70% la facilità parto diretta (altrimenti detta "facilità parto toro"), al 20% la natimortalità diretta e al 10% la lunghezza gestazione diretta; la stessa distribuzione dei pesi è applicata nell'indice parto aggregato materno, che è formato dalle tre componenti materne. L'indice pubblicato è relativo al primo parto.

7.1. INDICE FACILITÀ DI PARTO

7.1.1. Dati

Durante il controllo, il tecnico dell'ARA raccoglie anche tutte le informazioni disponibili riguardante gli eventi (nascite, morti, vendite, fecondazioni, parti). I dati relativi ai parti includono anche una valutazione da parte dell'allevatore del grado di difficoltà su una scala di cinque classi:
A = parto facile
B = parto assistito da una sola persona
C = parto cesareo
D = parto difficile
E = embriotomia
I dati utilizzati per la valutazione partono dal 1987 e vengono filtrati in base alla qualità della registrazione da parte delle aziende, eliminando tutte quelle che:
> 92% di parti classificati come A;
> 92% di parti classificati come B;
> 15% di parti classificati come C e oltre.
Viene applicato inoltre un filtro relativo al numero di contemporanee in ogni gruppo, al fine di garantire un confronto accurato.
Essendo numericamente inferiori, i parti nelle categorie C, D ed E vengono uniti in un'unica categoria.
Al fine di analizzare il carattere con un modello lineare, e renderlo in futuro valutabile attraverso la procedura single-step, viene applicata la *Snell-transformation* in base a classi di ordine di parto/sesso/provincia/periodo di 5 anni. L'indice pubblicato è relativo al primo parto.

7.1.2. Gli effetti fissi

Il modello applicato è un multiple-trait repeatability linear animal model. Gli effetti fissi considerati per il primo parto sono le contemporanee, ovvero l'interazione fra allevamento e anno di nascita (periodo di 5 anni), l'interazione fra provincia, mese e anno di nascita (periodo di 5 anni) e l'interazione fra età della madre, il sesso del nato e l'anno di nascita (periodo di 2 anni).

7.1.3. Effetti casuali

Per quanto riguarda il primo parto, vengono considerati come casuali gli effetti genetici additivi dell'animale nato (effetto diretto) e della madre (effetto materno).

7.1.4. Espressione dell'indice

Gli indici risultanti sono due: uno è quello per la facilità parto diretta ("facilità parto toro", padre del vitello nato) e l'altro è quello per la facilità parto materna ("facilità parto vacca", ovvero l'effetto del toro padre sul parto delle figlie). Entrambi vengono riportati su una scala con media 100 e deviazione standard uguale a 5. I tori con valori superiori a 100 sono miglioratori per questi caratteri.

7.2. INDICE NATIMORTALITÀ

7.2.1. Dati

Il fenotipo è binario: vitello vivo o morto entro le prime 48 ore dalla nascita.
Al fine di analizzare il carattere con un modello lineare, e renderlo in futuro valutabile attraverso la procedura single-step, viene applicata la *Snell-transformation* in base a classi di ordine di parto/sesso/provincia/periodo di 5 anni. L'indice pubblicato è relativo al primo parto.

7.2.2. Gli effetti fissi

Il modello applicato è un *multiple-trait repeatability linear animal model*. Gli effetti fissi considerati per il primo parto sono le contemporanee, ovvero l'interazione fra allevamento e anno di nascita (periodo di 5 anni), l'interazione fra provincia, mese e anno di nascita (periodo di 5 anni) e l'interazione fra età della madre, il sesso del nato e l'anno di nascita (periodo di 2 anni).

7.2.3. Effetti casuali

Per quanto riguarda il primo parto, vengono considerati come casuali gli effetti genetici additivi dell'animale nato (effetto diretto) e della madre (effetto materno).

7.2.4. Espressione dell'indice

Gli indici risultanti sono due: uno è quello per la natimortalità diretta (relativa al potenziale genetico del toro padre nel generare figli che sopravvivano alle prime 48 ore di vita) e l'altro è quello per la natimortalità materna (ovvero il potenziale genetico del toro nel generare figlie che generino figli che sopravvivano alle prime 48 ore di vita). Entrambi vengono riportati su una scala con media 100 e deviazione standard uguale a 5. I tori con valori superiori a 100 sono miglioratori per questi caratteri.

7.3. INDICE LUNGHEZZA GESTAZIONE

7.3.1. Dati

Il fenotipo è la lunghezza della gestazione misurata in giorni. L'indice pubblicato è relativo al primo parto.

7.3.2. Gli effetti fissi

Il modello applicato è un multiple-trait repeatability linear animal model. Gli effetti fissi considerati per il primo parto sono l'interazione fra allevamento, anno e stagione di concepimento, l'interazione fra anno e mese di parto e l'età al parto in mesi.

7.3.3. Effetti casuali

Per quanto riguarda il primo parto, vengono considerati come casuali gli effetti genetici additivi dell'animale nato (effetto diretto) e della madre (effetto materno).

7.3.4. Espressione dell'indice

Gli indici risultanti sono due: uno per la lunghezza della gestazione diretta (relativa all'effetto genetico che il toro ha sul tempo trascorso dai figli in utero) e uno per la lunghezza della gestazione materna (relativa all'effetto genetico che il toro ha sulla lunghezza della gestazione delle figlie). Entrambi vengono riportati su una scala con media 100 e deviazione standard uguale a 5. I tori con valori superiori a 100 trasmettono una maggior lunghezza gestazione. L'optimum per questo carattere, in entrambe le sue componenti, è intermedio: i tori migliori saranno quelli con indice vicino a 100.

8. INDICE PER LA MUNGIBILITÀ - (MLK)

8.1. Dati

La lentezza in mungitura viene registrata 2 volte all'anno dai controllori delle Associazioni Regionali Allevatori (ARA): vengono segnalati tutti gli animali più lenti rispetto alla media di stalla in fase di mungitura. **Il fenotipo è binario**, dunque può assumere solo due valori: 'lenta' o 'non lenta'.

8.2. Gli effetti fissi

Il modello applicato è un threshold model (modello soglia): esso crea una variabile continua di suscettibilità ad una certa caratteristica e stabilisce una soglia sulla scala di questa variabile. Appena la soglia viene raggiunta, il fenotipo (la lentezza in mungitura) si manifesta. Si considerano come effetti fissi la stagione di parto, identificata come calda o fredda, l'ordine di parto ed i giorni di lattazione (divisi in 7 classi). La produzione di grasso + proteine è inserita nel modello come regressione lineare: il rischio che una vacca venga registrata come lenta aumenta di un valore costante (coefficiente di regressione) per ogni grammo in più prodotto da essa rispetto alla media. Dipendendo la produzione dalla classe di giorni di lattazione, tale effetto è stato inserito in modo da avere **un coefficiente di regressione per ogni classe di giorni di lattazione**.

8.3. Effetti casuali

Si considera l'effetto delle **contemporanee**, ovvero la variabile allevamento-anno-semestre. Nel modello, tale variabile viene inserita come effetto casuale in quanto, disponendo di categorie di contemporanee aventi tutte osservazioni uguali (categorie estreme: considerare come effetto fisso tutte le vacche segnate come non lente, ad esempio, porterebbe all'ottenimento di stime distorte). Dal momento che si dispone di più misurazioni registrate nel tempo sulla stessa vacca, si considera l'effetto ambientale permanente dell'animale. Infine, a determinare il valore dei riproduttori è l'effetto genetico additivo dell'animale.

8.4. Espressione dell'indice

L'ereditabilità del carattere sulla scala di suscettibilità è pari al 27,5%. Il dato è espresso come valore genetico su una scala con media a 100 e deviazione standard uguale a 5: animali con indice superiore a 100 avranno meno figlie lente rispetto alla base genetica. Entrambi gli estremi, positivi (i tori con indice più alto) e negativi (quelli con indice più basso) sono da trattare con cautela. Quindi, se i tori con un basso indice mungibilità andranno protetti per questo carattere nel piano di accoppiamento, per quelli con indice molto elevato bisognerà controllare molto bene i valori degli altri indici, in particolare l'Indice Salute della mammella.

9. INDICE PER LA LONGEVITÀ - (FHL)

9.1. Dati

L'archivio generale delle lattazioni mette a disposizione una preziosa informazione: la carriera produttiva di tutte le vacche di razza Frisona sottoposte ai controlli funzionali. È noto, dunque, il numero di lattazioni che un animale ha prodotto prima di lasciare un'azienda, a che livello produttivo le sue produzioni si collocano rispetto alla media aziendale, ogni quanto abbia partorito etc. Nel tempo, è possibile osservare l'andamento delle aziende: alcune potrebbero risultare stabili, altre in via di chiusura, altre ancora in fase di ingrandimento. Tutti questi dati possono fornire delle indicazioni, se analizzati opportunamente, sulla dinamica di eliminazione degli animali dall'azienda. Accanto ad animali che hanno già concluso la loro carriera, vi sono gli animali che l'hanno appena cominciata.

9.2. Effetti ambientali

La produzione varia nel tempo, così come la situazione dell'animale all'interno dell' azienda. Alcuni fattori possono essere considerati stabili, in quanto non sottoposti a variazioni: fra questi vi è l'età al primo parto di un animale, che ne determina la capacità di sopravvivere nel tempo. Vi sono poi fattori variabili, come l'effetto dell'età per lo stadio di lattazione, il livello produttivo per il latte in kg entro l'anno (suddiviso in nove classi: quattro classi sotto media, medio, quattro classi sopra la media), il livello produttivo entro anno per il grasso percentuale (5 classi), il livello produttivo entro anno per la proteina percentuale (5 classi), le variazioni annuali di dimensione dell'allevamento e, infine, l'effetto anno-stagione, sul quale influiscono fattori estranei quali risanamenti, dinamiche di mercato (quote) o patologie che portano all'eliminazione straordinaria di alcuni animali.

9.3. Effetti casuali

Vengono considerati l'effetto del toro, del nonno materno e quello dell'allevamento-anno-stagione. Il modello utilizzato, basato sulle funzioni di sopravvivenza derivate dagli studi di medicina, si chiama analisi di sopravvivenza ed utilizza un sire-maternal grandsire model.

9.4. Indice combinato

L'attendibilità dell'indice di sopravvivenza dei tori, soprattutto per gli animali giovani (quelli aventi tutte le figlie ancora in produzione) è decisamente basso, poco più di un indice pedigree. Un indice di questo genere fornisce ancora poche informazioni sulla reale sopravvivenza delle figlie. Nonostante ciò, dalla valutazione morfologica di queste ultime è possibile ricavare un'informazione parziale sulla loro longevità: da qui nasce l'indice composto per la longevità, in cui gli indici di sopravvivenza, arti e piedi e mammella vengono combinati, tenendo conto della correlazione genetica esistente fra i diversi caratteri. In particolare, la correlazione tra mammella e longevità funzionale è pari a 0,48 e quella tra arti e piedi e longevità è pari a 0,14.

9.5. Espressione dell'indice

Vengono pubblicati esclusivamente gli indici dei tori aventi almeno il 50% di attendibilità. L'ereditabilità del carattere è pari all'10%. Il dato di longevità è espresso come valore genetico su scala con media a 100 e deviazione standard uguale a 5, come per gli altri caratteri funzionali. I valori minimo e massimo vanno da circa 80 a 120. I tori che producono figlie più longeve hanno valori superiori a 100.

9.6. Che cosa significa davvero

Il concetto di longevità funzionale non è semplice da spiegare: non è la longevità bruta che è possibile osservare in azienda, in quanto quest'ultima è legata al livello produttivo degli animali. Il concetto di longevità stesso è poi legato alla fertilità, alla salute dell'animale, etc. Tuttavia, tra la longevità funzionale (ossia il numero di lattazioni che gli animali sono in grado di realizzare nella loro carriera) e quella vera, vi è una relazione precisa. Per provare a quantificare la differenza reale esistente tra animali portatori di geni con effetti molto positivi e altri portatori di geni con effetti molto negativi sulla longevità delle figlie, sono stati analizzati più in dettaglio i dati dei tori con più di 200 figlie nati tra il 1980 e il 1988. Le differenze osservate sono riportate nella tabella seguente:

Tabella 9A. Relazione tra indice FHL e fenotipo

Livello genetico	Numero medio di lattazioni figlie	Numero medio di lattazioni figlie eliminate
Inferiore a 90	2,30	2,10
Intorno a 100	2,58	2,30
Superiore a 110	3,20	2,90

La differenza attesa è dunque pari ad una lattazione.

10. INDICE AGGREGATO PER LA FERTILITÀ - (IAF)

10.1. Dati

La fertilità è un carattere fondamentale nella Frisona Italiana, influenza direttamente produttività e redditività. La valutazione genetica si basa su modelli lineari misti che integrano dati su vacche e manze, tenendo conto sia della componente genetica sia di fattori ambientali e gestionali.
Le informazioni provengono da:

- Archivio fecondazioni, parti e diagnosi di gravidanza, filtrati per qualità dei dati (circa 20% esclusi, soprattutto prime fecondazioni dubbie).
- Archivio produzione di latte (controlli funzionali), usato per stimare la produzione delle vacche e creare classi di effetto produzione da inserire come effetto fisso.

Il dataset viene ulteriormente editato per:

- Standardizzare sincronizzazione e protocolli di inseminazione.
- Creare classi di età al parto e produzione.
- Creare fattori temporali: anno-mese parto e anno-mese fecondazione.

I protocolli di sincronizzazione sono considerati sia per vacche che per manze, con attenzione alla loro interazione con intervallo parto-primo intervento.

10.2. Effetti ambientali

Ognuno degli otto caratteri è influenzato da fattori ambientali differenti. È per questa ragione che ognuno di essi ha il suo modello statistico. Tutti i caratteri hanno un effetto ambientale comune che è l'effetto sincronizzazione che rappresenta una contrazione della variabilità dei caratteri di fertilità negli allevamenti in cui vengono utilizzanti, introducendo delle distorsioni nelle stime degli indici genetici.
I fattori fissi considerati per l'intervallo parto-prima fecondazione (DTFS- vacche) sono:

- L'allevamento-anno-stagione di parto,
- Protocollo sincronizzazione
- Interazione mese di parto*anno di parto,
- L'età al parto entro anno di parto;
- Produzione di latte

e per l'intervallo prima-ultima inseminazione (IFL-vacche) per il tasso di concepimento (CR1-vacche) si considerano:

- L'allevamento-anno-stagione di parto,
- Sincronizzazione
- Il mese di fecondazione-anno di fecondazione,
- Interazione mese di parto*anno di parto,
- L'età al parto entro anno di parto;

i fattori ambientali considerati per il BCS sono gli stessi che utilizziamo per la valutazione di tutti i caratteri morfologici:

- allevamento-anno di valutazione e turno di valutazione,
- età al parto-stadio di lattazione,
- anno di parto;

Età alla prima inseminazione (per le manze) sono:
- azienda-anno di nascita-stagione,
- sincronizzazione;

Intervallo prima-ultima inseminazione (manze) e il **tasso di concepimento** (manze) si considerano:
- azienda-anno di nascita-stagione di nascita,
- anno di inseminazione-stagione di inseminazione
- sincronizzazione.

In tutti i modelli per effetti casuali è considerato l'effetto dell'animale, tenendo dunque conto contemporaneamente del livello genetico dei tori, delle vacche e di tutti gli antenati conosciuti. È un modello animale a caratteri multipli.

10.3. Indice combinato

Alla fine del calcolo si ottengono otto indici. L'obiettivo per cui vogliamo utilizzare questi indici è quello di migliorare in generale la fertilità. Per fare questo in modo semplice e chiaro è stato scelto di migliorare il tasso di concepimento al primo servizio. Questa caratteristica genetica è legata a tutti gli otto caratteri impiegati, combinati nell'indice finale in modo tale da ottimizzare il risultato. Gli indici stimati per vacche e manze vengono combinati per creare l'IAF (Indice Aggregato di Fertilità): 90% basato sulle vacche e 10% basato sulle manze.
A ciascun carattere viene data una propria importanza, secondo quanto segue:

Tabella 10A. Indice IAF per le vacche:

Carattere	Correlazione genetica con Tasso di concepimento	Importanza relativa nell'indice, %
Parto-prima INS	-0,30	16
Tasso Non Ritorno 56gg	0,77	13
Intervallo prima-ultima INS (IFL)	-0,89	55
Latte EVM	-0,29	9

Tabella 10B. Indice IAF per le manze:

Carattere	Correlazione genetica con Tasso di concepimento	Importanza relativa nell'indice %
Età alla prima inseminazione	-0,06	10
Tasso di concepimento	0,67	43
Intervallo prima-ultima INS (IFH)	-0,73	47

10.4. Espressione dell'indice

Vengono pubblicati soltanto gli indici dei tori aventi almeno il 50% di attendibilità. L'ereditabilità dei singoli caratteri varia dal 2 al 26%. Il dato di fertilità è espresso

come valore genetico (IAF) su scala con media a 100 e deviazione standard uguale a 5 come per gli altri caratteri funzionali. I valori minimo e massimo vanno da circa 80 a 120. I tori che danno figlie più fertili hanno valori superiori a 100.

10.5. Che cosa significa davvero

Nonostante l'ereditabilità bassa, soprattutto per i caratteri diretti, la variabilità genetica fra gli animali è elevatissima. Nei soli tori rank 95 per PFT troviamo animali che hanno indice 85 e altri che arrivano a 110. Ogni deviazione standard (che è uguale a un 5 sulla scala dell'indice) in positivo vale, per le vacche: +5% di tasso di concepimento, -11 giorni sull'intervallo tra prima e ultima inseminazione, -3 giorni sull'intervallo parto-prima inseminazione e +3% di tasso di non ritorno a 56 giorni; mentre per le manze: +2% di tasso di concepimento, -1,45 giorni sull'intervallo tra prima e ultima inseminazione, +0,1 mesi di età alla prima inseminazione e +2% di tasso di non ritorno a 56 giorni.

Tabella 10C. Le differenze osservate tra i tori migliori e peggiori per le vacche

Vacche	**Media Fenotipica Figlie**		
Livello genetico Toro	**IFL**	**Intervallo parto 1ª inseminazione**	**Tasso di concepimento**
Inferiore a 95	86,81	89,24	54%
Tra 95 e 105	73,14	87,27	57%
Superiore a 105	62,05	84,72	60%

Tabella 10D. Le differenze osservate tra i tori migliori e peggiori per le manze

Manze	**Media Fenotipica Figlie**		
Livello genetico Toro	**IFH**	**Età alla 1ª inseminazione**	**Tasso di concepimento**
Inferiore a 95	29,80	17,1	58%
Tra 95 e 105	27,32	17,2	60%
Superiore a 105	25,87	17,3	62%

11. INDICATORE FERTILITÀ MASCHILE - (BFE)

11.1. Dati

Per il calcolo di questo indicatore della fertilità maschile vengono utilizzati i dati presenti nella banca data ANAFIBJ, sul tasso di non ritorno a 56 giorni (NR56), a partire dal 2006 queste informazioni sono disponibili per tutte le vacche in lattazione. Sulla base di queste informazioni è stato possibile calcolare la percentuale del tasso di non ritorno per tutti i tori di servizio. I dati utilizzati prendono in considerazione le inseminazioni degli ultimi 5 anni e i tori con età superiore ai 15 mesi. In questo modo vengono utilizzate le informazioni più utili e recenti, evitando così alterazioni nel risultato finale.

11.2. Effetti ambientali

È stato definito un modello di analisi per calcolare questo indicatore: sulla base di modelli presenti in bibliografia, sono stati fatti degli aggiustamenti che prendono in considerazione aspetti legati all'età del toro e la sua provenienza, considerando nello specifico lo stato del toro (genomico, progenie, provato) e il centro di F.A. che produce il seme, nonché aspetti legati alla fertilità delle vacche, come l'intervallo tra il parto e il concepimento (espresso come classi di days-open), l'energia spesa nella produzione di latte (EVM) e l'ordine di parto. Gli animali vengono confrontati tra loro a parità di anno-azienda-giorno di inseminazione, permettendo di tenere conto contemporaneamente di tutti gli effetti gestionali interni ad ogni allevamento.

11.3. Effetti casuali

Vengono considerati come effetti casuali l'effetto del toro e l'effetto ambientale permanente della vacca.

11.4. Espressione dell'indicatore

L'indicatore del BFE viene espresso su scala 100 e deviazione standard a 5, come per gli altri caratteri funzionali. I tori con indice superiore a 100 risulteranno più fertili. Con questo indicatore si vogliono individuare i tori più fertili e quelli meno fertili rispetto alla media della popolazione. Tale indicatore sarà disponibile per tutti i tori italiani ed esteri utilizzati in Italia e con almeno 80% di attendibilità.

12. INDICE PER L'ETÀ AL PRIMO PARTO - (AFC)

12.1. Dati

Per il calcolo di questo indice vengono impiegati i dati presenti nella banca dati ANAFIBJ, nello specifico quelli inerenti all'età al primo parto relativa a tutte le bovine nate dal 1993, con età al primo parto tra i 18 e i 35 mesi. Per ogni animale si utilizza una sola valutazione.

12.2. Effetti ambientali

Vengono considerati nel modello l'interazione tra allevamento-anno-stagione di nascita: questo permette di tenere conto contemporaneamente di tutti gli effetti gestionali interni ad ogni allevamento, dell'anno e della stagione di nascita. Le stagioni considerate sono due, in modo da tenere i gruppi omogenei. L'altro effetto inserito nel modello è la lunghezza di gestazione in classi.

12.3. Effetti casuali

L'unico effetto casuale di cui si tiene conto è quello dell'animale. Si tengono in considerazione tutte le relazioni di parentela esistenti tra gli animali della popolazione; ciò permette di stimare il valore genetico di tutti gli animali e di tenere conto degli accoppiamenti preferenziali e correttivi.

12.4. Espressione degli indici

Lo zero degli indici è il livello genetico degli animali nati nel 2018-2020, ovvero la base genetica per cui valgono le stesse regole dei caratteri produttivi. L'indice relativo all'età al primo parto viene espresso su scala 100 e deviazione standard 5, come per gli altri caratteri funzionali. I tori superiori a 100 trasmetteranno un'età al primo parto anticipata rispetto alla media della base genetica. L'indice viene pubblicato nel momento in cui il toro ha un'attendibilità minima del 50% e almeno 30 figlie in 30 allevamenti.

Tabella 12A. Parametri indice Età al primo parto (AFC)

Carattere	Ereditabilità	Media fenotipica	Dev. standard fenotipica
Età al primo parto	0,038	26,88	0,92

13. INDICE PER L'EFFICIENZA AZOTATA

13.1. Dati

È un indice composto da due caratteri: urea % (nel peso di 0,56) e proteina % (nel peso di 0,44). Per il calcolo di questo indice vengono utilizzati i controlli funzionali a partire dal 2017. L'obiettivo è quello di ottenere la massima efficienza azotata, intesa come massimo output di proteina nel latte ma al contempo minimo di urea.

13.2. Effetti ambientali

Vengono considerati nel modello i giorni di lattazione (DIM, tra 5 e 305 giorni), l'ordine di parto dell'animale (da 1 a 3), il gruppo di contemporanee individuate come azienda-giorno del controllo, l'età in mesi entro ordine di parto e l'interazione tra DIM e ordine di parto.

13.3. Effetti casuali

Come effetti casuali si tengono in considerazione l'effetto ambientale permanente e l'animale, tenendo conto del livello genetico dei tori, delle e vacche e di tutti gli antenati conosciuti. È un modello animale a ripetibilità.

13.4. Espressione degli indici

Lo zero degli indici è il livello genetico degli animali nati nel 2018-2020, ovvero la base genetica per cui valgono le stesse regole dei caratteri produttivi. L'indice relativo all'efficienza azotata viene espresso su scala 100 e deviazione standard 5, come per gli altri caratteri funzionali. I tori superiori a 100 trasmetteranno alle figlie mediamente 2 mg/dL di urea in meno nel latte. L'indice viene pubblicato nel momento in cui il toro ha un'attendibilità minima del 50% e almeno 20 figlie in 20 allevamenti. Presenta un'ereditabilità di 17,7%.

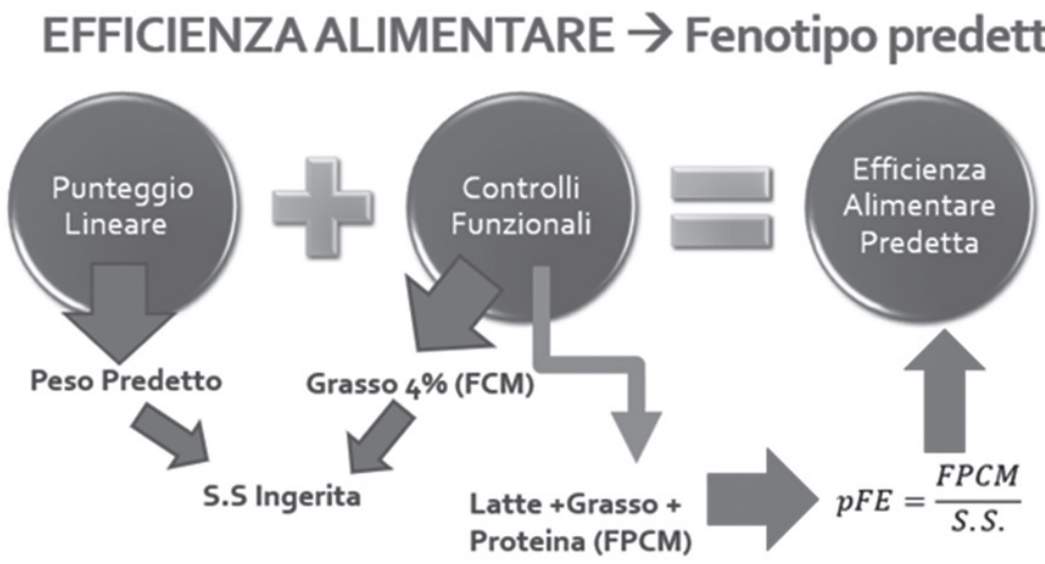
14. INDICE EFFICIENZA ALIMENTARE PREDETTO - (PFE)

Uno dei caratteri maggiormente studiati, negli ultimi anni, è il carattere "Efficienza alimentare". Carattere definito come il quantitativo di latte prodotto per quantità di sostanza secca ingerita. L'utilizzo di questo carattere ha dei vantaggi: 1) per gli allevatori perché un animale efficiente riduce i costi di alimentazione, che rappresentano una delle voci più pesanti nella gestione di un allevamento; 2) per l'ambiente, un animale efficiente riduce le emissioni di gas ad effetto serra nell'ambiente.
Il fabbisogno alimentare di una vacca da latte è suddividibile in due componenti: l'alimento che l'animale utilizza per il suo mantenimento e quello che l'animale richiede per la produzione di latte. Quindi l'obiettivo è quello di selezionare per animali che trasformano l'alimento in maniera efficiente in prodotto latte. Per arrivare ad avere un'informazione relativa all'efficienza alimentare il carattere al quale fare riferimento è "ingestione di alimento". Mettere a punto un programma di selezione per questo carattere non è sicuramente semplice. Ci sono due strade 1) rilevare il dato direttamente 2) usare dei caratteri correlati con il nostro obiettivo.

14.1. Dati

Il lavoro svolto è stato suddiviso in tre fasi, come riportato nella figura sottostante:

1. Stima del peso vivo delle vacche in un determinato momento della lattazione
2. Stima di coefficienti in base allo stadio di lattazione e all'ordine di parto
3. Stima delle componenti genetiche per il carattere "efficienza alimentare" e messa a punto di una valutazione genetica per la stima di un indice genetico.



- **Peso predetto**: Età vacca alla punteggiatura (±30 g da CF), Statura, Profondità, Larghezza Groppa e Forza Anteriore (Finocchiaro et al., 2017)
- **FCM**(4%), **S.S. (sostanza secca)**: Nutrient Requirement for Dairy Cattle, 2001
- **FPCM**: latte, grasso%, proteina% (Sjaunja et al., 1990)
- **Efficienza Alimentare**: FPCM/S.S.

14.2. Effetti ambientali

Il modello è un modello animale a ripetibilità dove gli effetti fissi sono il gruppo di contemporanee individuato nell'interazione allevamento-giorno del controllo, e poi gli altri effetti stadio di lattazione in classi - ordine di parto, età al parto (entro parto)-anno di parto.

14.3. Effetti casuali

Come effetti casuali si tengono in considerazione l'effetto ambientale permanente e l'animale, tenendo conto del livello genetico dei tori, delle e vacche e di tutti gli antenati conosciuti. È un modello animale a ripetibilità.

14.4. Espressione degli indici

L'indice relativo viene espresso su scala 100 e deviazione standard 5, come per gli altri caratteri funzionali. L'indice presenta un'ereditabilità di 0,32.

Quale è la vacca più efficiente?

Per riuscire a capire cosa significa veramente questo "carattere" abbiamo selezionato tori che avessero un minimo di 800 figlie. Questo gruppo di tori è stato diviso in tre sottogruppi (Tabella 14A): 1) indice pFE >105; 2) indice pFE compreso tra 95 e 105; 3) indice pFE <95.

Tabella 14A: Livello genetico dei tori e media fenotipica delle figlie

Livello genetico toro	Media fenotipica delle figlie
>105	1,32
95-105	1,27
<105	1,21

Sono stati considerati due parametri fissi, il costo di un 1 kg di latte pari a 0,40 euro e il costo di 1 kg di sostanza secca (S.S.) pari a 0,28 euro. Sono state messe a confronto due vacche con la stessa ingestione di sostanza secca (23,62 kg/giorno). Considerando come è definito il carattere efficienza alimentare, cioè come rapporto tra energia prodotta per ogni kg di sostanza secca ingerita, la tabella 14B evidenzia le differenze tra una vacca efficiente e una vacca non efficiente a parità di sostanza secca ingerita. La differenza tra le due in un giorno è pari a poco più di 1 euro, ma se moltiplichiamo questo valore per 305 giorni di lattazione questo diventa oltre i 315,00 euro per una sola vacca.

Tabella 14B

	Latte (kg/g)	S. S. (kg/g)	Latte (euro/g)	SS (euro/g)	Profitto
Vacca efficiente	31,18	23,62	12,47	6,61	5,86
Vacca non efficiente	28,58	23,62	11,43	6,61	4,82
			DIFFERENZA	→ → →	+ 1,04 EURO

15. INDICE METANO ENTERICO PREDETTO - (pCH4)

L'allevamento, in particolare quello dei ruminanti, è indirettamente responsabile delle emissioni di gas serra (GHG) a causa della fermentazione enterica. Inoltre, il settore zootecnico contribuisce alle emissioni di GHG tramite attività collegate alla produzione dei mangimi, alla gestione e allo stoccaggio del letame, all'uso di fertilizzanti azotati, al consumo di combustibili fossili e alla deforestazione. Studi scientifici hanno dimostrato che le emissioni di metano (CH4) e di anidride carbonica (CO2) sono ereditabili, aprendo la possibilità di applicare la selezione genetica per la loro riduzione. L'obiettivo è fornire agli allevatori uno strumento per selezionare animali con minore impatto ambientale.

La raccolta di dati individuali è fondamentale, ma comporta costi economici e di lavoro non trascurabili. Per superare queste limitazioni, è in corso una collaborazione internazionale per raccogliere dati sulle emissioni di GHG misurate direttamente nelle bovine da latte.

15.1. Dati

Per impostare un programma di selezione volto a ridurre le emissioni di metano, ANAFIBJ ha sviluppato un indice genetico predetto per le emissioni di metano, basandosi su formule presenti in bibliografia. Grazie ai dati disponibili nel sistema nazionale di controllo del latte, è possibile derivare dei caratteri utili. Per la stima del fenotipo "emissione di metano" si utilizzano dati provenienti dal sistema di raccolta nazionale, sia dati relativi alla morfologia sia dati dei controlli funzionali. Successivamente per stimare la produzione giornaliera di metano enterico (Mj/d) si utilizza una formula (Ellis et al 2007):

$$pCH4\ (Mj/d) = 3{,}23+0{,}089*\text{Sostanza secca ingerita predetta}$$

15.2. Effetti ambientali

Per questo carattere si utilizza un modello test-day a ripetibilità dove gli effetti fissi inseriti nel modello sono il gruppo di contemporanee individuato nell'interazione allevamento - giorno del controllo, e poi gli altri effetti stadio di lattazione in classi - ordine di parto, età al parto (entro parto) - anno di parto.

15.3. Effetti casuali

Come effetti casuali si tengono in considerazione l'effetto ambientale permanente e l'animale, tenendo conto del livello genetico dei tori, delle e vacche e di tutti gli antenati conosciuti. È un modello animale a ripetibilità.

15.4. Espressione degli indici

L'indice relativo viene espresso su scala 100 e deviazione standard 5, come per gli altri caratteri funzionali. L'indice presenta un'ereditabilità di 0,21.

16. INDICE STRESS DA CALDO - (IHT)

16.1. Dati

L'obiettivo è quello di stimare la componente genetica responsabile della tolleranza al caldo negli animali, identificando l'ambiente e la sua interazione con l'animale (interazione genotipo *ambiente).
Con l'indicatore bio-climatico THI (indicatore temperatura e umidità relativa giornaliera), la procedura permette di stimare, a partire dai fenotipi rilevati, il merito genetico degli individui. Come per tutti i processi di valutazione genetica, è necessario disporre di numerosi dati per potere garantire una stima accurata.
Quelli inerenti al THI derivano dalle stazioni meteorologiche, dislocate in numerose aree del territorio nazionale. ANAFIBJ ha georeferenziato 147 stazioni metereologiche, come pure per tutti gli allevamenti, considerando le specifiche latitudini e longitudini. Ciò ha consentito di calcolare la distanza tra ciascuna stazione meteo e ciascun allevamento. Per ogni allevamento sono state considerate le stazioni meteo più vicine, aggiungendo a tutti i controlli funzionali in azienda le informazioni meteorologiche. Per la stima del THI si utilizzano la temperatura massima giornaliera e l'umidità relativa giornaliera. La media dei 7 giorni precedenti il controllo funzionale (1-7d) rappresenta il periodo con maggiore effetto sulle produzioni di latte.

Tabella 16A: Cinque caratteri studiati come interazione Animale*THI e i livelli soglia per carattere

Carattere	Livello Soglia
Latte (kg/d)	70
Proteina (Kg/d)	59
Grasso (Kg/d)	52
Proteina (%/d)	55
Grasso (%/d)	52

16.2. Effetti ambientali

Il modello riporta i seguenti effetti fissi: interazione anno di parto *stagione di parto, l'interazione stadio di lattazione (DIM 5-305 giorni in classi di 10 giorni) *ordine di parto (1 - 3) *anno di parto e il gruppo di contemporanee individuate come allevamento-anno stagione di controllo (4 stagioni).

16.3. Effetti casuali

Fra gli effetti casuali si considera l'effetto genetico additivo generale dell'animale, nonché l'effetto genetico additivo in presenza di stress da caldo. Questo ultimo è dato dall'interazione fra l'animale e il THI e rappresenta l'effetto genetico additivo della tolleranza al caldo (HT) per la vacca.

16.4. Espressione degli indici

L'indice per la tolleranza al caldo IHT viene espresso su scala 100 e deviazione standard 5, come per gli altri caratteri funzionali. Valori superiori alla media si riferiscono ad individui che trasmettono una maggiore tolleranza al caldo alla progenie. La tabella 16B evidenzia due elementi fondamentali:

Tabella 16B. Stima parametri genetici per la tolleranza al calore (HT).

Carattere	Effetto Genetico animale *THI	Effetto ambientale *THI	Ereditabilità
Latte (kg/d)	-0,51	-0,40	0,16
Proteina (kg/d)	-0,48	-0,47	0,13
Grasso (Kg/d)	-0,42	-0,54	0,12
Proteina (%/d)	-0,43	-0,51	0,37
Grasso (%/d)	-0,5	-0,54	0,26

Esempio: Sono stati identificati due gruppi di tori con oltre mille figlie:

- tori con media indici HT uguale o superiore a 105
- tori con media indice HT uguale o inferiore a 95.

In questi due gruppi sono state identificate due stagioni di produzione: "estate" e "inverno".

- nel gruppo TOP (HT ≥ 105) è stata rilevata una differenza di produzione tra estate e inverno pari a -2,7 kg/d;
- nel gruppo LOW (HT ≤ 95) la differenza di produzione tra estate e inverno risulta pari a -3,6 kg/d.

Si riscontra tra i due gruppi una differenza di circa 1 kg di latte, ad indicare la possibilità di distinguere in modo corretto, attraverso l'indice HT, gli animali più resistenti da quelli più suscettibili, che presentano un calo di produzione maggiore.

17. INDICE GEMELLARITÀ - (TWI)

17.1. Dati

L'analisi si basa su dati riproduttivi della vacca, considerando come unità il singolo parto. Il carattere studiato è la gemellarità (twinning), codificata come variabile discreta (0 = parto singolo, 1 = gemellare). Il dataset integra informazioni da registri di parto, inseminazioni, lunghezza della gestazione e pedigree. Sono disponibili dati su animale, genitori, date, allevamento, ordine di parto e stadio della lattazione al concepimento. Prima dell'analisi viene effettuato un accurato editing: si eliminano osservazioni non plausibili (età al parto, durata gestazione, intervalli parto–concepimento) e livelli con poche osservazioni, per garantire stime robuste.

17.2. Effetti ambientali

Gli effetti fissi correggono il fenotipo per fonti sistematiche non genetiche:

- Anno-mese di concepimento: cattura stagionalità e trend temporali.
- Allevamento al concepimento: rappresenta differenze gestionali tra aziende.
- Ordine di parto × età al concepimento × anno: descrive l'evoluzione della fertilità lungo la carriera della vacca e nel tempo.
- Giorni di lattazione al concepimento: modellano lo stadio fisiologico della lattazione.
- Sincronizzazione: indica l'uso di protocolli riproduttivi che possono influenzare la gemellarità.

17.3. Effetti casuali

- Effetto genetico additivo (G): valore genetico dell'animale, stimato tramite pedigree.
- Ambiente permanente (PE): tiene conto delle misure ripetute sulla stessa vacca.
- Gruppo contemporaneo: allevamento-anno di concepimento, identifica condizioni ambientali condivise.
- Residuo (e): variabilità non spiegata.

Il modello è un modello animale lineare misto a ripetibilità.

17.4. Espressione dell'indice

L'indice finale ha media 100 e deviazione standard 5:

- valori >100 → maggiore predisposizione genetica alla gemellarità
- valori <100 → minore predisposizione

Questa scala facilita l'interpretazione e l'utilizzo pratico nella selezione genetica.

18. INDICE CHETOSI SUBCLINICA - (BHB)

18.1. Dati

L'indice di selezione contro la chetosi subclinica per la Frisona è un indice funzionale pubblicato per la prima volta ad Aprile 2024, in seguito all'approvazione a Ottobre 2023 da parte della CTC. Il suo obiettivo è di selezionare soggetti che abbiano una minore predisposizione a sviluppare chetosi subclinica nel post parto. Infatti, questo indice si basa sul BHB (β-idrossibutirrato): esso è corpo un chetonico derivante da un bilancio energetico negativo nelle prime settimane di lattazione, che se non controllato può contribuire all'insorgere di chetosi.

E' un modello trivariato a ripetibilità, che utilizza i dati dei controlli funzionali dei primi 90 giorni delle prime 3 lattazioni, più i dati delle rilevazioni biometriche: il BHB, il rapporto grasso/proteina e il BCS.

18.2. Effetti ambientali

Gli effetti fissi correggono il fenotipo per fonti sistematiche non genetiche: azienda-giorno di controllo, interazione tra la settimana di lattazione e l'ordine parto, e la classe età al parto-ordine parto-anno parto.

18.3. Effetti casuali

Sono stati inseriti l'effetto dell'animale, e dell'ambiente permanente (necessario in quanto tiene conto delle misure ripetute sulla stessa vacca).

18.4. Espressione dell'indice

L'indice finale ha media 100 e deviazione standard 5: valori superiori alla media identificano tori che generano una progenie meno suscettibile a sviluppare chetosi subclinica.

Dal confronto delle medie fenotipiche delle figlie dei tori, nella coorte di figlie con padri alti a indice, vi è circa un 2% in meno di chetosi sospette, con circa 0,012 mmol/L di BHB in meno nel latte.

19. VALUTAZIONE GENOMICA

Da dicembre 2011 la genomica è diventata uno degli strumenti selettivi al servizio degli allevatori della Frisona Italiana. Sino ad oggi gli strumenti utilizzati per stimare il valore genetico degli animali da reddito si basavano su 2 tipi di informazioni:
a. dati fenotipici (risultati progenie)
b. anagrafica (padre, madre e progenie)

Con l'avvento di nuove tecnologie di analisi del DNA è ora possibile "conoscere", per ogni animale, una parte dei suoi geni (genotipo), stimarne il valore e calcolare un ***indice genomico***.

Questa nuova metodologia permette di:

1. Stimare con un'attendibilità maggiore, rispetto ad un indice pedigree, il valore genetico di un animale giovane
2. Ridurre l'intervallo di generazione
3. Massimizzare la scelta dei torelli da inviare alle prove di progenie e/o da utilizzare come padri e madri
4. Aumentare l'attendibilità dei tori in prova quando il numero di figlie è limitato
5. Selezionare le migliori vitelle per la rimonta

Il calcolo di un indice genomico è basato in sintesi su:

1. Genotipizzazione dei singoli animali
2. Raccolta fenotipi (indici genetici tradizionali – EBV)
3. Stima valore dei singoli marcatori (SNP) che compongono il genotipo
4. Calcolo indice genomico diretto (DGV) e complessivo (GEBV).

ANAFIBJ è ufficialmente accreditata a livello internazionale dall'ICAR, per la verifica dei genitori. Inoltre, ANAFIBJ partecipa al progetto Interbull GenoEX-PSE, in base al quale vengono scambiati i marcatori di parentela in modo da poter verificare le progenie provenienti da tori esteri.

19.1. Valutazione Genomica

A dicembre 2025 sono stati inseriti e gestiti dal sistema di calcolo un totale di 59 DNA chips. La tabella 19A mostra l'aumento del numero di marcatori e del numero di animali nella valutazione genomica.

Tabella 19A: Incremento del numero di animali e marcatori nella valutazione genomica

Mese	SNP imputazione	SNP valutazione	Animali
novembre 2016	60131	44219	178702
dicembre 2017	72175 (+20%)	52258 (+18%)	210459 (+18%)
dicembre 2018	83848 (+16%)	68003 (+30%)	244761 (+16%)
dicembre 2019	84166 (+0%)	68030 (+0%)	292408 (+19%)
settembre 2020	84660 (+1%)	68078 (+0%)	339103 (+16%)
dicembre 2021	87054 (+3%)	68756 (+1%)	422068 (+24%)
dicembre 2022	88065 (+1%)	70012 (+2%)	488085 (+16%)
dicembre 2023	88068 (+0%)	70012 (+0%)	573132 (+17%)
dicembre 2024	88068 (+0%)	70012 (+0%)	659219 (+15%)

La tabella 19B mostra il totale dei caratteri inclusi nella valutazione genomica
Durante l'anno 2025 abbiamo aggiunto i seguenti indici:

- Singoli: indici tolleranza al caldo (latte, grasso e proteina (kg e %)) e anche il metano enterico predetto.
- Composti: Qualità casearia, tolleranza al caldo

Tabella 19B: Totale dei caratteri inclusi nella valutazione genomica

Caratteri	DGV	GEBV
Produzione	5	5
Cellule	1	1
Persistenza	1	1
Morfologia	20	20
Longevità	2	2
Fertilità	6	6
Difficoltà parto	2	2
Lunghezza gestazione	2	2
Natimortalità	2	2
Mungibilità	1	1
Mastite	1	1
Efficienza Alimentare	1	1
Metano enterico	1	1
Tolleranza Caldo	5	5
Età al primo parto	1	1
Coagulazione del latte	4	4
Efficienza azotata	1	1
Chetosi	1	1
Indice gemellarità	1	1
Composti	13	13
Totale	71	71

Nel corso del 2025 non sono stati scoperti nuovi aplotipi e fattori genetici. Pertanto non sono state necessarie nuove aggiunte. La tabella 19C mostra i test genomici diretti (fattori) e gli aplotipi estratti nelle analisi del DNA.

Tabella 19C: Numero di fattori genetici e aplotipi per soggetto nella valutazione genomica

Caratteri	Fattori	Aplotipi	Entrambi
Lattoproteine	17	0	0
Mantello	7	3	3
Polled (senza corna)	2	1	1
Difetti	47	15	13
Totale	73	19	17

19.2. Dati

I dati utilizzati per la stima degli effetti dei marcatori si riferiscono sia ai genotipi dei tori che ai loro indici genetici tradizionali (EBV), utilizzati come fenotipo di partenza per la stima degli effetti dei singoli marcatori. Per quanto riguarda i genotipi, questi sono stati raccolti attraverso la collaborazione di ANAFIBJ con 2 progetti di ricerca (SelMol e Prozoo), un accordo di collaborazione con i centri di F.A. italiani, scambi di materiale con alcuni paesi Europei (Irlanda e Svizzera) e con un accordo internazionale siglato con il Nord America, con l'Inghilterra e con la Svizzera. Molti altri hanno fornito anche genotipi. In totale sono ora disponibili oltre 800 mila animali con genotipi.

Va ricordato, inoltre, che il numero di animali genotipizzati è in continuo aumento, in quanto i vari centri di F.A. e allevatori continuano a raccogliere campioni dai vitelli, al fine di pre-selezionare i migliori.

19.3. Modello statistico

Per poter calcolare un indice genomico è necessario stimare il valore dei singoli marcatori (attualmente oltre 68 mila) che compongono il genotipo di un animale. Questa stima presuppone l'utilizzo di un modello matematico che partendo dagli indici tradizionali di un gruppo di tori ad alta attendibilità (tori provati) fornisca delle equazioni di stima basate appunto sui marcatori individuali. Queste equazioni potranno essere utilizzate per calcolare il valore genomico degli animali giovani o senza progenie. Schematicamente il processo di stima può essere cosi riassunto:

1. pulizia dei dati in entrata (controllo sesso, call rate, genitori)
2. identificazione popolazione di riferimento (tori provati)
3. stima effetti marcatori utilizzando EBV tradizionali della popolazione di riferimento
4. calcolo indice genomico per tutti gli animali

Il modello utilizzato in ANAFIBJ per la stima degli effetti include non solo i 68 mila marcatori che si ottengono dopo le iniziali operazioni di editing (pulizia), ma anche un effetto cosi detto "poligenico", inserito nel modello attraverso le informazioni di parentela degli animali. La parte della variabilità non spiegata dai marcatori genetici può essere "recuperata" incorporando le parentele tra gli animali nel modello:

$$DGV = Marcatori + Parentela\ Classica + errore$$

19.4. Indice Genomico dei tori

Una volta ottenuto il valore dei singoli marcatori è possibile calcolare un indice genomico diretto, sia per i tori con figlie che per quelli senza (tori giovani). Nel caso dei tori con figlie, l'informazione genomica diretta è combinata con l'indice tradizionale in modo da aumentarne l'attendibilità. Il risultato finale è il GEBV. Il peso delle due informazioni (genomico diretto e EBV tradizionale) dipende dal numero di figlie disponibili; all'aumentare del numero di figlie, diminuisce il peso dell'indice genomico diretto.

Nel caso dei tori giovani (un toro giovane non ha figlie, quindi non è disponibile un indice tradizionale), viene utilizzato l'indice genomico diretto (DGV), il quale è ottenuto direttamente dal modello senza combinarlo con altre informazioni.

19.5. Indice Genomico delle femmine

Lo stesso approccio della genomica maschile si può applicare anche alla selezione femminile. Possono essere calcolati gli indici genomici di tutti i caratteri eccetto la facilità di parto, la mastite e la mungibilità. Per gli animali giovani, dei quali non si hanno a disposizione informazioni sulle loro performance o sulla loro progenie, viene sempre usato solamente l'indice calcolato con l'analisi del DNA (DGV). Nel caso delle vacche che hanno informazioni sulle loro performance (lattazioni, punteggi ecc...) il loro indice tradizionale (IGV) non é basato solo sul pedigree ma anche su loro fenotipo. Per questo nel calcolare l'indice genomico si combinano l'indice tradizionale (IGV) e quello calcolato con l'analisi del DNA (DGV). Il peso dell'indice tradizionale IGV nell'indice genomico dipende dalla sua attendibilità (e quindi dal numero di lattazioni) ma è comunque inferiore rispetto a quanto accade con i tori provati. Infatti gli indici convenzionali delle vacche hanno meno informazioni rispetto ai tori provati, per cui l'attendibilità, e quindi il peso è molto più basso. In pratica mentre per i tori provati il loro indice genomico è simile a quello calcolato con le figlie, nelle vacche si riscontrano maggiori differenze tra il loro IGV e l'indice genomico. Per gli animali giovani, di cui non sono disponibili informazioni sulle loro prestazioni o sulla loro progenie, viene utilizzato l'indice genomico diretto (DGV).

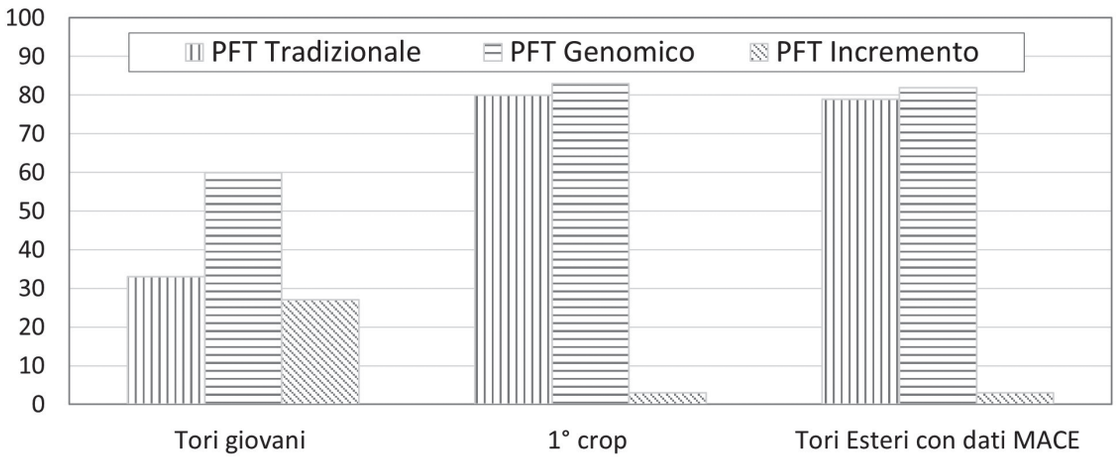
Tabella 19E. Riassunto informazione negli indici

Indici	Tori Provati	Torelli/Manze/Vitelli	Vacche
Indice Tradizionale (IGT/IGV)	Pedigree + Fenotipi figli	Pedigree	Pedigree + Fenotipo
Indici Genomico Diretto (DGV)	DNA + Pedigree	DNA + Pedigree	DNA + Pedigree
Indice Genomico (GEBV)	DGV & IGT	DGV	DGV & IGV

19.6. Attendibilità

Uno dei più grossi vantaggi della valutazione genomica risiede nella maggiore attendibilità degli indici ottenuti, soprattutto nel caso dei tori senza figlie. Se un toro giovane viene valutato solo attraverso un indice pedigree, la sua attendibilità supera raramente il 35%. Attraverso l'uso della genomica è possibile ottenere degli indici con attendibilità intorno al 65-70%, circa il doppio rispetto a quella ottenuta con il metodo classico. Lo stesso ragionamento vale anche per le femmine, gli indici genomici hanno un'attendibilità tra 60 e 70% per diversi caratteri. Ciò significa che una manza appena nata con l'analisi del DNA ha circa la stessa attendibilità di una vacca con 3 lattazioni. Questo forte aumento di attendibilità, rispetto all'indice pedigree tradizionale che ha circa il 30% di attendibilità, dovrebbe spingere ad utilizzare maggiormente il numero di manze utilizzate come potenziali madri di toro. Nella figura 19F si può osservare, per l'indice di selezione nazionale (PFT), la differenza di attendibilità ottenuta con la valutazione tradizionale e quella genomica sia per i tori provati (Italiani od esteri) che per quelli giovani.

Figura 19F. Attendibilità Tradizionale e Genomica. Indice di selezione nazionale (PFT) sia per tori provati che per quelli giovani.

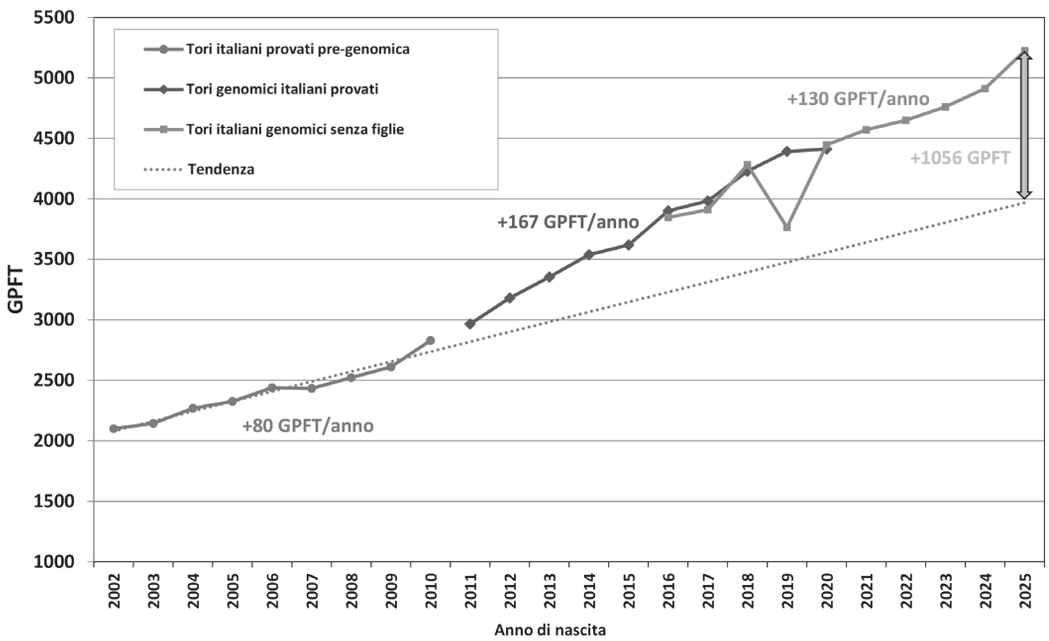


Nel caso dei tori giovani l'incremento medio per il PFT è di circa il 25%, mentre per i tori provati l'incremento è più ridotto. Questo è un risultato atteso perché sta ad indicare che per i tori con figlie, la genomica aggiunge poco: sono le figlie che forniscono i dati per la stima.

19.7. Trend Genetico

Il trend del GPFT negli ultimi anni ha avuto un incremento notevole; nel grafico del GPFT si nota facilmente come l'incremento annuale del GPFT dal 2009 al 2025 sia decisamente superiore a quello del periodo pre-genomica.

Figura 19G. Il Trend genetico per GPFT. L'impatto della genomica sul programma di selezione, trend genetico del GPFT per i tori provati e per i giovani tori.



I tori provati nati fino al 2009 erano selezionati senza l'uso della genomica, mentre già nel 2010 la genomica inizia ad avere un impatto sul sistema. Una linea di tendenza tratteggiata (rossa) è riportata per evidenziare quale sarebbe stato il trend genetico senza l'introduzione della genomica. Se guardiamo al periodo 2009-2020 si può notare:

- I tori provati nati fino al 2009 erano selezionati senza l'uso della genomica, mentre già nel 2010 la genomica inizia ad avere un impatto sul sistema. Una linea di tendenza tratteggiata (rossa) è riportata per evidenziare quale sarebbe stato il trend genetico senza l'introduzione della genomica. Se guardiamo al periodo 2009-2025 si può notare:
- La linea di tendenza tratteggiata in rosso mostra un progresso genetico di 90 punti all'anno;
- La linea blu indica tori genomici con figlie, che confermano che la genomica ha soddisfatto le sue promesse con risultati eccellenti;
- Nel periodo con l'uso della genomica vediamo un progresso genetico di 165 punti all'anno.

19.8. Aplotipi e Fattori Genetici

La genomica è in continua evoluzione e di continuo vengono aggiunti nuovi DNA chip, potendo così identificare disordini genetici e/o caratteri di interesse zootecnico non ancora identificati. Grazie all'analisi del DNA e della genealogia possiamo verificare quali animali sono portatori di questi caratteri. Negli ultimi anni, si è data particolare attenzione agli aplotipi (segmenti di DNA) e ai fattori genetici (singoli geni conosciuti). Quando il gene causale è sconosciuto viene usato un segmento del DNA mentre quando il gene causale è conosciuto viene applicato un test diretto sul fattore genetico. Nel caso dei fattori genetici si usano soltanto 1 o 2 marcatori con un impatto funzionale e non un gruppo di marcatori, come per l'identificazione degli aplotipi.

La disponibilità di questi test sul DNA permette di:

- monitorare la presenza di caratteri (desiderati o non desiderati)
- sfruttare caratteri desiderati
- ridurre la presenza di caratteri non desiderati o evitare che vengano diffusi
- evitare accoppiamenti rischiosi
- evitare investimenti in torelli con caratteri non desiderati o con difetti genetici.

In questa maniera per i centri di F.A. si riducono i rischi nel fare investimenti su torelli che successivamente potrebbero manifestare alcuni di questi difetti genetici, mentre il vantaggio per gli allevatori è quello di ridurre e/o evitare i problemi di salute nel loro allevamento. In questo modo la genomica sta fornendo valore aggiunto agli allevatori.
La tabella 19H riporta tutti i caratteri genetici attualmente sotto controllo. Da novembre 2015 sono stati aggiunti i test diretti su marcatori che determinano alcuni fattori genetici, come la K-caseina.

Tabella 19H: Caratteri genetici ora in monitoraggio

Carattere	Letale	Effetto
Riproduzione	S	Brachispina, HH1, HH2, HH3, HH4, HH5, HH6, HH7, JH1, BLAD, Atrofia muscolare spinale, Citrullinemia, CVM, DUMPS, Dismielinizzazione spinale, Distonia muscolare congeniale, Malattia di sciroppo d'acero, Osteopetrosi
Piedi	S	Sindattilia (Mulefoot)
Corna	N	Polled (Senza corna)
Sopravvivenza	S	Carenza di colesterolo, Cardiopatia dilatativa, Factor XI, Sindrome Ehlers-Danlos, BLIRD, Calf recumbency
Pelo	N	Rosso recessivo, Rosso dominante, Telstar, Silver color dilutor
Latte	N	Beta-caseina A1A2, Beta-Lactoglobulina AB, Kappa-caseina AB, Kappa-caseina ABE

Da febbraio 2016 ANAFIBJ ha aggiunto il processo di imputazione (stima di parti di genotipo mancanti utilizzando informazioni di individui con gli stessi segmenti di DNA) anche sui difetti genetici, permettendo così di avere informazioni su animali genotipizzati con pannelli di DNA dove questi fattori non sono inclusi. Grazie all'imputazione l'informazione di questi fattori genetici viene estratta anche per animali genotipizzati con altri pannelli di DNA (pannelli che non contengono informazioni su questi fattori). Importante è sottolineare che i pannelli di DNA senza informazioni sui fattori genetici, non hanno a disposizione un test diretto per la loro identificazione, ma grazie all'imputazione è possibile rintracciare la trasmissione di segmenti di DNA che contengono i fattori genetici. Ad oggi l'informazione su questi difetti è disponibile su circa 300 mila animali. Per ogni animale è specificato se il risultato è basato su un test diretto o proviene dall'imputazione. Importante è sottolineare che i test con imputazione sono soltanto indicativi e quindi non essendo ufficiali non vengano pubblicati, ma tali informazioni sono disponibili per i centri di F.A. e piani di accoppiamento.

RAZZA JERSEY

20. INDICE DI SELEZIONE

20.1 IQJ (Indice Qualità Jersey)

È l'indice di selezione della razza Jersey in Italia. Introdotto per la prima volta nel 2001, prendeva in considerazione solo il contenuto di latte e proteina; successivamente nel 2005 vengono apportate delle modifiche che riguardano l'introduzione della morfologia della mammella nell'indice stesso, con l'obiettivo di avere animali produttivi ma al tempo stesso maggiormente funzionali. Attualmente il rapporto tra produzione e morfologia è 84:16, come riportato in dettaglio nella tabella sottostante.

La formula dell'IQJ è la seguente:

IQJ = 1,33 x (-0,03 x latte kg + 2,94 x proteina kg + 1,55 x forza attacco anteriore +1,51 x legamento + 13,06 x profondità della mammella)

Pesi percentuali degli indici che compongono l'IQJ riportati nella tabella sotto:

Tabella 20A. Pesi attribuiti ai diversi indici che compongono l'IQJ

PRODUZIONE	PESO	FUNZIONALITÀ	PESO
Latte Kg	19	Forza attacco anteriore	2
Grasso Kg	0	Legamento	2
Proteina Kg	65	Profondità mammella	12

21. INDICI PER I CARATTERI PRODUTTIVI

21.1 Dati

I dati produttivi relativi a tutti i controlli mensili effettuati dai controllori delle ARA vengono ricevuti mensilmente dall'Associazione Italiana Allevatori (AIA). Si utilizzano tutti i controlli compresi fra 5 e 305 giorni e un massimo di tre lattazioni per vacca. Oltre ai normali controlli di regolarità formale e di contenuto, si eliminano quelli considerati anomali rispetto alla curva stimata di ogni bovina per ogni lattazione.

21.2 Effetti ambientali

Si utilizza un modello animale. Gli indici vengono calcolati contemporaneamente per latte, grasso e proteina. In questo modo vengono sfruttate le informazioni sulle correlazioni genetiche ed aumentata l'accuratezza totale della stima.
Gli effetti fissi stimati comprendono l'ordine di parto, la stagione di parto, la data del parto e l'età al parto.
Entro allevamento si calcola ogni anno, utilizzando tutti i controlli presenti, la variabilità media per latte, grasso e proteina. Tale parametro misura la variabilità delle produzioni aziendali intorno alla media, permettendo di identificare gli allevamenti e di riportarli sulla scala corretta.
La scala "corretta" è la variabilità entro azienda delle primipare nate fra il 2018 il 2020 (le vacche della Base Genetica). Questa correzione per l'eterogeneità della varianza entro allevamento fa sì che le differenze fra gli animali siano misurate su un'unica scala per tutte le aziende.
Gli animali si confrontano fra loro a parità di allevamento-anno-giorno di controllo e ordine di parto. Le vacche sono divise in primipare e pluripare. Questo ultimo effetto permette di tener conto di tutti gli effetti gestionali all'interno dell'allevamento e nel tempo.

21.3 Effetti casuali

L'effetto dell'animale, da cui il modello statistico (Animal Model) prende il nome, è quello che permette di stimare il valore genetico di tutti i soggetti della popolazione, sia maschi che femmine, tenendo conto delle relazioni di parentela esistenti tra di essi.

21.4 Unità di espressione dell'indice

I caratteri per cui si calcola l'indice sono la produzione di latte, grasso e proteina.
L'indice è espresso in Kg, come deviazione da una base di riferimento (o Base Genetica), che determina il livello zero degli indici. La base genetica è mobile, da aprile 2025, e viene aggiornata ogni anno ad aprile. La base mobile permette di vedere rapidamente i cambiamenti genetiche e le nuove informazioni raccolte. In generale la base genetica ha lo scopo di esprimere l'indice rispetto al valore delle vacche presenti nelle stalle.
Il dato percentuale è ricavato in base al livello produttivo fenotipico delle vacche della base (la lattazione a 305 giorni), che viene aggiornato ad ogni cambio (Tabella 21A).

È in base a questi che si ricava l'indice di ciascun soggetto in percentuale, secondo la seguente formula:

Grasso% = 100 * (grasso BASE + grasso) / (latte base + latte) – grasso% BASE

Proteina% = 100 * (proteina BASE + proteina) / (latte BASE + latte) – proteina% BASE

21.5 Limiti nella pubblicazione

Per tutti i soggetti, compresi i soggetti esteri si utilizza il dato INTERBULL, come da delibera n° 256 della Commissione Tecnica Centrale del 25/10/2013.

Tabella 21A. Base Genetica Jersey 2018-2020 per i caratteri produttivi

Carattere	Variazione base
Latte	-106,92
Grasso	-5,24
Proteina	-3,56
Grasso %	0,00
Proteina %	0,01

22. INDICI CARATTERI MORFOLOGICI

22.1. Dati

Sono utilizzati per il calcolo i dati delle valutazioni morfologiche relative a tutte le primipare punteggiate dagli ispettori ANAFIBJ negli ultimi dieci anni con visite in azienda da una a tre volte all'anno. A differenza dei dati produttivi, la variazione in età è più contenuta e non vi sono dati ripetuti. Per ogni soggetto si utilizza una sola valutazione.

22.2. Effetti ambientali

Si utilizza un modello animale. Gli effetti fissi considerati sono l'interazione fra mese di parto e stadio di lattazione, l'età al parto e l'allevamento-anno-stagione di valutazione.

22.3. Effetti casuali

L'unico effetto casuale di cui si tiene conto è quello dell'animale. Si considerano tutte le relazioni di parentela esistenti tra i soggetti della popolazione. Ciò permette di stimare il valore genetico di tutti i soggetti, tenendo conto degli accoppiamenti preferenziali e correttivi.

22.4. Espressione degli indici

Si calcolano gli indici per tutti i caratteri lineari valutati a partire dal 2004 e per il punteggio finale. La Tabella 22A riporta i dati di ereditabilità utilizzati nel calcolo.
Lo zero degli indici è il livello genetico degli animali nati nel 2018-2020 (la base genetica), per cui valgono le stesse regole dei caratteri produttivi. Tutti gli indici vengono standardizzati sulla variabilità delle vacche della Base Genetica. Questo fa sì che tutti i caratteri siano misurabili sulla stessa scala. La tabella riporta per tutti i caratteri, i valori di ereditabilità utilizzati nel calcolo, la media fenotipica degli animali della base genetica e l'equivalenza in punti sulla scala lineare di una deviazione standard dell'indice.

Tabella 22A. Base Genetica Jersey 2018-2020 per i caratteri morfologici

Caratteri Morfologici	Media base	DS in punti lineari
Punteggio_Finale	81,30	2,37
Statura	30,46	6,13
Forza	28,66	5,26
Profondita	32,36	4,97
Angolosita	31,19	4,48
Angolo_groppa	26,13	5,65
Larghezza_groppa	25,89	5,72
Arti_visti_di_lato	27,06	5,68
Altezza_tallone	25,30	6,79
Forza_attacco_anteriore	26,10	6,77
Altezza_attacco_posteriore	30,14	5,76
Larghezza_attacco_posteriore	32,50	5,90
Legamento	29,14	5,82
Profondita_mammella	27,44	6,43
Posizione_capezzolli_anteriori	24,28	5,80
Dimensione_capezzoli	25,14	5,02
Arti_visti_da_dietro	30,59	7,11
Funzionalita_arti	27,23	6,15
Locomozione	25,32	8,40

22.5. Limiti nella pubblicazione

Per tutti i soggetti, compresi i soggetti esteri si utilizza il dato INTERBULL, come da delibera n° 256 della Commissione Tecnica Centrale del 25/10/2013.

23. INDICI COMPOSTI MORFOLOGICI

23.1. Indice Composto Mammella – ICM

L'ICM è un indice aggregato il cui focus è la salute della mammella. L'obiettivo di selezione è la riduzione del quantitativo di cellule somatiche nel latte. Nell'indice si considerano i seguenti caratteri, basati sulle rilevazioni lineari:

ICM = 0,03 * altezza dell'attacco posteriore +
0,30 * profondità della mammella +
0,18 * legamento +
0,25 * mammella anteriore +
0,06 * dimensione dei capezzoli +
0,18 * posizione dei capezzoli anteriore.

Onde evitare di premiare gli animali che presentano capezzoli ravvicinati e/o lunghi, è stato introdotto un "ottimo intermedio" per i seguenti caratteri (tabella 23A):

Tabella 23A. Intervalli di ottimo intermedio Jersey, ICM

Carattere	DS fenotipica -	DS fenotipica +
Posizione capezzoli anteriori	-0,5	1
Dimensione dei capezzoli	-0,5	0,5

In questo modo, gli animali con punteggio al di fuori dell'intervallo di optimum verranno penalizzati.

23.2. Indice Arti e Piedi - IAP

L'indice aggregato IAP è finalizzato al miglioramento della locomozione, nonché della longevità e della produzione di latte in carriera della razza. Deriva dalla combinazione di tre indici, basati sui caratteri lineari relativi ad arti, piedi e locomozione, valutati dagli ispettori.

Si considerano i seguenti caratteri:

IAP = 0,12 * angolo del piede +
0,40 * funzionalità di arti e piedi +
0,36 * arti visti di lato +
-0,12 * arti visti da dietro.

È previsto un "ottimo" intermedio per il carattere "arti visti di lato", in modo tale da premiare gli animali che non presentano né falciatura né stangatura (tabella 23B):

Tabella 23B. Intervallo di ottimo intermedio Jersey, IAP

Carattere	DS fenotipica -	DS fenotipica +
Arti visti di lato	-0,5	0,5

24. INDICE CELLULE SOMATICHE - (SCS)

24.1. Dati

I valori delle cellule somatiche relativi a tutti i controlli mensili effettuati dai controllori delle ARA vengono ricevuti mensilmente dall'Associazione Italiana Allevatori (AIA). Si utilizzano tutti i controlli compresi fra 5 e 305 giorni e un massimo di tre lattazioni per vacca. Oltre ai normali controlli di regolarità formale e di contenuto, si eliminano i controlli con valori anomali. Viene utilizzato un modello animale di ripetibilità (basato su misure ripetute della stessa caratteristica sullo stesso animale).

24.2. Effetti ambientali

Gli effetti fissi stimati comprendono l'ordine di parto, la stagione di parto, i giorni di lattazione (raggruppati in classi di 30) e l'effetto allevamento-anno-giorno di controllo.

24.3. Effetti casuali

L'effetto dell'animale, da cui il modello statistico (Modello Animale, Animal Model) prende il nome, è quello che permette di stimare il valore genetico di tutti i soggetti della popolazione, sia maschi che femmine, tenendo conto delle relazioni di parentela esistenti tra di essi.
L'effetto ambientale permanente, invece, permette di tener conto delle misurazioni ripetute sullo stesso animale.

24.4. Espressione dell'indice

L'indice è espresso in relazione alla Base Genetica (mobile, aggiornata ogni anno nella valutazione di Aprile e comprendente, ad oggi, le vacche nate fra il 2018 ed il 2020): la media è 100 e la deviazione standard (DS) 5 (valori fenotipici nella tabella sottostante). I valori fenotipici delle deviazioni standard positiva e negativa sono diversi, essendo la distribuzione di questi distorta.

Tabella 24A. Parametri SCC Jersey

Carattere	Ereditabilità	DS fenotipica -	Media fenotipica	DS fenotipica +
Cellule somatiche (migliaia di cellule/ml)	0,09	+50	278	-30

25. INDICE LONGEVITÀ – (LONJ)

25.1. Dati

I dati utilizzati per la stima dell'indice longevità provengono dalle registrazioni dell'Associazione Nazionale Allevatori Frisona e Jersey Italiana (ANAFIBJ). Sono considerate tutte le bovine Jersey con prima lattazione a partire dal 2002, con dati completi sulle lattazioni sequenziali e sulle eliminazioni. La longevità è valutata considerando l'età all'eliminazione e il numero di lattazioni completate, escludendo animali con informazioni incomplete o valori anomali.

25.2. Effetti casuali

Gli effetti casuali inseriti nel modello sono 2: l'effetto del gruppo delle contemporanee, individuate dalla combinazione di azienda*anno di primo parto; l'effetto animale, che permette di stimare il valore genetico di longevità di ciascun soggetto, tenendo conto delle relazioni di parentela tra animali della popolazione.

25.3. Espressione dell'indice

L'indice longevità viene espresso in relazione alla Base Genetica della popolazione Jersey Italiana, con media 100 e deviazione standard 5, aggiornata periodicamente.
L'indice è un indice composto, che comprende la sopravvivenza alla seconda lattazione, alla terza e alla quarta lattazione, pesate in base alla percentuale di vacche morte per ogni lattazione.
La curva di sopravvivenza della popolazione mostra che già in seconda lattazione sopravvive circa il 75% delle bovine, mentre alla quarta lattazione solo il 30%, identificando i punti critici per la selezione. L'ereditabilità del carattere è del 9%.

26. GLI INDICI INTERNAZIONALI

26.1. Dati

I dati di partenza della valutazione internazionale sono gli indici genetici ufficiali calcolati da ciascun Paese aderente al servizio. Il servizio di valutazione internazionale viene effettuato in Svezia dal Centro Internazionale per la Valutazione dei Tori o International Bull Evaluation Service (INTERBULL). Tutti i paesi, compresa l'Italia, inviano i risultati delle proprie valutazioni ufficiali entro date stabilite dal calendario annuale. Vengono inviati a INTERBULL tutti gli indici dei tori con almeno 10 figlie in 10 allevamenti per produzione, conformazione, cellule somatiche e fertilità mentre, per la facilità di parto, il limite riguarda tori con almeno 50 figlie in 10 allevamenti.
Per quanto concerne il test day model, viene inviato a INTERBULL l'indice di prima, seconda e terza lattazione, pesato per il numero di controlli di ciascuna. Da aprile 2023, i caratteri per cui è disponibile la valutazione genetica internazionale sono: latte, grasso, proteina, caratteri morfologici standard, facilità al parto diretta e materna, natimortalità diretta e materna, cellule somatiche, fertilità e condizione corporea (BCS).

26.2. Modello MACE

Ogni carattere viene valutato da INTERBULL utilizzando una metodologia multi-carattere denominata Multiple Across Country Evaluation (MACE). In questo modello, gli indici prodotti da ciascuno Stato per determinati caratteri vengono considerati caratteri stessi, differenti per ogni Paese. In questo modo, viene reso possibile il calcolo delle correlazioni esistenti fra i criteri di classificazione dei tori tra Paesi.
I fattori di cui si tiene conto nel modello sono la media e i gruppi genetici di madri e nonni materni (nel caso si tratti di tori nati prima del 1986).

26.3. Come funziona

Nel momento in cui un toro presenta un indice in un solo Paese, il valore genetico di quest'ultimo (inteso come deviazione delle figlie rispetto alla media per un determinato carattere) viene stimato sottraendo il contributo del pedigree e trasferendo l'indice sulla scala di tutti gli altri Paesi. Nel fare ciò si tiene conto delle informazioni relative alla correlazione e alla differenza di scala esistenti fra gli indici.

A tale deviazione viene aggiunto il valore del pedigree, riportando l'indice sulla scala del Paese d'interesse. In questo modo, si ottiene così l'indice più probabile del toro.
Nel momento in cui un toro possiede figlie in più Paesi, le deviazioni dal pedigree vengono ponderate per il numero di queste e sommate, aggiungendo dunque il contributo del pedigree.

26.4. Modello GMACE Frisona – Tori giovani

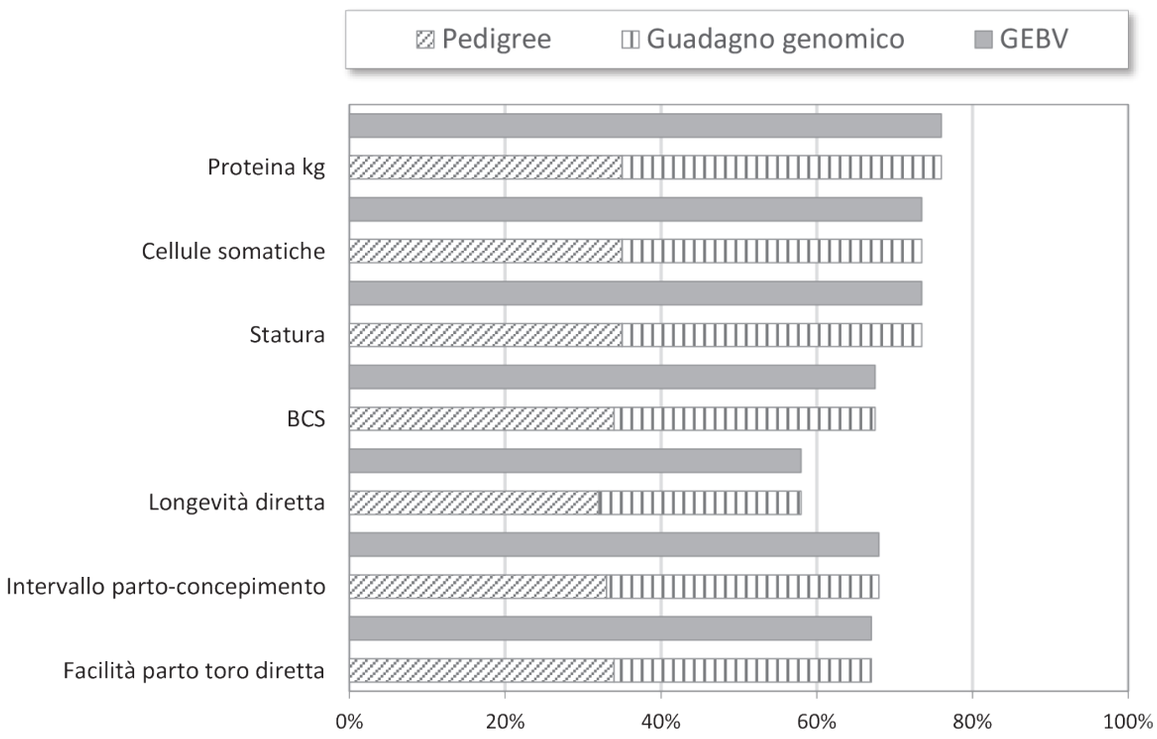
In seguito all'introduzione delle valutazioni genomiche in diversi Paesi, vi è un maggior interesse a livello internazionale nei confronti del seme di giovani tori. Il fatto che gli indici per i tori provati mediante progenie non siano comparabili tra i Paesi si estende anche ai giovani tori genomici. Per questo motivo, a partire da Agosto 2014, INTERBULL ha reso ufficiale, per i giovani tori, un MACE genomico.

Questo processo prende il nome di GMACE (Genomic Multiple Across Country Evaluation) e comprende le valutazioni genomiche internazionali per i tori senza figlie. La valutazione GMACE utilizza gli indici GEBV ufficiali nazionali stimati in ogni Paese, restituendo una valutazione genomica sulla scala di tutti gli Stati aderenti, anche in quelli dove la genomica non viene ancora applicata o non è ufficiale.
Tale servizio aiuterà gli allevatori Italiani a valutare il merito genetico dei giovani tori appartenenti ai Paesi non facenti parte del consorzio Intercontinentale (Stati Uniti, Canada, Gran Bretagna, Italia e Svizzera), valutati direttamente a livello nazionale.

26.5. Come funziona

Ogni paese che vuole partecipare al GMACE invia a INTERBULL gli indici genomici nazionali, e per tutti quei caratteri deve essere stata superata la validazione genomica. Attualmente l'Italia ha validato tutti i caratteri per i quali già è ufficiale l'indice genomico nazionale (produzione, morfologia e funzionalità). È chiaro che lo scenario ideale sarebbe quello di avere uno scambio diretto dei genotipi tra tutti i paesi, così come avviene già all'interno dei paesi appartenenti ai consorzi Intercontinentale (Stati Uniti, Canada, Gran Bretagna, Italia e Svizzera) e EuroGenomics (Francia, Paesi Scandinavi, Germania, Spagna, Olanda/Fiandre e Polonia). Questo perché la stima degli indici genomici, partendo direttamente dal genotipo di ogni singolo animale, è molto più attendibile rispetto ad un indice pedigree, soprattutto per tori giovani senza osservazioni sulle figlie, o quando il numero di figlie è limitato. La figura 25A riporta il livello di attendibilità degli indici pedigree e genomico in diversi gruppi di caratteri.

Figura 26A. **Livello di attendibilità degli indici pedigree e genomico**. Diversi gruppi di caratteri stimati utilizzando la banca dati genomico di ANAFIBJ.



26.5. Che cosa si pubblica

l calcolo di INTERBULL restituisce a ciascun Paese l'indice dei tori valutati in tutto il mondo (circa 70.000 tori) sulla propria scala. Ogni Paese ha approvato norme di pubblicazione specifiche di questi indici. I criteri aggiornati di pubblicazioni vengono sempre pubblicati sulla pagina WEB dell'associazione, nella sezione dedicata agli indici genetici. In Italia i criteri di pubblicazione sono riportati di seguito:

Frisona

PRODUZIONE (3 caratteri) – MORFOLOGIA (21 caratteri) - SALUTE MAMMELLA (2 caratteri) - LONGEVITÀ – FERTILITÀ (5 caratteri) - PARTO (4 caratteri) - MUNGIBILITÀ.

Jersey

PRODUZIONE (3 caratteri) – MORFOLOGIA (18 caratteri) - SALUTE MAMMELLA (cellule somatiche) - LONGEVITÀ.

GLOSSARIO

Allele: differente forma alternativa di un gene, responsabile di forme alternative di uno stesso carattere. Ogni individuo ha un allele paterno e un allele materno, che può essere lo stesso (omozigote) o diverso (eterozigote).

Aplotipo: segmento di DNA strettamente associato che possono passare da genitore a figlio.

DGV: indice genomico diretto (semplice somma degli effetti dei marcatori molecolare).

DNA: (acido deossiribonucleico). È la sostanza, che costituisce il patrimonio genetico, formata dalla successione delle 4 basi nucleotidiche.

EBV: indice tradizionale (Estimated Breeding Value).

Fattore genetico: variante genetica dove il gene è conosciuto.

GEBV: combinazione dell'indice tradizionale (EBV) e dell'indice genomico diretto (DGV).

Gene: (unità fisica fondamentale dell'eredità) è un segmento di DNA che codifica per una funzione o alcune funzioni correlate.

Genoma: tutta la serie di informazioni contenute nel DNA di un individuo.

Genomica: area della biologia molecolare che si occupa dello studio del genoma.

Genotipizzazione: il processo per determinare un genotipo analizzando il DNA. Una sequenza specificata viene confrontata con un'altra. La genotipizzazione SNP misura le variazioni genetiche (alleli) nel polimorfismo di un singolo nucleotide (SNP).

Genotipo: costituzione genetica di un individuo o popolazione.

Imputazione: metodologia che serve a stimare le parti di genotipo mancanti, utilizzando le informazioni di individui correlati.

Marcatori molecolari: pezzi di DNA i cui alleli possono essere facilmente identificati in laboratorio. Sono usati per identificare i geni vicini.

Nucleotide: parte elementare del DNA.

Pannello di marcatori molecolari SNP: kit di laboratorio utilizzato per determinare il genotipo di un certo soggetto (genotipizzazione). I kit possono contenere un numero diverso di informazioni. Sono inoltre inclusi in questi pannelli diversi marcatori che identificano geni conosciuti (es. proteine del latte).

Polimorfismo: presenza contemporanea nella stessa popolazione di due o più alleli o nucleotidi.

SNP: polimorfismo a singolo nucleotide (marcatore molecolare) variazione del materiale genetico a carico di un unico nucleotide.

Toro genomico provato: toro con figlie il cui indice finale (GEBV) risulta dalla combinazione dell'indice tradizionale (EBV) e dall'indice genomico diretto (DGV).

Toro giovane genomico: toro senza figlie il cui indici (DGV) è ottenuto direttamente dai marcatori e dal pedigree.

COLORE ROSSO

- Fattore rosso

PORTATORE	ROSSO
RF	R

Carattere legato ad un gene recessivo (MC1R), pertanto solo i soggetti omozigoti recessivi per questo carattere avranno il mantello di colore rosso. Se i due ascendenti presentano il mantello di colore nero ma sono eterozigoti per il gene MC1R, quindi soggetti portatori del fattore rosso, la probabilità che nasca un soggetto rosso omozigote è del 25%. Mentre se gli ascendenti sono rispettivamente eterozigote ed omozigote si presenta il 50% di probabilità che i figli possano nascere con il mantello rosso.
Per questo carattere è disponibile il test genomico diretto.

- Variant Red
  Carattere legato ad un gene dominante (COPA), pertanto anche i soggetti eterozigoti nascono con mantello colore rosso.
  Tutti i soggetti omozigoti dominanti ed eterozigoti saranno rossi, soltanto i soggetti omozigoti recessivi saranno neri.
  Per questo carattere è disponibile il test genomico diretto.

BLAD

POSITIVO	NEGATIVO
BL	TL

Bovine Leukocyte Adhesion Deficiency → Deficit di adesione dei leucociti bovini
Trattasi di un'anomalia genetica letale del bestiame di tipo autosomico recessivo. Colpisce il sistema immunitario dell'animale, rendendolo privo di anticorpi e causandone la morte, anche a seguito di infezioni facilmente curabili. Da un punto di vista strettamente biologico, tale anomalia è legata alla diminuzione di un recettore di membrana atto a regolare il passaggio degli anticorpi attraverso le membrane, impedendo di contrastare l'infezione.
Tutti i tori abilitati alla F.A. in Italia devono essere testati per questa anomalia genetica. Tori portatori di questa anomalia non possono essere autorizzati alla F.A. in Italia.
Per questo carattere è disponibile il test genomico diretto.

MULEFOOT/SINDATTILISMO

POSITIVO	NEGATIVO
MF	TM

Malformazione congenita delle parti distali di uno o più arti, legata ad un gene autosomico recessivo.
Consiste nella fusione completa o parziale o non divisione dell'unghione. Generalmente, si tratta di un problema osseo che riguarda le falangi, ma può estendersi ed interessare il metacarpo e/o il metatarso.
La malattia può manifestarsi in modo variabile: di norma il piede maggiormente colpito è l'anteriore destro, seguito dall'anteriore sinistro, posteriore destro e posteriore sinistro.
Nei primi mesi di vita, l'animale può vivere quasi normalmente. Tuttavia, con l'aumentare di peso, questo può incorrere in difficoltà di deambulazione, fino all'impossibilità di rimanere in posizione quadrupedale.
I soggetti positivi per Mulefoot non possono essere abilitati alla F.A. in Italia.
Per questo carattere è disponibile il test genomico diretto.

CVM

POSITIVO	NEGATIVO
CV	TV

Complex Vertebral Malformation → Malformazione complessa della colonna vertebrale.
Tale anomalia genetica comporta lo sviluppo anomalo della colonna vertebrale e delle vertebre cervicali e/o toraciche, nonché delle porzioni distali degli arti nei i feti omozigoti per il carattere. In casi di questo tipo, la colonna vertebrale e le vertebre cervicali e/o toraciche risultano essere accorciate e le porzioni distali degli arti retroverse.
Si tratta di una malattia genetica ereditaria, legata ad un gene autosomico recessivo. Generalmente, gli animali omozigoti muoiono durante la gravidanza o pochi giorni dopo il parto.
Tori portatori di questa anomalia non possono essere autorizzati alla F.A. in Italia.
Per questo carattere è disponibile il test genomico diretto.

BRACHISPINA

POSITIVO	NEGATIVO
BY	TY

La Brachyspina è un difetto genetico legato ad un gene autosomico recessivo causante deformità fisiche al feto tali da indurre morte embrionale. I vitelli colpiti presentano un peso corporeo ridotto, nonché un accorciamento della colonna vertebrale, con arti lunghi e sottili. Si presenta frequentemente anche un'ipoplasia della mandibola, che risulta essere solamente abbozzata e sulla quale si inseriscono in modo disordinato gli incisivi.
Tori portatori di questa anomalia non possono essere autorizzati alla F.A. in Italia.
Per questo carattere è disponibile il test genomico diretto.

COLESTEROLO DEFICIENZA

POSITIVO	NEGATIVO
CD	CF

Malattia genetica legata ad un gene recessivo che comporta una ridotta o inesistente capacità di sintesi del colesterolo, molecola fondamentale nel preservare le membrane cellulari. I vitelli omozigoti per questo difetto genetico, presentano forti episodi diarroici, inappetenza, dimagrimento ed incompatibilità con la vita. Tori portatori di questa anomalia non possono essere autorizzati alla F.A. in Italia. Per questo carattere è disponibile il test genomico diretto.

FREE MARTINISMO

Condizione di sterilità che si può verificare nelle femmine nate da parti gemellari in co-presenza di individui maschi. Consiste nella presenza, nello stesso soggetto, di due linee cellulari diverse: una maschile (XY) e una femminile (XX). Deriva da un'anastomosi placentare, che comporta il passaggio di cellule maschili verso il feto femminile.
Il test molecolare viene eseguito sui soggetti fenotipicamente di sesso femminile su un campione di sangue non coagulato.

POLLED

OMOZIGOTE	ETEROZIGOTE	NON PORTATORE
PS	PC	PF

Condizione genetica nel bovino che determina l'assenza di corna.
Tale condizione è legata ad un gene dominante, pertanto sarà sufficiente avere una sola copia del gene polled, affinché il soggetto non manifesti fenotipicamente le corna.

NOTE:

ANAFIBJ

Area Programmi Genetici e Analisi Dati

Tel. +39 0372 474 232 - 235 - 278

e-mail: ricercasvil@anafi.it

Sito Internet: www.anafibj.it _ E-mail: anafi@anafi.it

Copyright© 2026 ANAFIBJ