



Progetto presentato nell'ambito della Sottomisura 10.2 PSRN 2014-2020  
Comparto "Bovini latte" ANAFIBJ

mipaaf  
ministero delle  
politiche agricole  
alimentari e forestali



"Fondo europeo agricolo per lo sviluppo rurale: l'Europa investe nelle zone rurali"  
Autorità di gestione: MIPAAF Ministero delle Politiche Agricole Alimentari e Forestali  
Importo proposto Progetto LATTECO2 ANAFIBJ: euro 12.535.931,95

# PERCORSO PER L'INSERIMENTO DELLE FEMMINE NELLA POPOLAZIONE DI RIFERIMENTO



di Jan-Thijs van Kaam

**D**a circa dieci anni, siamo passati dalle prove di progenie per testare il valore genetico dei torelli alla genomica. La genomica permette, subito dopo la nascita, di conoscere il valore genetico dei vitelli (maschi e femmine). Non soltanto questo ma in poco tempo abbiamo a disposizione indici genomici diretti e combinati per 39 singoli caratteri, 8 caratteri composti e circa 68 di test diretti e 17 aplotipi su diversi geni di interesse zootecnico. Gli indici genomici si basano su stime del valore dei marcatori genetici. Questi marcatori sono legati alla popolazione di riferimento, il gruppo di soggetti utilizzato per ottenere stime del valore dei marcatori genetici. Fino ad oggi la genomica si è basata, in generale, sulle stime che derivano dalla popolazione di riferimento maschile (tori provati). I tori sono soggetti con indici più attendibili e quindi la genomica si è sviluppata su questi dati. Il numero di tori con nuovi indici in base alle prove di progenie, però, diminuisce rapidamente. Oggi sono testati più tori con il loro DNA e meno con la loro progenie. Questo porterà ad un problema per l'attendibilità degli indici genomici. Nel tempo l'attendibilità si può ridurre. Oggi, però, i ricercatori hanno diverse idee per risolvere questo problema. Ricordiamo che l'attendibilità, genomica e non, è la base dei risultati per tutti i caratteri.

## IL PROBLEMA DELL'ATTENDIBILITÀ

1. Quando la popolazione di riferimento (training) si basa solo su tori provati con progenie, allora non abbiamo molti soggetti nuovi e nel tempo rimarranno solo i soggetti vecchi. Così il lasso di tempo tra la raccolta dei fenotipi delle figlie dei tori provati e le figlie dei futuri tori aumenta sempre di più. Ma, al tempo stesso, le condizioni di allevamento delle future vacche non rimangono le stesse rispetto alle vacche del passato. Quindi la capacità di predire il **futuro** in base al **passato** si riduce sempre



di più. Cerchiamo di prevedere le prestazioni future utilizzando informazioni storiche, l'attendibilità del risultato dipende dalla **persistenza** delle stime nel tempo.

2. Oltre a fenotipi più antichi abbiamo anche DNA più antico. Perché i marcatori usati per stimare gli indici genomici, di solito, non sono le mutazioni nei geni che influenzano i caratteri ma sono marcatori posizionati vicini ai geni. Tuttavia nel corso delle generazioni il DNA si ricombina e quindi il collegamento tra i marcatori e i geni può cambiare. Così si perde accuratezza.
3. In seguito ai cambiamenti nella selezione dovuti alla genomica, l'intervallo di generazione è più piccolo. Il numero di generazioni tra gli animali attuali e i tori della popolazione di riferimento aumenta. Ad ogni generazione i cromosomi cambiano così i collegamenti tra marcatori e mutazioni diventano più deboli.

## SOLUZIONI PER MANTENERE L'ATTENDIBILITÀ

Esistono alcune soluzioni per mantenere alta l'attendibilità degli indici genomici e diverse sono già applicate nel sistema di calcolo ANAFIBJ:

1. **Marcatori più vicini alle mutazioni nei geni.** Questo significa aumentare il numero di marcatori. Anafibj ha sviluppato questo approccio dal 2016 fino al 2021 (tabella 1). Abbiamo aumentato i marcatori su vari pannelli, sulla ricostruzione del DNA (imputazione) e sugli indici stimati (valutazione). Il risultato di questo aumento è la riduzione delle ricombinazioni e quindi una minore perdita di attendibilità, ma i fenotipi sono comunque più datati. L'aumento dei marcatori significa anche che possiamo ricostruire i cromosomi con un maggior dettaglio e spiegare una larga parte di varianza genetica. Aumentando il numero di marcatori e usando una mappa genomica nuova abbiamo incrementato di circa 3-4% l'attendibilità.

2. **Mantenere più anni di dati fenotipici.** Normalmente Anafibj ogni anno aggiunge nuovi fenotipi ed i fenotipi degli anni precedenti diventano sempre più datati. Così ogni anno i fenotipi dell'anno più vecchio nella banca dati non vengono considerati nella valutazione genetica. Nel 2019 Anafibj ha deciso, per un anno, di non applicare questo taglio ai fenotipi. Dal 2019 i nostri indici, sia convenzionali che genomici, sono basati su un anno di dati in più. Così abbiamo evitato la diminuzione dei dati e mantenuti più tori nella popolazione di riferimento, ma i fenotipi sono comunque più datati.

3. **Aggiungere femmine alla popolazione di riferimento.** Il terzo approccio per aumentare l'attendibilità è l'inserimento delle femmine con i fenotipi insieme ai tori provati al calcolo dei valori di marcatori. Questo approccio richiede un numero di genotipizzazioni annuale sufficiente di vacche che siano rappresentative per la popolazione. Per raggiungere questo obiettivo è necessario che l'attuale sistema di raccolta dati sia modernizzato per aumentare, annualmente, il numero di genotipizzazioni e la raccolta dei nuovi fenotipi. Quindi non soltanto madri di toro, ma vacche campionate a caso nella popolazione. In questa maniera si evitano i trattamenti preferenziali (intenzionalmente o casualmente). Alcuni dei vantaggi previsti sono:  
 a) Fenotipi nuovi e recenti con dati italiani;  
 b) Minore dipendenza dai tori provati all'estero.

TABELLA 1

INCREMENTO DEL NUMERO DI MARCATORI NEGLI ANNI		
Mese	SNP imputazione	SNP valutazione
1/2016	41501	41501
11/2016	60131	44219
12/2017	72175	52258
12/2018	83848	68003
8/2021	86841	68596
<b>Aumento</b>	<b>+109%</b>	<b>+65%</b>

Il valore del DNA oggi viene stimato con dati delle figlie attraverso i tori, mentre in futuro si stimerà direttamente dalle vacche.

In conclusione, la riduzione dei tori di progenie comporterà, nel breve, la necessità di utilizzare le femmine nella popolazione di riferimento. Inoltre, la necessità di sviluppare rapidamente nuovi caratteri richiede l'utilizzo di una popolazione di riferimento femminile. Mettere a punto la valutazione genetica per questi nuovi caratteri in tempi accettabili richiede l'utilizzo di dati sulle femmine da applicare direttamente nei modelli genetici. Questo lavoro richiede un grande sforzo, oltre alla raccolta dei dati, allo sviluppo di diversi software, al test, alla validazione. Servono indici ma anche attendibilità e sistemi ottimizzati in grado di eseguire un gran numero di valutazioni all'anno. Ricordiamo che dall'inizio della valutazione genomica il progresso genetico annuale è più che raddoppiato! 🌐



**Per la caseificazione ESIGI IL MEGLIO!**

**PARSLY**

US003208357105

Un KCaseina BB e BetaCaseina A2A2, di facile utilizzo e adatto a qualsiasi obiettivo di selezione.



**ZZ TOP**

US003209086217

Un riproduttore facilissimo da usare, altissimo a latte con ottimi titoli e KBB.



**TRIBUTE**

US003149934634

Un KBB tra i migliori a Latte e titoli. Parti facili e ottimi tratti salute si aggiungono ai suoi fenomenali pregi.



**COPYCAT**

US003014562172

Un eccellente provato KBB ottimo a tratti salute, con parti facili e alta fertilità del seme: insomma, un toro irrinunciabile!



Scansiona il codice QR per visualizzare i dati completi di ogni riproduttore!



Seguici su Facebook e clicca "MI PIACE" sulla pagina Cosapam



Scarica gratuitamente la nostra nuova APP Cosapam

