

FENOTIPI PER EFFICIENZA ALIMENTARE ED EMISSIONI DI METANO IN CANADA

di Christine Baes,^{1,2}Tatiana Chud,¹ Dagnachew Hailemariam,³
Vern Osborne,¹ Filippo Miglior,^{1,4} Paul Stothard,³
Flavio Schramm-Schenkel¹

1. Centre for Genetic Improvement of Livestock, Department of Animal Biosciences, University of Guelph, Canada; 2. University of Bern, Switzerland; 3. University of Alberta, Canada; 4. Ontario Genomics, Canada.

Al convegno tecnico ANAFIJ è stata invitata la prof.ssa Christine Baes dell'Università di Guelph (Canada). La sua famiglia possiede un'azienda di Frisone in Canada. Attualmente ha una cattedra all'Università di Guelph in Miglioramento genetico degli animali domestici. Gli obiettivi di ricerca della prof.ssa Baes e del suo gruppo di ricerca si orientano verso l'efficienza alimentare, la salute e il benessere degli animali in zootecnia. È responsabile di molti progetti di ricerca per il miglioramento genetico dei bovini da latte e degli avicoli. Al convegno ha presentato gli obiettivi e i primi risultati di due importanti progetti canadesi nell'ambito dell'efficienza alimentare e dell'impatto ambientale. Christine Baes ha sottolineato l'importanza della raccolta dei dati e della loro accuratezza, indispensabile per ottenere dei risultati attendibili, in particolare per i caratteri difficili da rilevare. Di seguito presentiamo un estratto della sua presentazione.

NUOVI CARATTERI PER LE VALUTAZIONI GENETICHE

La selezione genomica si è inizialmente concentrata sui dati raccolti di routine relativi alla produzione ed alla conformazione. Di recente sono state aggiunte alle valutazioni genetiche canadesi nuovi caratteri quali resistenza alle mastiti e alle malattie metaboliche, e anche la salute del piede. Gli approcci geno-

mici sono stati implementati in tutti i Paesi che da sempre si occupano di miglioramento genetico con un significativo impatto nella riduzione dell'intervallo di generazione. **La genomica può avere un significativo impatto anche per la selezione di caratteri economicamente importanti, ma molto difficili e/o costosi da rilevare.** Una migliore **efficienza alimentare (FE)** e **ridotte emissioni di metano (ME)** rientrano in questa categoria, perché la raccolta di fenotipi affidabili per efficienza alimentare e metano emesso è difficile e costosa. Per questo ad oggi non è stata implementata una selezione diretta su larga scala per questi caratteri.

COSA È IMPORTANTE PER UNA VALUTAZIONE GENETICA?

La selezione genomica richiede **fenotipi e genotipi accurati da singoli animali geneticamente rappresentativi della popolazione.** Il fenotipo efficienza alimentare può essere stimato in diversi modi, ma tutti richiedono misure accurate di ingestione degli alimenti sui singoli animali, del loro peso vivo e di produzione di latte. Uno dei caratteri presi in considerazione è l'ingestione di alimenti residui (**RFI**) che è la differenza tra l'ingestione di sostanza secca reale e quella predetta. Il DMI (ingestione di sostanza secca) predetto viene stimato prendendo in considerazione varie fonti energetiche come la produzione di latte e le variazioni del peso vivo. Possono essere presi

in considerazione diversi modelli di stima, ma per inserirli nel Sistema di Valutazione genetica per l'efficienza alimentare (FE) dovranno essere considerati anche i costi di mantenimento e di "residuo alimentare RFI" (espresso in dollari in base al costo medio degli alimenti).

Diversi studi hanno anche dimostrato che c'è correlazione genetica tra efficienza alimentare (FE) ed emissioni di metano (ME) che la selezione per FE dovrebbe comportare riduzioni stimate dell'11-26% per gas ad effetto serra (GHG) nel giro di un decennio. Come già sottolineato il limite principale per un piano di miglioramento genetico per questi caratteri è la mancanza di dati reali per FE e ME. I predittori fenotipici o correlati con l'ingestione degli alimenti (o delle emissioni di metano) offrono il potenziale per aumentare il numero di animali misurati e alcuni studi preliminari hanno dimostrato che i dati della **spettrometria a infrarossi medi del latte (MIR)** sono promettenti come predittori di FE e ME.

I PROGETTI DI RICERCA CANADESI

In Canada sono in atto due progetti di ricerca per la raccolta dei dati necessari alla messa a punto di una valutazione genetica per l'efficien-

za alimentare: il primo progetto è conosciuto in Canada come EDGP “Efficient Dairy Genome Project” e il secondo progetto è appena partito ed è la continuazione del primo progetto RDGP “Resilient Dairy Genome Project”. Entrambi i progetti hanno lo scopo di sopperire alla carenza di dati per FE e ME anche attraverso collaborazioni internazionali. Il RDGP mira inoltre a **includere i dati sulla salute e sulla fertilità con FE e ME in un indice complessivo per migliorare la resilienza complessiva dei bovini da latte**. Complessivamente, i dati raccolti in questi progetti vengono tutti convogliati presso il **Canadian Dairy Network** (oggi: **Lactanet**) per valutare l’accuratezza delle previsioni genomiche (GEBV) e per cercare di individuare i marcatori maggiormente legati ai caratteri FE e ME. **I dati raccolti sono a disposizione di tutti i partner e la collaborazione tra vari gruppi di ricerca a livello nazionale e internazionale aumenta notevolmente le probabilità di sviluppo.**

I DUE PROGETTI

Il progetto EDGP è iniziato nel settembre 2015 ed è stato esteso fino ad agosto 2020 (<http://genome-dairy.ualberta.ca/>). Sono stati raccolti i dati efficienza alimentare (FE) su oltre 1.000 animali in Canada ed un totale di circa 5.000 animali includendo anche i dati provenienti dagli accordi internazionali. All’interno del progetto sono stati raccolti dati anche per emissioni di metano (ME) di 300 vacche in Canada e di 1.000 provenienti dall’estero. Inoltre per questo carattere sono disponibili oltre 300.000 registrazioni/anno di dati MIR provenienti sia dal Canada che dai partner internazionali (tabella 1). All’interno del nuovo RDGP, tali numeri aumenteranno ad oltre 17.000 animali registrati e genotipizzati per FE e ci saranno anche oltre 6.000 animali per ME.

LA RACCOLTA DATI IN CANADA

La raccolta dei dati presso l’Università di Guelph ha luogo nell’azienda sperimentale all’avanguardia situata ad Elora, Ontario (figura 1a e 1b). Sono stati fissati una serie di obiet-

TABELLA 1				
NUMERO DI DATI E VACCHE (SETTEMBRE 2019) NEL DATABASE EDGP PER I DATI RELATIVI ALL’ASSUNZIONE DI SOSTANZA SECCA (DMI) E AL METANO (ME)				
PARTNER	DATI DMI*	VACCHE MISURATE DMI	DATI ME**	VACCHE MISURATE ME
Australia	22,005	576	2,105	464
Canada - Alberta	64,228	375	1,365	132
Canada – Elora	116,123	485	1,196	212
Danimarca	58,327	823	2,405	169
Svizzera	6,354	134	689	130
Regno Unito	540,021	1700	NA	NA
Stati Uniti	139,827	743	NA	NA
TOTALE	946,885	4,836	7,760	1,107

* Ingestione sostanza secca. **Emissioni di metano enterico.



tivi sia nell’EDGP che nell’RDGP, tra cui:

- 1) valutazione genomica per la resilienza complessiva nelle vacche da latte (capacità di adattarsi rapidamente alle mutevoli condizioni ambientali mantenendo o aumentando i livelli di produzione e riproduzione);
- 2) individuazione e implementazione di nuovi fenotipi femminili per la fertilità per migliorare l’accuratezza della selezione per l’espressione dell’estro e della sopravvivenza dell’embrione;
- 3) miglioramento della salute delle vacche aumentando i caratteri di resistenza alle malattie (disturbi della fertilità e salute dei vitelli);
- 4) miglioramento dell’efficienza ambientale allargando la popolazione di riferimento per l’efficienza alimentare e le emissioni di metano;
- 5) nuovi dati epigenomici per integrare la strategia di selezione genetica.

CONCLUSIONI

L’Efficient Dairy Genome Project e il Resilient Dairy Genome Project sono iniziative di ricerca internazionali per migliorare l’efficienza alimenta-

re e ridurre le emissioni di metano nei bovini da latte. L’obiettivo è fornire un database mondiale per l’efficienza alimentare e l’emissione di metano. Questa raccolta consentirà lo scambio di dati tra i partner e dovrebbe ampliare notevolmente la popolazione di riferimento per l’analisi genomica dell’efficienza alimentare e costruire una popolazione di riferimento per le emissioni di metano. Il progetto prevede di includere anche i dati provenienti dalla spettroscopia come carattere predittivo. In questa maniera verrà messa a punto una valutazione genomica con tali dati predetti. Si prevede di fare degli studi di associazione genomica includendo i risultati del sequenziamento dell’intero genoma bovino. Probabilmente in questa maniera verranno identificate delle varianti genetiche di tipo funzionale. Altri aspetti del progetto includono l’indagine sul valore sociale e l’accettazione di queste nuove tecnologie, nonché metodi per implementare valutazioni genomiche per l’efficienza alimentare e le emissioni di metano nelle valutazioni genetiche nazionali ed internazionali.