



PRI-PAC

Un nuovo strumento a disposizione degli allevatori per una adeguata gestione della consanguineità e per massimizzare il progresso genetico della propria mandria in relazione a specifici obiettivi di selezione.



Aggiornato in maggio 2019



A.N.A.P.R.I.
Associazione Nazionale Allevatori
Bovini di Razza Pezzata Rossa Italiana



Premessa

La possibilità di disporre di uno strumento moderno per la gestione degli accoppiamenti in popolazione è un fatto imprescindibile non solo per massimizzare il progresso genetico in azienda, in relazione a specifici obiettivi di selezione, ma anche per una adeguata gestione delle problematiche dell'inbreeding e delle tare genetiche.

ANAPRI disponeva, per la compilazione dei piani di accoppiamento (PAC), di un programma datato (PACION1), software sviluppato nel 2001 quando l'era della genomica non era ancora all'orizzonte, che seguiva le logiche dettate da un utilizzo preponderante di pochi tori provati e dei tori giovani disponibili al momento.

Oggi la situazione è profondamente cambiata con una preponderanza nell'utilizzo dei tori genomici (non solo nazionali) a discapito di quelli provati, riproduttori soggetti ad un ampio turnover. La disponibilità di nuove informazioni relative a caratteri di recente introduzione (vedi ad esempio i caratteri fertilità, longevità e persistenza), abbinata alla necessità di gestire in maniera più efficace le problematiche dell'inbreeding e delle tare genetiche ha fatto propendere per lo sviluppo ex novo di un software dedicato. Per tale attività si è fatto riferimento al dr. Gerald Jansen, titolare della Dekoppel, oltre che a risorse interne. Si tratta di una prima versione che sarà oggetto di integrazioni e miglorie, sulla base anche delle indicazioni ricevute da parte dei fruitori.

Ad oggi l'utilizzo della procedura sarà limitato a tecnici autorizzati e non messa a disposizione direttamente degli allevatori.

La nuova procedura prende il nome di PRI PAC.



PRI-PAC

Caratteristiche del Software

Il lavoro di sviluppo del Software PRI-PAC si è articolato in diverse fasi: analisi dei requisiti del software, sviluppo della procedura di definizione degli accoppiamenti, preparazione dei file di input necessari al programma, sviluppo del layout responsive e delle stampe in formato pdf. In seguito si prevede di archiviare le informazioni inerenti gli accoppiamenti suggeriti sul nuovo database ANAPRI in fase di sviluppo e di consentire l'accesso, tramite autenticazione, ad un sito responsive ove gli interessati possono visionare la propria mandria e verificare per ciascun animale gli accoppiamenti suggeriti. Questo può essere fatto attraverso i comuni browser web oltre che dai dispositivi mobili (smartphone, tablet) secondo un approccio responsive.

Il software è stato scritto utilizzando i seguenti linguaggi di programmazione/markup : python, php, html e l'utilizzo di vari framework open source (Flask, Laravel, Bootstrap, ecc...). Il database è stato sviluppato utilizzando il software open source MariaDB. L'installazione dei vari software realizzati è stata effettuata su diversi server gestiti da ANAPRI con sistema operativo open source LINUX.

Di seguito sono riportate le principali caratteristiche del nuovo software.

- ✓ Possibilità per gli utenti di disporre in linea delle versioni del software più aggiornate, senza doverne scaricare ed installare sul proprio pc gli aggiornamenti.
- ✓ Possibilità di disporre di archivi sempre aggiornati in relazione alla composizione della mandria, alle caratteristiche genetiche, al pedigree dei riproduttori e delle bovine, senza dover scaricare sul proprio pc nuovi archivi.
- ✓ Possibilità di introdurre nuovi caratteri senza modificare la struttura del software.
- ✓ Notevole flessibilità del piano di accoppiamento, grazie alla possibilità di editare un unico file ove sono specificati i parametri necessari al funzionamento del software. Questa operazione è prerogativa esclusiva degli uffici ANAPRI.
- ✓ Genealogie complete di tutti i soggetti in età riproduttiva effettivamente presenti in azienda e dei riproduttori disponibili.
- ✓ Disponibilità di tutti i riproduttori utilizzabili (non vi è limitazione al numero di tori che possono essere inseriti nella lista dei candidati).
- ✓ Integrazione di tutte le informazioni genetiche, genealogiche, produttive, riproduttive disponibili.
- ✓ Utilizzo delle informazioni genomiche dei maschi e delle femmine.
- ✓ Controllo accurato della consanguineità e delle tare genetiche sfruttando le informazioni dell'intero pedigree, aggiornato al momento della compilazione del piano.
- ✓ Definizione degli obiettivi di selezione di ciascuna azienda al fine di individuare i migliori riproduttori e gestire al meglio gli accoppiamenti sulla base delle specifiche necessità.
- ✓ Notevole flessibilità nella scelta dei riproduttori, che può essere fatta dal tecnico o dal software, che andrà ad individuare i migliori tori tra quelli disponibili al momento.
- ✓ Ripartizione ottimale nell'utilizzo di ciascun toro non considerando solo gli aspetti di natura genetica, ma anche la necessità di ripartire le inseminazioni in maniera sufficientemente bilanciata tra i vari riproduttori. Di ciò ne beneficerà la variabilità genetica.
- ✓ Compilazione del piano di accoppiamento utilizzando i tori giovani in distribuzione al momento sulla sola base del livello di consanguineità delle tare genetiche.
- ✓ Possibilità di valutare per i principali caratteri di interesse il progresso genetico ottenibile e il livello di consanguineità media della possibile generazione di soggetti.

Manuale Operativo

L'accesso al software può essere fatto autenticandosi all'indirizzo web <http:pripac.anapri.it>. Le credenziali di autenticazione verranno rilasciate dagli uffici ANAPRI. Vi sono due tipologie di utenti:

- ✓ **Utente amministratore:** E' un profilo che consente di modificare alcuni parametri di base del programma di accoppiamento, modifiche che valgono per tutti gli utenti. Questo profilo ha la possibilità di autorizzare/rimuovere l'accesso al programma.
- ✓ **Utente non amministratore:** Questo profilo consente esclusivamente l'elaborazione dei PAC. Ha facoltà di modificare alcuni parametri per la compilazione dei singoli piani.



La filosofia che ha guidato la scrittura del software è stata quella di consentire un elevato livello di flessibilità a chi compila il piano di accoppiamento; questo fatto, rispetto a quanto possibile rispetto al precedente programma, ha un aspetto positivo che è legato alla possibilità di adattare al meglio il piano a quelle che sono le necessità dell'azienda interessata. Tuttavia, questa maggiore flessibilità del programma richiede al tecnico incaricato un maggiore livello di conoscenza delle modalità di funzionamento del software, data anche la numerosità degli aspetti da tener conto. Solo con l'utilizzo continuo e la progressiva maturazione di un adeguato livello di esperienza si riusciranno a fare dei piani ad hoc. A scanso di equivoci il piano, grazie alle impostazioni di base, riesce comunque a gestire in maniera ottimale gli accoppiamenti; la possibilità di variare alcuni parametri ha il solo scopo di rendere il piano più adatto alle esigenze dello specifico allevatore.

Nelle pagine successive andremo a chiarire per ciascuna sezione del PRI-PAC le funzionalità sviluppate.

Pagina Principale

E' la pagina di apertura del programma, ed appare come da immagine successiva.



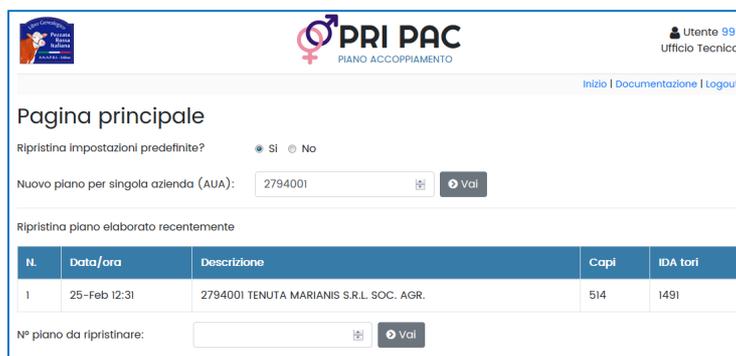
The screenshot shows the main page of the PRI PAC application. At the top left is the logo of the Italian Ministry of Agriculture. In the center is the 'PRI PAC' logo with the text 'PIANO ACCOPPIAMENTO'. At the top right, the user is identified as 'Utente 991 Ufficio Tecnico'. Below the header, there are links for 'Inizio', 'Documentazione', and 'Logout'. The main heading is 'Pagina principale'. Below it is a form with the question 'Ripristina impostazioni predefinite?' and two radio buttons: 'Si' (selected) and 'No'. Below this is a text input field for 'Nuovo piano per singola azienda (AUA):' with a 'Vai' button.

Le funzionalità previste in questa sezione sono:

Ripristina impostazioni predefinite? Mettendo il flag su “**Si**” vengono caricate le impostazioni iniziali presenti di default. Mettendo il flag sul “**No**” vengono mantenute le impostazioni definite per il piano precedentemente compilato.

Nuovo piano per singola azienda. Consente di segnalare il codice AUA per il quale effettuare il PAC. Ci si può spostare da una azienda ad un'altra, digitando il nuovo codice aziendale oppure utilizzando le frecce a lato. Evidenziato il codice AUA corretto cliccare VAI per passare alla fase operativa.

Ripristina piano elaborato recentemente. Consente di richiamare un piano precedentemente compilato con lo scopo di poter verificare quanto prodotto in precedenza e/o modificarlo sulla base di nuovi criteri.



The screenshot shows the same main page as above, but with the 'Ripristina piano elaborato recentemente' section expanded. It contains a table with the following data:

N.	Data/ora	Descrizione	Capi	IDA tori
1	25-Feb 12:31	2794001 TENUTA MARIANIS S.R.L. SOC. AGR.	514	1491

Below the table is a text input field for 'N° piano da ripristinare:' with a 'Vai' button.

Impostazione dei parametri del piano

In questa sezione si definiscono dei parametri di partenza per il piano di accoppiamento. Le funzionalità previste in questa sezione sono:

Tipo di piano. Grazie a questa schermata si può definire la tipologia di piano; allo stato attuale le possibilità previste sono due: **Piano Ufficio** redatto da un tecnico incaricato senza che vi sia alcuna visita aziendale, **Piano Azienda** redatto da un tecnico incaricato contestualmente o in seguito ad una visita aziendale ad esso dedicata. La differenza tra le due tipologie è relativa al costo per ciascun piano, il quale è riportato in uno specifico tariffario compilato da ANAPRI.

Max % accoppiamenti con: In questa sezione pagina si può impostare il limite massimo di accoppiamenti con **tori genomici** da 0 a 80% e il limite massimo di accoppiamenti per i tori **esteri** da 0 a 70% in relazione a quanto richiesto dall'allevatore.

Età minima manze da includere (mesi). Può essere modificata l'età di inclusione minima del giovane bestiame, parametro da modificare in relazione anche a quanto frequentemente viene compilato il piano di accoppiamento.

Ordine stampa accoppiamenti: prima. Può inoltre essere modificato l'ordine di stampa degli accoppiamenti suggeriti (due criteri) considerando 4 possibili variabili, la matricola, il collare (o aziendale) o la data di nascita.

The screenshot displays the 'Impostazione parametri del piano' web interface. At the top, there is a header with the PRI PAC logo and the text 'PIANO ACCOPIAMENTO'. The user is logged in as 'Utente 991 Ufficio Tecnico'. Below the header, there is a navigation bar with 'Inizio | Documentazione | Logout'. The main content area shows the title 'Impostazione parametri del piano' and a 'Val' button. The form includes the following fields: 'Tipo di piano' (dropdown menu set to 'Ufficio'), 'Max % accoppiamenti con: tori genomici' (input field with 50), 'tori esteri' (input field with 50), 'Età minima manze da includere (mesi)' (input field with 8), and 'Ordine stampa accoppiamenti: prima' (dropdown menu) with sub-dropdowns for 'DataNasc' and 'Collare'. There is also an 'Elabora' button and an 'Aiuto' link at the bottom right.

Una volta definiti i parametri di partenza si possono scegliere (finestrella sulla dx) diverse opzioni di seguito riportate:

- ✓ **Mandria:** consente di modificare la composizione della mandria.
- ✓ **Tori:** sezione grazie alla quale si possono definire le caratteristiche dei tori da utilizzare nel PAC se non la lista degli stessi.
- ✓ **Obiettivi:** consente di definire quali sono i caratteri da migliorare in base alle esigenze dell'allevatore
- ✓ **Elabora:** consente di elaborare il PAC secondo i parametri impostati.
- ✓ **Stampe:** sezione dedicata alle stampe prodotte dal piano.

Mandria

In questa sezione è possibile modificare la composizione della mandria sulla base delle variazioni successive all'aggiornamento del Libro Genealogico e non ancora recepite, come l'uscita dei soggetti o cambio di stato (V= vacca matura, P= primipara, M= Manza, X=Eliminata) dei capi, i quali possono essere ordinati sulla base di diversi parametri. In questo punto è possibile scaricare due report la cui consultazione è propedeutica alla compilazione del piano. Le stampe sono:

Analisi dei geni.pdf: questa stampa riporta la composizione genetica della mandria calcolata analizzando il pedigree dei soggetti vivi per quattro generazioni. Lo scopo è quello di evidenziare le linee di sangue che influiscono in maniera significativa sulla mandria presente in azienda.

Livello genetico azienda.pdf: Riporta il confronto tra i livelli genetici della mandria in rapporto a quello della popolazione intera. La finalità è quella di caratterizzare da un punto di vista genetico la mandria consentendo una più facile individuazione dei caratteri che necessitano essere migliorati. I dati sono riportati sia in forma tabellare che in forma grafica con una visualizzazione con istogrammi a barre e riguarda i principali caratteri e i livelli di consanguineità.



Stato	Collare	Matricola	DataNasc	IDA	Rank	Gen	DataParto	DataFec
V		AT000450454409	2006-10-15	257	67		2017-09-17	2018-06-30
V		DE000942706678	2009-03-07	108	52		2016-11-17	2018-03-22
V		DE000943580895	2009-06-16	404	79		2018-01-25	2018-07-08

Tori

Se non vengono inserite delle limitazioni o dei vincoli il piano di accoppiamento viene elaborato sulla base delle impostazioni inserite nelle altre sezioni scegliendo **AUTONOMAMENTE** i tori che meglio soddisfano le condizioni definite.

Numero di tori da consigliare: Si definisce il numero di tori da impiegare per la formulazione del piano.

Max tori con lo stesso padre: Si può definire il numero di tori con medesimo padre. Questa funzione ha lo scopo di limitare l'utilizzo di riproduttori afferenti alla medesima linea di sangue. E' particolarmente utile da inserire soprattutto quando nelle prime posizioni della classifica vi sono tori con lo stesso padre e con seme disponibile.

Filtri per limitare i tori: Vi è la possibilità di filtrare i riproduttori per quattro diversi aspetti, impostando il carattere ed un valore minimo X che il candidato deve rispettare.

Togliere figli di: con questa funzionalità si possono togliere dal paniere dei candidati i figli di tori (2 tori) che, per motivi diversi, (tori già usati in passato o che per motivi di vario genere non fanno al caso specifico) non sono graditi.

Caratteri recessivi: Si possono escludere completamente i riproduttori portatori delle principali tare genetiche specificando 'SI' nello specifico campo.

Numero di tori da consigliare: 12 Max tori con lo stesso padre: 4

Filtri per limitare i tori

Filtro 1: Filtro 2:

Filtro 3: Filtro 4:

Togliere figli di:

Caratteri recessivi
Escludere completamente tori portatori?

BMS: ZDL: TP: AR: DW:

No No No No No

Limiti sui singoli tori: Si possono specificare per 6 diversi tori il numero massimo di accoppiamenti; questa opzione è particolarmente utile quando il piano, per motivi di varia natura tende a premiare un toro in particolare; se si vuole escludere completamente un toro si inserisce lo "0".

Numero minimo di accoppiamenti: specificando per singolo toro il numero di accoppiamenti >0 si riesce a forzare l'utilizzo dei tori che l'allevatore ha scelto o che ha già in azienda. Si consiglia di usare un singolo toro su meno del 25% della mandria. Si deve specificare il toro (digitando il nome vengono proposti i tori che hanno quel nome) e il numero minimo di accoppiamenti.

Limiti sui singoli tori
Numero massimo di accoppiamenti (0 per eliminare un toro)

Toro	Limite	Toro	Limite
<input type="text"/>	<input type="text"/>	<input type="text"/>	<input type="text"/>
<input type="text"/>	<input type="text"/>	<input type="text"/>	<input type="text"/>
<input type="text"/>	<input type="text"/>	<input type="text"/>	<input type="text"/>
<input type="text"/>	<input type="text"/>	<input type="text"/>	<input type="text"/>
<input type="text"/>	<input type="text"/>	<input type="text"/>	<input type="text"/>
<input type="text"/>	<input type="text"/>	<input type="text"/>	<input type="text"/>

Numero minimo di accoppiamenti (>0 per forzare tori bidone)
Si consiglia di usare un singolo toro su meno di 25% della mandria.

Toro	Limite	Toro	Limite
<input type="text"/>	<input type="text"/>	<input type="text"/>	<input type="text"/>
<input type="text"/>	<input type="text"/>	<input type="text"/>	<input type="text"/>
<input type="text"/>	<input type="text"/>	<input type="text"/>	<input type="text"/>
<input type="text"/>	<input type="text"/>	<input type="text"/>	<input type="text"/>
<input type="text"/>	<input type="text"/>	<input type="text"/>	<input type="text"/>

La compilazione degli accoppiamenti con i tori genomici/provati è contestuale all'elaborazione, mentre per i tori Italiani in prima distribuzione questa viene aggiornata in automatico dagli uffici ANAPRI ogni qualvolta vi è un aggiornamento della lista dei tori. In questo caso vengono considerati i tori degli ultimi tre cicli di progenie che non sono stati inseriti nella sezione genomici/provati (i tori in prima distribuzione con la qualifica di "padre di toro", vengono inseriti solo nella sezione genomici/provati); gli unici criteri che vengono contemplati nella compilazione del piano sono il livello di consanguineità dell'accoppiamento e le tare genetiche. Le madri di toro vengono accoppiate sempre a tori che hanno la codifica di Padre di toro.

Obiettivi

In questa sezione è possibile impostare i parametri (le opzioni sono molteplici) che guidano il software nella compilazione del PAC. Giocando su questi parametri si riescono a produrre dei piani personalizzati in relazione alle esigenze dei singoli allevatori, consentendo, in seconda battuta, un utilizzo dei tori maggiormente variegato.

I parametri da definire sono i seguenti:

- ✓ Scelta obiettivo principale
- ✓ Impostazione premi/penalità
- ✓ Impostazione avanzate (sezione visibile solo al profilo amministratore)

Scelta obiettivo principale: è possibile individuare un indice di accoppiamento diverso in relazione agli obiettivi aziendali da migliorare. L'accoppiamento di Default viene eseguito considerando come indice di riferimento l'IDA. Scegliendo un indice diverso gli accoppiamenti vengono definiti non più sulla base dell'IDA ma dell'indice specificato. Nel complesso sono 6 gli indici di accoppiamento preventivati; in tabella 1 sono riportati i pesi dati a ciascun carattere nella definizione dell'indice di accoppiamento. I tori vengono comunque scelti nell'abito dei migliori riproduttori disponibili nella classifica ad IDA di cui vi è disponibilità di seme.

Tabella 1: Definizione delle diverse tipologie di obiettivi da perseguire per la compilazione del PAC.

	Ida	Morfologia	Formaggio	Funzionalità	Salute Mam.	Longevità
Proteina Kg	37	20	20	20	20	18
Grasso Kg	2	5	8	5	3	
Proteina %	5	2	12.5	2	5	2
Grasso %			7			
Longevità				5	5	10
Fertilità				5		6
Persistenza				5	5	6
Mungibilità	7.5	6	5	7.5	5	5
Cell. Somat.	5	5	10	7	18	10
Taglia	0	4	0	0	0	0
Muscolosità	6	8	6	9	6	6
Arti E Piedi	5	12	5	5	5	10
Mammella	14.5	20	14.5	14.5	16	15
Indice Carne	18	18	12	15	12	12

Impostazione premi/penalità: In questa sezione vengono definiti premi e penalità per alcuni aspetti di interesse. Per ogni caratteristica contemplata vi è un moltiplicatore da 0 a 100 che consente di enfatizzare una penalità o un premio. Di default questo moltiplicatore è impostato a zero, ma può essere modificato facilmente selezionando il valore desiderato. Operando su questi aspetti si può favorire l'utilizzo di riproduttori che abbiano particolari caratteristiche di pregio. Allo stato attuale la definizione del moltiplicatore riguarda la CAM (consanguineità attesa media del toro se utilizzato a caso sulla mandria), l'attendibilità e i caratteri qualitativi polled, beta caseine e k-caseine. Relativamente agli indici genetici è prevista la possibilità di dare maggior peso a sei indici diversi, da scegliere in 3 gruppi di caratteri diversi (si possono enfatizzare al massimo due caratteri entro ciascun gruppo).

In merito alla CAM questa è definita come il livello di consanguineità attesa media del toro se utilizzato a caso sulla mandria in oggetto; in sostanza esprime una sorta di livello di parentela medio del toro con la mandria. Maggiore è il livello di parentela e più alto è il valore di CAM. Al fine di limitare l'utilizzo di un toro che ha già un certo livello di parentela con la mandria in questione è prevista una penalità di -10 punti per ogni punto percentuale di CAM in più rispetto al valore medio di 2.0%. Se si vuole enfatizzare la penalità si deve agire sul moltiplicatore.

In tabella 2 sono riportati i valori di penalità per valori di CAM crescenti rispetto ad un dato atteso di consanguineità del 2.0%, anche in base al valore del moltiplicatore specificato nel menù a tendina del CAM. E' evidente che tori che presentano un elevato livello di CAM con la mandria in questione vengono fortemente penalizzati, tanto da rendere un loro utilizzo assolutamente poco probabile.

Tabella 2: Simulazione delle penalità in relazione ai valori di CAM di un ipotetico toro e del valore del moltiplicatore scelto. Il livello di CAM generale è posto pari al 2%.

Valore di CAM	1	2	3	4	5	6	7	8	9
Valore atteso di consanguineità	2	2	2	2	2	2	2	2	2
Differenza tra valore atteso e CAM	-1	0	1	2	3	4	5	6	7
Penalità per ogni punto percentuale	-10	-10	-10	-10	-10	-10	-10	-10	-10
Moltiplicatore CAM									
	Penalità								
0	0	0	-10	-20	-30	-40	-50	-60	-70
10	0	0	-100	-200	-300	-400	-500	-600	-700
20	0	0	-200	-400	-600	-800	-1000	-1200	-1400
30	0	0	-300	-600	-900	-1200	-1500	-1800	-2100
40	0	0	-400	-800	-1200	-1600	-2000	-2400	-2800
50	0	0	-500	-1000	-1500	-2000	-2500	-3000	-3500
60	0	0	-600	-1200	-1800	-2400	-3000	-3600	-4200
70	0	0	-700	-1400	-2100	-2800	-3500	-4200	-4900
80	0	0	-800	-1600	-2400	-3200	-4000	-4800	-5600
90	0	0	-900	-1800	-2700	-3600	-4500	-5400	-6300
100	0	0	-1000	-2000	-3000	-4000	-5000	-6000	-7000

La problematica della consanguineità viene gestita, ovviamente, anche a livello di singolo accoppiamento; in particolare la penalità è fissata in -100 punti dell'Indice di accoppiamento per ogni punto percentuale in più di consanguineità rispetto al valore base di Consanguineità (posto pari al 2%) elevato al quadrato. Elevando al quadrato questa differenza si va ad accentuare il livello di penalità in maniera più che proporzionale.

Tabella 3: Livello di penalità dell'indice di accoppiamento in relazione ai valori di Consanguineità attesa dell'accoppiamento, con valore di riferimento della consanguineità pari al 2%.

Detrazione (p)	Consanguineità accoppiamento (a)	Livello di riferimento consanguineità (b)	Differenza da livello base (a-b)	Quadrato scarto da livello base (a-b) ²	Penalità p*(a-b) ²
-100	2.5	2	0.5	0.25	-25
-100	3	2	1	1	-100
-100	4	2	2	4	-400
-100	5	2	3	9	-900
-100	6	2	4	16	-1600
-100	7	2	5	25	-2500
-100	8	2	6	36	-3600
-100	9	2	7	49	-4900

Riguardo ai caratteri qualitativi sono previste dei premi finalizzati a favorire l'utilizzo di riproduttori portatori della variante allelica desiderata. Per il carattere polled vi è una premio di accoppiamento pari e 500 punti previsto per gli accoppiamenti tra tori polled e figlie di tori polled. Per il carattere beta caseine e k-caseine vi è una premio di accoppiamento pari e **500** punti previsto per i tori rispettivamente A2A2 e BB. Anche in questi tre casi è previsto un moltiplicatore per accentuare il livello di premio.

Riguardo all'attendibilità il premio è pari a 1.0 punto per ogni punto di attendibilità; modificando il valore del moltiplicatore nella sezione Impostazione premi/penalità si andranno a premiare riproduttori con maggiore attendibilità del dato (tori provati) rispetto a quelli con minore attendibilità (genomici). Mettendo valore zero non vi è alcun premio e il programma tratta tori genomici e provati come se avessero la medesima attendibilità.

Impostazioni avanzate: La possibilità di modificare le impostazioni avanzate è prerogativa esclusiva del profilo Amministratore; in questa sezione vengono definiti alcuni parametri, premi e penalità generali. La figura sottostante riporta i parametri che possono essere modificati in questa sessione.

Impostazioni avanzate

Nota che i penalità/premi vengono moltiplicati per il valore 0 a 100 impostato di sopra.

Premi e penalità applicati ai tori

moltiplicatore per ogni punto CAM

livello base (0 penalità sotto questo livello)

moltiplicatore per ogni punto di attendibilità

moltiplicatore portatori Polled (doppio per Ormozigote)

moltiplicatore IGT per ogni unità di D.S.

Penalità sugli accoppiamenti singoli

Premio per tori elite su vacche rank 95+

premio in punti IDA

Penalità sulla consanguineità degli accoppiamenti singoli

moltiplicatore per ogni punto percentuale (al quadrato)

valore base (nessuna penalità sotto questo valore)

Penalità su accoppiamenti fra portatori di caratteri recessivi

Penalità su accoppiamenti fra portatori di Aplotipi Letali

Premio su accoppiamenti fra tori Polled PO/PC/PS e figlie di tori Polled PO/PC/PS

Elabora

Una volta definiti gli obiettivi, individuati i tori e definiti i parametri nella sezione premi e penalità si può passare all'elaborazione del piano. In automatico si passa alla sezione stampe ove sono presenti una serie di report che consentono di valutare se il piano compilato soddisfa le attese. Se il piano compilato è soddisfacente si salva e viene in automatico caricato sul database; gli accoppiamenti suggeriti, un domani, saranno visibili direttamente sul portale ANAPRI. **Le stampe in pdf vengono generate con i nuovi dati esclusivamente se si clicca Salva, altrimenti non vi è la possibilità di consegnare all'allevatore alcun documento.**

Stampe

Vi sono due tipologie di stampe; in sede di compilazione il software mette a disposizione del tecnico una serie di Report provvisori per valutare l'operato del programma. Questi report sono:

Tori consigliati: Viene prodotto un elenco dei tori consigliati per il piano in questione con il livello di utilizzo su manze e vacche, il numero di dosi da acquistare (viene calcolato come somma del numero di accoppiamenti effettuati su manze e su vacche, valore che poi è diviso per due) e le caratteristiche genetiche dei tori.

Accoppiamenti consigliati: Sono riportati per ogni singola bovina 2 possibili accoppiamenti con tori genomici/provati.

Accoppiamenti consigliati con dettagli: Per ogni soggetto viene riportato un valore di accoppiamento per tutti i tori che sono stati scelti (autonomamente o impostati). Questo report consente di capire quali sono stati gli aspetti che hanno determinato una scelta piuttosto che un'altra; ed aiuta soprattutto alle prime esperienze a capire le modalità di elaborazione del piano per ogni singolo accoppiamento.

Se il piano elaborato soddisfa il tecnico si deve salvare il piano cliccando su salva. In automatico vengono proposte in pdf le seguenti stampe (vedi allegati) da consegnare all'allevatore.

Analisi dei geni.pdf: questa stampa riporta la composizione genetica della mandria calcolata con le modalità precedentemente definite.

Piano Accoppiamento Aziendale.pdf: Sono riportati per ogni singola bovina 4 possibili accoppiamenti di cui due con tori genomici/provati e due con tori Italiani in prima distribuzione. Per ogni accoppiamento è riportato il livello di IDA atteso e grado di consanguineità del nascituro.

Progresso Genetico Atteso.pdf: Vengono confrontati i livelli genetici della mandria con il livello genetico della popolazione intera e con il livello genetico della nuova generazione derivante dall'applicazione del piano di accoppiamento. Quest'ultimo viene calcolato come media di tutti gli accoppiamenti plausibili segnalati per ciascuna bovina. Il confronto è possibile sia grazie alla consultazione di una specifica tabella che grazie ad una visualizzazione con istogrammi a barre e riguarda i principali caratteri e i livelli di consanguineità.