

LA RESISTENZA ALLE MALATTIE NEL SUINO PESANTE ITALIANO: UTILIZZO DEL MODELLO THRESHOLD PER LA STIMA DELLE COMPONENTI DI VARIANZA E DEL VALORE GENETICO DEI RIPRODUTTORI

USE OF THRESHOLD MODEL TO ESTIMATE VARIANCE COMPONENTS AND BREEDING VALUES FOR DISEASE RESISTANCE IN ITALIAN HEAVY PIGS

CAPPELLONI M.¹, GALLO M.¹, CESARANI A.^{2,3}

¹ *Associazione Nazionale Allevatori Suini (ANAS), Roma, 00198, Italia;*

² *Dipartimento di Agraria, Università degli Studi di Sassari, Sassari 07100, Italia;*

³ *Animal and Dairy Science Department, University of Georgia, Athens, GA 30602, USA*

Parole Chiave: resistenza alle malattie, selezione genetica, modello threshold

Keywords: disease resistance, genetic selection, threshold model

RIASSUNTO

L'Associazione Nazionale Allevatori Suini (ANAS) gestisce i programmi genetici delle razze Large White, Landrace e Duroc italiana principalmente orientati alle produzioni di prosciutti DOP. Accanto agli obiettivi tradizionali di selezione (ad es. incremento medio giornaliero e qualità della carcassa e delle carni) ANAS valuta l'inclusione della resistenza genetica nel proprio schema di selezione. L'obiettivo di questo studio è quello di stimare le componenti della varianza e i valori genetici (EBV) dei riproduttori utilizzando un modello threshold (TM) applicato alle malattie respiratorie (MR) e alle enteriti (ME). Nell'ambito delle prove del Sib Test svolte presso il centro genetico di ANAS nel periodo 1990-2021, sono state rilevate dai veterinari dell'Associazione 9.595 diagnosi di MR e 12.046 diagnosi di ME. Il carattere è stato registrato come variabile dicotomica: animali malati con 1 e animali sani con 2. È stato applicato un TM multi-razza con cui sono stati stimati valori di ereditabilità per le malattie respiratorie (8%) e per le enteriti (17%). Questo modello ha permesso una stima più precisa delle componenti di varianza e, allo stesso tempo, valori genetici molto simili a quelli stimati nell'analisi per singola razza. Inoltre, i risultati di TM e LM erano molto simili. I risultati dello studio dimostrano la possibilità di includere la selezione per la resistenza alle malattie nei programmi genetici delle razze tradizionali italiane per il suino pesante.

ABSTRACT

The Italian National Pig Breeders Association (ANAS) manages the breeding programs of the Italian Large White, Italian Landrace, and Italian Duroc breeds, mainly oriented to the production of PDO hams. ANAS is currently evaluating the inclusion of genetic resistance in its breeding scheme. This study aimed to estimate variance components and breeding values for disease resistance by threshold (TM) and linear (LM) models. During the sib test performed at the genetic center of ANAS from 1990 to 2021, 9,595 (respiratory diseases) and 12,046 (enteritis) diagnoses were collected by the ANAS veterinaries. The trait was recorded as a dichotomous variable: affected animals with 1, whereas healthy with 2. Low heritabilities were estimated for respiratory (0.08) and enteritis (0.17) with a multi-breed TM. This model led to more precise variance components estimation and, at the same time, to breeding values very close to the ones estimated in the single breed analysis.

Almost the same heritabilities were found using both TM and LM. Results of this study demonstrated the feasibility of including disease resistance among the breeding goals of the Italian traditional breeds for heavy pig production.

INTRODUZIONE

L'Associazione Nazionale Allevatori Suini (ANAS) gestisce i programmi del Libro genealogico che si articolano in programmi di miglioramento genetico per le tre razze del suino pesante (LWI, LI e DI) ed in programmi di conservazione genetica per le razze autoctone e locali. A partire dal 1988, su richiesta del Ministero delle Politiche Agricole, Alimentari e Forestali (Mipaaf), è stato messo a punto uno specifico schema di selezione per il suino pesante, che riguarda le razze Large White, Landrace Duroc italiane. Gli obiettivi sono il mantenimento delle caratteristiche di idoneità delle carni e delle cosce alla stagionatura in prosciutti di qualità ed il miglioramento sostenibile dell'efficienza produttiva. L'attività di selezione si basa sulla valutazione genetica (Sib Test) presso il centro genetico ANAS. Per ogni verro candidato alla riproduzione, viene testato un gruppo di tre fratelli pieni (maschi e femmine) alimentati con un sistema "quasi ad libitum" (Kielanowski, 1965). A partire dal 2017, nell'ambito del PSRN 10.2, ANAS è impegnata nello sviluppo dei progetti SUIS e SUIS.2 (Suinicoltura Italiana Sostenibile), che hanno tra i vari obiettivi il miglioramento della robustezza e resistenza dei suini per contribuire alla riduzione dell'uso di antimicrobici. Tra le malattie che affliggono l'industria suinicola, i disturbi respiratori (MR) e le malattie enteriche (ME) stanno causando enormi perdite economiche in tutto il mondo (Gol et al., 2015). Pertanto, l'allevamento di suini più resistenti e resilienti assume una rilevante importanza sotto il profilo della sostenibilità economica ed etica della filiera delle produzioni tipiche di qualità. Infatti, gli effetti attesi sono il contenimento delle perdite, il miglioramento del benessere e delle prestazioni e la riduzione del ricorso all'uso degli antimicrobici, condizione fondamentale per la prevenzione del fenomeno dell'antibiotico resistenza. Non essendo praticabili prove di challenge (costose e difficilmente attuabili nelle condizioni di allevamento), sono stati utilizzati i dati dei trattamenti terapeutici praticati e registrati in condizioni di allevamento controllato presso il centro genetico ANAS. Le condizioni sperimentali delle prove al centro (gruppo di tre fratelli pieni coetanei allevati in settori di prova con frequenza quindicinale) e la quotidiana registrazione individuale dei trattamenti sanitari effettuati, ha permesso di disporre di dati affidabili che sono stati utilizzati per stimare la componente genetica della risposta degli animali alle patologie respiratorie ed enteriche.

MATERIALI E METODI

Nell'analisi sono stati considerati i dati del file storico dei trattamenti terapeutici praticati e registrati dai veterinari ANAS durante le prove del SIB dal 1990 al 2021. In questo periodo sono state rilevati 21.641 records sullo stato di salute degli animali. La prova SIB inizia all'età di circa 100 gg, dopo un periodo di acclimatamento di sette settimane, e termina al raggiungimento del peso di circa 155 Kg. Sulla base delle diagnosi registrate dai veterinari, sono stati considerati due gruppi di malattie: malattie dell'apparato respiratorio e malattie dell'apparato gastro-enterico. I soggetti con almeno un trattamento individuale o di massa registrato sono stati classificati "malati" e quelli senza trattamenti "sani". I caratteri oggetto dell'analisi sono stati trattati come binari: 1 per i soggetti trattati (malati) e 2 per i soggetti non trattati (sani). La Tabella 1 riporta la numerosità delle casistiche rilevate.

	Respiratorie				Enteriti		
	Non trattati (sani) N.	Trattati (malati) N.	Totali N.		Non trattati (sani) N.	Trattati (malati) N.	Totali N.
Large White	3.187	1.839	5.026		4.707	1.885	6.592
Landrace	996	801	1.797		1.606	703	2.309
Duroc	1.937	835	2.772		1.576	1.569	3.145
Totali	6.120	3.475	9.595		7.889	4.157	12.046

Tabella 1: Dimensioni del set di dati analizzato.

Table 1: Size of the analyzed dataset.

Analisi Statistica

Poiché il carattere studiato è stato valutato come variabile dicotomica (malato= 1; sano = 2), le componenti della varianza (VC) sono state stimate utilizzando il modello *Threshold* (TM), considerando il fenotipo come carattere binario. Dopo varie verifiche è stato utilizzato per l'elaborazione un modello BLUP *Threshold Animal Model* che considera i seguenti principali fattori: razza, sesso, settore di prova e nidiata. L'ereditabilità (h^2) stimata con TM è stata trasformata dalla scala di probabilità a scala normale (cioè tra 0 e 1) utilizzando l'equazione proposta da Dempster e Lerner (1950) e da Wray e Visscher (2015). I componenti della varianza sono stati stimati tramite un metodo di campionamento Gibbs con 100.000 round, 10.000 iterazioni scartate come burn-in, thin-in di 10 (salvando cioè 1 campione ogni 10 iterazioni). Il software utilizzato è stato *thrgibbs1f90*; le medie a posteriori (incluso l'intervallo di confidenza al 95%, CI95%) per tutti i parametri sono state calcolate utilizzando *postgibbsf90*. Tutte le routine sono state implementate nel programma BLUPF90 (Misztal et al., 2014).

RISULTATI

I caratteri indagati presentano una ereditabilità del 17% - forme enteriche - e del 8% - forme respiratorie. Si tratta di valori medio bassi che comunque consentono l'attuazione della selezione. I valori genetici stimati (EBV- *Estimated Breeding Value*) ottenuti per le due categorie di animali (trattati/malati e non trattati/sani) sono stati messi a confronto: gli EBV dei soggetti "sani" risultano mediamente più alti rispetto a quelli degli animali malati sia per le malattie respiratorie sia per le malattie enteriche. Si è proceduto, quindi, alla trasformazione degli EBV in indici tramite apposita standardizzazione. Gli indici sono espressi in unità di deviazione standard rispetto ad una media mobile della razza. I valori superiore allo 0 (zero) indicano che il riproduttore trasmette alla propria discendenza la probabilità di un minor fabbisogno di trattamenti terapeutici in virtù di una maggiore robustezza/resistenza. I due indici di resistenza alle malattie, respiratorie (RMR) ed enteriche (RME) saranno elaborati con cadenza quindicinale e saranno pubblicati per ogni verro sottoposto a valutazione genetica in stazione, assieme agli altri indici genetici SIB.

DISCUSSIONE

Le ereditabilità stimate nel presente studio sono della stessa entità di quelle riportate in letteratura per le malattie nei suini (es. Henryon et al., 2001) e in altre specie animali

(Snowder et al., 2006; Schneider et al., 2010). Per esempio, Henryon et al. (2001) hanno riportato ereditabilità di 0,12 e 0,16 per malattie respiratorie e diarrea.

L'ereditabilità poligenica di 0,29 è stata stimata per la rinite atrofica (cioè un disturbo respiratorio) da Okamura et al. (2012) in suini di razza Landrace. Per quanto riguarda le altre specie animali, Schneider et al. (2010) hanno stimato i parametri genetici per l'incidenza della malattia respiratoria bovina e hanno riportato stime di $0,10 \pm 0,11$ e $0,02 \pm 0,06$ rispettivamente nei vitelli Angus e Simmental pre-svezzamento. Snowder et al. (2006) hanno riportato stime di ereditabilità per la resistenza a RD in 9 razze bovine comprese tra 0,04 e $0,08 \pm 0,01$. Inoltre, le ereditabilità stimate nel presente studio sono simili a quelle riportate in altre specie zootecniche relativamente ai caratteri riproduttivi e funzionali, generalmente inferiori ai caratteri produttivi (Sewalem et al., 2013; Martin et al., 2018; Cesarani et al., 2020a).

CONCLUSIONI

I risultati del presente studio dimostrano la possibilità di includere la selezione per la resistenza alle malattie nei programmi genetici delle tre razze italiane per il suino pesante. È stato dimostrato che l'analisi multi-razza consente di stimare ereditabilità più precise senza modificare i valori genetici dei riproduttori o il rank degli animali. La disponibilità di questi due nuovi indici genetici consentirà la scelta e la diffusione dei riproduttori, sulla base dei dati del centro genetico ANAS. Ciò potrà contribuire alla riduzione dell'uso di antimicrobici in linea con quanto previsto dalla Strategia *Farm to Fork* e dai Piani nazionali messi in atto contro il fenomeno dell'antibiotico resistenza. Infine, la possibilità di disporre di animali più resistenti permetterà migliori prestazioni dal punto di vista quantitativo e qualitativo con la diretta conseguenza della riduzione degli scarti, delle minori spese per i trattamenti dei soggetti malati, della riduzione dell'impatto ambientale ed in ultima istanza di rafforzare la sostenibilità dell'allevamento del suino pesante italiano.

BIBLIOGRAFIA

1. Cesarani A, Gaspa G, Masuda Y, Degano L, Vicario D, Lourenco DA, Macciotta NPP. 2020a. Variance components using genomic information for 2 functional traits in Italian Simmental cattle: Calving interval and lactation persistency. *J Dairy Sci.* 103(6):5227-5233.
2. Dempster ER, Lerner IM. 1950. Heritability of threshold characters. *Genetics* 35(2):212.
3. Gol S, Estany J, Fraile LJ, Pena RN. 2015. Expression profiling of the GBP 1 gene as a candidate gene for porcine reproductive and respiratory syndrome resistance. *Anim Genet.* 46(6):599-606.
4. Henryon M, Berg P, Jensen J, Andersen S. 2001. Genetic variation for resistance to clinical and subclinical diseases exists in growing pigs. *Anim Sci.* 73(3):375-387.
5. Kielanowski J. 1965. Estimates of the energy cost of protein deposition in growing animals. *Energy metabolism*, 13-20.
6. Martin P, Barkema HW, Brito LF, Narayana SG, Miglior F. 2018. Symposium review: novel strategies to genetically improve mastitis resistance in dairy cattle. *J Dairy Sci.* 101(3):2724-2736.
7. Misztal I, Tsuruta S, Lourenco D, Aguilar I, Legarra A, Vitezica Z. 2014. Manual for BLUPF90 family of programs. Retrieved from http://nce.ads.uga.edu/wiki/lib/exe/fetch.php?media=blupf90_all7.pdf
8. Okamura T, Onodera W, Tayama T, Kadowaki H, Kojima-Shibata C, Suzuki E, Uemoto Y, Mikawa S, Hayashi T, Awata T, Fujishima-Kanaya N, Mikawa A, Uenishi H, Suzuki K. 2012. A genome-wide scan for quantitative trait loci affecting respiratory disease and immune capacity in Landrace pigs. *Anim Genet.* 43(6):721-729.

9. Schneider MJ, Tait Jr RG, Ruble MV, Busby WD, Reecy JM. 2010. Evaluation of fixed sources of variation and estimation of genetic parameters for incidence of bovine respiratory disease in preweaned calves and feedlot cattle. *J Anim Sci.* 88(4):1220-1228.
10. Sewalem A, Miglior F, Kistemaker GJ. 2013. Genetic parameters of milking temperament and milking speed in Canadian Holsteins. *J Dairy Sci.* 94(1):512-516.
11. Snowden GD, Van Vleck LD, Cundiff LV, Bennett GL. 2006. Bovine respiratory disease in feedlot cattle: environmental, genetic, and economic factors. *J Anim Sci.* 84(8):1999-2008.
12. Wray NR, Visscher PM. 2015. Quantitative genetics of disease traits. *J Anim Breed Genet.* 132(2):198-203.