

# MIGLIORAMENTO DELLA QUALITÀ DELLA MAMMELLA NELLA SCROFA AL FINE DI IMPLEMENTARE LA SOPRAVVIVENZA E LE PERFORMANCE DEI SUINETTI

BALZANI A.<sup>1</sup>, CORDELL H. J. †, EDWARDS S. A.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>*School of Agriculture, Food and Rural Development, Newcastle University, Newcastle upon Tyne, NE1 7RU, UK; † Institute of Genetic Medicine, Newcastle University, Newcastle upon Tyne NE1 3BZ, UK*

**Parole chiave:** morfologia della mammella, qualità del colostro, scrofa.

**Key words:** colostrum quality, sow, udder morphology.

## Riassunto

La sopravvivenza e la crescita del suinetto sono determinate dalla sua capacità di assumere colostro rapidamente dopo la nascita, ciò può essere influenzato dalla morfologia della mammella. Pertanto gli obiettivi dello studio sono stati: definire una metodologia per descrivere i tratti della mammella (1), definire i fattori di variazione morfologica (2) e determinare la relazione tra la morfologia e la scelta della mammella da parte del suinetto (3). Un altro obiettivo è stato quello di valutare la qualità del colostro (IgG) utilizzando un metodo rapido in azienda (4), ed infine applicare i risultati ottenuti per valutare l'ereditarietà ( $h^2$ ) dei tratti della mammella e della qualità del colostro (5). Lo studio sull'allattamento del neonato ha mostrato che la vitalità e il peso alla nascita non hanno influenzato la scelta della mammella o la latenza dalla nascita alla prima suzione. La maggior parte dei suinetti nella stessa nidiata ha assunto colostro per la prima volta dalla stessa mammella, localizzata per lo più nella parte posteriore del corpo. Inoltre è stata testata la qualità del colostro utilizzando un refrattometro. La percentuale Brix ottenuta con il refrattometro ha mostrato una correlazione positiva con i risultati ottenuti in laboratorio utilizzando una tecnica di immunodiffusione. Tutte le caratteristiche morfologiche della mammella e la qualità del colostro misurati in questo studio hanno media-elevata ereditabilità, ed alcune importanti correlazioni con caratteristiche riproduttive e produttive della scrofa. Pertanto questi tratti dovrebbero essere inclusi tra gli obiettivi di selezione per migliorare il progresso genetico del suino.

## Abstract

Survival and growth of the piglet is determined by its ability to suckle rapidly after birth, which can be influenced by sow udder morphology. The initial aims of this research were to define a methodology to describe udder morphology (1), to study the sources of variation in the morphology (2) and its relationship with piglet teat preferences (3). A further aim was to assess colostrum quality (IgG) using a quick on-farm method (4), and the final objective was to estimate the heritability ( $h^2$ ) of udder morphology and colostrum traits (5). A methodology to describe a sow udder was developed from review of udder morphology. This methodology was then applied show that sow parity number, breed, and teat pair position were significant sources of variation. A study on newborn piglet suckling behaviour showed that piglet characteristics such as vitality score and birth weight did not affect teat preference or the latency from birth to first suckling. The majority of siblings suckled for the first time from a previously used teat, mostly located in the posterior part of the udder. An on-farm methodology was evaluated for assessment of colostrum Immunoglobulin G content. The brix refractometer percentage

showed a positive correlation with laboratory Radial immunodiffusion results. All udder morphology and colostrum traits measured in this study were moderate to highly heritable, with some important correlations with reproductive and productive traits. These udder traits should be included in the breeding goal and weighed appropriately with other important traits in the breeding objectives to enhance optimal genetic progress.

## **INTRODUZIONE**

La mortalità dei suinetti è una delle principali fonti di perdita finanziaria per il settore suinicolo. Le cause sono numerose e attualmente circa 1,5 milioni di suinetti nati vivi ogni anno non sopravvivono fino allo svezzamento. Massimizzare il numero di suinetti allevati per scrofa l'anno è uno degli obiettivi principali del settore suinicolo. Dal momento che i costi generali di gestione della scrofa non variano sostanzialmente con le dimensioni della nidiata, più suinetti si allevano maggiore è l'efficienza biologica e finanziaria dell'azienda, e più basso l'impatto ambientale della produzione di carne di suino [1]. Tuttavia l'aumento della prolificità della scrofa che si è verificato negli ultimi decenni, grazie all'attuazione di strategie di selezione genetica specializzate in damlines, ha un impatto negativo sulla sopravvivenza dei suinetti.

Le mammelle sono specializzate nella produzione lattea, il loro massimo sviluppo si ha alla fine della gravidanza. Nella scrofa la funzione mammaria completa quella dell'apparato genitale, perché la placenta non permette il passaggio delle immunoglobuline che avviene mediante l'assunzione del colostro. La salute e le performance del suinetto sono determinate dall'acquisizione dell'immunità passiva entro le prime 24 ore di vita. Questo è un importante fattore che contribuisce ad elevare lo stato di salute del patrimonio suinicolo. È stato dimostrato che il tempo impiegato per trovare il capezzolo e poppare dopo la nascita è un fattore determinante per la sopravvivenza del suinetto [2] e che un ritardo nella suzione riduce sia il livello di immunità passiva [3] sia il conseguente aumento di peso del suinetto [4]. Alla luce di queste considerazioni, lo sviluppo di strategie per migliorare l'accesso alla mammella e ad un'adeguata assunzione di colostro, avrà un impatto positivo sulle prestazioni dei suinetti e sulla loro sopravvivenza. Molti anni fa uno studio condotto da English, Hammond [5] ha evidenziato il problema delle scrofe che non espongono in modo adeguato una parte della fila inferiore della mammella durante l'allattamento. Più recentemente è stato dimostrato che l'accessibilità alla mammella diminuisce con l'aumento del numero dei parti [4]. La necessità di indagare il legame tra la morfologia della mammella e l'accesso al capezzolo, e determinare come i tratti morfologici della mammella variano tra gli animali e come cambiano durante il ciclo di vita della scrofa, è fondamentale al fine di comprendere e mitigare gli effetti della selezione attuata per aumentare le dimensioni della nidiata, la crescita veloce e la percentuale di carne magra [4].

Gli ultimi trenta anni hanno visto sempre più rapidi progressi nel campo della selezione genetica dei suini, Rydhmer [6] ha esaminato i criteri di selezione scrofa e ha dichiarato che l'attuale aumento del numero di suinetti nati deve essere accompagnato dal miglioramento delle capacità materne, al fine di aumentare la produzione e il benessere generale. I criteri di selezione considerati benefici per la produzione e il benessere sono spesso simili in tutte le specie di allevamento, anche se i tratti di maggior valore variano in funzione della destinazione d'uso dell'animale e della specie in questione. È stato stabilito che alcune caratteristiche della mammella in bovini da latte sono controllati da entrambi i fattori genetici e ambientali [7]. Nella produzione di suini, la morfologia della mammella non ha ricevuto la stessa attenzione, nonostante il suo ruolo fondamentale nella cura dei suinetti. Ad oggi, solo il numero di mammelle [8-10] e la funzionalità

del capezzolo sono criteri di selezione compresi nei programmi di selezione dei suini. L'ereditabilità della morfologia delle mammelle e la loro correlazione con importanti criteri di selezione per la produzione (ad esempio, il tasso di crescita, spessore del grasso) e la riproduzione (ad esempio la lunghezza della gestazione, numero dei nati) non sono mai state oggetto di valutazione genetica. L'obiettivo di questo lavoro è stato quindi valutare l'ereditabilità della morfologia della mammella, la qualità del colostro e la loro correlazione con altri tratti di produzione e riproduzione.

## **MATERIALI E METODI**

**Animali.** Lo studio è stato approvato da Newcastle University Animal Welfare and Ethical Review Body ed è stata effettuata presso l'allevamento ACMC (Beeford, Regno Unito) dal luglio 2014 al febbraio 2015. La popolazione presa in esame è stata di 988 scrofe appartenenti alla razza Meidam (MDM; cross breed Large White X Meishan). Gli animali sono stati trasferiti dall'unità di gestazione all'unità parto a 110 giorni post-inseminazione, dove sono stati allocati in gabbie singole dotate di un alimentatore e bevitore. La temperatura ambiente in sala parto era in media di 21 ° C. Non sono stati applicati interventi specifici nello studio; l'alimentazione, l'ambiente e la gestione sono stati mantenuti standard.

**Tratti morfologici della mammella.** Il numero totale di mammelle presenti in entrambe le linee (TT), la lunghezza del capezzolo (LEN), il diametro (dia), la distanza tra capezzolo all'interno della stessa linea (Samer) e la distanza del capezzolo dalla linea media addominale (alm) sono stati misurati in millimetri con un righello e un calibro. La metodologia utilizzata per misurare i parametri morfologici è quella descritto da Balzani, Cordell [11], [12]. Per ogni scrofa, sono state anche valutate con dei punteggi lo sviluppo della mammella (punteggio dev 1-3, dove 1 è stata definita la mammella non sviluppata e ghiandole mammarie non definite, 2 la mammella è ben sviluppata, ma le ghiandole mammarie non sono chiaramente distinte e 3 la mammella è ben sviluppata e le ghiandole mammarie sono chiaramente distinte), l'orientamento dei capezzoli (or punteggio 0 o 1, dove 0 è stato definito capezzolo non orientato perpendicolarmente alla ghiandola mammaria e 1 è stato definito capezzolo orientato perpendicolarmente alla ghiandola mammaria) e la percentuale di capezzoli non funzionali (NoFun punteggio 0 capezzolo non funzionale con il canale del latte chiuso, cieco o danneggiato; punteggio 1 indica il capezzolo funzionale). Tutti questi tratti sono stati misurati una sola volta per scrofa, a uno a tre giorni prima del parto, nella linea superiore dei capezzoli mentre la scrofa era in una posizione sdraiata su di un fianco.

**Tratti della nidiata.** Il peso della nidiata è stato registrato (LW0) escluso i suinetti nati morti. Il numero totale di suinetti nati (TB), il numero di nati vivi (NBA) e morti (STB). Cross-fostering è stato consentito durante tutto il periodo di allattamento al fine di garantire il benessere degli animali. Questa pratica è stata applicata molto spesso. Durante i primi dieci giorni dopo il parto, il numero di suinetti morti in ogni nidiata è stato registrato. Il numero totale e il peso della nidiata è stato rimisurato a dieci giorni dal parto (LS10 - LW10), e questo valore è stato corretto per il cross fostering.

**Tratti della scrofa.** Il giorno di osservazione sono state registrati l'età al parto (SAF), il numero di parti, e la durata della gestazione (GLEN). Durante i test sono stati misurati l'accrescimento ponderale giornaliero (ADG) e a 100 kg il grasso dorsale (BFAT).

***Tratti del colostro.*** Campioni di colostro sono stati raccolti quando era liberamente disponibile immediatamente prima o precocemente durante il parto, senza l'uso di ossitocina. Un campione 15 ml di colostro è stato raccolto campionando da tutti i capezzoli ubicati nella fila superiore e, quando possibile senza disturbare la scrofa, anche dai capezzoli della fila inferiore della mammella. Il campione è stato raccolto e conservato in un contenitore sterile (30ml Starlab, Milton Keynes, UK).

***Le analisi al campione di colostro.*** Il rifrattometro Brix (MA871 digitale, obione, La Valette, Francia), è stato utilizzato per stimare il contenuto di immunoglobuline nel colostro (COL), come descritto da Balzani, Cordell [13]. Brevemente, all'inizio di ogni serie di analisi è stato tarato con acqua distillata prima di procedere con l'analisi del campione. Una goccia di colostro ben miscelato è stato poi posto sul prisma del rifrattometro ed è stato registrato il punteggio Brix (%).

***Analisi statistiche.*** Sono state calcolate le correlazioni fenotipiche tra i tratti morfologici della mammella. Il coefficiente di correlazione di Pearson è stato utilizzato e i tratti sono stati calcolati come media aritmetica e la deviazione standard dell'intera mammella per ogni animale. Le correlazioni fenotipiche sono state anche stimate tra le caratteristiche qualitative della mammella e criteri produttivi (ADG, BFAT) e riproduttivi (Glen, TB, NBA, STB, LW0, LS10, LW10). La statistica è stata eseguita utilizzando il software R versione 3.0.2 (2013/09/25). L'analisi genetica di ereditarietà dei caratteri delle mammelle e le correlazioni genetiche con caratteri produttivi e riproduttivi sono stati stimati per gli stessi tratti, come per l'analisi fenotipica.

Per l'analisi genetica, le misurazioni della mammella e caratteristiche riproduttive sono stati aggiustati per gli effetti del numero di parto, il lotto, l'anno, il mese e l'effetto del giorno dell'osservazione (BYM-OD). I caratteri produttivi sono stati adeguati per gli effetti del lotto, l'anno, il mese e l'effetto del giorno del test delle prestazioni (BYM-TEST). La scrofa è stata inclusa come effetto casuale nelle analisi. I parametri genetici sono stati stimati utilizzando modelli animali in VCE e Pest. Le stime della Varianza e covarianza ottenute da queste analisi sono stati usati per stimare l'ereditabilità e le correlazioni genetiche tra i tratti. L'equazione del modello misto utilizzato, è il seguente:  $Y = \mu + \text{BSM-OD} + \text{BSMP-TEST} + A + E$  dove Y è il vettore delle osservazioni di tratti della mammella,  $\mu$  è la media complessiva, BSM-OD è l'effetto fisso del lotto, anno, mese del giorno di osservazione, BSM-TEST è l'effetto fisso del lotto, anno, mese del giorno del test prestazioni, e vettori di effetti casuali consisteva di additivo animale casuale genetici (a) e (e) residui effetti.

## **RISULTATI**

La statistica descrittiva della morfologia delle mammelle, caratteristiche riproduttive e produttive delle scrofe sono riportati nella Tabella 1. Per le caratteristiche di riproduzione femminile, le stime di ereditabilità sono stati piuttosto bassi (0,03-1), mentre ereditabilità stime per caratteri produttivi sono stati moderati. Le stime di ereditabilità per i tratti morfologici delle mammelle sono state da medie a elevate (Tabella 1).

Tabella 1. Statistica descrittiva e le stime di ereditabilità

Traits	N	Mean	SD	Min	Max	$h^2 \pm SE$
<i>Reproduction</i>						
SAF	988	738.6	338.87	315.0	1794.0	-
GLEN	988	115.5	1.55	110	125	$0.01 \pm 0.01$
NBA	988	11.7	3.11	1.0	21.0	$0.06 \pm 0.04$
TB0	988	12.5	3.16	1.0	21.0	$0.06 \pm 0.04$
LW0	988	16.7	4.42	0.87	28.96	$0.11 \pm 0.03$
LS10	715	10.9	1.68	4.0	16.0	$0.05 \pm 0.03$
LW10	607	21.49	8.84	1.0	48.0	$0.11 \pm 0.04$
LiveD	691	0.88	1.54	0.0	14.0	$0.04 \pm 0.02$
STB	987	0.8	1.21	0.0	8.0	$0.03 \pm 0.04$
<i>Udder morphology</i>						
col	528	25.5	3.50	15.1	35.0	$0.35 \pm 0.07$
samer	987	104.5	14.45	62.2	154.0	$0.37 \pm 0.06$
samer SD	987	21.62	7.94	4.8	74.8	$0.18 \pm 0.03$
len	986	16.1	3.00	7.0	31.3	$0.46 \pm 0.04$
len SD	986	2.81	2.21	0.0	11.34	$0.42 \pm 0.1$
dia	987	10.5	1.70	4.6	16.2	$0.53 \pm 0.02$
dia SD	987	1.77	1.38	0.1	9.4	$0.11 \pm 0.03$
aml	987	61.2	10.88	30.0	105.0	$0.22 \pm 0.04$
aml SD	987	17	4.95	5.0	47.8	$0.19 \pm 0.03$
OR	987	0.9	0.21	0.0	1.0	$0.14 \pm 0.03$
NoFun	987	0.04	0.05	0.0	0.4	$0.22 \pm 0.05$
TT	987	15.6	1.12	12.0	19.0	$0.42 \pm 0.02$
dev	987	2.24	0.51	1.0	3.0	$0.25 \pm 0.04$
<i>Production</i>						
ADG	863	448.5	169.39	45.9	755.1	$0.53 \pm 0.04$
BFAT	732	12.1	3.79	2.3	32.7	$0.51 \pm 0.05$

N = number of observations; SD = standard deviation; Min = minimum; Max = maximum;  $h^2$  = heritability; SE = standard error.

### ***Le stime di correlazioni genetiche e fenotipiche***

Le stime di correlazioni genetiche e fenotipiche tra i tratti morfologici della mammella sono presentate nella Tabella 2. Quasi tutti i tratti morfologici della mammella hanno mostrato medio-alte correlazioni genetiche. La più forte correlazione genetica ( $rg$ ) e fenotipica ( $rp$ ) è stata trovata tra le dimensioni dei capezzoli (len e dia,  $rg = 0.55$ ,  $rp = 0.62$ ); dia è stato anche altamente correlato con i tratti dimensioni della mammella (samer  $rg = 0.52$ ,  $rp = 0.34$ ; aml  $rg: 0.25$ ,  $rp = 0.23$  e dev  $rg = 0.31$ ,  $rp = 0.29$ ). La concentrazione IgG nel colostro è stata geneticamente correlata con samer ( $rg = 0.54$ ).

Tabella 2. Le stime di correlazioni genetiche (sopra la diagonale) e fenotipiche (sotto la diagonale) tra i tratti della morfologia della mammella (standard error subscript). Le stime significativamente diverse da zero sono riportate in grassetto.

Morphology Traits <sup>1</sup>	len	dia	aml	samer	NoFun	dev	OR	TT	COL
len		<b>0.55</b> <sub>0.06</sub>	-0.06 <sub>0.06</sub>	<b>0.21</b> <sub>0.05</sub>	-0.04 <sub>0.11</sub>	0.04 <sub>0.09</sub>	<b>-0.47</b> <sub>0.09</sub>	-0.01 <sub>0.05</sub>	<b>-0.16</b> <sub>0.06</sub>
dia	<b>0.62</b>		<b>0.25</b> <sub>0.12</sub>	<b>0.52</b> <sub>0.06</sub>	<b>-0.21</b> <sub>0.09</sub>	<b>0.31</b> <sub>0.07</sub>	<b>-0.21</b> <sub>0.05</sub>	0.13 <sub>0.08</sub>	0.07 <sub>0.06</sub>
aml	<b>0.13</b>	<b>0.23</b>		<b>0.54</b> <sub>0.11</sub>	<b>0.68</b> <sub>0.09</sub>	0.29 <sub>0.16</sub>	0.13 <sub>0.11</sub>	-0.08 <sub>0.18</sub>	0.15 <sub>0.11</sub>
samer	<b>0.24</b>	<b>0.34</b>	<b>0.22</b>		-0.04 <sub>0.1</sub>	0.12 <sub>0.12</sub>	-0.09 <sub>0.10</sub>	<b>-0.74</b> <sub>0.05</sub>	<b>0.41</b> <sub>0.06</sub>
NoFun	<b>-0.06</b>	<b>-0.12</b>	0.08	0.06		<b>0.25</b> <sub>0.1</sub>	<b>0.17</b> <sub>0.02</sub>	<b>0.4</b> <sub>0.06</sub>	-0.12 <sub>0.10</sub>
dev	<b>0.21</b>	<b>0.29</b>	<b>0.17</b>	<b>0.21</b>	-0.01		<b>0.48</b> <sub>0.1</sub>	0.07 <sub>0.06</sub>	0.1 <sub>0.07</sub>
OR	<b>-0.22</b>	<b>-0.10</b>	0.12	-0.06	-0.18	0.06		<b>-0.42</b> <sub>0.14</sub>	<b>-0.43</b> <sub>0.11</sub>
TT	<b>-0.07</b>	<b>-0.11</b>	0.01	<b>-0.48</b>	0.01	<b>-0.07</b>	0.02 <sub>0.12</sub>		-0.17 <sub>0.12</sub>
COL	0.06	<b>0.09</b>	-0.04	0.04	-0.02	0.07	<b>-0.14</b>	0.02	

Le correlazioni genetiche stimate tra i tratti di riproduzione e i tratti della mammella a sono presentati nella Tabella 3. La distanza tra i capezzoli nella stessa linea mostrato una associazione genetica con quasi tutti i tratti riproduttivi considerati.

Tabella 3. Correlazioni genetiche stimate tra i tratti di riproduzione e i tratti della mammella (standard error subscripts). Le stime significativamente diverse da zero sono riportate in grassetto.

	Morphology Traits								
	len	dia	aml	samer	OR	NoFun	dev	TT	COL
Reproduction Traits									
GLEN	0.08 <sub>0.10</sub>	0.17 <sub>0.11</sub>	0.36 <sub>0.28</sub>	-0.14 <sub>0.23</sub>	-0.01 <sub>0.11</sub>	-0.03 <sub>0.11</sub>	<b>-0.36</b> <sub>0.1</sub>	<b>0.42</b> <sub>0.16</sub>	<b>-0.41</b> <sub>0.18</sub>
NBA	-0.1 <sub>0.15</sub>	0.04 <sub>0.04</sub>	<b>-0.4</b> <sub>0.19</sub>	<b>0.69</b> <sub>0.08</sub>	-0.03 <sub>0.24</sub>	0.17 <sub>0.15</sub>	0.42 <sub>0.34</sub>	<b>-0.47</b> <sub>0.08</sub>	<b>0.54</b> <sub>0.13</sub>
TB0	-0.33 <sub>0.20</sub>	-0.24 <sub>0.21</sub>	-0.26 <sub>0.23</sub>	<b>0.89</b> <sub>0.13</sub>	-0.37 <sub>0.3</sub>	-0.3 <sub>0.22</sub>	0.13 <sub>0.17</sub>	<b>-0.46</b> <sub>0.08</sub>	<b>0.55</b> <sub>0.29</sub>
LW0	-0.02 <sub>0.09</sub>	0.14 <sub>0.16</sub>	<b>0.69</b> <sub>0.12</sub>	<b>0.78</b> <sub>0.15</sub>	0.10 <sub>0.08</sub>	0.09 <sub>0.15</sub>	0.04 <sub>0.11</sub>	<b>-0.7</b> <sub>0.13</sub>	<b>0.45</b> <sub>0.11</sub>
LS10	-0.15 <sub>0.1</sub>	<b>-0.5</b> <sub>0.09</sub>	<b>0.22</b> <sub>0.11</sub>	<b>0.38</b> <sub>0.11</sub>	-0.15 <sub>0.15</sub>	-0.16 <sub>0.17</sub>	<b>-0.52</b> <sub>0.1</sub>	-0.03 <sub>0.11</sub>	-0.2 <sub>0.11</sub>
LW10	<b>0.58</b> <sub>0.17</sub>	<b>-0.13</b> <sub>0.11</sub>	<b>-0.56</b> <sub>0.15</sub>	<b>-0.37</b> <sub>0.13</sub>	<b>-0.17</b> <sub>0.08</sub>	<b>-0.51</b> <sub>0.13</sub>	0.16 <sub>0.18</sub>	<b>0.5</b> <sub>0.24</sub>	-0.11 <sub>0.11</sub>
STB	-0.2 <sub>0.2</sub>	-0.27 <sub>0.18</sub>	<b>0.4</b> <sub>0.2</sub>	<b>-0.48</b> <sub>0.12</sub>	-0.01 <sub>0.27</sub>	-0.12 <sub>0.22</sub>	0.16 <sub>0.25</sub>	<b>0.52</b> <sub>0.25</sub>	-0.44 <sub>0.24</sub>

In Tabella 4 sono riportate la correlazione fenotipiche stimate tra i tratti della mammella, la qualità del colostro e i tratti riproduttivi. Le correlazioni fenotipiche tra le caratteristiche qualitative della mammella e le caratteristiche riproduttive hanno lo stesso schema delle correlazioni genetiche.

Tabella 4. Correlazione fenotipiche stimate tra i tratti della mammella, la qualità del colostro e i tratti riproduttivi. Le stime significativamente diverse da zero sono riportate in grassetto.

	Morphology Traits								
	len	dia	aml	samer	OR	NoFun	dev	TT	COL
Reproduction Traits									
SAF	<b>0.45</b>	<b>0.41</b>	<b>0.17</b>	<b>0.37</b>	<b>0.22</b>	0.09	<b>-0.22</b>	<b>-0.07</b>	0.05
NBA	0.01	0.04	<b>0.12</b>	<b>0.14</b>	0.07	0.03	0.03	0.00	<b>0.08</b>
TB0	0.03	0.05	<b>0.11</b>	<b>0.16</b>	-0.03	0.04	0.03	0.01	0.05
LW0	0.04	<b>0.07</b>	<b>0.11</b>	<b>0.17</b>	-0.00	0.02	<b>0.09</b>	-0.03	<b>0.09</b>
LS10	<b>-0.09</b>	<b>-0.12</b>	0.05	-0.01	0.03	-0.01	-0.04	0.06	-0.01
LW10	-0.04	<b>-0.14</b>	0.02	-0.03	0.03	-0.03	-0.01	0.07	0.01
STB	0.04	0.02	-0.01	0.05	<b>0.08</b>	-0.01	-0.16	0.02	-0.08

Le correlazioni genetiche stimate tra i tratti di produzione e le caratteristiche della mammella sono presentati nella Tabella 5, e le correlazioni fenotipiche sono riportate nella Tabella 6. Solo alcuni tratti sono stati riportati significativamente correlati.

Tabella 5. Correlazioni genetiche stimate tra i tratti di produzione e le caratteristiche della mammella (standard error subscripts). Le stime significativamente diverse da zero sono riportate in grassetto.

	Morphology Traits								
	len	dia	aml	samer	OR	NoFun	dev	TT	COL
Production Traits									
ADG	<b>0.27</b> <sub>0.11</sub>	0.14 <sub>0.11</sub>	<b>0.42</b> <sub>0.14</sub>	-0.06 <sub>0.18</sub>	0.00 <sub>0.01</sub>	0.01 <sub>0.02</sub>	0.03 <sub>0.11</sub>	-0.03 <sub>0.06</sub>	0.26 <sub>0.16</sub>
BFAT	-0.02 <sub>0.07</sub>	<b>0.28</b> <sub>0.08</sub>	0.15 <sub>0.13</sub>	-0.13 <sub>0.1</sub>	0.00 <sub>0.02</sub>	0.01 <sub>0.07</sub>	<b>-0.22</b> <sub>0.06</sub>	<b>0.36</b> <sub>0.07</sub>	0.01 <sub>0.02</sub>

Tabella 6. Correlazioni fenotipiche stimate tra i tratti di produzione e le caratteristiche della mammella . Le stime significativamente diverse da zero sono riportate in grassetto.

	Morphology Traits <sup>1</sup>									
	len	dia	aml	samer	OR	NoFun	dev	TT	COL	
Production Traits <sup>1</sup>										
ADG		-0.23	<b>-0.24</b>	<b>-0.13</b>	<b>-0.23</b>	<b>-0.13</b>	<b>-0.08</b>	-0.03	0.02	-0.03
BFAT		<b>0.08</b>	-0.02	-0.03	0.00	<b>0.09</b>	-0.16	<b>-0.09</b>	<b>0.10</b>	0.07

## DISCUSSIONE

Questo è il primo studio sulla stima dell'ereditabilità dei tratti morfologici della mammella della scrofa, la qualità del colostro e la loro correlazione con importanti caratteristiche riproduttive e produttive. In questo studio sono state adottate due metodologie recentemente sviluppate per la valutazione su larga scala della mammella della scrofa [11, 12] e la qualità

del colostro [13]. Metodi simili sono stati utilizzati per valutare le mammelle in pecore [14-18], vacche [19, 20] e capre [21, 22]. Le stime di ereditabilità dei tratti morfologici della mammella trovati in questo studio sulle scrofe sono state da medie ad elevate (da 0,1 a 0,53).

L'ereditabilità del numero totale di suinetti nati e il numero a dieci giorni (anche se quest'ultima variabile è stato fortemente influenzata dal cross-fostering) trovato in questo studio che ha coinvolto la razza Meidam, era simile ai valori per Landrace (rispettivamente: 0.10 e 0.09) e Yorkshire (rispettivamente 0,12 e 0,10) stimati nello studio di Nielsen, Su [23], ma leggermente inferiori rispetto ai valori trovati da Canario, Pere [24] nella stima dei parametri genetici per numero di suinetti nati vivi, il numero totale di suinetti nati e nati morti. In questo studio i risultati mostrano correlazioni sia genotipiche che fenotipiche positive e negative tra caratteristiche qualitative della mammella e caratteri produttivi e riproduttivi.

La lunghezza del capezzolo e il diametro sono stati trovati altamente ereditabili. Risultati simili, per quanto riguarda l'ereditabilità di dimensioni del capezzolo (lunghezza e diametro considerati come due tratti distinti), sono stati segnalati da Mavrogenis, Papachristoforou [25] per Chios pecore e Seykora and McDaniel [26] per le vacche Holstein. Le stime di Gootwine, Alef [27] per le pecore Assaf, e Horak and Gerza [22] per Cigaja e Valaska pecore erano molto più bassi (0,04-,21), ma in base ai punteggi piuttosto che riguardanti misurazioni lineari. Queste due dimensioni del capezzolo sono stati correlati geneticamente e fenotipicamente tra loro. Allo stesso modo, la lunghezza del capezzolo aveva una correlazione genetica positiva con la forma del capezzolo, l'orientamento e la posizione anche in bovini ( $r_g = 0.54$  al  $0,82$ ; [28]) dove questi tratti sono spesso valutati insieme come dimensioni dei capezzoli, definito come combinazione di lunghezza del capezzolo e la circonferenza [29-32].

E' stata trovata un'alta correlazione genetica positiva tra la lunghezza del capezzolo e la capacità della scrofa di allattare, espressa come il peso della nidiata a dieci giorni, anche se la robustezza di questa variabile è discutibile considerato l'alto numero di cross-fostering. Tuttavia tutti gli altri tratti sono stati negativamente geneticamente correlati con la capacità dall'allattamento della scrofa, a parte il numero totale dei capezzoli. Una correlazione genetica positiva tra la lunghezza del capezzolo e l'accrescimento ponderale giornaliero suggerisce che la lunghezza del capezzolo potrebbe essere selezionato in concomitanza con questo tratto di produzione senza alterare i processi di selezione. Una correlazione genetica e fenotipica negativa è stato registrato tra il diametro del capezzolo e il numero e il peso dei suinetti vivi a dieci giorni di età. Grandi capezzoli possono essere più difficili da succhiare e mettere in pericolo l'assunzione rapida di colostro. Complessivamente, questi risultati sono d'accordo con il precedente risultato ottenuto sulle dimensioni legate sull'associazione tra parto e la dimensione del capezzolo [12] e confermano l'ipotesi di Vasdal and Andersen [4] che le scrofe più anziane con più grande dimensione della mammella alterano l'accesso al capezzolo, che influenza negativamente la sopravvivenza dei suinetti.

Le stime della correlazione genetica tra la distanza del capezzolo alla linea mediana addominale e la distanza tra i capezzoli nella stessa fila, e con la percentuale di capezzoli non funzionali, erano alte. Questo risultato potrebbe suggerire che questi tratti sono tutti associati con le grandi dimensioni della mammella. Come previsto, la distanza tra i capezzoli nella stessa linea è stata negativamente geneticamente correlata con il numero totale di capezzoli. C'è stata una correlazione genetica positiva tra la distanza tra i capezzoli nella stessa linea e i tratti riproduttivi (totale dei suinetti nati e nati vivi) e una correlazione genetica negativa tra quei tratti e il numero totale dei capezzoli. La distanza tra i capezzoli all'interno della stessa linea è stata anche positivamente geneticamente correlata con le dimensioni della nidiata a dieci giorni e negativamente correlata con il numero di suinetti nati morti. L'ereditabilità del numero totale di capezzoli era simile ai valori medi riportati in letteratura, che vanno da 0,10 a 0,42 [6, 8, 33]. Le correlazioni genetiche tra il numero dei capezzoli e i tratti riproduttivi sono conformi con i dati

ottenuti da Pumfrey, Johnson [33] ma vi è incoerenza nella letteratura. In contrasto con i nostri risultati Allen, Tribble [34] hanno trovato che il numero totale dei capezzoli era positivamente correlato con la dimensione della nidiata alla nascita, mentre ci sono state segnalazioni di entrambe le correlazioni genetiche positive [35] e negative [33] tra la dimensione del capezzolo e il numero della nidiata allo svezzamento. Una scoperta interessante in questo studio è che il numero di suinetti nati morti negativamente correlato con il tratto distanza tra i capezzoli all'interno della stessa linea e altamente correlata positivamente con il numero totale dei capezzoli. Canario, Pere [24] ha dichiarato che il numero di suinetti nati morti è positivamente correlato con il numero di suinetti nati totali (0,58). Si può quindi suggerire che la selezione per un incremento della distanza tra i capezzoli all'interno della stessa linea, potrebbe facilitare la suzione precoce dei suinetti appena nati [36] aumentando le dimensioni della nidiata, riducendo il numero di nati morti, ma avrebbe anche un effetto negativo sul numero totale dei capezzoli. Un altro risultato interessante è la correlazione genetica tra la distanza tra i capezzoli all'interno della stessa linea e la stima della qualità del colostro. Questo risultato, accompagnato dalla correlazione genetica tra la distanza tra i capezzoli all'interno della stessa linea e le dimensioni della nidiata, suggerisce che le immunoglobuline nel colostro potrebbero essere correlate ad un aumento della dimensione della nidiata stessa. La concentrazione di immunoglobuline nel colostro è stata fortemente geneticamente e fenotipicamente correlata con il numero e il peso dei suinetti nati vivi, in contrasto con lo studio di Quesnel [37] che non ha trovato prove di una relazione tra dimensioni della nidiata e qualità del colostro. Considerando la relazione tra la distanza dei capezzoli, il loro numero e le complesse relazioni genetiche tra questi due tratti e la mortalità e l'incidenza di nati morti, decisioni attente devono essere prese al fine di selezionare per numero di capezzoli funzionali per ridurre la mortalità dei suinetti.

La stima dell'ereditabilità per la proporzione di capezzoli non funzionali corrisponde a quella osservato in studi precedenti (0,32, [38]; 0,29, [8]). La correlazione positiva tra il numero di capezzoli e capezzoli non funzionali suggerisce che la selezione di una singola caratteristica di aumento del numero dei capezzoli potrebbe aumentare il numero di capezzoli non funzionali, in linea con i risultati di Long [38] e Chalkias [8]. La percentuale di capezzoli non funzionali era alta, ma negativamente geneticamente correlata con il peso della nidiata a dieci giorni. Ciò potrebbe suggerire che le scrofe che hanno un'alta percentuale di capezzoli non funzionali non possono fornire abbastanza mammelle di buona qualità per consentire la prole di prosperare fino a dieci giorni di età. Come suggerito da Long [38], Chalkias [8] e i risultati di questo studio, è possibile affermare che l'aggiunta al sistema di selezione genetica di un coefficiente negativo sul numero di capezzoli non funzionali riduce la mortalità dei suinetti.

## **CONCLUSIONE**

Questi risultati, sono il primo del loro tipo, si faranno senza dubbio molti altri approfondimenti, ma ci sono alcune conclusioni affidabili per l'ereditabilità dei tratti della morfologia della mammella e la loro importanza per la sopravvivenza dei suinetti e le prestazioni. Tutti i tratti della mammella misurati in questo studio sono stati da moderata a elevata ereditabilità e con alcune importanti correlazioni con caratteristiche riproduttive e produttive. Queste caratteristiche dovrebbero essere incluse tra i caratteri di selezione dei suini e pesate opportunamente con gli altri tratti importanti per migliorare il progresso genetico.

## **BIBLIOGRAFIA**

- [1] BPEX. Pig Yearbook 2009. British Pork Executive (BPEX). 2009;Milton Keynes.
- [2] Baxter EM, Jarvis S, Sherwood L, Robson SK, Ormandy E, Farish M, et al. Indicators of piglet survival in an outdoor farrowing system. *Livestock Science*. 2009;124:266-76.

- [3] Bland IM, Rooke JA, Bland VC, Sinclair AG, Edwards SA. Appearance of immunoglobulin G in the plasma of piglets following intake of colostrum, with or without a delay in sucking. *Animal Science*. 2003;77:277-86.
- [4] Vasdal G, Andersen IL. A note on teat accessibility and sow parity — consequences for newborn piglets. *Livestock Science*. 2012;146:91-4.
- [5] English PR, Hammond D, Davidson FM, Smith WJ, Silver CL, Dias MFM, et al. Evaluation of a system of piglet rearing management incorporating synchronization of farrowing by use of a prostaglandin analog (ici 80996). *Animal Production*. 1977;24:139-40.
- [6] Rydhmer L. Genetics of sow reproduction, including puberty, oestrus, pregnancy, farrowing and lactation. *Livest Prod Sci*. 2000;66:1-12.
- [7] Hickman CG. Teat Shape and Size in Relation to Production Characteristics and Mastitis in Dairy Cattle. *Journal of Dairy Science*. 1964;47:777-82.
- [8] Chalkias H, Rydhmer L, Lundeheim N. Genetic analysis of functional and non-functional teats in a population of Yorkshire pigs. *Livestock Science*. 2013;152:127-34.
- [9] Ding N, Guo Y, Knorr C, Ma J, Mao H, Lan L, et al. Genome-wide QTL mapping for three traits related to teat number in a White Duroc x Erhualian pig resource population. *Bmc Genetics*. 2009;10:6.
- [10] Hirooka H, de Koning DJ, Harlizius B, van Arendonk JAM, Rattink AP, Groenen MAM, et al. A whole-genome scan for quantitative trait loci affecting teat number in pigs. *J Anim Sci*. 2001;79:2320-6.
- [11] Balzani A, Cordell HJ, Edwards SA. Development of a methodology to describe udder conformation in sows. *Animal : an international journal of animal bioscience*. 2015;5:1-8.
- [12] Balzani A, Cordell HJ, Sutcliffe E, Edwards SA. Sources of variation in udder morphology of sows. *J Anim Sci*. 2016;94 394-400.
- [13] Balzani A, Cordell HJ, Edwards SA. Evaluation of an on-farm method to assess colostrum IgG content *Animal : an international journal of animal bioscience*. 2015;11:1-6.
- [14] Casu S, Pernazza I, Carta A. Feasibility of a Linear Scoring Method of Udder Morphology for the Selection Scheme of Sardinian Sheep. *Journal of Dairy Science*. 2006;89:2200-9.
- [15] delaFuente LF, Fernandez G, SanPrimitivo F. A linear evaluation system for udder traits of dairy ewes. *Livest Prod Sci*. 1996;45:171-8.
- [16] Fernandez G, Alvarez P, San Primitivo F, de la Fuente LF. Factors Affecting Variation of Udder Traits of Dairy Ewes. *Journal of Dairy Science*. 1995;78:842-9.
- [17] Huntley SJ, Cooper S, Bradley AJ, Green LE. A cohort study of the associations between udder conformation, milk somatic cell count, and lamb weight in suckler ewes. *Journal of Dairy Science*. 2012;95:5001-10.
- [18] Labussiere J, Dotchewski D, Combaud JF. Morphological-characteristics of the udder of lacaune ewes and relationships with milkability - methodology used for collection of data. *Annales De Zootechnie*. 1981;30:115-36.
- [19] Kuczaj M. Changes in the genetic pool and milk performance of the primiparous cow population in Poland. *Medycyna Weterynaryjna*. 2003;59:826-8.
- [20] Seykora AJ, McDaniel BT. Udder and Teat Morphology Related to Mastitis Resistance: A Review. *Journal of Dairy Science*. 1985;68:2087-93.

- [21] HABT EHHAHG. Production and composition of sow's milk. *J Nutr.* 1935:11.
- [22] Horak F, Gerza J. A morphological study of the goat's udder. *Acta Universitatis Agriculturae Brno.* 1969;17:189-99.
- [23] Nielsen B, Su G, Lund MS, Madsen P. Selection for increased number of piglets at d 5 after farrowing has increased litter size and reduced piglet mortality. *J Anim Sci.* 2013;91:2575-82.
- [24] Canario L, Pere MC, Tribout T, Thomas F, David C, Gogue J, et al. Estimation of genetic trends from 1977 to 1998 of body composition and physiological state of Large White pigs at birth. *Animal : an international journal of animal bioscience.* 2007;1:1409-13.
- [25] Mavrogenis AP, Papachristoforou C, Lysandrides P, Roushias A. Environmental and genetic factors affecting udder characters and milk production in Chios sheep. *Genetics Selection Evolution.* 1988;20:477-88.
- [26] Seykora AJ, McDaniel BT. Genetic and environmental variation in udder heights, cleft and teat measures. *Journal of Dairy Science.* 1981;64:84.
- [27] Gootwine E, Alef B, Gadeesh S. Udder conformation and its heritability in the assaf(awassi x east-friesian) cross of dairy sheep in israel. *Annales De Genetique Et De Selection Animale.* 1980;12:9-13.
- [28] Vukasinovic N, Moll J, Künzi N. Analysis of productive life in Swiss Brown cattle. *Journal of dairy science.* 1997;80:2572-9.
- [29] Bradford HL, Moser DW, Minick Bormann J, Weaber RL. Estimation of genetic parameters for udder traits in Hereford cattle. *J Anim Sci.* 2015;93:2663-8.
- [30] Bunter KL, Johnston DJ. Genetic parameters for calf mortality and correlated cow and calf traits in tropically adapted beef breeds managed in extensive Australian production systems. *Animal production science.* 2014;54:50-9.
- [31] Kirschten DP. Genetic parameters of linear type traits for beef cattle and their correlation with production of Simmental cows: Montana State University, Bozeman; 2001.
- [32] Sapp RL, Rekaya R, Bertrand JK. Teat scores in first-parity Gelbvieh cows: Relationship with suspensory score and calf growth traits. *J Anim Sci.* 2004;82:2277-84.
- [33] Pumfrey RA, Johnson RK, Cunningham PJ, Zimmerman DR. Inheritance of teat number and its relationship to maternal traits in swine. *J Anim Sci.* 1980;50:1057-60.
- [34] Allen AD, Tribble LF, Lasley JF. Inheritance of nipple numbers in swine and the relationship to performance. *Missouri agricultural experiment station research bulletin.* 1959:694.
- [35] Korkman N. Causes of variation in the size and weight of litters from sows. *Acta Agriculturae Suecana.* 1947;2:253-310.
- [36] Balzani A, Cordell HJ, Edwards SA. Does sow udder conformation influence teat access by newborn piglets? . *Theriogenology.* Submitted 2015.
- [37] Quesnel H. Colostrum production by sows: variability of colostrum yield and immunoglobulin G concentrations. *Animal : an international journal of animal bioscience.* 2011;5:1546-53.
- [38] Long T, Aasmundstad T, Holm B. Genetics of teat quantity and quality in Norwegian Landrace. *Proceedings of the 9th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, 1st–6th of August, Leipzig, Germany, ID8672010.*