

# 1. L'INDICE GENOMICO NELLA BUFALA MEDITERRANEA ITALIANA

Carissimi Allevatori,

come sapete nel 2023 ANASB ha realizzato una piccola, grande rivoluzione pubblicando il primo indice genomico per la selezione di una razza totalmente italiana, la nostra **Bufala Mediterranea**.

A tale proposito riteniamo utile ribadire in questa sede che la selezione genomica permette notevoli passi avanti consentendo una valutazione genetica rapida e maggiormente accurata, in particolare nei soggetti più giovani. Grazie a ciò i benefici sono molteplici e li possiamo brevemente riassumere in:

- **Possibilità di stimare con maggior attendibilità il valore genetico di un soggetto giovane rispetto all'indice pedigree;**
- **Anticipare le decisioni in merito all'indirizzo di selezione;**
- **Ridurre l'intervallo generazionale;**
- **Massimizzare la scelta dei soggetti candidabili alle prove di progenie o delle future madri in selezione;**
- **Aumentare l'attendibilità dei tori in prova anche in caso di poche figlie;**
- **Velocizzare il progresso del comparto.**

## 1.2. BASE GENETICA

Per migliorare il monitoraggio del progresso genetico, è stato proposto e approvato dalla Commissione Tecnica Centrale l'adozione di una **base genetica mobile biennale**. In questo contesto, "**mobile**" significa che **la base verrà aggiornata annualmente, spostando di 1 anno in avanti il biennio di riferimento**. Questo approccio permette una valutazione genetica dinamica, che riflette i progressi ottenuti nella popolazione. Invece di confrontare gli animali con un gruppo di riferimento vecchio, i valori genetici saranno confrontati con una popolazione più attuale, facilitando decisioni di selezione basate su prestazioni recenti anziché passate.

## 2. L'EVOLUZIONE DELLA SELEZIONE – UNA VISIONE D'INSIEME

L'evoluzione, in qualsiasi settore, è principalmente determinata da quanto approfonditamente si conosce il campo oggetto di studio. All'aumentare delle informazioni, e quindi delle conoscenze, è possibile indirizzare il settore verso determinati obiettivi, riducendo e/o limitando al contempo errori e rischi.

Nel settore allevatorio tale evoluzione è sotto gli occhi di tutti. L'uomo fin dall'antichità ha modificato la biologia degli organismi viventi, sia animali che vegetali, selezionando ed incrociando soggetti le cui peculiarità potessero essere migliorate secondo le necessità. Processo dapprima più casuale che voluto, ma dalle osservazioni cumulate nel corso della storia si sono attinte le informazioni e le conoscenze per "guidare" in modo consapevole questa selezione.

Selezione che fa un notevole passo in avanti con l'evoluzione di altri settori, in particolare quello genetico. Prima a livello fenotipico, quindi una scelta consapevole basata sull'osservazione, la selezione e la trasmissione di caratteristiche visibili esteriormente. Le varie razze d'allevamento, per esempio, nascono per la selezione e la fissazione nella progenie di caratteristiche desiderate.

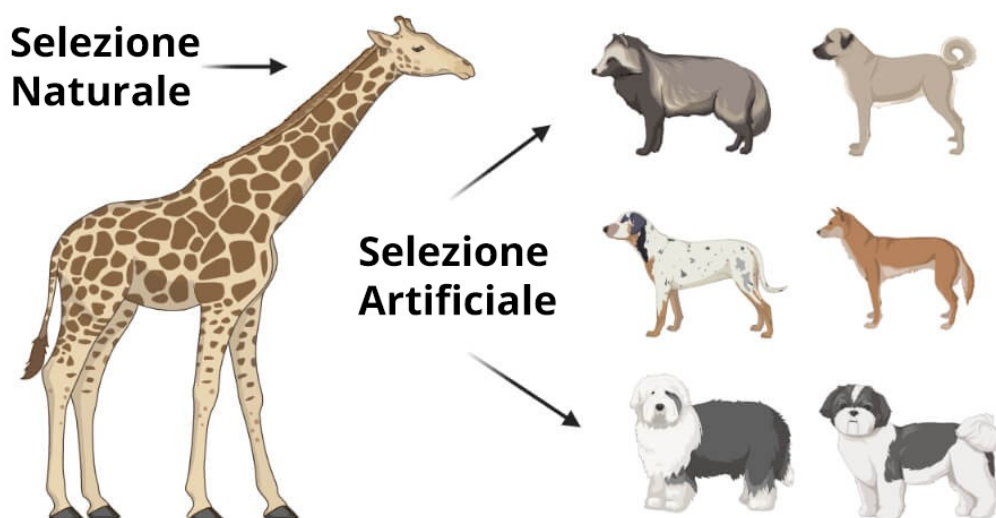


Figura 2.1. Esempio di selezione. La giraffa si è evoluta in natura per raggiungere alimenti ad altezze elevate. Il cane, derivato dal lupo, è stato incrociato artificialmente dall'uomo per selezionare razze dotate delle caratteristiche desiderate.

Si passa quindi da una **selezione naturale**, dove è la natura che agisce selezionando organismi adatti all'ambiente in cui vivono, ad una **selezione artificiale** dove è l'uomo che conduce questo meccanismo, per il proprio beneficio.

La selezione artificiale diventa nel tempo sempre più accurata, all'aumentare delle informazioni e delle conoscenze disponibili. L'introduzione della **bioinformatica** scuote nuovamente il meccanismo selettivo, permettendo l'analisi della grande quantità di informazioni raccolte, e porta così alla realizzazione dei primi indici genetici. Senza addentrarci troppo nel particolare, **l'indice genetico** è un modo per misurare quanto efficacemente un organismo è in grado di trasmettere i suoi geni (e quindi le caratteristiche desiderate) alla generazione successiva. In particolare è possibile "scorporare" le qualità dell'organismo da quelle ambientali.

Un animale può essere molto produttivo a latte, ma tale produzione può dipendere dal management aziendale piuttosto che dalla sua genetica. Per semplificare possiamo dire che il **fenotipo** di un organismo è costituito dalle sue *caratteristiche intrinseche (il genotipo)* e *dall'influenza esterna (l'ambiente)*. L'indice genetico quindi viene utilizzato per stabilire la qualità intrinseca del soggetto, indipendentemente dai fattori esterni.

Per calcolare un indice genetico occorre valutare non solo la performance del soggetto, ma anche della sua discendenza, cui si sommano le informazioni del riproduttore (ad es. toro) utilizzato. Più si amplia la discendenza, maggiore è il numero delle informazioni a disposizione della selezione, migliore sarà l'accuratezza e quindi il risultato atteso.

È sottointeso che i risultati dipendono dalla qualità delle informazioni. In particolare è molto importante esser certi delle ascendenze dei soggetti, per esser sicuri che la trasmissione delle informazioni genetiche da una generazione all'altra non sia "inquinata" da incroci con animali sconosciuti portatori di altre caratteristiche. Per questo **l'analisi del DNA** per la determinazione di paternità e maternità è fondamentale nel migliorare in modo esponenziale la qualità del dato.

Questo processo di selezione, seppur preciso ed affidabile, ha però il difetto di dipendere dai tempi biologici della specie presa in osservazione. Finché la prole non cresce, non si riproduce e non ha a sua volta una progenie, non si possono raccogliere i dati necessari e riscontrare il raggiungimento degli obiettivi prefissati. Se per certe specie non è un problema in quanto il ciclo vitale è rapido (es. avicoli o cunicoli) per altre le tempistiche si allungano. In particolare nel settore bufalino ciò è particolarmente sentito. Dalla fecondazione del soggetto al parto passano circa 10 mesi e poi sono necessari altri 24/48 mesi (a seconda dei casi) per giungere al primo parto della progenie. Ciò comporta un tempo di attesa che va dai 3 ai 5 anni.

In aiuto all'allevatore giunge l'avanzamento delle tecnologie di analisi del DNA che ha portato, negli ultimi decenni, all'introduzione della **genomica**. Tramite la genomica è possibile sequenziare interi tratti del DNA di un organismo, studiarne la struttura e le funzioni. In particolare questa tecnica, utilizzata in sinergia con la bioinformatica, permette di stimare con maggior accuratezza il valore genetico di un soggetto in tempi rapidissimi. Nella Holstein, prima razza da reddito dove la selezione genomica è stata applicata a partire dal 2008, si parla addirittura di rivoluzione, in quanto ha permesso di raddoppiare il valore genetico dei soggetti dimezzando l'intervallo generazionale (ovvero l'età media dei genitori alla nascita della prole da cui si produrrà la prossima generazione di soggetti da riproduzione. L'intervallo generazionale facilita il calcolo della risposta genetica su base annua invece che per generazione).



Figura 2.2. La certezza del dato è fondamentale.

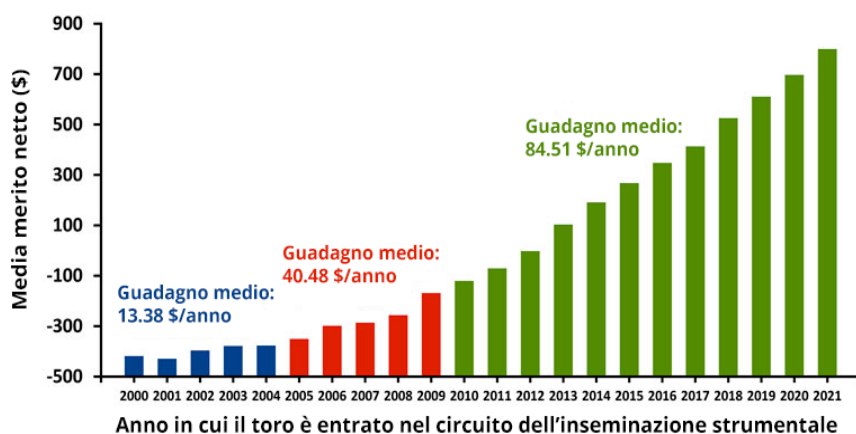


Figura 2.3. Il merito netto è un indice americano che predice il profitto durante tutta la vita della figlia di un toro, e che risulta da una combinazione di caratteristiche genetiche ed economiche.

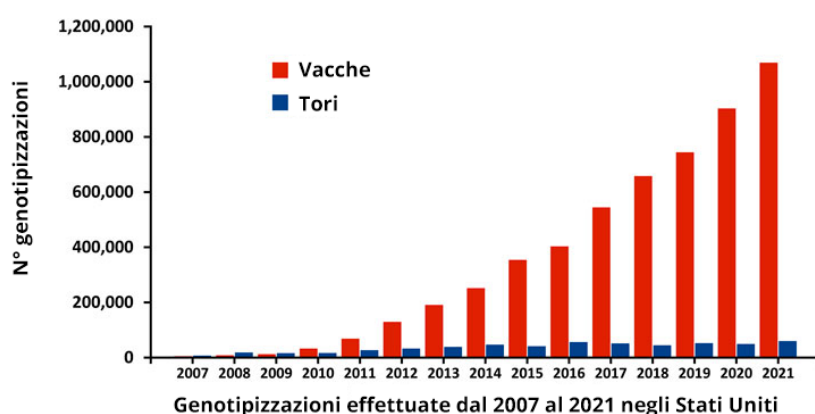


Figura 2.4. Incremento delle genotipizzazioni di Holstein negli Stati Uniti.

Lo strumento genomico racchiude potenzialità enormi. Attualmente ANASB, grazie al progetto BIG, ha genotipizzato quasi **4.500 soggetti**, ponendo le basi per realizzare il primo indice genomico per la Bufala Mediterranea Italiana. Tale indice, già di per sé affidabile, migliorerà costantemente nel tempo con l'aumentare del numero dei soggetti bufalini genotipizzati grazie all'incremento delle informazioni a disposizione. Se già prima il deposito del DNA era strumento necessario per la qualità del dato, ancor di più la genotipizzazione è fondamentale per permettere all'intero settore (non solo al singolo allevatore) di raggiungere gli obiettivi di selezione.

**La selezione genomica, nel nostro ambito, permetterà di stimare con maggior attendibilità il valore genetico di un soggetto giovane rispetto all'indice pedigree; ridurrà l'intervallo generazionale; massimizzerà la scelta dei soggetti candidabili alle prove di progenie o delle future madri in selezione; aumenterà l'attendibilità dei tori in prova anche nel caso di poche figlie.**

In sintesi è uno strumento che, se capito ed utilizzato appieno, apporterà notevoli benefici al comparto in un futuro veramente prossimo.

### 3. BASE SCIENTIFICA DELL'INDICE GENOMICO

Il miglioramento genetico è una tecnologia efficace che produce cambiamenti permanenti e cumulativi nelle performance di una razza. Riguardo a questo, il bufalo è stato selezionato principalmente per le sue caratteristiche di produzione di latte, sebbene attualmente i programmi di miglioramento strutturati su prove di progenie siano attuati solo in pochi paesi. La selezione genetica nei bufali è ostacolata dalla mancanza di informazioni genealogiche, dalla difficile implementazione della raccolta dati o scarse prestazioni riproduttive. Di conseguenza, il potenziale del bufalo non è stato sfruttato appieno. La Bufala Mediterranea Italiana può essere considerata l'unica razza al mondo con un programma genetico affidabile implementato più di 20 anni fa.

L'introduzione della genomica ha indubbiamente rivoluzionato la selezione genetica degli animali da reddito ma la sua applicazione non è stata omogenea tra le diverse specie. Questo in conseguenza di diversi aspetti, tra i quali la struttura di popolazione, l'utilizzo diffuso dell'inseminazione artificiale, la disponibilità di fenotipi accurati. Anche gli approcci metodologici ne hanno inizialmente limitato l'applicazione alle grandi popolazioni ma oggi sono disponibili algoritmi adatti a situazioni fortemente disomogenee. Tra questi il metodo così detto Single-step genomic BLUP (ssGBLUP).

Questo metodo ha affiancato e spesso sostituito il metodo multifase che era stato inizialmente utilizzato per le valutazioni genetiche in diverse specie di animali da allevamento. Il metodo ssGBLUP utilizza l'inversa di una matrice di relazione, che combina la matrice della parentela additiva classica (A) e la matrice della parentela genomica (G).

Nonostante i limiti del passato dovuti a problemi con gruppi di genitori sconosciuti (UPG) e costi computazionali, studi recenti hanno dimostrato la validità di questo metodo per stimare il EBV in diverse specie da reddito: bovini da latte e da carne, capre, pecore e bufali.

#### 3.1. ANALISI

La stima dell'indice genetico/genomico è stata eseguita utilizzando gli attuali modelli ufficiali sia per la produzione che per la morfologia. I valori genetici sono stati quindi stimati con il metodo tradizionale (BLUP) e con quello innovativo (ssGBLUP) che include o genotipi. La differenza sostanziale tra i due modelli dipende quindi dalla matrice di parentela utilizzata: (i) il pedigree (BLUP) con la matrice di parentela additiva (A); (ii) il BLUP genomico a passo singolo (ssGBLUP) in cui A e la matrice della parentela genomica (G) sono mescolate in H, una matrice di parentela combinata (figura 3.1).

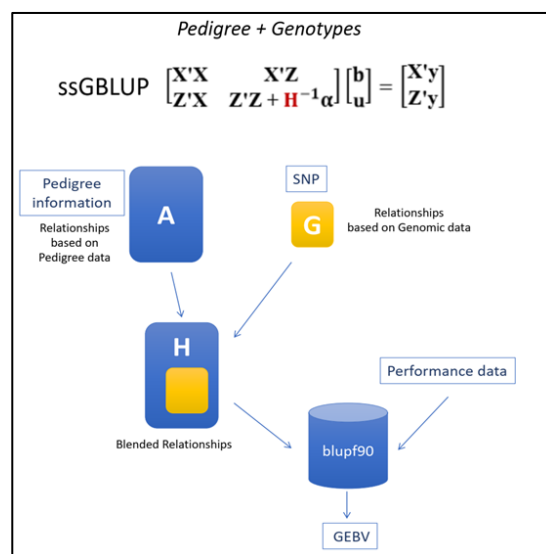


Figura 3.1. Schema valutazione genetica singolo step

## 4. GRUPPI GENETICI

Un programma di miglioramento genetico si basa su due pilastri principali: i dati sugli animali (come produzione di latte, % di grasso, % di proteine, dati morfologici) e le informazioni genealogiche (ad esempio, anagrafiche ed ascendenze). Questi dati vengono utilizzati per stimare gli indici genetici, strumenti fondamentali per la selezione. Tuttavia, se i dati sono incompleti, i risultati possono essere imprecisi. Nel caso della Bufala Mediterranea, l'uso della fecondazione artificiale (FA) è ancora limitato per motivi fisiologici e di gestione, mentre la monta naturale è ancora molto diffusa. Questo complica l'assegnazione della paternità, che può essere confermata solo tramite test del DNA.

Sebbene i dati produttivi siano disponibili per molti animali, alcuni non hanno informazioni genealogiche complete. Paradossalmente, solo gli animali considerati migliori sono solitamente sottoposti a test del DNA, ma questo può distorcere le valutazioni genetiche, poiché si basano su un campione selezionato e non casuale. Tuttavia, l'inclusione di più animali, anche con genealogia parziale, consente di osservare meglio la variabilità genetica e ottenere stime più accurate.

Per gestire l'assenza di informazioni genealogiche, i modelli di valutazione genetica hanno da tempo adottato approcci metodologici per colmare queste lacune. Il concetto di **Gruppi Genetici**, proposto oltre 30 anni fa da Westell, Quaas e Van Vleck (1988), si basa sull'idea che gli animali nati in determinati periodi o in specifiche aree geografiche siano geneticamente diversi da altri. Ignorare queste differenze comprometterebbe la valutazione genetica.

Utilizzati con successo in bovini da latte e carne, i **Gruppi Genetici** tengono conto della selezione avvenuta negli anni e vengono assegnati agli animali senza anagrafica a partire da gruppi che possono essere creati con regole diverse (es. periodo di nascita, sesso, origine). Nel caso della Bufala Mediterranea, l'uso dei Gruppi Genetici ha corretto le incongruenze nelle stime degli indici genetici e ha migliorato il valore di tutte le informazioni disponibili, sia sui caratteri produttivi che morfologici.

L'obiettivo di ANASB è raccogliere informazioni complete per tutti gli animali, ma nel processo di aggiornamento e miglioramento dei dati, è fondamentale sfruttare tutti gli strumenti tecnici e metodologici che migliorano, anche marginalmente, l'accuratezza dei risultati finali.