

UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI PADOVA

Dipartimento di Agronomia, Animali, Alimenti, Risorse Naturali e Ambiente

Corso di laurea in Scienze e Tecnologie Agrarie

Tesi di laurea triennale

Il miglioramento genetico della vacca da latte: situazione e prospettive

Genetic improvement of dairy cows: current situation and perspectives

Relatore:

Prof. Luigi Gallo

Laureando:

Rodolfo Bresin

Matricola n. 2044069

ANNO ACCADEMICO 2023/2024

INDICE

Riassunto.....	6
Abstract.....	8
CAPITOLO 1	10
1.INTRODUZIONE.....	10
1.1 IL MIGLIORAMENTO GENETICO BOVINO NEGLI ULTIMI 100 ANNI	10
1.2 PRODUZIONE	11
1.3 CONFORMAZIONE DELLA VACCA	12
1.4 LONGEVITÀ	13
1.5 FERTILITÀ	14
1.6 PARTO	15
1.7 SALUTE DELLA VACCA	16
1.8 LAVORABILITÀ	17
2. INDICI DI SELEZIONE.....	19
2.1 INDICE PFT	19
2.2 INDICE ECONOMICO SALUTE IES	20
2.3 INDICE ICS-PR	21
2.4 INDICI COMPOSTI MORFOLOGICI E FUNZIONALI.....	22
2.5 INDICE PUNTEGGIO DI CONDIZIONE CORPOREA BCS	23
2.6 INDICI DEI CARATTERI PRODUTTIVI	24
CAPITOLO 2	25
3. SELEZIONE GENOMICA	25
3.1 GENOTIPIZZARE L’AZIENDA: METODI E VANTAGGI	27
CAPITOLO 3	31
4. NUOVI INDICI DI SELEZIONE PER LA FRISONA ITALIANA.....	31
4.1 INDICE ETÀ AL PRIMO PARTO	31
4.2 INDICE EFFICIENZA AZOTATA.....	32
4.3 INDICE LUNGHEZZA DI GESTAZIONE	33
4.4 INDICE BENESSERE.....	34
4.5 NUOVO INDICE PERSISTENZA	34
CAPITOLO 4	36
5. OBIETTIVI DI SELEZIONE ATTUALI E FUTURI A LIVELLO GLOBALE ..	36

5.1 EFFICIENZA ALIMENTARE	36
5.2 EMISSIONE DI METANO.....	38
5.3 STRESS DA CALDO	39
5.4 FERTILITÀ	42
5.5 DEPRESSIONE DA CONSANGUINEITÀ	43
6. CONCLUSIONI.....	45
BIBLIOGRAFIA.....	46
SITOGRAFIA.....	60
Ringraziamenti	62

Riassunto

La tesi affronta il tema del miglioramento genetico della vacca da latte, analizzando la situazione attuale e le prospettive future. Il miglioramento genetico delle vacche da latte è stato ed è attualmente una tecnica fondamentale per il miglioramento delle prestazioni produttive e riproduttive dei bovini. La parte iniziale della tesi si focalizza sui primi programmi di selezione che hanno origine alla fine del XIX secolo, ma è dalla meta del XX secolo che prendono maggiore importanza, dove, l'obiettivo di selezione primario è quello legato all'aumento della quantità di latte prodotta. Altri caratteri vengono poi inclusi negli obiettivi di selezione come conformazione corporea, longevità, facilità al parto, lavorabilità, fertilità e salute. Successivamente all'inizio degli anni 2000 vengono introdotti i primi indici di selezione che permettono di stimare precisamente il valore genetico di un soggetto, e qualche anno dopo l'arrivo della selezione genomica rivoluzionerà l'industria dei bovini da latte. Selezione genomica che nell'ultimo decennio ha permesso un grande salto qualitativo nel progresso genetico delle vacche da latte. Nella seconda parte dell'elaborato vengono trattati i nuovi indici di selezione implementati a livello nazionale per la Frisone italiana. I nuovi indici si focalizzano sui caratteri non legati direttamente alla produzione di latte ma comunque correlati al bilancio economico aziendale, e all'aspetto ambientale che prende sempre più importanza. Infine, una panoramica a livello globale sui principali caratteri oggetto del miglioramento genetico attuali e futuri rivolti ad avere vacche da latte più efficienti, con minori problemi di salute e meno impattanti a livello ambientale.

Abstract

The thesis deals with the genetic improvement of dairy cows, while analyzing the present situation and the future perspectives. The genetic improvement of dairy cows has been and still is a fundamental technique to have a better productive and reproductive performance of cattle. The initial part of the thesis focuses on the earliest selection programmes, which started at the end of XIX century, but since the second half of the XX century they have become more relevant, and the increase of the milk production has been the primary aim of the selection programmes. Other traits later have been included in the selection goals such as: body conformation, longevity, calving, workability, fertility and health.

Successively, since the early 2000s the first selection indexes have been introduced, which allow to estimate precisely the genetic value of an animal, and a few years later the genomic selection has revolutionized the industry of dairy cows.

In the last decade genomic selection has allowed a great qualitative advancement in the genetic progress of dairy cows.

The second part of the paper deals with the new selection index implemented on a national level for Italian Holstein. The new indexes focus on the traits which are not directly linked to milk production, but that are correlated to the economic budget of the farm and to the environmental aspects, which is becoming more and more important nowadays.

Finally, there is a global overview on the main traits which are the target of the present and future genetic improvements, aiming at having more efficient dairy cows, with fewer health problems and lower environmental impact.

CAPITOLO 1

1.INTRODUZIONE

1.1 IL MIGLIORAMENTO GENETICO BOVINO NEGLI ULTIMI 100 ANNI

Il miglioramento genetico degli animali zootecnici in particolare dei bovini è la tecnica che consente di aumentare le prestazioni produttive e riproduttive grazie alla valutazione e poi conseguente scelta dei riproduttori migliori. Il miglioramento genetico è uno strumento per migliorare la redditività della propria azienda ed attraverso esso l'allevatore è in grado di ottenere una mandria funzionale alle proprie esigenze. Dunque, per l'allevatore l'obiettivo è migliorare il livello genetico della mandria utilizzando i migliori riproduttori disponibili, gli strumenti derivanti dalla genomica e scegliendo i migliori esemplari per la rimonta.

Storicamente il miglioramento genetico dei bovini ha inizio con i primi tentativi di addomesticazione avvenuti circa 12.000 anni fa ed era basato sulla selezione degli individui fenotipicamente migliori, andando così a migliorare le caratteristiche e le capacità del bestiame in modo da poter trarre una maggiore quantità di prodotti utili per il sostentamento umano (Ferrarese, 2013).

Negli ultimi 100 anni, circa dalla fine del xx secolo questi concetti sono stati ufficializzati in una nuova disciplina col nome di genetica quantitativa, questo grazie all'avanzamento metodologico sia nella teoria genetica che in quella statistica, insieme anche alle innovazioni dell'informatica che hanno portato ad avere efficaci analisi multifattoriali dei tratti genetici. Nel miglioramento genetico si vanno a selezionare dei caratteri e come descritto da Shook (1989) un potenziale carattere deve soddisfare diversi criteri prima di essere preso in considerazione per la selezione nei bovini da latte:

- Il carattere deve avere un valore economico come componente commerciale oppure il suo miglioramento dovrebbe portare ad una riduzione dei costi di produzione
- Il carattere deve avere una sufficiente variabilità genetica ed ereditabilità
- Il carattere deve essere definito chiaramente, misurabile ad un costo ridotto e registrato costantemente

I caratteri oggetto di selezione hanno un valore economico e per questo motivo dal 1930 al 1970, l'obiettivo della selezione era esclusivamente quello di aumentare la produzione di latte. La necessità di andare a migliorare caratteri supplementari si è avuta quando è emerso il riconoscimento del correlato declino in altri caratteri importanti che vanno ad influenzare

negativamente il bilancio economico dell'allevamento, in particolare la voce dei costi di produzione. Dunque, molti paesi si sono spostati verso obiettivi di selezione più equilibrati, includendo un maggior peso sui caratteri non produttivi come longevità, fertilità, capacità di parto, salute e lavorabilità (Miglior et al., 2017).

Un altro grosso input per il progresso nel miglioramento genetico è stata la registrazione e l'accesso a fenotipi chiaramente definiti, accurati ed economici. In questo modo si è riusciti a catalogare precisamente i vari fenotipi e inoltre il continuo aumento dei dati raccolti ha portato molte opportunità e un gran numero di caratteri con valutazioni genetiche da prendere in considerazione. Tuttavia, ciò ha anche portato a considerare un gran numero di caratteristiche potenziali per l'inclusione nei programmi di selezione. Una selezione imprudente, il cambiamento degli obiettivi di selezione o il fatto di avere molti obiettivi diversi possono ridurre la pressione selettiva (Meadows, 1968) e possono avere un effetto permanente indesiderato sulla popolazione. Inoltre, i tratti considerati nella selezione variano da paese a paese a causa delle differenze nei prezzi del latte e dei componenti, dei costi dei fattori produttivi e dei servizi, degli ambienti di produzione e della disponibilità di fenotipi. Questi fattori possono cambiare frequentemente e le modifiche devono essere considerate e ricercate continuamente. L'identificazione dei tratti che sono attualmente importanti per la selezione genetica e di quelli che saranno essenziali in futuro è un aspetto vitale della ricerca sulla selezione.

1.2 PRODUZIONE

Il miglioramento genetico nelle vacche da latte nel secolo scorso si è basato soprattutto su un'alta produzione di latte e grasso, le varie associazioni di razza registravano meriti attraverso test del latte aiutando ad identificare linee genetiche ad alta produzione (Becker and McGilliard, 1929). Il test di un gran numero di vacche di razza pura attraverso programmi di analisi del latte e l'organizzazione dei registri in volumi pubblicati del Registro Avanzato e del Registro di Merito hanno fornito le basi per individuare linee di sangue ad alta produzione e lo studio dell'ereditarietà del latte e del grasso (Fohrman, 1926). Meade (1921) valutò le prestazioni dei tori e la loro capacità di trasmissione e concluse che il metodo migliore per il miglioramento genetico fosse quello di considerare la produzione percentuale di tutte le figlie anagrafiche avanzate sulla base di requisiti standardizzati in base all'età. La linea maschile ha ricevuto la massima attenzione nella selezione perché il valore genetico del padre era indicato più accuratamente dalla produzione delle sue figlie, più che dalla madre

basata sul proprio record di produzione (Graves, 1925). Altri tratti per la selezione considerati dai breeders erano quelli legati alla conformazione corporea come indicatore della capacità produttiva. Il pensiero era basato sull'idea che la conformazione della vacca mostra la sua probabile produzione e che la conformazione del toro sarà trasmessa alle sue figlie, implicando la loro probabile produzione (Gowen, 1926). Gowen confermò che c'era una relazione tra produzione di latte e conformazione corporea; tuttavia, concluse che questo era un indicatore debole per la produzione di latte. Successivamente misure legate alla curva di lattazione come picco e persistenza cominciarono ad apparire, si evidenziò come i due fattori principali nella produzione annuale totale di latte e grasso erano la resa durante il mese massimo ovvero il picco e la persistenza della produzione o il tasso di declino (Turner, 1926). Si vide come alcune vacche sotto le stesse condizioni mantenevano una persistenza più alta rispetto ad altre, confermando così che la persistenza era un carattere ereditario.

Attorno agli anni 50' l'importanza del contenuto di proteine, grassi e non grassi SNF (solid non fat) come vitamine e minerali nel latte aumentò, per questo motivo si cominciò a selezionare non solo per la quantità di latte prodotto ma anche appunto per la percentuale delle sue componenti. Tuttavia, la quantità totale di proteine nel latte era l'obiettivo primario della selezione, vennero poi identificate proteine diverse utili per scopi diversi.

Aschaffenburg e Drewry (1955) furono i primi a segnalare un polimorfismo genetico nella β -lattoglobulina, successivamente vennero identificate altre varianti genetiche in altre proteine del latte come l' α -lattoalbumina e la k-caseina.

In base al genotipo di proteina si cominciò a selezionare le vacche per le specifiche esigenze dell'industria lattiero-casearia.

Negli ultimi decenni la selezione dei tratti produttivi è stata affiancata da obiettivi di selezione più ampi che includono tratti non legati alla produzione (Miglior et al., 2017).

1.3 CONFORMAZIONE DELLA VACCA

La conformazione dei bovini da latte è stata da sempre un punto di attenzione per gli allevatori sin dall'inizio del miglioramento genetico (Copeland 1941).

Inizialmente l'attrattiva estetica era il principale punto di attenzione, ma col tempo i tratti legati alla conformazione hanno acquisito valore anche per la loro associazione ad una quantità di latte e longevità degli animali maggiore (Miglior et al., 2017).

All'inizio del xx secolo partirono i primi programmi di classificazione delle bovine per valutare la conformazione animale utilizzando una scheda di valutazione standardizzata.

Questi programmi evidenziarono come c'era una relazione tra conformazione e capacità produttiva. Tuttavia, alcuni studi misero in evidenza come la ripetibilità e la validità delle misure di classificazione della conformazione non fossero sempre veritiere.

Per stabilire un sistema di misurazione più obiettivo furono condotti studi utilizzando i dati di un programma di valutazione della conformazione avviato nel 1953 a New York. Questi studi identificarono che fattori come le differenze tra valutatori (Van Vleck e Albrechtsen, 1965), età e stadio di lattazione, (Norman e Van Vleck, 1972) erano in grado di influenzare le misurazioni dei tratti di conformazione.

Negli anni '80, ci fu un cambiamento verso la valutazione lineare della conformazione, che prevedeva la valutazione dei tratti su una scala continua di 50 punti. Questo metodo, descritto da Thompson et al. (1983), offriva vantaggi come l'analisi su scala continua e la valutazione con modelli misti.

1.4 LONGEVITÀ

La longevità nei bovini da latte si riferisce a quanto tempo una vacca rimane in allevamento e di conseguenza la sua capacità di rimanervi.

Per misurare la longevità si utilizzano parametri come l'età al momento della rimozione, l'età all'ultimo parto, e il numero di lattazioni. La longevità è un aspetto cruciale per la redditività nella produzione lattifera, poiché riduce i costi di produzione e massimizza il periodo di profitto dopo il recupero dei costi iniziali di allevamento e riproduzione (Allaire e Gibson, 1992).

L'obiettivo principale nella selezione per la longevità è quello di ridurre la rimozione anticipata delle vacche, permettendo agli allevatori di effettuare maggiormente rimozioni volontarie piuttosto che involontarie o obbligate. Le ragioni per la rimozione delle vacche possono essere molteplici: volontarie come riduzione della mandria, vecchiaia, calo del livello di produzione, conformazione e vendita per carne o involontarie come problemi riproduttivi, salute generale, malattie, infortuni e incidenti (Miglior et al., 2017).

Non è semplice fare selezione per la longevità in quanto essa ha un'ereditabilità generalmente bassa (White e Nichols, 1965; Miller et al., 1967; Hargrove et al., 1969; Schaeffer e Burnside, 1975; Ducrocq et al., 1988; VanRaden e Klaaskate, 1993), tuttavia si è visto che c'è una correlazione positiva tra produzione di grasso nella prima lattazione e longevità (Parker et al., 1960; Gaalaas e Plowman, 1963).

Per questo motivo la selezione di tori giovani si è anche basata sui record di produzione delle figlie nella prima lattazione in quanto questo fattore può indirettamente andare a migliorare la longevità (White e Nichols, 1965; Hargrove, 1969).

Anche le caratteristiche fisiche delle vacche sono considerate correlate alla loro longevità, i tratti di conformazione, disponibili precocemente nella vita dell'animale (solitamente durante la prima lattazione) ed ereditabili, sono stati considerati buoni indicatori di longevità (Miglior et al., 2017). Diversi studi infatti hanno evidenziato l'importanza delle caratteristiche delle mammelle, dei piedi e degli arti e del carattere lattifero nel migliorare la selezione per la longevità (Sewalem et al., 2007).

Bisogna poi differenziare due tipi di longevità: la longevità vera che descrive la capacità della bovina di rimanere nella mandria e la longevità funzionale che invece è riferita alla produzione di latte della vacca rispetto alla mandria, rappresentando la capacità di ritardare la rimozione volontaria (Ducrocq et al., 1988).

La ricerca degli ultimi decenni ha dimostrato che la longevità è ereditabile e che la selezione è possibile. Di conseguenza, molti paesi principali nella selezione dei bovini da latte hanno incluso la longevità nelle valutazioni genetiche di routine (Miglior et al., 2005). Le valutazioni multi-tratto che combinano misure indirette di longevità con misure dirette aiutano a migliorare l'accuratezza delle valutazioni di longevità. Tuttavia, non c'è ancora consenso sulla definizione dei tratti della longevità e sulla metodologia di valutazione tra i vari paesi.

In futuro l'inclusione di altri tratti legati alla longevità come la salute potrebbero andare a migliorare la selezione per la longevità.

1.5 FERTILITÀ

A causa dell'importanza economica dell'efficienza riproduttiva, molta attenzione è stata posta nella ricerca sui tratti di fertilità e la loro correlazione genetica con la produzione. Inoltre, la fertilità è cruciale anche per la longevità delle vacche come indicato dagli studi genetici di VanRaden et al.(2004). Con l'introduzione dell'inseminazione artificiale il problema della fertilità è stato maggiormente evidenziato e per questo all'allevatore è stato richiesto un nuovo approccio ai fini produttivi. Principalmente la ricerca della fertilità si concentra sulla fertilità femminile, le variazioni nei tori sono meno considerate. Le prime misurazioni della fertilità femminile sono il numero di inseminazioni necessarie per il concepimento, il tasso di non ritorno al primo servizio, l'intervallo tra i parti e l'intervallo tra il parto e la prima

inseminazione, ciò nonostante, queste misure sono limitate dalle decisioni degli allevatori, dai fallimenti nel rilevamento dell'estro, o da cicli stagionali.

La correlazione tra i tratti riproduttivi e la produzione di latte è stata ampiamente studiata difatti è stata riportata una correlazione antagonistica tra fertilità femminile e produzione di latte in diversi studi (Everett et al., 1966; Miller et al., 1967; Berger et al., 1981; Oltenacu et al., 1991; Dematawewa e Berger, 1998; VanRaden et al., 2004). Nonostante ciò, la selezione per la produzione di latte è stata il principale obiettivo nella selezione dei bovini da latte, causando un possibile deterioramento delle prestazioni riproduttive (Nebel e McGilliard, 1993). In seguito, è stato accettato che la selezione per alti rendimenti potrebbe aver portato a un declino della fertilità (Pryce et al., 2004). In conclusione, a causa della bassa ereditabilità dei tratti di fertilità e delle difficoltà legate alla loro misurazione, i tratti indicatori potrebbero essere molto utili per aumentare l'accuratezza della valutazione genetica della fertilità. Analisi del fenotipo, come il punteggio di condizione corporea Body Condition Score (BCS), sono stati proposti come tratti indicatori per la fertilità, mostrando un'evidente relazione con le misure riproduttive (Pryce et al., 2001; Veerkamp et al., 2001; Berry et al., 2003; Bastin et al., 2010).

1.6 PARTO

Normalmente il parto dei bovini dovrebbe concludersi senza interferenze umane lasciando una vacca sana e un vitello vitale; tuttavia, una parte significativa dei parti richiede assistenza e può comportare la nascita di un vitello morto (Meijering, 1984). Per mortalità neonatale intendiamo la morte poco prima, durante o entro 24/48 ore dal parto (Philipsson, 1976).

Storicamente la selezione è stata direzionata verso quegli animali che maturano precocemente; quindi, che partoriscono prima di raggiungere la maturità; tuttavia, così facendo i problemi al parto sono stati accentuati. La mortalità neonatale e la difficoltà a parto sono problemi che influenzano l'allevamento anche con notevoli perdite economiche, in quanto la distocia ha effetti negativi sulla produzione di latte, grasso, proteine, sui 305 giorni di lattazione, sui "days open", sul numero di lattazioni e sulla longevità. Per avere la cosiddetta facilità al parto bisogna combinare due tratti diversi ovvero la facilità di parto diretta ovvero legata al vitello e la facilità di parto materna che esprime la facilità al parto della vacca. L' ereditabilità della distocia è pari a circa 0,08 mentre l' ereditabilità della dimensione del vitello è 0,15 e mostra un forte correlazione genetica con la distocia (Pollak e Freeman (1976)). Si deve anche differenziare tra vacche primipare e pluripare in quanto le

seconde sono più soggette a distocia. Gli indici riguardanti il parto la mortalità sono stati implementati negli anni 90' e 2000 prima nei paesi nordici (Philipsson et al., 1994), successivamente hanno poi preso una forte importanza anche negli altri paesi (Miglior et al., 2017).

1.7 SALUTE DELLA VACCA

Le malattie nelle bovine da latte sono la maggiore fonte di perdita negli allevamenti a causa di una minore produzione di latte, morte, trattamenti veterinari, perdita di latte dovuta all'uso di antibiotici, aumento del lavoro, ritardo nel concepimento, riduzione dei guadagni genetici, bassa qualità del latte e maggiore suscettibilità ad altre malattie (Miglior et al., 2017). L'uso sempre maggiore di antibiotici e la maggiore attenzione verso il benessere animale hanno aumentato la domanda di includere i tratti di salute nei programmi di miglioramento genetico. Tra le malattie più importanti e più impattanti a livello economico per l'industria lattiero casearia troviamo la mastite. La mastite può essere causata da diverse specie di batteri e può colpire uno o più quarti della mammella con più o meno gravità e l'incidenza della malattia è influenzata dalle conduzioni di gestione della mandria. Lush (1950) ha studiato la possibile eredità della resistenza alla mastite, trovando un forte background genetico e concludendo che l'incidenza della mastite potrebbe essere ridotta selezionando contro vacche gravemente colpite o quelle con sorelle o figlie gravemente colpite. Negli anni 70' inoltre si cominciò a selezionare anche in base ai conteggi di cellule somatiche (SCC) di solito normalizzate con la trasformazione logaritmica (SCS) (Ali e Shook 1980).

Tuttavia, in generale i tratti funzionali come salute e fertilità hanno un'ereditabilità minore rispetto a quelli produttivi (Pritchard et al., 2012); stime recenti (Heringstad et al., 2000) ci confermano l'ereditabilità di caratteri relativi alla salute quali mastite e zoppia è piuttosto bassa.

La bassa ereditabilità è dovuta dalle notevoli influenze ambientali su questi caratteri che ha sua volta suggeriscono che alcune miglorie possono essere ottenute solo migliorando la gestione degli animali (Pritchard et al., 2012).

Anche per quanto riguarda le malattie metaboliche come la chetosi abbiamo basse stime di ereditabilità in quanto uno degli indicatori della chetosi sub-clinica conosciuto come acetone nel latte ha un'ereditabilità limitata (Emanuelson e Andersson, 1986; Wood et al., 2004; van der Drift et al., 2012). Un altro indicatore della chetosi sub-clinica è il BHB del latte che invece ha un'ereditabilità maggiore circa tra 0.07 e 0.016 (van der Drift et al., 2012; Koeck et al., 2014; Jamrozik et al., 2016). Il BHB assieme ad altri caratteri ereditabili come rapporto

grasso/proteine e BCS, sono geneticamente correlati con la chetosi clinica e vengono utilizzati nelle valutazioni multicaratteriali per le malattie metaboliche (Koeck et al., 2014; Jamrozik et al., 2016).

La preoccupazione per il declino genetico della salute dei bovini da latte ha portato l'attenzione sulla selezione genetica per migliorarne la salute, e la ricerca continua sull'identificazione di nuovi tratti che aiutino in questo obiettivo di selezione.

Principalmente, finora solo le malattie individuali con elevata incidenza come mastite e chetosi sono state incluse nei programmi di selezione, e molti tratti sanitari trarrebbero beneficio da più registrazioni o da una valutazione multicaratteriale con caratteri indicatori per migliorare l'accuratezza delle valutazioni genetiche (Miglior F, 2017). Potenziali caratteri predittivi per i caratteri legati alla salute potrebbero includere il rapporto grasso/proteina e i cambiamenti nel BCS (Jamrozik et al., 2016; Roche et al., 2009), inoltre anche ulteriori analisi delle componenti del latte e dell'attività delle vacche potrebbero avere un potenziale predittivo verso i caratteri relativi alla salute (Rutten et al., 2013).

1.8 LAVORABILITÀ

I tratti legati alla lavorabilità facilitano la gestione della vacca e della mandria in azienda, questi tratti includono principalmente il temperamento e la velocità di mungitura, tratti che hanno effetti economici sul sistema produttivo, Schutz e Pajor (2001) hanno discusso l'importanza di questi tratti e stimato la loro ereditabilità tra 0,08 e 0,25 per il temperamento. Anche per la velocità di mungitura è stata riscontrata un'ereditabilità e proprio per questo alcuni paesi hanno già incluso la velocità di mungitura e il temperamento nei loro obiettivi di selezione da oltre 20 anni.

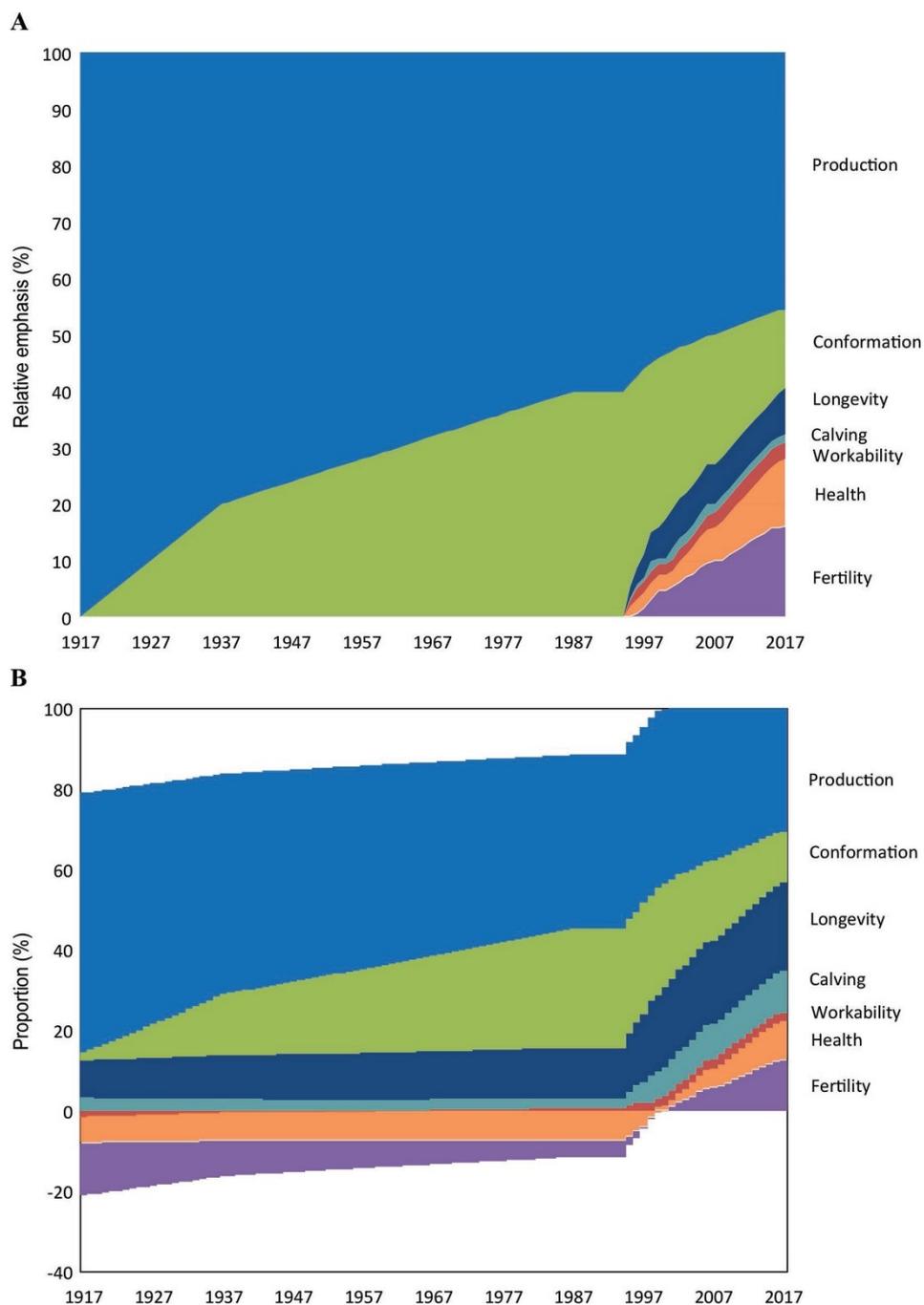


Tabelle 1.8 rappresentazione schematica di (A) dell'enfasi con cui i tratti di selezioni sono stati presi in considerazione negli ultimi 100 anni e (B) proporzione della risposta alla selezione stimata per vari i tratti negli ultimi 100 anni (Fonte Miglior et al., 2017)

2. INDICI DI SELEZIONE

Gli indici di selezione sono fondamentali per stimare il valore genetico di un soggetto utilizzando analisi statistiche che combinano i dati fenotipici e quelli anagrafici. Per creare un indice di selezione è essenziale definire gli obiettivi di razza, l'importanza economica di ciascun carattere, il livello genetico attuale confrontato alle correlazioni genetiche. Aspetto altrettanto importante è la valutazione genetica che è possibile solo per quei caratteri misurabili ed ereditabili. Per misurare un carattere, sono necessarie notazioni fenotipiche oggettive, facilmente misurabili e precise, come ad esempio la produzione di latte per lattazione o la difficoltà al parto, per riuscire ad ottenere indici significativi. Inoltre, questi caratteri devono essere ereditabili, controllati da più geni per minimizzare l'influenza ambientale. I caratteri controllati da un unico gene (monogenici), come la K-caseina, hanno un'ereditabilità del 100% perché non sono significativamente influenzati dall'ambiente. Infine, l'indice deve anche avere un'importanza economica in quanto il sistema di raccolta ed elaborazione dei dati ha un costo significativo, quindi le indicazioni fornite dagli indici devono portare vantaggi tangibili agli allevatori per riuscire a coprire l'investimento iniziale. Ora analizziamo alcuni degli indici più importanti a livello italiano per la razza Frisona Italiana.

2.1 INDICE PFT

IL PFT è l'indice di selezione a livello nazionale per la razza frisona italiana istituito per la prima volta nel 2002 dalla commissione tecnica centrale (CTC) di ANAFIBJ per poi essere aggiornato negli anni a seguire a seconda dei nuovi criteri di selezione della razza (Canavesi 2014). L'ultimo aggiornamento si è svolto a gennaio 2024. PFT sta per produzione, funzionalità e tipo. Produzione fa riferimento ai kg di produzione di latte e alla qualità del latte (kg di proteine, kg di grasso). Invece per funzionalità intendiamo la capacità della bovina di sostare in azienda; quindi, si presta molta attenzione a parametri quali la longevità e la fertilità dell'animale e la capacità dell'animale di affrontare eventuali patogeni, ad esempio, il numero di cellule somatiche. L'ultimo aspetto ovvero il tipo riguarda la morfologia dell'animale e serve per avere un ideale estetico della razza frisona specialmente verso la composizione della mammella e degli arti. Globalmente ci sono altri indici simili al PFT italiano come il TPI negli USA e il LPI in Canada.

La formula del PFT è: $PFT = 12,50 * (0,32 * \text{grasso kg} + 1,79 * \text{proteina kg} + 0,087 * \text{grasso\%} * 100 + 0,28 * \text{proteina\%} * 100 + 4,04 * \text{TIPO} + 13,93 * \text{ICM} + 6,07 * \text{IAP} + 9,21 * ((\text{longevità}-100)/5) + 11,51 * ((\text{cellule}-100)/5,70) + 10,59 * ((\text{IAF}-100)/5))$
 che determina un rapporto tra produzione, funzionalità e morfologia di 47:36:17.

PRODUZIONE	PESO	FUNZIONALITÀ	PESO	MORFOLOGIA	PESO
Latte kg	0	Longevità	5	TIPO	4
Grasso kg	8	Cellule somatiche	5	ICM (Mammella)	9
Proteina kg	33	Fertilità	20	IAP (Arti e Piedi)	4
Grasso %	3	MST (Mastite)	6		
Proteina %	3				

tabella 2.1 queste tabelle confrontano i vari pesi attribuiti all'indice PFT fonte ANAFIBJ- Associazione Nazionale Allevatori della Razza Frisona e Jersey Italiana.

2.2 INDICE ECONOMICO SALUTE IES

Lo IES indice economico salute è un indice realizzato nel 2016 dalla commissione tecnica ANAFIBJ. È stato realizzato per colmare la sempre una maggiore necessità di avere animali efficienti in allevamento sia per quanto riguarda l'aspetto economico ma anche per quello etico/sociale e normativo in quanto aspetti quali impatto ambientale, il benessere animale e la riduzione degli antibiotici stanno prendendo sempre più rilevanza.

L'indice IES è misurato in euro, per quantificare in maniera netta e tangibile, la redditività che la prole può ereditare da un determinato riproduttore, attraverso uno studio economico svolto sui costi e ricavi avuti, infatti l'indice è basato sulla stima dei costi e dei ricavi medi nell'arco dell'intera carriera riproduttiva della bovina. Per i ricavi si utilizza il prezzo medio del latte e i parametri di pagamento qualità. Mentre per i costi, vengono quantificati quelli necessari per l'allevamento della manna, tenendo conto dei vari fabbisogni e delle spese sanitarie.

L'indice viene espresso come differenza economica attesa rispetto alla base genetica di riferimento. La tabella riporta i pesi percentuali degli indici che compongono l'indice IES, la cui formula è la seguente:

$$IES = 0,32 * \text{grasso kg} + 1,37 * \text{proteina kg} + 0,043 * \text{grasso\%} * 100 + 0,0188 * \text{proteina\%} * 100 - 5 * \text{statura} + 4 * \text{locomozione} + 1 * \text{profondità mammella} + 20,51 * (\text{longevità}-100) / 5 + 6 * ((\text{scs}-100) / 5,7) + 18 * ((\text{fertilità}-100)/5) + 3,35 * ((\text{bcs}-100)/5) + 3,51 * ((\text{facilità parto}$$

materna-100)/5)

determina un rapporto tra produzione, funzionalità e morfologia pari al 39:51:10.

PRODUZIONE	PESO	FUNZIONALITÀ	PESO	MORFOLOGIA	PESO
Latte kg	0	Longevità	20,51	Statura	-5
Grasso kg	8	Cellule Somatiche	6	Locomozione	4
Proteina kg	27,62	Facilità Parto Vacca	3,51	Profondità Mammella	1
Grasso %	1	Fertilità	18		
Proteina %	2	Body Condition Score	3,35		

Tabella 2.2 queste tabelle confrontano i vari pesi attribuiti all'indice IES in confronto al PFT fonte ANAFIBJ- Associazione Nazionale Allevatori della Razza Frisona e Jersey Italiana. [OBJ]

2.3 INDICE ICS-PR

ICS-PR che indica indice caseificazione sostenibilità parmigiano reggiano ha l'obiettivo di selezionare animali le cui figlie massimizzano il profitto aziendale, per tutte quelle realtà che conferiscono il latte all'industria di trasformazione casearia. Si imposta quindi una selezione rivolta al miglioramento delle caratteristiche casearie. L'indice ICS-PR combina tra loro altri indici qualitativi come grasso e proteina in frazione percentuale, i genotipi della K caseina e il contenuto di cellule somatiche. L'indice è espresso in Euro e si basa appunto sulla stima dei costi e dei ricavi medi per lattazione nell'arco dell'intera carriera della vacca.

La formula è: $ICS-PR = 0,05 * \text{grasso kg} + 0,30 * \text{proteine kg} - 0,02 * \text{statura} + 0,03 * \text{locomozione} + 0,02 * \text{profondità mammella} + 0,14 * ((\text{scs}-100) / 5,70) + 0,09 * ((\text{facilità parto materna}- 100)/5) + 0,10 * ((\text{longevità}-100)/5) + 0,05 * ((\text{mastite}-100)/5) + 0,20 * ((\text{fertilità}-100)/5)$

A questo va aggiunta una premialità di:

- 0,10 Euro per giorno di vita per figlie di toro k caseina BB
- 0,05 Euro per giorno di vita per figlie di toro k caseina AB

PRODUZIONE	PESO	FUNZIONALITÀ	PESO	MORFOLOGIA	PESO
Latte kg	0	Cellule	14	Statura	-2
Grasso kg	5	Facilità parto	9	Locomozione	3
Proteina kg	30	Longevità	10	Profondità Mammella	2
		Mastite	5		
		Fertilità	20		

tabella 2.3 criteri valutativi per il pagamento qualitativo del latte secondo l'indice di caseificazione e sostenibilità fonte ANAFIBJ – Associazione Nazionale Allevatori della Razza Frisona Bruna e Jersey Italiana.

2.4 INDICI COMPOSTI MORFOLOGICI E FUNZIONALI

ICM

L'indice composto mammella o ICM ha come obiettivo di selezione quello di ottenere una mammella funzionale per quanto riguarda la parte produttiva, che a sua volta è influenzata dalla conformazione che essa assume.

L'ICM è stato costituito nel 1993 e non ha subito modifiche fino al 2021 dove l'interesse per il legamento sospensorio e la profondità della mammella è diminuito, mentre è stata posta più attenzione sulla lunghezza dei capezzoli e sugli appiombi. Questo in quanto tra il 2010 e il 2020 la percentuale di mammelle con capezzoli di lunghezza inadeguata è passata dal 20 % al 41% (Canavesi, 2018).

Le attuali linee premiano i riproduttori che sono in grado di trasmettere alla progenie la corretta dimensione dei capezzoli e appiombi. [OB]

L'indice ICM è incluso nel calcolo del PFT assumendo all'interno di esso un valore del 9%. Viene calcolato come peso % dei vari criteri di valutazione in combinazione alla longevità e funzionalità della bovina:

$ICM = 0,19 * \text{forza attacco anteriore} + 0,17 * \text{altezza attacco posteriore} + 0,21 * \text{legamento} + 0,26 * \text{profondità mammella} + 0,17 * \text{posizione dei capezzoli anteriore}.$

IAP

Acronimo di indice arti e piedi e la finalità è quella di valutare sia la struttura morfologica dell'animale che la deambulazione, questo indice serve per stimare la longevità della bovina, la quale poi è candidata alla rimonta.

Anche questo indice rientra nel calcolo del PFT, e si calcola rispettivamente:

$IAP = 0,16 * \text{angolo del piede} + 0,224 * \text{arti visti da dietro} + 0,408 * \text{locomozione} + [- 0,208 * \text{abs (arti visti di lato} + 1)].$

TIPO

L'indice TIPO attribuisce un punteggio totale all'animale, la prima votazione che solitamente rimane per tutta la vita viene data in fase riproduttiva non prima dei 100 giorni di lattazione al fine di dare un giudizio ottimale sulla conformazione della mammella. L'indice tipo è stato

rilasciato alla fine dell'annata 2014, esso viene calcolato analizzando ben 17 criteri riportati nella formula di calcolo che è la seguente:

$$\text{TIPO} = 0,000 * \text{statura} + 0,128 * \text{forza} + 0,031 * \text{profondità} + 0,158 * \text{angolosità} + 0,044 * \text{angolo groppa} + 0,013 * \text{larghezza groppa} - 0,025 * \text{abs (arti visti di lato + 1)} + 0,038 * \text{arti visti da dietro} + 0,050 * \text{angolo del piede} + 0,175 * \text{mammella anteriore} + 0,072 * \text{altezza posteriore} + 0,030 * \text{legamento} + 0,014 * \text{profondità mammella} + 0,050 * \text{posizione capezzoli anteriori} + 0,023 * \text{dimensione capezzoli} - 0,032 * \text{abs (posizione capezzoli posteriori + 1)} + 0,016 * \text{locomozione}$$

2.5 INDICE PUNTEGGIO DI CONDIZIONE CORPOREA BCS

IL BCS consiste in una valutazione visiva dell'animale. Si va ad analizzare la distribuzione del grasso corporeo distribuito soprattutto nella zona lombare e pelvica. Per valutare lo spessore del grasso ci si pone direttamente dietro la bovina e si tastano i punti indicati nella tabella sottostante. Il punteggio si basa su una scala da 1 a 5 con intermedi di 0,25 punti.

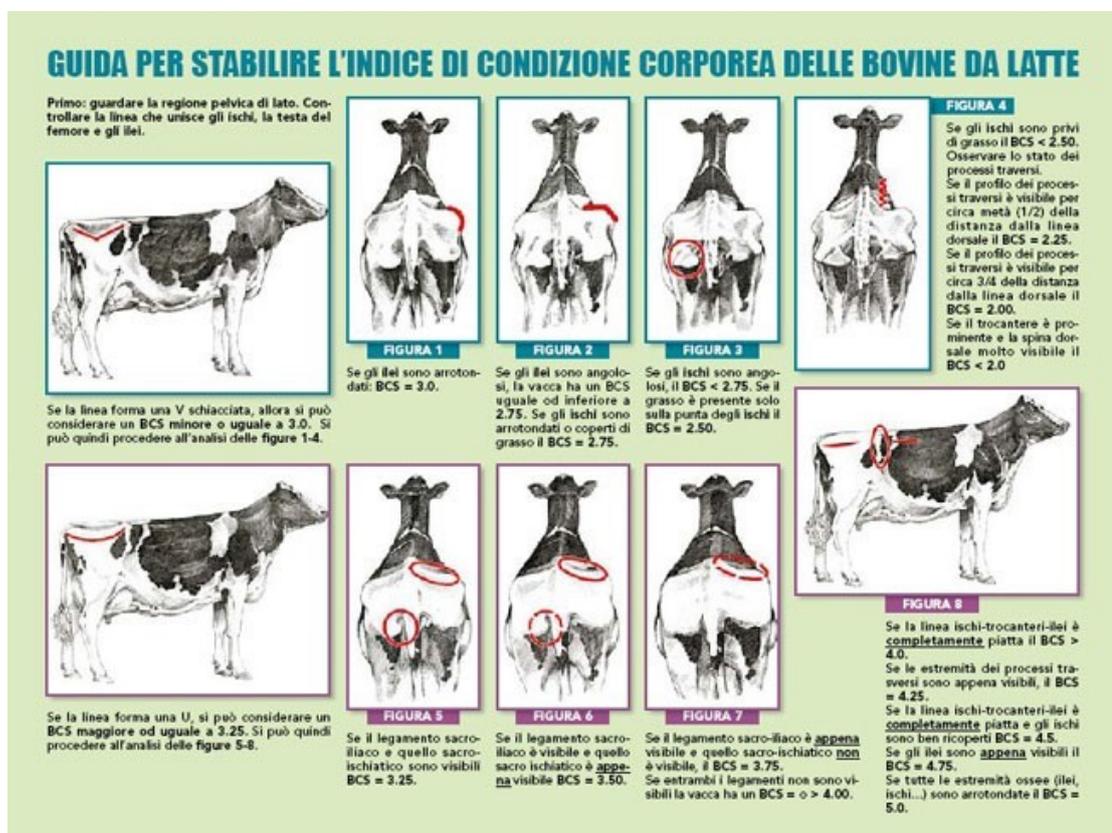


Tabella 2.5 tabella che permette di classificare visivamente lo stato corporeo della bovina da latte, determinandone il punteggio BCS (Fonte Ruminantia)

2.6 INDICI DEI CARATTERI PRODUTTIVI

Gli indici legati alla produttività sono quelli che appunto influenzano la produttività dell'allevamento. Questi indici possono essere legati alla produttività, alla qualità e anche alla sanità. Questi indici sono molto accurati in quanto vengono svolti campionamenti mensili in svariate aziende zootecniche.

INDICE LATTE GRASSO E PROTEINE

L'indice latte si misura in kg per lattazione ed è appunto la capacità lattogena che eventualmente il riproduttore è in grado di trasmettere. Mentre la durata della lattazione dipende sia dalla produttività e dalla fertilità della bovina. Per quanto riguarda l'indice grasso e proteine si esprime o in kg o in percentuale ed essi incidono sulle rese casearie, i valori ideali sono 3,2% di proteina e 3,5% di grasso per la Frisona Italiana.

SCC

Le cellule somatiche normalmente sono presenti in bassa quantità nel latte e sono costituite da cellule epiteliali e leucociti.

Tuttavia, le cellule somatiche possono essere presenti nel latte in un numero troppo elevato.

Se avviene ciò vuol dire che l'animale può aver tratto un'infezione come, ad esempio, la mastite oppure potrebbero esserci altre problematiche legate ad esempio alla vecchiaia. Da SCC (somatic cell count) si passa ad SCS (somatic cell score) attraverso una trasformazione logaritmica che normalizza SCC.

Un punteggio anomalo del SCS si individua semplicemente coi normali controlli funzionali che vengono fatti regolarmente.

INDICE PERSISTENZA

Questo indice studia l'andamento della lattazione e ne quantifica la componente genetica.

Consiste nel rapporto percentuale presente fra la produzione a 280 giorni di lattazione e a 60(picco di lattazione), indici alti sono sinonimi di lattazioni produttive.

Talvolta questo indice è accoppiato con il BCS per determinare il movimento delle riserve di grasso corporeo in lattazione.

CAPITOLO 2

3. SELEZIONE GENOMICA

Gli obiettivi di selezione stanno diventando più inclusivi, grazie alla disponibilità di nuovi fenotipi che possono essere misurati in modo conveniente ed efficace. La genomica, in particolare, ha rivoluzionato l'industria dei bovini da latte, offrendo nuove opportunità per selezionare caratteristiche che prima erano proibitivamente costose e difficili da misurare difatti fino al 2011 in Italia gli strumenti per stimare il valore genetico degli animali da reddito erano: i dati fenotipici (risultati progenie) e quelli anagrafici (padre, madre) (ANAFIBJ).

La Genomica è quella branca della genetica che studia la caratterizzazione molecolare e l'espressione di interi genomi di vari organismi, conducendo un'analisi comparativa per stabilire le relazioni evolutive (Treccani).

Nel settore della zootecnia dei bovini da latte, il termine “genomica” viene utilizzato quando si discute di miglioramento genetico. Lo si trova nelle pubblicità dei tori, nella promozione dei programmi di miglioramento dei centri di fecondazione artificiale e nelle associazioni di razza, sia a livello nazionale che internazionale (Canavesi, 2018).

La selezione genomica, quindi, consiste nello scegliere gli animali miglioratori in base alla misurazione del potenziale genetico basato sulla quantificazione di ciò che è scritto nel loro DNA (Canavesi, ottobre 2013). Il sequenziamento del Genoma è la conseguente lettura è possibile grazie all'utilizzo di specifici marcatori genetici gli SNP (Single Nucleotide Polymorphism). Gli SNP sono una variazione all'interno di una sequenza di DNA di un singolo nucleotide, che si differenzia tra soggetti della stessa specie o tra una coppia di cromosomi dello stesso individuo (Dal maso, 2024).

Infine, gli SNP vengono utilizzati in kit di laboratorio determinando le caratteristiche genetiche di un individuo.

I primi paesi ad utilizzare questa tecnica furono la Nuova Zelanda e l'Australia nel 2008, seguite poi Nord America ed Europa, e sin da subito la genomica ha rivoluzionato le strategie di miglioramento genetico (Canavesi, 2012).

Proprio per questo motivo, oggi tutti i tori destinati a prove di progenie vengono selezionati tra i soggetti migliori proprio attraverso test genomici. Questi test genomici hanno portato ad

un aumento di attendibilità fino al 50-70 % avvicinandosi così a quello di tori già provati, rispetto ad un 20-30% tipico di un indice pedigree tradizionale (Canavesi, 2012).

Anche per le madri non ci si è più limitati agli indici basati sulle prestazioni produttive, ma si sono inclusi anche i profili dei marcatori genetici che possono essere trasmessi alla progenie. Tutto ciò ha portato ad un sistema di valutazione genetica migliore in grado di misurare la superiorità genetica trasmissibile sia nei tori che nelle vacche e il conseguente valore genomico.

Il valore genomico di un soggetto è basato su (Dal Maso, 2024):

- Genotipizzazione degli animali
- Raccolta dati fenotipici e stima indice genetico (EBV) (IGV)
- Stima del valore genomico con gli SNP
- Calcolo indice genomico diretto (DGV) e valore genomico complessivo (GEBV)

L'indice genomico diretto rappresenta la stima del valore genetico di un individuo basato sull'identificazione del profilo dei marcatori del suo DNA, dei suoi relativi effetti genetici stimati in base ai dati degli indici genetici e del DNA da una popolazione di riferimento solitamente costituita da tori provati (Canavesi, 2012). Mentre il valore genomico (GEBV) si ottiene sommando l'indice genetico tradizionale (EBV) e l'indice genomico diretto (DGV).

INDICE GENOMICO TORI

Si può calcolare sia per i tori con figlie sia per quelli senza. Nel caso di quelli con figlie, l'informazione genomica diretta è combinata con l'indice tradizionale aumentandone l'attendibilità. L'indice genomico diretto DGV unito all'EBV tradizionale dà il valore genomico complessivo GEBV. All'aumentare del numero di figli, il peso dell'indice genomico diretto diminuisce.

INDICE GENOMICO VACCHE

Gli indici genomici per le vacche si calcolano su tutti i caratteri eccetto per la mastite, la mungibilità e la facilità al parto. Per animali giovani senza progenie viene usato solo l'indice calcolato con l'analisi del DNA ovvero il DGV. Nelle vacche dove si hanno già informazioni sulle performance si combina il tradizionale IGV, basato su pedigree e fenotipo con il DGV derivante dall'analisi del DNA. Il peso dell'IGV nelle vacche è inferiore rispetto a quanto accade con i tori, perché hanno meno informazioni rispetto ai tori provati e per questo meno attendibilità. In sintesi, nei tori l'indice genomico è simile a quello calcolato con le figlie mentre nelle vacche ci sono maggiori differenze tra l'IGV e l'indice genomico.

3.1 GENOTIPIZZARE L'AZIENDA: METODI E VANTAGGI

Negli ultimi anni c'è stata una rapida espansione del genotipaggio delle vacche da latte soprattutto negli Stati Uniti. Il genotipaggio delle vacche oltre a quello dei tori è cresciuto notevolmente negli ultimi anni; infatti, molti allevatori scelgono sin da subito di genotipizzare le vitelle per poi gestire al meglio l'allevamento (Wiggans & Carrillo, 2022).

In Italia la possibilità di genotipizzare le vacche viene gestita soprattutto dai centri FA ma ora anche dagli allevatori che possono usare questo strumento per gestire ed individuare meglio gli esemplari con un alto profilo genetico andando così a migliorare la propria azienda (Canavesi 2013).

Le strategie per attuare la genotipizzazione possono essere varie, innanzitutto bisogna scegliere il chip adatto. I chip contenenti i marcatori si dividono in tre tipi (Wiggans et al., 2017):

- Chip a bassa densità con 2900 SNP
- Chip a media densità con 6909 SNP
- Chip ad alta densità con 777962 SNP

In allevamento si tendono ad utilizzare i chip a bassa densità, mentre per i tori genomici quelli a media densità; invece, se si vuole analizzare approfonditamente il genoma dell'animale si utilizzano quelli ad alta densità. In allevamento normalmente vengono usati quelli a bassa densità perché costano meno e sono comunque accurati per il calcolo dell'indice genomico e per le diagnosi di parentela (Canavesi, marzo 2013).

Una volta scelto il chip bisogna scegliere quali animali genotipizzare in quanto genotipizzare l'intero allevamento potrebbe essere dispendioso da un punto di vista economico. Ci sono 3 teorie principali (Canavesi, marzo 2013):

1. Genotipizzare tutte le manze non superiori all'anno di età e quelle non gravide
2. Genotipizzare l'intera mandria
3. Genotipizzare solo alcune famiglie importanti

Sia la 1 che la 3 permettono nel lungo periodo di avere l'intera stalla genotipizzata e questo ci permette di conoscere l'intera struttura genetica dell'allevamento e l'eventuale consanguineità. Inoltre, ci permette di gestire meglio i piani di accoppiamenti e la rimonta.

Un altro vantaggio è quello di poter incidere significativamente anche sulla scelta delle madri delle future vacche, in quanto possiamo scegliere al meglio sia tra i tori ma anche le vacche su cui fare fecondazione, e oltretutto l'allevatore può scoprire animali di livello genetico superiore andando così a valorizzare il lavoro svolto.

La scelta dei padri e la scelta delle madri delle vacche sono le uniche vie con cui l'allevatore può fare miglioramento genetico in azienda (Canavesi, dicembre 2014).

[OBJ]

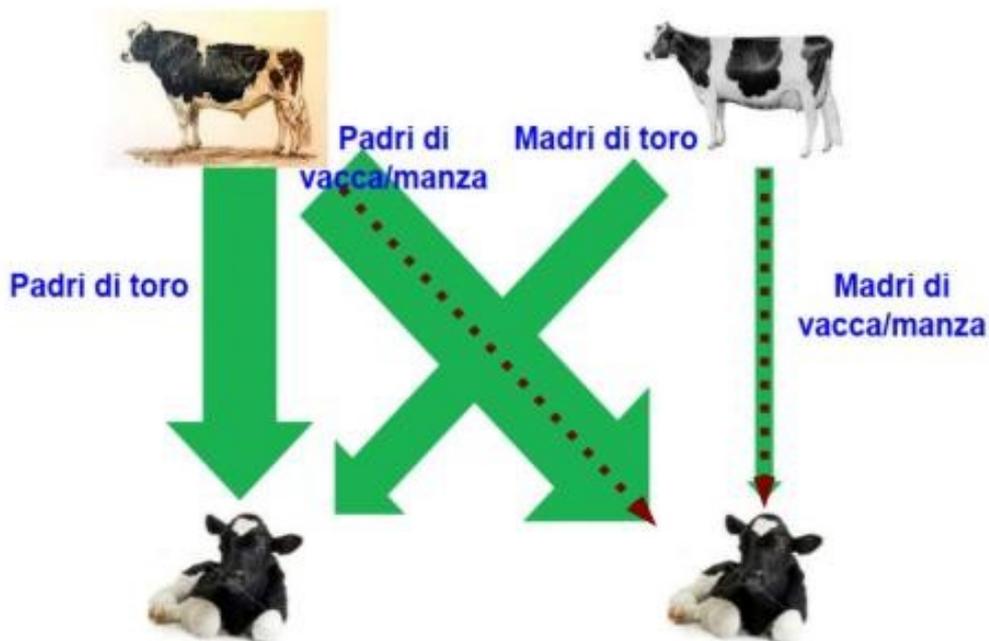


Figura 3.1 Le vie tratteggiate in rosso sono le uniche dove l'allevatore può intervenire per fare miglioramento genetico (Fonte Ruminantia)

Per la scelta dei tori grazie alla genomica c'è la possibilità di utilizzare una superiorità genetica maggiore e di farlo con tempi minori in quanto non c'è bisogno di attendere che il toro abbia figlie in produzione.

Il livello di attendibilità di tori genomici è circa al 74%, lontano dal 94% dei tori provati, da qui ne traiamo che c'è un rischio maggiore nell'utilizzo di tori genomici, per questo per ridurre il rischio è buona pratica utilizzare almeno 5 tori diversi per migliorare l'attendibilità media del valore medio del gruppo che in questo modo arriva fino al 95% (Canavesi, 2017). Utilizzando questo metodo aumentiamo l'accuratezza in quanto l'indice di un singolo toro ha poche informazioni e tende ad oscillare.

La scelta delle vacche significa scegliere le vacche e le manze che saranno le madri delle future vitelle. Per potere fare selezione bisogna essere nella condizione di poter scegliere per questo è opportuno avere un numero di manze in entrata maggiore al fabbisogno. In questo modo si riesce a selezionare le manze con il genotipo desiderato, quest'ultime saranno poi

tenute in azienda, mentre le altre in eccedenza andranno vendute così da ridurre i costi di gestione. Per avere sempre un pool di manze sufficiente a disposizione è opportuno avvalersi di altri strumenti, come il seme sessato che permette di avere un numero alto di manze disponibili anche in futuro, e di mantenere alto il livello genetico delle bovine (Canavesi, dicembre 2014).

La selezione genomica ha completamente cambiato il settore zootecnico, prima la metà degli accoppiamenti veniva fatta con tori provati ora invece i tori si selezionano quasi esclusivamente in base alle valutazioni genomiche, inoltre l'intervallo generazionale si è ridotto notevolmente con tori giovani e manze che sostituiscono vacche più anziane in tempi minori (Wiggans et al., 2017).

Infatti, è stato visto che si riesce ad ottenere un incremento genetico della popolazione due volte superiore rispetto a quello raggiunto con le tecniche tradizionali basate sulla progenie (de Roos et al., 2011).

È nei tratti con bassa ereditabilità che vediamo i maggiori vantaggi della genomica, in quanto l'affidabilità data dalla genomica per questi caratteri è maggiore, e oltretutto ha il vantaggio di essere disponibile poco dopo la nascita (Wiggans et al., 2017).

Oltre per la valutazione genetica, la genomica è utile per scoprire la genealogia, la composizione della razza, per progettare meglio gli schemi di accoppiamento e selezione (Pryce e Daetwyler 2012). Inoltre, riusciamo anche a monitorare il fenomeno dell'inbreeding andando ad indentificare eventuali animali portatori di geni recessivi.

Riassumendo i vantaggi che offre la genomica sono (Miglior et al., 2021):

- Assegnazione e verifica accurata della parentela
- Maggiore accuratezza nella selezione dei giovani animali
- Riduzione dell'intervallo generazionale
- Massimizzare la scelta dei tori
- Miglioramento di caratteri economicamente importanti
- Maggiore controllo e responsabilità agli allevatori nel processo di selezione
- Identificazione dei geni recessivi

Quest'innovazione tecnologica ha permesso un miglioramento genetico della mandria ad una velocità e un'efficacia senza eguali grazie ad un sistema di valutazioni genetiche molto più accurate e precise, portando i programmi di selezione di qualsiasi razza ad un notevole aumento di qualità e permettendo agli allevatori di raggiungere obiettivi genetici ed economici importanti (Miglior et al., 2021).

Tuttavia, bisogna tenere conto dei possibili rischi legati al progresso genetico come quello della consanguineità, inoltre l'attenzione verso la filiera zootecnica è in aumento per questo motivo è opportuno indirizzare il miglioramento genetico verso i caratteri che rispondono alle nuove esigenze come: l'efficienza alimentare, la riduzione delle emissioni di metano, il miglioramento del benessere animale, la resistenza al calore e i parametri legati alla salute della vacca (Miglior et al., 2021).

CAPITOLO 3

(Quanto viene riportato all'interno di questo capitolo è tratto principalmente dal contributo di Marusi et al., 2023)

4. NUOVI INDICI DI SELEZIONE PER LA FRISONA ITALIANA

Quando si valuta l'introduzione di nuovi caratteri per la selezione è importante che rispettino due principi generalmente (Cole et al., 2018):

- 1) È importante che i caratteri che vengono implementati aggiungano nuove informazioni, ovvero devono avere basse correlazioni genetiche con caratteri già inclusi negli obiettivi di selezione, in quanto se abbiamo correlazioni elevate tra i caratteri avremo di conseguenza poche informazioni aggiuntive;
- 2) È fondamentale che i caratteri presi in considerazione abbiano un valore per gli allevatori. L'ideale è che ci siano benefici sia per gli allevatori che per i genetisti. Il valore complessivo è in funzione al valore del costo della misurazione per quel carattere.

I nuovi obiettivi di selezione della Frisona Italiana sono rivolti a migliorare vari aspetti della vacca come: vacche più fertili, più longeve e più resistenti a mastiti, con migliore attitudine casearia, minori emissioni inquinanti, e più resistenti allo stress da caldo.

Con l'aggiornamento degli indici nel 2022 la commissione ANAFIBJ ha creato nuovi indici e modificato quelli esistenti. Questi nuovi indici hanno come obiettivo quello di migliorare la funzionalità degli animali, il loro benessere con particolare riguardo verso il lato ambientale e quello della sostenibilità.

4.1 INDICE ETÀ AL PRIMO PARTO

L'età al primo parto è il periodo che copre l'intervallo tra la nascita della vacca e il suo primo parto o la prima lattazione.

La prima lattazione è considerata fondamentale in quanto è stato dimostrato che è un efficace indicatore delle prestazioni nella carriera della vacca e della longevità (Jairath et al., 1995; Haworth et al., 2008).

Dunque, l'età al primo parto risulta essere fortemente associata alla produzione di latte durante la prima lattazione (Van Eetvelde et al., 2017), inoltre sancisce l'inizio della carriera produttiva della bovina e anche il momento in cui comincia a generare profitto per l'azienda. In Italia le vacche frisone hanno il primo parto a circa 26 mesi di età, l'obiettivo è quello di

portare questa media a 24 mesi tenendo conto che l'animale abbia raggiunto un adeguato livello di sviluppo. È stato osservato che c'è una correlazione positiva tra un'età precoce al primo parto e una maggiore produzione di latte in carriera, e oltretutto anche una conseguente diminuzione nei costi di allevamento (Ettema e Santos, 2004). Anticipare l'età al primo parto porta quindi ad avere una bovina che diventa produttiva più rapidamente andando quindi ad avere una produttività totale in carriera superiore rispetto a quelle bovine che partoriscono più tardi. Bisogna evitare di anticipare troppo il parto in quanto a 22/23 mesi si rischia di andare ad incidere negativamente sulla resa di latte, grasso e proteine (Nilforooshan e Edriss, 2004; Froidmont et al., 2013; Eastham et al., 2018).

Per questo motivo è stato sviluppato un nuovo indice in grado di identificare i tori capaci di trasmettere alle figlie un'età al primo parto minore. L'indice è denominato AFC (Age First Calving) e mostra delle correlazioni positive sia con i caratteri produttivi, sia con quelli funzionali e di fertilità e si correla favorevolmente anche con gli indici di selezione nazionali classici come PFT, IES, ICS-PR. Ne traiamo quindi che migliorare questo carattere può indirettamente favorire altri aspetti correlati.

Tuttavia, come per altri caratteri l'ereditabilità dell'AFC è piuttosto bassa, circa il 3,8%.

L'indice sarà espresso con una media di 100 e una deviazione standard di 5, dove un aumento di una deviazione standard riduce l'età al primo parto di 1,07 mesi, mentre una diminuzione la aumenta di 0,46 mesi. Analizzando il trend degli indici EBV dei tori in relazione all'età media al primo parto delle figlie, si nota che a un incremento dell'indice corrisponde una diminuzione dell'età media al primo parto.

4.2 INDICE EFFICIENZA AZOTATA

Questo indice mira a incrementare l'output di proteina percentuale nel latte ma allo stesso tempo a minimizzare l'output di urea percentuale. Ciò va a creare un rapporto proteina/urea ideale, migliorando l'efficienza dell'animale nell'utilizzo delle frazioni azotate della dieta e riducendo l'impatto ambientale. Generalmente un valore ideale di urea nel latte si attesta tra i 16 e i 20 mg/dl (Comino et al., 2022).

L'urea è una molecola organica prodotta dal fegato a partire dall'ammoniaca che si forma dalla degradazione di proteine e altri composti contenenti azoto (Parker et al., 1995), ed è un indicatore utile dell'efficienza con cui viene utilizzato l'azoto alimentare e dell'escrezione urinaria sempre di azoto (Jonker et al., 1998; Nousiainen et al., 2004).

L'urea nel latte non fa parte dei criteri di pagamento per la qualità del latte ma è un indicatore di grande interesse per l'allevatore, poiché offre informazioni sull'eccesso di proteine nella

dieta oppure sulla eventuale carenza aiutandolo a monitorare l'efficienza con cui l'animale utilizza l'azoto alimentare (Roy et al., 2011).

Inoltre, migliorare l'efficienza dell'utilizzo dell'azoto nella produzione di latte è cruciale per ridurre le emissioni di protossido di azoto e ammoniaca a livello di allevamento, contribuendo così a mitigare l'impatto ambientale (Castillo et al., 2000).

È stato studiato il comportamento dell'urea nel latte, e si è visto che nelle primipare è presente una maggiore concentrazione di urea rispetto a secondipare e terzipare (Onofrio et al., 2021). Oltretutto è stato visto che il contenuto di urea durante la lattazione non è stabile, bensì varia; infatti, si nota come all'inizio è più basso, mentre raggiunge il picco circa verso la metà della lattazione per poi rimanere stabile fino all'asciutta. Invece animali che partoriscono precocemente o tardivamente mostrano un contenuto inferiore di urea. Oggi la concentrazione media di urea nel latte è 23 mg/dl.

L'ereditabilità stimata per il carattere Urea % è del 16% e per l'indice finale del 17,7%.

Come per gli altri indici funzionali di ANAFIBJ, anche questo è stato standardizzato con una media di 100 e una deviazione standard di 5.

In conclusione, le figlie dei tori con un alto indice EBV mostrano un elevato rapporto fenotipico P%/U%, che si traduce in una maggiore percentuale di proteina e una minore percentuale di urea (espressa in mg/dl come unità di misura dei controlli funzionali).

4.3 INDICE LUNGHEZZA DI GESTAZIONE

La durata della gestazione nei bovini in particolare nella Frisona dura solitamente 279 giorni (Vicario, 2021), tuttavia è presente una certa variabilità data da più fattori come, ad esempio, dal tipo di razza, dal sesso del vitello e dal genotipo della madre e del vitello.

La lunghezza della gestazione ha un impatto sia sul vitello che sulla madre, infatti, una lunghezza di gestazione troppo lunga porta a problemi durante il parto e in alcuni casi alla conseguente morte del vitello, la stessa cosa vale anche per un periodo troppo breve di gestazione.

L'indice di lunghezza di gestazione (GES) è un indice ereditabile ed è quindi possibile selezionare per questo carattere. Bisogna però scindere fra due indici; quello relativo al vitello che si riflette in un indice genetico che misura la capacità di un toro di trasmettere alla progenie la tendenza a influenzare la durata della gestazione della madre, con un'ereditabilità del 43%. E l'effetto materno che invece riguarda la capacità di un toro di trasmettere alle figlie la tendenza a modificare la durata della gestazione una volta gravide, con un'ereditabilità del 9%. Entrambi gli indici sono espressi su una scala con media 100 e

deviazione standard 5: valori superiori a 100 indicano una predisposizione genetica all'allungamento della gestazione.

L'indice ottimale come punteggio si attesta tra i 95 e i 105 punti, se il punteggio è prossimo all'estremo inferiore o quello superiore bisogna porre una particolare attenzione dal punto di vista gestionale.

4.4 INDICE BENESSERE

Questo indice ha come scopo principale quello di individuare dei riproduttori che conferiscono alle figlie migliori caratteristiche in termini di benessere e salute dell'animale. L'indice benessere è un indice composto in quanto prende in considerazione altri indici come: longevità, mastite, BCS, fertilità, facilità al parto, altezza al garrese, tolleranza al caldo.

Inoltre, viene assegnato un bonus se l'animale è eterozigote o omozigote per il gene Polled pari rispettivamente a 1,15 o 2,5 e anche una penalità pari a 5 se il bovino è portatore di aplotipi sfavorevoli. L'indice è espresso su una scala di 100 con una deviazione standard di 5 ed è applicabile a tutti gli animali.

È stato osservato come ci siano delle correlazioni positive tra gli indici di selezione nazionali e l'indice benessere. Quindi selezionare per l'indice benessere porta migliorare gli aspetti funzionali dell'allevamento con un conseguente miglioramento anche per quanto riguarda i parametri produttivi; infatti, si è osservato che selezionare per l'indice benessere non va ad incidere negativamente sulla produzione e qualità del latte.

Selezionare per l'indice benessere non porta assolutamente ad un peggioramento delle performance produttive; infatti, si è visto come le figlie dei tori migliori per l'indice benessere sono più performanti per quanto riguarda i caratteri produttivi in quanto vivono circa 133 giorni in più e producono circa 1kg di latte in più al giorno.

4.5 NUOVO INDICE PERSISTENZA

La persistenza è la velocità con cui la produzione di latte diminuisce dopo aver raggiunto il picco. Un'animale con maggiore persistenza cioè un minore calo di produzione avrà un migliore bilancio energetico e produrrà più kg di latte alla fine della lattazione. Sono numerosi i fattori che influenzano il tasso di declino della produzione dal peso, all'età, allo stato di gravidanza, alla durata del periodo di asciutta, alla temperatura, all'umidità e al

fotoperiodo; inoltre analizzando la curva di lattazione si riesce a verificare se l'alimentazione è adeguata (Fantini, 2012).

Questo indice già esisteva ma con l'ultimo aggiornamento del 2022 anche i tori giovani possono avere un indice per la persistenza in quanto il carattere è stato implementato nella selezione genomica. È rappresentato su una scala con una media di 100 e una deviazione standard di 5: i valori superiori a 100 indicano tori che migliorano questo carattere.

CAPITOLO 4

5. OBIETTIVI DI SELEZIONE ATTUALI E FUTURI A LIVELLO GLOBALE

Come abbiamo visto, il miglioramento genetico nelle vacche da latte si è concentrato soprattutto sul miglioramento dei caratteri che andavano ad influire sulla produzione, tuttavia, negli ultimi anni l'attenzione si è spostata verso ulteriori aspetti, come abbiamo già potuto vedere nel paragrafo precedente a livello italiano. Anche a livello globale negli ultimi dieci anni sono stati individuati nuovi obiettivi di selezione per i bovini da latte come ad esempio: l'efficienza alimentare, tolleranza allo stress da caldo, fertilità, emissioni di metano (Miglior et al., 2017). Inoltre, un altro obiettivo da raggiungere è l'aumento della variabilità genetica tra i bovini, in quanto il problema della depressione da consanguineità sta divenendo sempre più attuale (Cassandro, 2022).

5.1 EFFICIENZA ALIMENTARE

L'alimentazione del bestiame rappresenta un grande fetta nelle spese di produzione dell'allevamento e per questo è un aspetto fondamentale (Laughton, 2016). L'efficienza alimentare è l'unità di prodotto ottenuto per unità di alimento consumato con le unità che sono generalmente massa, proteina, energia e valore economico. (VandeHaar et al., 2016). L'efficienza alimentare può essere calcolata attraverso metodi diversi: il metodo più utilizzato è quello di calcolare quanto alimento una singola bovina ingerisce, determinato dalla differenza tra la quantità di cibo somministrato e quella rimanente e dall'altro, la misurazione della quantità di latte, grasso e proteina prodotti. Misurare esclusivamente la quantità di cibo consumato non è sufficiente per determinare l'efficienza alimentare, a meno che non sia rapportato con la produzione ottenuta e con l'uso delle sue riserve corporee per compensare eventuali carenze nutrizionali (Canavesi, 2016(b)). Internazionalmente, per misurare l'efficienza alimentare si adopera la sostanza secca ingerita residua RFI che si misura valutando la sostanza secca ingerita necessaria per l'energia utile alla produzione, il peso corporeo e la variazione di peso nel tempo (Canavesi, 2016(b)). Più tecnicamente l'RFI è calcolato come il residuo di un modello di regressione del DMI (consumo reale di sostanza secca) su vari fabbisogni energetici come la produzione di latte e il peso vivo, anche altri parametri come l'energia necessaria per il mantenimento vengono inclusi nel calcolo (Pryce et al., 2014). In sintesi l'RFI può essere calcolato come

l'assunzione di energia meno i fabbisogni per il mantenimento, crescita e produzione (Canavesi 2016(b)).

L'RFI è importante perché concettualmente identifica la variazione nell'attività, nel turnover proteico, nella digeribilità e nell'incremento di calore della fermentazione (Herd et al., 2004), proprio per questo è considerato una misura dell'efficienza metabolica.

Calcolare l'RFI nelle manze è molto più semplice rispetto alle vacche in quanto nelle vacche in lattazione bisogna considerare l'energia aggiuntiva derivante dalla mobilitazione dei tessuti corporei per sostenere la lattazione.

L'unica differenza tra il bilancio energetico e l'RFI è proprio questa, che nell'RFI bisogna tenere conto dei cambiamenti nelle riserve corporee dell'animale attraverso misure ottenute dal calcolo del BCS (Veerkamp, 1998).

Tuttavia, il calcolo del BCS deriva da una misura visiva e soggettiva delle riserve corporee, pertanto, può essere non sufficientemente accurata; infatti, piccole variazioni delle riserve energetiche o cambiamenti in un breve periodo di tempo sono difficili da individuare (Pryce, 2014). In aggiunta, ci sono prove che suggeriscono che, sebbene il BCS catturi la variazione nei depositi di grasso sottocutaneo, è scarsamente correlato al grasso inter e intramuscolare (Roche et al., 2009).

Calcolare il cambiamento del BCS può essere complicato specialmente all'inizio della lattazione dove la vacca passa da un bilancio energetico negativo ad uno positivo generalmente attorno ai 40/80 giorni dopo il parto (Veerkamp et al., 2000; Coffey et al., 2002). In alternativa l'RFI può essere calcolato come l'assunzione di energia meno i fabbisogni per il mantenimento, crescita e produzione.

Le stime dell'ereditabilità dell'efficienza alimentare nei bovini da latte indicano che la selezione è possibile e si attesta tra valori pari a 0,14-0,21 (Vallimont et al., 2011).

Tuttavia, la complessità del calcolo del RFI e la variabilità dei metodi utilizzati rendono difficile determinare la reale possibilità di miglioramento genetico in quanto le misure dell'RFI variano molto da bovino a bovino, per questo è opportuno agire preferibilmente su animali in crescita come manze dove non ci sono complicazioni legate alla lattazione (Pryce et al., 2014).

Come abbiamo appena detto fare misurazioni per l'efficienza alimentare non è semplice per questo la maggior parte dei dati proviene dagli allevamenti di ricerca.

Proprio per questo il migliore metodo per fare selezione per questo carattere è attraverso la selezione genomica che è efficace quando sono presenti tre condizioni (Pryce et al., 2014):

- l'RFI ereditabile

- che le previsioni genomiche abbiano una accuratezza accettabile
- I valori RFI delle vitelle devono essere correlati ai valori RFI delle vacche

Prima di includere un nuovo tratto negli obiettivi di selezione genetica bisogna verificare anche le relazioni con gli altri tratti. Si è visto come selezionare per l'efficienza alimentare possa danneggiare ulteriormente la fertilità già danneggiata da anni di focalizzazione esclusivamente sulla produzione, infatti ci sono correlazioni negative tra RFI e fertilità, vacche più efficienti presentano maggiori problemi di fertilità a causa della mobilitazione delle riserve corporee (Pryce et al., 2014). Invece ci sono correlazioni positive sulle emissioni di metano in quanto vacche più efficienti producono meno emissioni dannose (Pryce et al., 2014).

5.2 EMISSIONE DI METANO

Nell'2006 venne pubblicato un rapporto (Steinfeld et al., 2006) dove veniva indicato che la produzione di gas serra dei ruminanti risultava impattante per il clima, per questo motivo venne proposta la selezione genetica come soluzione per mitigare questo problema (Wall et al., 2010).

In particolare, i bovini producono una grande quantità di metano (CH_4), che contribuisce in modo significativo al riscaldamento globale; infatti, è il secondo gas serra più impattante dopo l'anidride carbonica (CO_2) (Knapp et al., 2014). Il 44,3% delle emissioni totali provenienti dal bestiame è dato dalla fermentazione enterica dei ruminanti (FAO, IFAD, UNICEF, WFP, AND WHO, 2018). Più precisamente il metano è un sottoprodotto della fermentazione microbica che avviene nel rumine e rappresenta una perdita di energia alimentare pari al 8/9% (Olijhoek et al., 2020).

Nell'ultimo decennio la comunità scientifica ha studiato varie vie per ridurre le emissioni di CH_4 attraverso la nutrizione, la fisiologia, la gestione e la genetica dell'animale (de Haas et al., 2011; Waghorn and Hegarty, 2011; Alcock et al., 2015; Pickering et al., 2015). Alcune delle strategie comprendono: l'uso di additivi nell'alimentazione per ridurre le emissioni, l'individuazione di genotipi di animali meno impattanti a parità di produzione, il miglioramento nella gestione dell'animale e nella gestione dei rifiuti zootecnici. La selezione genetica è una soluzione valida, in quanto la riduzione delle emissioni di CH_4 si accumula e diventa permanente nel corso delle generazioni; tuttavia, questo processo richiede tempo poiché la selezione avviene su più generazioni.

Selezionare per la riduzione delle emissioni, non vuol dire concentrarsi esclusivamente su quel carattere tralasciando gli altri, infatti attualmente le correlazioni tra emissioni di metano e altri caratteri mostrano come la selezione per ridurre le emissioni ha un'incidenza minima su altri caratteri come salute e produzione (Zetouni et al., 2018b; Pszczola et al., 2019).

Tuttavia, la produzione di metano è collegata sia alla produzione di latte che all'assunzione di sostanza secca (DMI) per questo c'è bisogno di ulteriori studi per capire meglio le relazioni tra questi caratteri (Breider et al., 2018; Difford et al., 2019).

Si può fare selezione per questo carattere analizzando i vari fenotipi degli animali oppure utilizzando la selezione genomica. Grazie alla selezione genomica riusciamo a predire il valore genetico dell'animale prima di utilizzarlo per l'accoppiamento. Il sistema sembra avere una precisione inferiore rispetto al metodo basato sul fenotipo, ma ci consente di fare progressi genetici più rapidi (Lassen e Difford 2020). Per questo motivo la selezione genomica applicata alla riduzione delle emissioni, dove i dati sono più difficili da ottenere rispetto ad altri caratteri, può essere uno strumento valido. In conclusione, è possibile selezionare per la produzione di metano, inoltre anche selezionare per l'RFI ha un impatto positivo sulla riduzione delle emissioni di metano.

Ancora non è presente un indice di selezione legato al metano, ma se si vogliono raggiungere gli obiettivi ambientali e risparmiare denaro nell'industria lattiero casearia sarà opportuno implementare questo carattere negli obiettivi di selezione (Manzanilla-Pech et al., 2022).

5.3 STRESS DA CALDO

Il cambiamento climatico causato principalmente dalle emissioni di gas serra, ha portato significativi problemi ambientali e globali con l'aumento delle temperature e fenomeni meteorologici estremi (IPCC, 2007). Questi cambiamenti comportano implicazioni anche sui bovini, in particolare l'aumento delle temperature ha portato ad una riduzione della qualità del foraggio (Henry et al. 2018), ad una maggiore incidenza delle malattie (Bett et al. 2017) e ad un aumento dello stress termico che colpisce particolarmente le vacche da latte (St-Pierre et al. 2003).

Lo stress da caldo è definito come la condizione che si verifica quando l'animale non è in grado di dissipare una quantità adeguata di calore, sia esso prodotto o assorbito dal corpo, per mantenere l'equilibrio termico corporeo (Bernabucci et al., 2014).

Questa condizione può portare a risposte fisiologiche o comportamentali, che vanno ad influenzare negativamente le prestazioni produttive e riproduttive degli animali da allevamento (West, 2003; Nardone et al., 2006; 2010).

Le vacche da latte sono molto sensibili alle temperature elevate e all'umidità (Kadzere et al. 2002), di conseguenza per valutare lo stress da caldo nelle vacche da latte si utilizzano gli indici di temperatura e umidità (THI) (Zimbelman et al., 2009). Essendo quindi estremamente suscettibili allo stress da calore si verificano numerosi problemi di salute, produttivi e riproduttivi che comportano perdite economiche significative per gli allevatori; negli Stati Uniti si calcola circa 1,5 miliardi di dollari l'anno persi per lo stress da caldo (Key et al., 2014).

In base al valore di THI le vacche possono sperimentare più o meno intensamente lo stress da caldo (Zimbelman et al., 2009, Brügemann et al., 2011, Hammami et al., 2013, Dikmen & Hansen, 2009). Generalmente le vacche ad alta produzione hanno soglie di sopportazione di THI minori rispetto a quelle a bassa produzione (Zimbelman et al., 2009). Questo è dovuto al fatto che la produzione di latte genera calore metabolico e una maggiore produzione causa carichi metabolici più elevati (Carabaño et al., 2017), quindi una possibile strategia è quella di selezionare per una riduzione della produzione di latte. Le vacche selezionate per la tolleranza al calore hanno mostrato minori riduzioni nella produzione, tassi respiratori inferiori e una minore diminuzione della produzione dopo essere state sottoposte ad uno stress termico rispetto a vacche non selezionate (Garner et al., 2017). Tuttavia, questo metodo presenta alcune limitazioni, infatti migliorare la tolleranza dello stress da caldo riducendo la produzione va inevitabilmente ad incidere sui caratteri produttivi. Sebbene le vacche tolleranti al calore presentino una minore riduzione della produzione durante lo stress da caldo, la loro produzione a 305 giorni sarà comunque inferiore rispetto a vacche suscettibili al calore (Cartwright et al., 2023).

Un'altra strategia può essere quella di incrociare razze *Bos indicus* e *Bos taurus*. Le razze *Bos indicus* originarie delle zone più tropicali risultano più resistenti agli stress termici rispetto alla razza *Bos Taurus* (Habeeb et al., 2018). Inoltre, nel genoma del *Bos indicus* sono stati identificati dei geni associati alla resistenza al calore ed è stato anche dimostrato che queste razze presentano un maggiore capacità di controllo della temperatura corporea e di dissipazione del calore (Taye et al., 2017, Silanikove, 2000).

Anche in questo caso ci sono varie problematiche nell'utilizzo dell'incrocio con il *Bos indicus*, sebbene essi possiedano caratteri associati alla tolleranza al calore, ne possiedono altri associati ad una minore produzione di latte (Osei-Amponsah et al., 2019). Inoltre, potrebbero avere geni associati ad una minor resistenza al freddo, di conseguenza in Paesi con climi più variabili questo incrocio sarebbe poco appropriato.

Una delle ultime soluzioni può essere quella dell'editing genetico che consiste nell'andare ad inserire specifici geni o mutazioni che in questo caso vanno a conferire una resistenza al calore. L'allele SLICK provoca cambiamenti nel mantello delle vacche ovvero peli più corti e densità follicolare ridotta (Davis et al., 2017). Si è visto come le vacche contenenti nel genoma l'allele SLICK siano predisposte maggiormente a resistere a temperature più elevate a regolare la temperatura corporea ed a mantenere la produzione costante (Dikmen et al., 2014, Hansen, 2020). Quindi introdurre questa mutazione nel *Bos taurus* potrebbe essere una buona strategia contro lo stress da caldo, tuttavia è possibile che aumenti il rischio di stress da freddo e per tanto non è adatta in quelle regioni del mondo con climi variabili (Osei-Amponsah et al., 2019).

Esistono anche altre strategie basate sulla selezione dei caratteri fisiologici associati al raffreddamento durante lo stress da calore. I caratteri fisiologici presi in considerazione per conferire tolleranza al calore sono la frequenza respiratoria e la temperatura rettale (Kim et al., 2022). Le stime di ereditabilità sono rispettivamente 0,04 per la frequenza respiratoria (Luo et al., 2021) e da 0,06 a 0,17 per la temperatura rettale (Dikmen et al., 2012; Luo et al., 2021).

Questi dati ci indicano come la selezione per questi caratteri possa essere lenta in quanto l'ereditabilità non è molto alta, tuttavia, uno dei vantaggi di questo approccio rispetto a quelli precedenti è che la produzione totale di latte non viene ridotta (Osei-Amponsah et al., 2019). Inoltre, caratteri cellulari come la sintesi di ossido nitrico e le proteine da shock termico (HSP) sono associate alla tolleranza al calore. L'ossido nitrico induce la vasodilatazione della pelle aumentando la dissipazione del calore (Das et al., 2016), Yadav et al. (2016) e le HSP riparano le cellule da temperature elevate (Moseley, 2000). Oltretutto, l'espressione delle HSP è collegata anche alla riduzione della frequenza respiratoria e ad una minore temperatura rettale (Abdelnour et al., 2019). Stime di ereditabilità per HSP non sono ancora presenti in quanto la misurazione dei tratti fisiologici non è semplice (Cartwright et al., 2023).

L'ultimo metodo di selezione per lo stress da caldo è quello di selezionare bovini che presentino una risposta immunitaria elevata (Carabaño et al., 2017), infatti le vacche da latte che mostrano alte risposte immunitarie risultano essere maggiormente termotolleranti rispetto a quelle con una risposta immunitaria minore. Le vacche con una risposta immunitaria maggiore hanno una frequenza respiratoria minore e una soglia del THI maggiore (Cartwright et al., 2022; Cartwright et al., 2022), e producono più HSP e più ossido nitrico (Cartwright et

al., 2021). Inoltre, l'ereditabilità per la risposta immunitaria è medio alta circa 0,18 (Mallard et al., 2018).

In conclusione, il problema dello stress da caldo nelle vacche da latte è importante e causa un impatto economico notevole per questo c'è bisogno di selezionare bovini per la termotolleranza.

Sono diverse le strategie che si possono utilizzare come la riduzione della produzione di latte, incroci con razze termotolleranti, indurre delle mutazioni coi geni SLICK, tuttavia queste strategie non sono ottimali per quanto riguarda i caratteri produttivi e per tutti quei bovini che si trovano in regioni con temperature più fredde (Cartwright et al., 2023). Selezionare per i caratteri fisiologici e cellulari potrebbe essere la soluzione, tuttavia per ottenere i dati ci vogliono delle procedure complesse e costose. Pertanto ad oggi la migliore strategia risulta quella di selezionare per la risposta immunitaria elevata in questo modo i bovini sono maggiormente termotolleranti senza compromettere i caratteri produttivi (Cartwright et al., 2023).

5.4 FERTILITÀ

Da decenni assistiamo al peggioramento della fertilità nelle vacche da latte in diverse regioni come Regno Unito, Nord America, Nuova Zelanda, Irlanda (Lucy, 2001; Dillon et al., 2006; Macdonald et al., 2008).

L'efficienza riproduttiva è un fattore molto importante all'interno dell'allevamento (Dillon et al., 2006), per questo si stanno studiando strategie per il miglioramento della fertilità. La fertilità è un carattere multifattoriale e il suo deterioramento nel tempo è stato causato da una serie di fattori: genetici dati dalla selezione, ambientali e gestionali (articolo). La popolazione attuale è frutto di una selezione che è stata molto efficace nell'ottenere vacche ad alta produzione (Cole e VanRaden, 2018), tuttavia le correlazioni negative tra produzione e fertilità hanno portato ad un declino della fertilità delle vacche da latte (Berry et al., 2014). Nonostante ciò, è noto che la fertilità animale può essere migliorata mediante l'uso della genetica, infatti, una prima strategia è quella di consultare indici di merito e di usare tori selezionati elite per la fertilità (Cassandro, 2014).

Un'altra strategia che oltretutto ci evita il problema della consanguineità potrebbe essere l'incrocio tra razze. L'incrocio tra razze si basa sul concetto di andare ad introdurre geni favorevoli provenienti da un'altra razza che è stata selezionata in questo preciso caso per la fertilità in un altro individuo andando così ad aumentare l'eterosi o vigore ibrido (Cassandro, 2014).

Uno studio (Prendiville, 2009) ha dimostrato come c'è differenza nelle prestazioni di fertilità tra gruppi di vacche in razza pura Holstein-Fresian e Jersey e invece vacche incrociate Jersey x Holstein –Fresian. Si è notato che il tasso di gravidanza al primo servizio era pari al 47% per le Holstein-Fresian mentre per l'incrocio Jersey x Holstein-Fresian era del 62%. Inoltre, il tasso di gravidanza entro tredici settimane era del 90% per l'incrociate Jersey – Holstein Fresian mentre dell'82% per le Holstein-Fresian.

La capacità superiore di concepimento delle vacche incrociate è imputabile al vigore ibrido, oltretutto è stato visto che la produttività delle vacche incrociate era identica a quelle in purezza (Cassandro, 2014).

Un ruolo importante lo ha la selezione genomica che ci permette di selezionare animali in modo preciso e veloce rispetto ai metodi tradizionali, non solo per quanto riguarda i tori ma anche per le vacche. Tuttavia, usare la selezione per incrementare le performance legate alla fertilità delle vacche utilizzando le valutazioni genetiche come tasso di gravidanza e tasso di concepimento talvolta può non funzionare. Infatti, questi caratteri possono essere influenzati dai fattori ambientali e gestionali come ad esempio: temperature troppo elevate, la durata dei days open, la sincronizzazione ormonale (Weigel et al., University of Wisconsin, 2024).

In conclusione, la selezione per la fertilità è possibile nonostante sia un carattere più variabile rispetto a quelli produttivi e abbia un'ereditabilità molto bassa, per questo ci si aspetta un progresso genetico più lento (Cassandro, 2014).

5.5 DEPRESSIONE DA CONSANGUINEITÀ

Come abbiamo detto il progresso genetico ha rivoluzionato la selezione nelle vacche da latte; tuttavia, l'uso delle tecniche di miglioramento genetico tradizionali ha portato ad un aumento dell'indice di consanguineità e di conseguenza un aumento del fenomeno della depressione da inbreeding o consanguineità (Gutierrez-Reinoso et al., 2021).

La selezione favorisce la fissazione degli alleli vantaggiosi, portando ad un incremento dell'omozigosi nelle regioni del genoma dove sono presenti i geni responsabili delle caratteristiche distintive della razza. Ciò accade perché questi geni selezionati nel tempo, vengono ereditati in modo identico sia dalle linee materne che paterne (Canavesi, 2022).

La consanguineità avviene quando due alleli di un individuo sono identici a causa dell'accoppiamento di due individui imparentati. Il coefficiente di consanguineità è la probabilità che due alleli appartenenti allo stesso locus provengano da un antenato comune alla madre o al padre (Fioretti, 2015).

La consanguineità dal punto di vista pratico è il risultato dell'accoppiamento tra animali appartenenti a linee comuni può portare ad una diminuzione o perdita della capacità biologica, anche definita come depressione da consanguineità (Miglior et al., 2001; Croquet et al., 2006; Doekes et al., 2019; Doublet et al., 2019).

Un primo impatto significativo della consanguineità lo abbiamo sui caratteri produttivi specialmente quelli legati alla produzione di latte, grasso e proteine, inoltre influenza anche il conteggio delle cellule somatiche (Croquet et al., 2007; Rokouei et al., 2010; Bjelland et al., 2013; Dezetter et al., 2015).

Anche da un punto di vista della salute della vacca c'è un'influenza negativa data dalla consanguineità, in quanto la presenza di geni recessivi dannosi può influenzare il sistema immunitario dell'animale (Macedo et al., 2014) che a sua volta va ad influenzare la salute della mammella e tutti i caratteri ad essa legati (Cassell et al., 2003).

Anche la conformazione della vacca è influenzata dal grado di consanguineità, infatti, è stato evidenziato che la consanguineità influenza in modo importante: l'altezza, la larghezza del torace, la profondità corporea, la dimensione e l'altezza della mammella, il legamento sospensorio mediano, la profondità della mammella e la posizione dei capezzoli (Rokouei et al., 2010).

In aggiunta i caratteri legati all'adattabilità delle vacche in diversi ambienti hanno bisogno di molto tempo per fissarsi nella popolazione e una consanguineità elevata può ridurre questa capacità (Strandén et al., 2019; Åby e Meuwissen, 2014).

Per limitare questo problema e la conseguente perdita di variabilità genetica è opportuno che il controllo della consanguineità sia effettuato mediante valutazioni basate sulla genotipizzazione rispetto alla tradizionale genealogia (Howard et al., 2017; Mäntysaari et al., 2020). Usare la genomica ci permette di campionare più animali e ci aiuta a fare un'analisi più precisa del grado di consanguineità e quindi prevedere il reale carico recessivo (Daetwyler et al., 2007; Yurchenko et al., 2018).

Ad esempio, l'utilizzo di SNP ad alta densità ci permette di andare a selezionare precisamente gli individui portatori di geni recessivi (Cole et al., 2016; Maltecca et al., 2020). Oppure grazie all'editing genomico si riesce ad eliminare gli alleli recessivi dannosi; questa tecnica relativamente nuova sta diventando sempre più una realtà anche nell'ambito bovino (Gutierrez-Reinoso et al., 2022).

6. CONCLUSIONI

Il miglioramento genetico delle vacche da latte è in continua evoluzione come abbiamo potuto vedere in questo elaborato. Nel tempo gli obiettivi di selezione sono cambiati o ne sono stati implementati altri per far fronte alle nuove esigenze degli allevatori e della società. Da una selezione essenzialmente monocaratteriale ci si è spostati verso una multicaratteriale. Si è passati da selezionare pochi caratteri legati alla resa a molti caratteri non legati direttamente alla resa come salute, fertilità e benessere (Amadei et al., 2024). Come abbiamo potuto vedere selezionare per un solo carattere come, ad esempio, la produzione può portare ad un declino di altri caratteri come la fertilità, per questo motivo anche gli indici di selezione sono stati aggiornati aggiungendo tutti quei caratteri non direttamente correlati alla produzione ma che comunque hanno un impatto economico sull'allevamento. Anche la tecnologia si è evoluta di pari passo, l'adozione della selezione genomica ha rivoluzionato il settore delle bovine da latte poiché si possono prevedere i caratteri senza raccogliere i dati delle progenie, accorciando notevolmente i tempi di selezione. Si può quindi definire un nuovo metodo di approccio al miglioramento genetico, noto come "genetica di precisione" con cui si intende l'utilizzo delle informazioni genetiche per ottimizzare il profitto aziendale (Amadei et al., 2024). Analizzando il genoma delle bovine e scegliendo accuratamente i tori si possono ottenere vacche altamente performanti e capaci di raggiungere risultati produttivi eccezionali. L'obiettivo attuale e futuro del miglioramento genetico è quello sì di ottenere animali produttivi, ma anche più sani, longevi ed efficienti (Amadei et al., 2024) non solo economicamente ma anche dal punto di vista ambientale; questo sarà possibile grazie alle nuove tecniche genetiche e al continuo aggiornamento degli obiettivi di selezione.

BIBLIOGRAFIA

- Abdelnour, S. A., Abd El-Hack, M. E., Khafaga, A. F., Arif, M., Taha, A. E., & Noreldin, A. E. (2019). Stress biomarkers and proteomics alteration to thermal stress in ruminants: A review. *Journal of Thermal Biology*, 79, 120–134. <https://doi.org/10.1016/j.jtherbio.2018.12.013>
- Åby B and Meuwissen T (2014) Proceedings, 10th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production Selection strategies utilizing genetic resources to adapt livestock to climate change.
- Alcock, D. J., Harrison, M. T., Rawnsley, R. P., & Eckard, R. J. (2015). Can animal genetics and flock management be used to reduce greenhouse gas emissions but also maintain productivity of wool-producing enterprises? *Agricultural Systems*, 132, 25-34. <https://doi.org/10.1016/j.agsy.2014.09.005>
- Ali, A. K. A., and G. E. Shook. 1980. An optimum transformation for somatic cell concentration in milk. *J. Dairy Sci.* 63:487–490.
- Allaire, F. R., and J. P. Gibson. 1992. Genetic value of herd life adjusted for milk production. *J. Dairy Sci.* 75:1349–1356.
- Aschaffenburg, R., and J. Drewry. 1955. Occurrence of different β -lactoglobulins in cow's milk. *Nature* 176:218–219.
- Balasini D., (1995), “Zootecnica speciale. Principali razze di animali domestici e tecniche di allevamento per le diverse produzioni”, Edagricole.
- Bastin, C., S. Loker, N. Gengler, A. Sewalem, and F. Miglior. 2010. Genetic relationships between body condition score and reproduction traits in Canadian Holstein and Ayrshire first-parity cows. *J. Dairy Sci.* 93:2215–2228.
- Becker, R. B., and P. C. McGilliard. 1929. A suggested simplification of the present system of official testing with the dairy breeds of cattle. *J. Dairy Sci.* 12:337–350.
- Berger, P. J., R. D. Shanks, A. E. Freeman, and R. C. Laben. 1981. Genetic aspects of milk yield and reproductive performance. *J. Dairy Sci.* 64:114–122.
- Bernabucci, U., Biffani, S., Buggiotti, L., Vitali, A., Lacetera, N., & Nardone, A. (2014). The effects of heat stress in Italian Holstein dairy cattle. *Journal of Dairy Science*, 97(1), 471-486. <https://doi.org/10.3168/jds.2013-7366>

- Berry, D. P., Buckley, P., Dillon, R. D., Evans, M., Rath, and R. F. Veerkamp. 2003. Genetic relationships among body condition score, body weight, milk yield, and fertility in dairy cows. *J. Dairy Sci.* 86:2193–2204.
- Berry, D. P., Wall, E., & Pryce, J. E. (2014). Genetics and genomics of reproductive performance in dairy and beef cattle. *Animal*, 8(s1), 26-34. <https://doi.org/10.1017/S1751731114000650>
- Bett B, Kiunga P, Gachohi J, Sindato C, Mbotha D, Robinson T, et al. Effects of climate change on the occurrence and distribution of livestock diseases. *Prev Vet Med.* (2017) 137:119–29. doi: 10.1016/j.prevetmed.2016.11.019
- Bjelland D, Weigel K, Vukasinovic N and Nkrumah J (2013) Evaluation of inbreeding depression in Holstein cattle using whole-genome SNP markers and alternative measures of genomic inbreeding. *Journal of Dairy Science* 96, 4697–4706.
- Breider IS, Wall E, Garnsworhty PC and Pryce JE 2018. Genetic relationships between methane emission and milk yield, live weight and dry matter intake. In *Proceedings of the World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Challenges – Environmental*, 134.
- Brügemann, K., Gernand, E., von Borstel, U. U., & König, S. (2011). Genetic analyses of protein yield in dairy cows applying random regression models with time-dependent and temperature x humidity-dependent covariates. *Journal of Dairy Science*, 94(8), 4129–4139. <https://doi.org/10.3168/jds.2010-4063>
- Carabaño, M. J., Ramón, M., Díaz, C., Molina, A., Pérez-Guzmán, M. D., & Serradilla, J. M. (2017). BREEDING AND GENETICS SYMPOSIUM: Breeding for resilience to heat stress effects in dairy ruminants. A comprehensive review. *Journal of Animal Science*, 95(4), 1813. <https://doi.org/10.2527/jas.2016.1114>
- Cartwright SL, Schmied J, Karrow N and Mallard BA (2023) Impact of heat stress on dairy cattle and selection strategies for thermotolerance: a review. *Front. Vet. Sci.* 10:1198697 doi: 10.3389/fvets.2023.1198697
- Cartwright, S. L., McKechnie, M., Schmied, J., Livernois, A. M., & Mallard, B. A. (2021). Effect of in vitro heat stress challenge on the function of blood mononuclear cells from dairy cattle ranked as high, average, and low immune responders. *BMC Veterinary Research*, 17, 233. <https://doi.org/10.1186/s12917-021-02940-8>
- Cartwright, S. L., Schmied, J., Livernois, A., & Mallard, B. A. (2022). Effect of in vivo heat stress on physiological parameters and function of blood mononuclear cells

in immune phenotyped dairy cattle. *Veterinary Immunology and Immunopathology*, 246, 110405. <https://doi.org/10.1016/j.vetimm.2022.110405>

- Cartwright, S. L., Schmied, J., Livernois, A., & Mallard, B. A. (2022). Physiological response to heat stress in immune phenotyped Canadian Holstein dairy cattle in free-stall and tie-stall management systems. *Frontiers in Animal Science*, 3, 852958. <https://doi.org/10.3389/fanim.2022.852958>
- Cassandro, M. (2014). Genetic aspects of fertility traits in dairy cattle - review. *Unpublished manuscript*. <https://doi.org/10.13140/2.1.3856.9925>
- Cassell B, Adamec V and Pearson R (2003) Effect of incomplete pedigrees on estimates of inbreeding and inbreeding depression for days to first service and summit milk yield in Holsteins and Jerseys. *Journal of Dairy Science* 86, 2967–2976.
- Castillo, A. R., Kebreab, E., Beever, D. E., & France, J. (2000). A review of efficiency of nitrogen utilisation in lactating dairy cows and its relationship with environmental pollution. *Journal of Animal and Feed Sciences*, 9(1), 1-32. <https://doi.org/10.22358/jafs/68025/2000>
- Cole J, Null D and VanRaden P (2016) Phenotypic and genetic effects of recessive haplotypes on yield, longevity, and fertility. *Journal of Dairy Science* 99, 7274–7288.
- Cole, J. B., & VanRaden, P. M. (2018). Symposium review: Possibilities in an age of genomics: The future of selection indices. *Journal of Dairy Science*, 101(4), 3686-3701. <https://doi.org/10.3168/jds.2017-13335>
- Cole, J. B., & VanRaden, P. M. (2018). Symposium review: Possibilities in an age of genomics: The future of selection indices. *Journal of Dairy Science*, 101(4), 3686-3701. <https://doi.org/10.3168/jds.2017-13335>
- Copeland, L. 1941. The relationship between type and production. *J. Dairy Sci.* 24:297–304.
- Croquet C, Mayeres P, Gillo A, Vanderick S and Gengler N (2006) Inbreeding depression for global and partial economic indexes, production, type, and functional traits. *Journal of Dairy Science* 89, 2257–2267.
- Croquet C, Mayeres P, Gillon A, Hammami H, Soyeurt H, Vanderick S and Gengler N (2007) Linear and curvilinear effects of inbreeding on production traits for wallon Holstein cows. *Journal of Dairy Science* 90, 465–471.
- Daetwyler H, Villanueva B, Bijma P and Woolliams J (2007) Inbreeding in genome-wide selection. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 124, 369–376.

- Das, R., Sailo, L., Verma, N., Bharti, P., Saikia, J., Imtiwati, & others. (2016). Impact of heat stress on health and performance of dairy animals: A review. *Veterinary World*, 9(3), 260–268. <https://doi.org/10.14202/vetworld.2016.260-268>
- Davis, S. R., Spelman, R. J., & Littlejohn, M. D. (2017). Breeding heat tolerant dairy cattle: The case for introgression of the “slick” prolactin receptor variant into *Bos taurus* dairy breeds. *Journal of Animal Science*, 95(4), 1788–1800. <https://doi.org/10.2527/jas.2016.0956>
- de Haas Y, Windig JJ, Calus MPL, Dijkstra J, de Haan M, Bannink A, Veerkamp RF 2011. Genetic parameters for predicted methane production and potential for reducing enteric emissions through genomic selection. *Journal of Dairy Science* 94, 6122–6134.
- de Roos APW, Schrooten C, Veerkamp RF, van Arendonk JAM (2011) Effects of genomic selection on genetic improvement, inbreeding, and merit of young versus proven bulls. *Journal of Dairy Science* 94, 1559–1567.
- Dematawewa, C. M. B., and P. J. Berger. 1998. Genetic and phenotypic parameters for 305-day yield, fertility, and survival in Holsteins. *J. Dairy Sci.* 81:2700–2709.
- Dezetter C, Leclerc H, Mattalia S, Barbat A, Boichard D and Ducrocq V (2015) Inbreeding and crossbreeding parameters for production and fertility traits in Holstein, Montbéliarde, and Normande cows. *Journal of Dairy Science* 98, 4904–4913.
- Difford GF, Olijhoek DW, Hellwing ALF, Lund P, Bjerring MA, de Haas Y, Lassen J and Løvendahl P 2019. Ranking cows’ methane emissions under commercial conditions with sniffers versus respiration chambers. *Acta Agriculturae Scandinavica, Section A — Animal Science* 68, 25–32.
- Dikmen, S., Cole, J. B., Null, D. J., & Hansen, P. J. (2012). Heritability of rectal temperature and genetic correlations with production and reproduction traits in dairy cattle. *Journal of Dairy Science*, 95(6), 3401–3405. <https://doi.org/10.3168/jds.2011-4306>
- Dikmen, S., Khan, F. A., Huson, H. J., Sonstegard, T. S., Moss, J. I., Dahl, G. E., & others. (2014). The SLICK hair locus derived from Senepol cattle confers thermotolerance to intensively managed lactating Holstein cows. *Journal of Dairy Science*, 97(9), 5508–5520. <https://doi.org/10.3168/jds.2014-8087>

- Dillon, P., Berry, D.P., Evans, R.D., Buckley, F., Horan, B., 2006. Consequences of genetic selection for increased milk production in European seasonal pasture based systems of milk production. *Livest. Sci.* 99, 141–158.
- Doekes H, Veerkamp R, Bijma P, De Jong G, Hiemstra S and Windig J (2019) Inbreeding depression due to recent and ancient inbreeding in Dutch Holstein-Friesian dairy cattle. *Genetics Selection Evolution* 51, 51–54.
- Doublet A, Croiseau P, Fritz S, Michenet A, Hozé C, Danchin-Burge C, Laloë D and Restoux G (2019) The impact of genomic selection on genetic diversity and genetic gain in three French dairy cattle breeds. *Genetics Selection Evolution* 51, 52.
- Ducrocq, V., R. L. Quaas, and E. J. Pollak. 1988. Length of productive life of dairy cows. 2. Variance component estimation and sire evaluation. *J. Dairy Sci.* 71:3071–3079.
- E Wall, G Simm, D Moran. (2010). Developing breeding schemes to assist mitigation of greenhouse gas emissions. *Animal*, 4, p. 366
- Eastham, N. T., A. Coates, P. Cripps, H. Richardson, R. Smith, and G. Oikonomou. 2018. Associations between age at first calving and subsequent lactation performance in UK Holstein and Holstein-Friesian dairy cows. *PLoS One* 13:e0197764. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0197764>.
- Emanuelson, U., and L. Andersson. 1986. Genetic variation in milk acetone in Swedish dairy cows. *Zentralbl. Veterinarmed A* 33:600–608.
- Ettema, J. F., and J. E. P. Santos. 2004. Impact of age at calving on lactation, reproduction, health, and income in first-parity Holsteins on commercial farms. *J. Dairy Sci.* 87:2730–2742. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(04\)73400-1](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(04)73400-1).
- Everett, R. W., D. V. Armstrong, and L. J. Boyd. 1966. Genetic relationship between production and breeding efficiency. *J. Dairy Sci.* 49:879–886.
- Ferrarese, A. G. (2013). *Selezione genomica di tori di razza Frisona mediante un panel di marcatori SNP* (Tesi di laurea, Università degli Studi di Padova). Dipartimento di Agronomia, Animali, Alimenti, Risorse Naturali e Ambiente.
- Fohrman, M. H. 1926. Official records as material for studying inheritance of milk and butterfat production. *J. Dairy Sci.* 9:286–292.
- Froidmont, E., P. Mayeres, P. Picron, A. Turlot, V. Planchon, and D. Stilmant. 2013. Association between age at first calving, year, and season of first calving and milk

production in Holstein cows. *Animal* 7:665–672.

<https://doi.org/10.1017/S1751731112001577>.

- Gaalaas, R. F., and R. D. Plowman. 1963. Relationship between longevity and production in Holstein-Friesian cattle. *J. Dairy Sci.* 46:27–33.
- Garner, J. B., Douglas, M., Williams, S. R. O., Wales, W. J., Marett, L. C., DiGiacomo, K., & others. (2017). Responses of dairy cows to short-term heat stress in controlled-climate chambers. *Animal Production Science*, 57(6), 1233–1241.
<https://doi.org/10.1071/AN16472>
- Gowen, J. W. 1926. Genetics of breeding better dairy stock. *J. Dairy Sci.* 9:153–170.
- Graves, R. R. 1925. Improving dairy cattle by the continuous use of the proved sire. *J. Dairy Sci.* 8:391–404.
- Gutiérrez-Reinoso MA, Aponte PM and García-Herreros M (2022). A review of inbreeding depression in dairy cattle: current status, emerging control strategies, and future prospects. *Journal of Dairy Research* 89, 3–12. <https://doi.org/10.1017/S0022029922000188>
- Gutierrez-Reinoso, M. A., Aponte, P. M., & Garcia-Herreros, M. (2021). Genomic Analysis, Progress and Future Perspectives in Dairy Cattle Selection: A Review. *Animals (Basel)*, 11(3), 599. <https://doi.org/10.3390/ani11030599>
- H Steinfeld, P Gerber, TD Wassenaar, V Castel, M Rosales, C de Haan Livestock’s long shadow: environmental issues and options, Food & Agriculture Organisation of the United Nations, Rome, Italy (2006)
- Habeeb, A. A. M., Gad, A. E., El-Tarabany, A. A., & Atta, M. A. A. (2018). Negative effects of heat stress on growth and milk production of farm animals. *Journal of Animal Husbandry and Dairy Science*, 2(1), 1–12.
- Hammami, H., Bormann, J., M’hamdi, N., Montaldo, H. H., & Gengler, N. (2013). Evaluation of heat stress effects on production traits and somatic cell score of Holsteins in a temperate environment. *Journal of Dairy Science*, 96(3), 1844–1855.
<https://doi.org/10.3168/jds.2012-5947>
- Hansen, P. J. (2020). Prospects for gene introgression or gene editing as a strategy for reduction of the impact of heat stress on production and reproduction in cattle. *Theriogenology*, 154, 190–202. <https://doi.org/10.1016/j.theriogenology.2020.05.010>

- Hargrove, G. L., J. J. Salazar, and J. E. Legates. 1969. Relationships among first lactation and lifetime measurements in a dairy population. *J. Dairy Sci.* 52:651–656.
- Hargrove, G. L., J. J. Salazar, and J. E. Legates. 1969. Relationships among first-lactation and lifetime measurements in a dairy population. *J. Dairy Sci.* 52:651–656.
- Haworth, G. M., W. P. Tranter, J. N. Chuck, Z. Cheng, and D. C. Wathes. 2008. Relationships between age at first calving and first lactation milk yield, and lifetime productivity and longevity in dairy cows. *Vet. Rec.* 162:643–647.
<https://doi.org/10.1136/vr.162.20.643>.
- Henry BK, Eckard RJ, Beauchemin KA. Review: adaptation of ruminant livestock production systems to climate changes. *Animal.* (2018) 12:s445–56. doi: 10.1017/S1751731118001301
- Howard J, Pryce J, Baes C and Maltecca C (2017) Invited review: inbreeding in the genomics era: inbreeding, inbreeding depression, and management of genomic variability. *Journal of Dairy Science* 100, 6009–6024.
- IPCC (Intergovernmental Panel on Climate Change) (2007). *Climate change 2007: the physical science basis*. Contribution of working group 1 to the fourth assessment report. Cambridge University Press. Available at: <chrome-extension://efaidnbmnnnibpcajpcglclefindmkaj/https://www.ipcc.ch/site/assets/uploads/2018/02/ar4-wg1-frontmatter-1.pdf>
- Jairath, L. K., J. F. Hayes, and R. I. Cue. 1995. Correlations between first lactation and lifetime performance traits of Canadian Holsteins. *J. Dairy Sci.* 78:438–448.
[https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(95\)76653-X](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(95)76653-X).
- Jamrozik, J., A. Koeck, G. J. Kistemaker, and F. Miglior. 2016. Multiple-trait estimates of genetic parameters for metabolic disease traits, fertility, and their predictors in Canadian Holsteins. *J. Dairy Sci.* 99:1990–1998.
- Jonker, J. S., Kohn, R. A., & Erdman, R. A. 1998. Using Milk Urea Nitrogen to Predict Nitrogen Excretion and Utilization Efficiency in Lactating Dairy Cows. *Journal of Dairy Science*, 85(4), 939-946. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(02\)74155-7](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(02)74155-7)
- Kadzere CT, Murphy MR, Silanikove N, Maltz E. Heat stress in lactating dairy cows: a review. *J Anim Sci.* (2002) 77:59–91. doi: 10.1016/S0301-6226(01)00330-X

- Key, N., Sneeringer, S., & Marquardt, D. (2014). *Climate change, heat stress, and U.S. dairy production*. United States Department of Agriculture. Available at: https://www.ers.usda.gov/webdocs/publications/45279/49164_err175.pdf
- Kim, S. H., Ramos, S. C., Valencia, R. A., Cho, Y., & Lee, S. S. (2022). Heat stress: Effects on rumen microbes and host physiology and strategies to alleviate the negative impacts on lactating dairy cows. *Frontiers in Microbiology*, 13, 804562. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2022.804562>
- Knapp, J. R., Laur, G. L., Vadas, P. A., Weiss, W. P., & Tricarico, J. M. (2014). Invited review: Enteric methane in dairy cattle production: Quantifying the opportunities and impact of reducing emissions. *Journal of Dairy Science*, 97(6), 3231-3261. <https://doi.org/10.3168/jds.2013-7234>
- Koeck, A., J. Jamrozik, F. S. Schenkel, R. K. Moore, D. M. Lefebvre, D. F. Kelton, and F. Miglior. 2014. Genetic analysis of milk β -hydroxybutyrate and its association with fat-to-protein ratio, body condition score, clinical ketosis, and displaced abomasum in early lactation of Canadian Holsteins. *J. Dairy Sci.* 97:7286–7292.
- Lassen, J., & Difford, G. F. (2020). Genetic and genomic selection as a methane mitigation strategy in dairy cattle. *Animal*, 14(S1), 182–186. <https://doi.org/10.1017/S1751731120001262>
- Lassen, J., & Difford, G. F. (2020). Genetic and genomic selection as a methane mitigation strategy in dairy cattle. *Journal Name, Volume(Issue)*, Page numbers. <https://doi.org/10.1017/xxxxx>
- Laughton, C. (2016). *Northeast dairy farm summary 2015*. Accessed Jun. 13, 2017. Retrieved from http://www.dairychallenge.org/pdfs/2016_Northeast/2015_DFS_Final.pdf
- Lucy, M.C., 2001. Reproductive loss in high-producing dairy cattle: where will it end? *J. Dairy Sci.* 84, 1277–1293.
- Luo, H., Brito, L. F., Li, X., Su, G., Dou, J., Xu, W., & others. (2021). Genetic parameters for rectal temperature, respiration rate, and drooling score in Holstein cattle and their relationships with various fertility, production, body conformation, and health traits. *Journal of Dairy Science*, 104(4), 4390–4403. <https://doi.org/10.3168/jds.2020-19192>
- Lush, J. L. 1950. Inheritance of susceptibility of mastitis. *J. Dairy Sci.* 33:121–125.

- Macdonald, K.A., Verkerk, G.A., Thorrold, B.S., Pryce, J.E., Penno, J.W., McNaughton, L.R., Burton, L.J., Lancaster, J.A.S., Williamson, J.H., Holmes, C.W., 2008. A comparison of three strains of Holstein-Friesian grazed on pasture and managed under different feed allowances. *J. Dairy Sci.* 91, 1693–1707.
- Macedo A, Bittar J, Bass P, Ronda J, Bittar E, Panetto J, Araujo M, Santos R and Martins-Filho O (2014) Influence of endogamy and mitochondrial DNA on immunological parameters in cattle. *BMC Veterinary Research* 10, 79.
- Mallard, B., Cartwright, S., Nayeri, S., Emam, M., & Sargolzaei, M. (2018). Genome-wide association and functional annotation of positional candidate genes for immune response in Canadian Holstein cattle. In *Proceedings of the World Congress of Genetics Applied to Livestock Production* (p. 711). New Zealand
- Maltecca C, Tiezzi F, Cole J and Baes C (2020) Symposium review: exploiting homozygosity in the era of genomics – selection, inbreeding, and mating programs. *Journal of Dairy Science* 103, 5302–5313.
- Mäntysaari E, Koivula M and Strandén I (2020) Symposium review: single- step genomic evaluations in dairy cattle. *Journal of Dairy Science* 103, 5314– 5326.
- Manzanilla-Pech, C. I. V., Stephansen, R. B., Difford, G. F., Løvendahl, P., & Lassen, J. (2022). Selecting for feed efficient cows will help to reduce methane gas emissions. *Frontiers in Genetics*, 13, 885932. <https://doi.org/10.3389/fgene.2022.885932>
- Meade, D. 1921. Performance in some of the leading Guernsey sires. *J. Dairy Sci.* 4:95–104
- Meadows, C. E. 1968. Importance of traits other than milk production in a breeding program. *J. Dairy Sci.* 51:314–316.
- Meijering, A. 1984. Dystocia and stillbirth in cattle—A review of causes, relations and implications. *Livest. Prod. Sci.* 11:143–177.
- Miglior F, Van Doormaal B, Kistemaker G, Canada A, Network C and Swiss B (2001) Phenotypic analysis of inbreeding depression for traits measured in Canadian dairy cattle breeds. *Canadian Dairy Network* 1967, 1–16.
- Miglior, F., Fleming, A., Malchiodi, F., Brito, L. F., Martin, P., & Baes, C. F. (2017). A 100-Year Review: Identification and genetic selection of economically important traits in dairy cattle. *Journal of Dairy Science*, 100(12), 10251–10271.

- Miglior, F., Negrini, R., & Cassandro, M. (2021). La genetica e le sfide future della zootecnia. *Il miglioramento genetico nel contesto agro-zootecnico: problemi e prospettive*. 9 settembre 2021.
- Miller, P., L. D. Van Vleck, and C. R. Henderson. 1967. Relationships among herd life, milk production, and calving interval. *J. Dairy Sci.* 50:1283–1287.
- Moseley, P. L. (2000). Stress proteins and the immune response. *Immunopharmacology*, 48(3), 299–302. [https://doi.org/10.1016/S0162-3109\(00\)00227-7](https://doi.org/10.1016/S0162-3109(00)00227-7)
- Nardone, A., Ronchi, B., Lacetera, N., & Bernabucci, U. (2006). Climatic effects on productive traits in livestock. *Veterinary Research Communications*, 30(Suppl. 1), 75-81. <https://doi.org/10.1007/s11259-006-0008-7>
- Nardone, A., Ronchi, B., Lacetera, N., Ranieri, M. S., & Bernabucci, U. (2010). Effects of climate changes on animal production and sustainability of livestock systems. *Animal Production Science*, 50(12), 1001-1010. <https://doi.org/10.1071/AN09175>
- Nebel, R. L., and M. L. McGilliard. 1993. Interactions of high milk yield and reproductive performance in dairy cows. *J. Dairy Sci.* 76:3257–3268.
- Nilforooshan, M. A., and M. A. Edriss. 2004. Effect of age at first calving on some productive and longevity traits in Iranian Holsteins of the Isfahan Province. *J. Dairy Sci.* 87:2130–2135. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(04\)70032-6](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(04)70032-6).
- Norman, H. D., and L. D. Van Vleck. 1972. Type appraisal: I. Effects of age and stage-of-lactation on type ratings. *J. Dairy Sci.* 55:1706–1716.
- Nousiainen, J., Shingfield, K. J., & Huhtanen, P. (2004). Evaluation of Milk Urea Nitrogen as a Diagnostic of Protein Feeding. *Journal of Dairy Science*, 87(2), 386-398. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(04\)73178-1](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(04)73178-1)
- Olijhoek, D. W., Difford, G. F., Lund, P., & Løvendahl, P. (2020). Phenotypic modeling of residual feed intake using physical activity and methane production as energy sinks. *Journal of Dairy Science*, 103(8), 6967-6981. <https://doi.org/10.3168/jds.2019-17489>
- Oltenacu, P. A., A. Frick, and B. Lindhe. 1991. Relationship of fertility to milk yield in Swedish cattle. *J. Dairy Sci.* 74:264–268.
- Onofrio, G. V. (2021). Dall’urea nel latte all’individuazione di un indice di selezione. *Bianco Nero*, 6, 23-25.

- Osei-Amponsah, R., Chauhan, S. S., Leury, B. J., Cheng, L., Cullen, B., Clarke, I. J., & others. (2019). Genetic selection for thermotolerance in ruminants. *Animals*, 9(11), 948. <https://doi.org/10.3390/ani9110948>
- Parker, D.S., Lomax, M.A., Seal, C.J., Wilton, J.C. Metabolic implications of ammonia production in the ruminant. (1995) *The Proceedings of the Nutrition Society*, 54 (2), pp. 549-563.
- Parker, J. B., N. D. Bayley, M. H. Fohrman, and R. D. Plowman. 1960. Factors influencing dairy cattle longevity. *J. Dairy Sci.* 43:401–409.
- Philipsson, J. 1976. Studies on calving difficulty, stillbirth, and associated factors in Swedish cattle breeds III. Genetic parameters. *Acta.Agric.Scand.* 26:211–220.
- Philipsson, J., G. Banos, and T. Arnason. 1994. Present and future uses of selection index methodology in dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 77:3252–3261.
- Pickering NK, Oddy VH, Basarab J, Cammack K, Hayes B, Hegarty RS, Lassen J, McEwan JC, Miller S, Pinares-Patino CS and de Haas Y 2015. Animal board ~ invited review: genetic possibilities to reduce enteric methane emissions from ruminants. *Animal* 9, 1431–1440.
- Pollak, E. J., and A. E. Freeman. 1976. Parameter estimation and sire evaluation for dystocia and calf size in Holsteins. *J. Dairy Sci.* 59:1817–1824.
- Prendiville, R. (2009). Evaluation of Jersey, Jersey×Holstein-Friesian and Holstein-Friesian cows under Irish spring grass based production systems with particular emphasis on fertility
- Pritchard, T., Coffey, M., Mrode, R., & Wall, E. (2012). Genetic parameters for production, health, fertility and longevity traits in dairy cows. *Animal*, 7(1), 34–46. doi:10.1017/S1751731112001401.
- Pryce JE, Daetwyler HD (2012) Designing dairy cattle breeding schemes under genomic selection: a review of international research. *Animal Production Science* 52, 107–114.
- Pryce, J. E., M. D. Royal, P. C. Garnsworthy, and I. L. Mao. 2004. Fertility in the high-producing dairy cow. *Livest. Prod. Sci.* 86:125–135.
- Pryce, J. E., M. P. Coffey, and G. Simm. 2001. The relationship between body condition score and reproductive performance. *J. Dairy Sci.* 84:1508–1515.

- Pryce, J. E., Wales, W. J., de Haas, Y., Veerkamp, R. F., & Hayes, B. J. (2014). Genomic selection for feed efficiency in dairy cattle. *Animal*, 8(1), 1–10. doi:10.1017/S1751731113001687.
- Pszczola M, Calus MPL and Strabel T 2019. Short communication: genetic correlations between methane and milk production, conformation, and functional trait. *Journal of Dairy Science* 102, 5342–5346.
- Rokouei M, Vaez Torshizi R, Moradi Shahrababak M, Sargolzaei M and Sørensen A (2010) Monitoring inbreeding trends and inbreeding depression for economically important traits of Holstein cattle in Iran. *Journal of Dairy Science* 93, 3294–330
- roy
- Roy B., B. Brahma, S. Gosh, P.K. Pankaj and G.Mandal. Evaluation of Milk Urea concentration as Useful indicator for Dairy Herd Management: A Review . 2011. *Asian Journal of Animal and Veterinary Advances*. DOI: 10.3923/ajava.2011.1.19
- Schaeffer, L. R., and E. B. Burnside. 1975. Survival rates of tested daughters of sires in artificial insemination. *J. Dairy Sci.* 57:1394– 1400.
- Schutz, M., and E. Pajor. 2001. Genetic control of dairy cattle behavior. *J. Dairy Sci.* 84(E. Suppl.):E31–E38.
- Sewalem, A., F. Miglior, G. J. Kistemaker, P. Sullivan, G. Huapaya, and B. J. Van Doormaal. 2007. Short communication: Modification of genetic evaluation of herd life from a three-trait to a five-trait model in Canadian dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 90:2025–2028.
- Shook, G. E. 1989. Selection for disease resistance. *J. Dairy Sci.* 72:1349–1362.
- Silanikove, N. (2000). Effects of heat stress on the welfare of extensively managed domestic ruminants. *Livestock Production Science*, 67(1), 1–18. [https://doi.org/10.1016/S0301-6226\(00\)00162-7](https://doi.org/10.1016/S0301-6226(00)00162-7)
- St-Pierre NR, Cobanov B, Schnitkey G. Economic losses from heat stress by US livestock industries. *J Dairy Sci.* (2003) 86:E52–77. doi: 10.3168/jds. S0022-0302(03)74040-5
- Strandén I, Kantanen J, Russo I, Orozco-terWengel P and Bruford M (2019) Genomic selection strategies for breeding adaptation and production in dairy cattle under climate change. *Heredity* 123, 307–317.
- Taye, M., Lee, W., Caetano-Anolles, K., Dessie, T., Hanotte, O., Mwai, O. A., & others. (2017). Whole genome detection of signatures of positive selection in African

cattle reveals selection for thermotolerance. *Animal Science Journal*, 88(12), 1889–1901. <https://doi.org/10.1111/asj.12851>

- Thompson, J. R., K. L. Lee, A. E. Freeman, and L. P. Johnson. 1983. Evaluation of a linearized type appraisal system for Holstein cattle. *J. Dairy Sci.* 66:325–331.
- Turner, C. W. 1926. A comparison of Guernsey sires II. Based on the average mature equivalent fat production of daughters during the month of maximum production. *J. Dairy Sci.* 9:439–458.
- Van der Drift, S. G. A., K. J. E. van Hulzen, T. G. Teweldemedhn, R. Jorritsma, M. Nielsen, and H. C. M. Heuven. 2012. Genetic and nongenetic variation in plasma and milk β -hydroxybutyrate and milk acetone concentrations of early-lactation dairy cows. *J. Dairy Sci.* 95:6781–6787.
- Van Eetvelde, M., M. M. Kamal, L. Vandaele, and G. Opsomer. 2017. Season of birth is associated with first-lactation milk yield in Holstein Friesian cattle. *Animal* 11:2252–2259. <https://doi.org/10.1017/S1751731117001021>.
- Van Vleck, L. D., and R. Albrechtsen. 1965. Differences among appraisers in the New York type appraisal program. *J. Dairy Sci.* 48:61–64.
- VanRaden, P. M., A. H. Sanders, M. E. Tooker, R. H. Miller, H. D. Norman, M. T. Kuhn, and G. R. Wiggans. 2004. Development of a national genetic evaluation for cow fertility. *J. Dairy Sci.* 87:2285–2292.
- VanRaden, P. M., and E. J. H. Klaaskate. 1993. Genetic evaluation of length of productive life including predicted longevity of live cows. *J. Dairy Sci.* 76:2758–2764.
- Veerkamp, R. F., E. P. C. Koenen, and G. de Jong. 2001. Genetic correlations among body condition score, yield, and fertility in first-parity cows estimated by random regression models. *J. Dairy Sci.* 84:2327–2335.
- Waghorn, G. C., & Hegarty, R. S. (2011). Lowering ruminant methane emissions through improved feed conversion efficiency. *Animal Feed Science and Technology*, 166–167, 291-301. <https://doi.org/10.1016/j.anifeedsci.2011.04.014>
- Weigel, K., Chasco, A., Pacheco, H., Sigdel, A., Guinan, F., Lauber, M., Fricke, P., & Peñaricano, F. (2024). Genomic selection in dairy cattle: Impact and contribution to the improvement of bovine fertility. Department of Animal & Dairy Sciences, University of Wisconsin, Madison, WI, USA.

- West, J. W. (2003). Effects of heat-stress on production in dairy cattle. *Journal of Dairy Science*, 86(7), 2131-2144. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(03\)73803-X](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(03)73803-X)
- White, J. M., and J. R. Nichols. 1965. Relationships between first lactation, later performance, and length of herd life in Holstein-Friesian cattle. *J. Dairy Sci.* 48:468–474.
- White, J. M., and J. R. Nichols. 1965. Relationships between first lactation, later performance, and length of herd life in Holstein- Friesian cattle. *J. Dairy Sci.* 48:468–474.
- Wiggins GR and Carrillo JA (2022), Genomic selection in United States dairy cattle. *Front. Genet.* 13:994466. doi: 10.3389/fgene.2022.994466
- Wiggins, G. R., Cole, J. B., Hubbard, S. M., & Sonstegard, T. S. (2017). *Genomic selection in dairy cattle: The USDA experience*. Agricultural Research Service, US Department of Agriculture. Retrieved from https://www.ars.usda.gov/ARSUserFiles/20220509/Genomic_Selection_in_Dairy_Cattle_USDA_Experience.pdf
- Wood, G. M., P. J. Boettcher, D. F. Kelton, and G. B. Jansen. 2004. Phenotypic and genetic influence on test-day measures of acetone concentration in milk. *J. Dairy Sci.* 87:1108–1114.
- Yadav, V. P., Dangi, S. S., Chouhan, V. S., Gupta, M., Dangi, S. K., Singh, G., & others. (2016). Expression analysis of NOS family and HSP genes during thermal stress in goat (*Capra hircus*). *International Journal of Biometeorology*, 60(3), 381–389. <https://doi.org/10.1007/s00484-015-1035-5>
- Yurchenko A, Daetwyler H, Yudin N, Schnabel R, vander Jagt C, Soloshenko V, Lhasaranov B, Popov R, Taylor J and Larkin D (2018) Scans for signatures of selection in Russian cattle breed genomes reveal new candidate genes for environmental adaptation and acclimation. *Scientific Reports* 8, 1–16.
- Zetouni L, Kargo M, Norberg E and Lassen J 2018b. Genetic correlations between methane production and fertility, health, and body type traits in Danish Holstein cows. *Journal of Dairy Science* 101, 1–8.
- Zimbelman, R. B., Rhoads, R. P., Collier, R. J., & Duff, G. C. (2009). A re-evaluation of the impact of temperature humidity index (THI) and black globe humidity index (BGHI) on milk production in high producing dairy cows. In *Proceedings of the*

Southwest Nutrition Conference (pp. 158–169). Phoenix, AZ. Available at:

http://animal.cals.arizona.edu/swnmc/Proceedings/2009/14Collier_09.pdf.

SITOGRAFIA

RUMINANTIA

- Canavesi F., *Scegliere i tori per PFT o TPI* (2014)

<https://ruminantiamese.ruminantia.it/scegliere-i-tori-per-lazienda-pft-tpi-o/>

- Canavesi F., *Rivoluzione genomica?* (2012)

<https://ruminantiamese.ruminantia.it/rivoluzione-genomica/>

- Canavesi F., *Consanguineità genomica nella frisona* (2022)

<https://ruminantiamese.ruminantia.it/consanguineita-genomica-nella-frisona/>

- Canavesi F. *off-type* (2018)

- Canavesi F., *Genomica: non solo per i tori* (ottobre 2013)

<https://ruminantiamese.ruminantia.it/genomica-non-solo-per-i-tori/>

- Canavesi F., *Il valore dei tori genomici* (2017)

<https://ruminantiamese.ruminantia.it/il-valore-dei-tori-genomici/>

- Canavesi F., *La genomica per gli allevatori* (marzo 2013)

<https://ruminantiamese.ruminantia.it/la-genomica-per-gli-allevatori/>

- Canavesi F., *Fare miglioramento genetico in azienda con la genomica* (dicembre 2014)

<https://ruminantiamese.ruminantia.it/fare-miglioramento-genetico-in-azienda-con-la-genomica-2/>

- Canavesi F., *Selezionare per l'efficienza alimentare* (2016(b))

<https://ruminantiamese.ruminantia.it/selezionare-per-lefficienza-alimentare/>

- Fioretti M., *La consanguineità e le sue conseguenze sulle produzioni animali* (2015)

<https://ruminantiamese.ruminantia.it/la-consanguineita-e-le-sue-conseguenze-sulle-produzioni-animali/>

- Vicario E., *È facile sbagliare la lunghezza di preparazione al parto* (2021)

<https://ruminantiamese.ruminantia.it/e-facile-sbagliare-la-lunghezza-della-preparazione-al-parto/>

ANAFIBJ

<https://www.anafi.it>

- schede calcolo indici

<https://www.anafi.it/it/pubblicazioni/schede-di-calcolo-indici>

- Dal Maso M., *La selezione genomica nella specie bovina*

<https://www.rizzolieducation.it/news/la-selezione-genomica-nella-specie-bovina/>

- Marusi, M., Fabris, A., Ferrari, V., & Galluzzo, F. (2023, marzo 6). Sostenibilità e nuovi strumenti selettivi: Gli obiettivi di selezione della Frisona sono stati cambiati dall'Anafibj per dare agli allevatori una bovina capace di rispondere alle sfide future della zootecnia da latte.

<https://www.allevatori.top/fatti-tendenze-attualita/2023/03/06/sostenibilita-e-nuovi-strumenti-selettivi/1581>

- Cassandro M. *Consanguineità, è tempo di agire (2022)*

<https://www.allevatori.top/fatti-tendenze-attualita/2022/12/27/consanguineita-e-tempo-di-agire/1562>

- Fantini, A. (2012). *Importante l'analisi della curva di lattazione*. Supplemento a L'Informatore Agrario, 39/2012

<https://www.ruminantia.it/wpcontent/uploads/2016/05/IMPORTANTE-LANALISI-DELLA-CURVA-DI-LATTAZIONE>.

- Amadei A., De Luca G. *L'era della genetica di precisione è già iniziata (2024)*

<https://www.allevatori.top/fatti-tendenze-attualita/2024/03/11/lera-della-genetica-di-precisione-e-gia-iniziata/1707>

- Comino, L., Revello Chion, A., Giaccone, D., Bertola, L., Pasinato, S., & Tabacco, E. (2022, December 21). Quanta urea nel latte, è importante saperlo

<https://informatorezootecnico.edagricole.it/bovini-da-latte/urea-nel-latte-quantaper-aumentare-efficienza-della-nutrizione-proteica-importante-saperlo/#:~:text=Dai%20risultati%20dell'elaborazione%20%C3%A8,contenuto%20di%20proteina%20nel%20latte>.

- Treccani

<https://www.treccani.it/>

Ringraziamenti

Giunto alla fine di questo percorso universitario, vorrei riservare questo spazio finale della mia tesi per ringraziare tutti coloro che mi hanno supportato durante questi tre anni e durante la stesura della tesi.

