



**UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI PADOVA**

**Dip. AGRONOMIA ANIMALI ALIMENTI RISORSE NATURALI E  
AMBIENTE**

**Dip. TERRITORIO E SISTEMI AGRO-FORESTALI**

**Corso di laurea Magistrale in SCIENZE E TECNOLOGIE  
AGRARIE**

**"L'impiego della selezione genomica nella  
razza Frisona: situazione attuale e  
prospettive"**

**RELATORE:**

Prof. Alessio Cecchinato

**LAUREANDO:**

Gianluca Ligabò

Matricola n.2024233

**ANNO ACCADEMICO 2022-2023**

# Riassunto

Con la stesura di questa tesi di laurea Magistrale, si è voluto approfondire un argomento molto attuale e di recente sviluppo, il quale suscita l'interesse di un numero di allevatori sempre maggiore; la genomica.

Il progresso tecnico e scientifico a cui abbiamo e stiamo tutt'ora assistendo in questi ultimi anni riguardanti le scienze omiche, risulta essere molto semplicemente un qualcosa di incredibile.

Grazie a queste nuove tecnologie siamo oggi in grado di analizzare con costi relativamente contenuti e con elevati livelli di accuratezza, la composizione genica per singolo animale dei nostri bovini, permettendoci addirittura di ricavare informazioni sicure riguardanti il potenziale produttivo esprimibile già in una età improduttiva a pochi mesi dalla nascita.

In questo elaborato saranno sviluppate tutte le tematiche e gli aspetti essenziali per riuscire ad inquadrare questo complesso argomento; si partirà trattando gli indici di selezione per poi passare al descrivere che cos'è un test genomico e come funziona, concludendo poi con l'analisi di aziende zootecniche italiane e le strategie migliori da perseguire al fine di aumentare il più possibile il miglioramento genetico della razza Holstein italiana.

# Abstract

With the drafting of this master's degree thesis, we wanted to deepen a very current and recently developed topic, which arouses the interest of an increasing number of breeders, genomics.

The technical and scientific progress that we have and are still witnessing in recent years regarding the omic sciences, turns out to be quite simply something incredible.

Thanks to these new technologies we are now able to analyze with relatively low costs and with high levels of accuracy, the genetic composition of each animal of our cattle, even allowing us to obtain reliable information regarding the productive potential that can already be expressed at an unproductive age to a few months from birth.

In this paper will be developed all the themes and essential aspects to be able to frame this complex topic; we will start by treating the selection indices and then move on to describe what a genomic test is and how it works, then concluding with the analysis of Italian livestock farms and the best strategies to pursue to increase the genetic improvement of the Italian Holstein Friesian breed.

## Sommario

<b>Riassunto</b>	<b>2</b>
<b>Abstract</b>	<b>3</b>
<b>Capitolo 1</b>	<b>7</b>
<b>1 La razza frisona</b>	<b>7</b>
<b>2 Libro genealogico</b>	<b>11</b>
<b>3 Progresso genetico</b>	<b>14</b>
<b>4 Gli indici di selezione</b>	<b>18</b>
4.1 INDICE PFT	19
4.2 INDICE ECONOMICO SALUTE (IES)	20
4.3. INDICE ICS - PR	22
4.4 GLI INDICI PER I CARATTERI LEGATI ALLA PRODUZIONE	23
Indice latte, grasso e proteine	24
Cellule somatiche	24
Indice persistenza	24
4.5 INDICI FUNZIONALI	25
L'ICM	25
L'IAP	26
L'Indice a TIPO	27
INDICE BCS	28
L'INDICE IAF	29
<b>5 raccolta e valutazione materiale seminale del toro</b>	<b>30</b>
5.2 VALUTAZIONE GENOMICA DEL RIPRODUTTORE	31
<b>6 METODI SESSAGGIO SEME</b>	<b>35</b>
6.1 Sessaggio degli spermatozoi	38
CITOFUORIMETRIA A FLUSSO	39
<b>Capitolo 2</b>	<b>43</b>
<b>7 Cosa si intende per Genomica?</b>	<b>43</b>
<b>8 I marcatori molecolari</b>	<b>46</b>
<b>9 La PCR</b>	<b>49</b>
<b>10 ELETTROFORESI</b>	<b>56</b>
<b>11 Marcatori molecolari utilizzati</b>	<b>58</b>
<b>12 Procedura di testaggio di un bovino</b>	<b>61</b>
<b>Capitolo 3</b>	<b>63</b>
<b>13 ABS Global</b>	<b>63</b>
<b>14 Strategie differenti per incidere sul progresso genetico</b>	<b>64</b>

<b>15 L'importanza del piano di accoppiamento</b>	<b>65</b>
<b>16 L'intensità di selezione</b>	<b>70</b>
<b>17 Intervallo generazionale</b>	<b>74</b>
<b>18 Accuratezza della stima</b>	<b>74</b>
<b>Capitolo 4</b>	<b>77</b>
<b>19 Confronto tra allevamenti:</b>	<b>79</b>
<b>20 Risultati PTA sui principali indici di fertilità di interesse zootecnico</b>	<b>83</b>
<b>21 Risultati PTA sui principali indici latte di interesse zootecnico</b>	<b>91</b>
<b>22 Risultati PTA sui principali indici salute di interesse zootecnico</b>	<b>97</b>
<b>Capitolo 5</b>	<b>103</b>
<b>23 conclusioni</b>	<b>103</b>
<b>Testi di approfondimento</b>	<b>110</b>
<b>Bibliografia</b>	<b>110</b>
<b>Sitografia</b>	<b>112</b>



# Capitolo 1

## 1 La razza frisona

Holstein-Friesian conosciuta molto più semplicemente con il termine Frisona, è una razza di bovini mono attitudinale specializzata a latte, che vanta il pregio di essere la razza più produttiva e diffusa al mondo. La frisona è senza alcun dubbio la più celebre razza originaria del nord Europa, in particolare della Frisia e dell'Olanda settentrionale, da cui si è diffusa in tutto il mondo dando origine a differenti "ceppi" e assumendo diversi nomi (*Frisona Britannica, Frisona Danese, Frisona Francese, Frisona Italiana, Frisona Olandese e Frisona Tedesca*), Derivanti per l'appunto dai diversi Paesi, dove l'allevamento è stato condotto con particolari e distinti criteri selettivi e dove generalmente ha mantenuto il nome di "Frisona" nelle rispettive traduzioni linguistiche. Giunta a grande richiesta anche negli Stati Uniti d'America per mezzo dei coloni Fiamminghi (1621) a fronte della sua elevata capacità lattogena che questi animali esprimevano, si decise di svolgere una selezione incentrata esclusivamente alla produzione di latte e burro, beni essenziali per quel tempo, in cui la caseificazione era ancora agli albori. A Seattle vi era un grosso centro di ricerca denominato Carnation Milk Farm, nel quale il miglioramento genetico della frisona olandese era appunto incentrato esclusivamente sul far acquisire all'animale una notevole capacità produttiva in latte ed il suo rispettivo prodotto di trasformazione che al tempo era il burro. Tutto ciò però andò a discapito della morfologia e al quantitativo di grasso corporeo presente sull'animale (BCS), questi bovini assunsero con l'aumentare della selezione, forme molto più spigolose tanto da far attribuire a questi animali importati in Italia la nomea di attaccapanni. Gli animali derivanti dalla Carnation, quindi ceppo americano, vengono chiamati Holstein Friesian mentre gli animali di ceppo canadese, i quali aggiunsero caratteri morfologici importanti sulla frisona di piede americano il nome di *Canadien Holstein Friesian*. La storia di questa razza sembra risalire al 1200-1300, ma il suo miglioramento (così come l'orientamento verso i soggetti a mantello pezzato nero tra le

varie colorazioni esistenti) ha inizio nei primi anni del 1800, quando con la realizzazione dei polders, l'Olanda, (caratterizzata da condizioni naturali favorevoli alla produzione di foraggi, per il clima influenzato dalla "corrente del golfo" con estati fresche ed inverni non rigidi, nonché da una piovosità ben distribuita e da rari venti asciutti), è nelle condizioni di poter utilizzare pascoli naturali molto rigogliosi e nutritivi, nei quali, generalmente, primeggiano le graminacee, (soprattutto *Lolium perenne*), frammiste a trifoglio bianco, (*Trifolium repens*).Già gli allevatori tedeschi iniziarono per molti anni un'opera di miglioramento incentrato sull'adattamento di questa razza al territorio, per far ciò si avvalsero di incroci mirati (sostituzione balasini 1995) che portavano ad ottenere prole in grado di adattarsi efficientemente alle vaste praterie tipiche delle zone comprese tra lo stato tedesco e olandese. La voce riguardante questi ceppi di bovini altamente performanti col tempo iniziò a diffondersi tanto da sviluppare una significativa rete di commercio a livello mondiale. Nel nostro paese la frisona venne importata relativamente tardi 1870 ma che nel giro di pochissimi decenni, riuscì ad affermarsi e imporre una radicale riforma del nostro comparto zootecnico nazionale, tanto da arrivare a superare la quota di 60 mila animali agli inizi del 1900 (Balasini 1995). la nuova frisona italiana che ad oggi conosciamo molto bene, prese principalmente piede tramite incroci per sostituzione (necessarie almeno cinque generazioni), in quanto in quel tempo vi erano limiti importanti riguardanti la disponibilità all'acquisto dei bovini provenienti dalle varie zone di origine oltre al fatto che il trasporto e il costo finale di acquisto risultano essere estremamente più onerosi rispetto alla compravendita che avviene oggigiorno, molto più tempestiva, sicura ed efficiente. Questo nuovo ceppo di bovini importati, erano quasi esclusivamente composti da riproduttori maschi, acquistati collettivamente tra gli agricoltori della zona allo scopo di rendere più accessibile l'acquisto di questi bovini. La diffusione della razza avvenne principalmente nella grande pianura padana, in questa zona gli allevamenti erano più avanzati, grazie soprattutto alla fertilità e alla topografia del paesaggio che ne agevola l'allevamento. Al contrario di molti altri paesi europei, la frisona che diventerà negli anni la nostra attuale frisona italiana, fu selezionata solo allo scopo di implementare l'aspetto produttivo, le aziende ad indirizzo lattiero – caseario, ricercavano un animale specializzato



esclusivamente alla produzione di latte, in quanto come animale a duplice attitudine (latte e carne) la frisona non riusciva a soppiantare la già presente Bruna Alpina. A tal proposito nel 1929 venne importato dal nuovo mondo grazie all'imprenditore Leonardo Albertini, il primo toro americano proveniente dal centro di ricerca Carnation Milk Farm situato a Seattle, arrivando poi nella sua azienda situata in provincia di Roma a Torre in Pietra. Il suo nome era Producer, un animale che trasmetteva alla progenie una spinta a latte impressionante, una abilità fondamentale per la creazione del nuovo ceppo di razza frisona italiano.

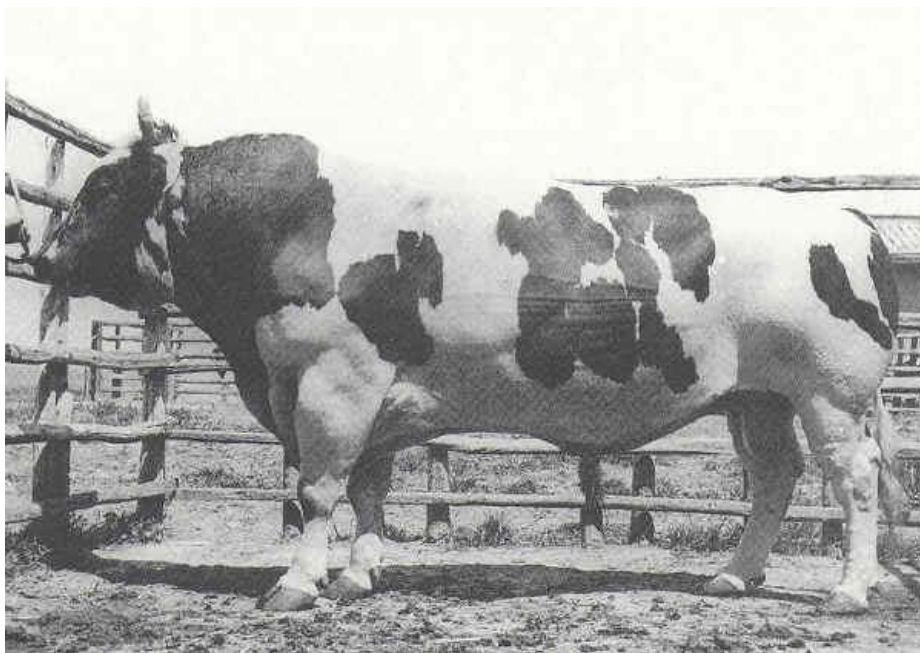


Figura 1 foto Producer Carnation nell'allevamento della famiglia Albertini a torre in pietra.

È importante citare anche il periodo storico nel quale la frisona sta iniziando a prendere sempre più piede a livello nazionale, le due grandi guerre mondiali di certo non hanno permesso un lineare progresso di diffusione e miglioramento di questa razza all'interno del territorio nazionale. La richiesta di cibo, la carente manodopera nelle campagne e il mancato approvvigionamento hanno indotto la macellazione forzata di molti bovini, questo fenomeno in parte positivo ha fatto sì che la pressione selettiva aumentasse, preservando gli animali più performanti ed efficienti. Proprio per questo fenomeno di funzionalità intrinseco della frisona italiana, nel periodo post-bellico assistiamo ad un

interesse sempre maggiore verso questa nuova razza bovina, infatti con il miglioramento e la selezione condotta nei decenni precedenti, la situazione di parità che si viveva quotidianamente al confronto con l'autoctona Bruna Alpina, sciamò determinando una diffusione sempre maggiore della frisona italiana. La razza Frisona deve le sue particolari caratteristiche lattifere all'intensa azione selettiva iniziata nel 1874 con l'istituzione del Libro Genealogico, nonché alle cure cui gli allevatori olandesi hanno sottoposto la razza evitandone l'inquinamento con altre razze, e mantenendola in purezza secondo uno standard di razza rigoroso che prevedeva spiccate attitudini lattifere non disgiunte però da una discreta produzione di carne. Ben presto, però, grazie alle sue eccellenti performance lattifere e alla sua ottima capacità di adattamento, la razza si è diffusa nei vari Paesi del Nord Europa, (Germania, Danimarca, Svezia, Inghilterra, Francia ed Italia), e del Nord America: U.S.A. e Canada, dove si sono costituiti così dei "ceppi" ben precisi con peculiari caratteristiche morfologiche e tipologiche. Un carattere etnico di particolare rilevanza nella razza Frisona, è costituito dal colore del mantello di questi bovini che generalmente si presenta pezzato nero con prevalenze più o meno marcate di uno dei due colori sull'altro. Nonostante ciò, va ricordato che nella razza è ravvisabile anche la variante cromatica pezzata rossa dovuta alla presenza, allo stato di omozigosi, del gene recessivo che codifica per il colore del mantello. Indicativamente la presenza di questi soggetti è stimata attorno al 0.5-1% della popolazione. Infine, è utile ricordare che in alcuni allevamenti si assiste, sporadicamente, alla nascita di soggetti pezzati rossi, che a circa tre mesi di età mutano la colorazione delle parti rosse in nere. Questi soggetti presentano comunque, in età adulta, alcune peculiarità che rimangono rosse, come la riga mulina dorsale, che eventualmente può estendersi fino alla regione del costato, le orecchie ed il muso in generale.

## 2 Libro genealogico

La storia del libro genealogico (LG) della frisona italiana è articolata e complessa, nasce nel 1922 anno in cui alcuni Ispettori Agrari Provinciali (Cattedre Ambulanti dell'Agricoltura) iniziarono a porre la loro attenzione sugli allevamenti italiani, in particolare decisero di registrare la produttività dei capi Frisoni e a gestire le discendenze di questi animali a livello provinciale, dando vita a quello che diventerà poi il libro genealogico.

Si può inoltre affermare che l'interesse di molti allevatori verso il LG determinò una notevole specializzazione aziendale tanto da indurre una zootecnia moderna.

Gli allevatori più innovativi manifestavano molto interesse verso questa nuova opportunità organizzativa, difatti potevano attingere a una miriade di dati quantitativi che prima non possedevano ricavati sul proprio allevamento (produttività singolo capo) offerta dai controlli funzionali, permettendo in questo modo di effettuare selezioni più mirate ma anche la possibilità di confronto tra i vari allevamenti in quanto i dati raccolti erano a disposizione di tutti, allo stesso tempo risulta chiaro che la produzione era influenzata notevolmente anche dall'ambiente, motivo per cui molti allevatori decisero di investire negli anni in strutture in grado di offrire un maggior benessere alle proprie bovine e al tempo stesso fu rivolta anche un'attenzione maggiore alla qualità della razione.

Come tutte le innovazioni, anche per quanto riguarda il libro genealogico molte aziende italiane, rimasero titubanti verso questa nuova pratica, tanto da dubitare dei dati raccolti definendoli poco attendibili, si pensava venissero in parte manipolati durante la raccolta dei dati funzionali allo scopo di attingere a prezzi di vendita degli animali più alti a fronte di una maggior produttività di essi, questo processo determinò una notevole confusione soprattutto nel periodo storico del dopoguerra quando il mercato del commercio bovino raggiunse livelli importanti. SETTI G., *anafi, numeri in crescita per la frisona 2018*)

Il libro genealogico (LG) non è altro che un registro ufficiale, al giorno d'oggi digitalizzato, nel quale vengono inseriti e censiti tutti gli animali appartenenti ad una determinata specie e razza, allo scopo di gestirne la genealogia.

Rappresenta uno strumento molto importante per la gestione del miglioramento genetico della razza frisona, grazie al (LG) è possibile definire migliori modelli da perseguire al fine di strutturare un miglioramento genetico funzionale e consono anche alla conservazione futura di questa razza bovina.(Fusco, 1990).

Il libro genealogico, come se non bastasse racchiude al suo interno i dati derivanti dai controlli funzionali, quindi dati di ordine quantitativo e riproduttivo a cui poi viene aggiunta la parte anagrafica e le valutazioni morfologiche (quest'ultima voce, viene svolta dagli ispettori di razza).

Attualmente il libro genealogico è gestito dalle associazioni allevatori delle varie provincie italiane, l'allevatore interessato deve fare richiesta per iscritto all'A.P.A, la quale prima di ammettere gli animali presenti nell'azienda soggetta a iscrizione provvede a valutare il possesso dei '*criteri di razza*' tramite un controllo da parte di un ispettore di razza molto preparato che tramite un punteggio basato sulla morfologia determina se l'animale ha i requisiti minimi richiesti dalla razza cioè l'ottenimento di un punteggio minimo di 70 punti alla prima lattazione.

Altri due vincoli molto importanti che a cui l'allevatore deve obbligatoriamente adempiere qualora si voglia iscrivere l'allevamento al L.G sono adesione ai controlli funzionali e sottoporre l'allevamento al controllo sanitario in prevenzione a patogeni infettivi (*Brucellosi e tubercolosi*).

Il libro genealogico anagrafico si suddivide in quattro sezioni (dati ARAL MN - Lombardia).

- sezione 1° vengono iscritte alla nascita le vitelle nate da madre iscritta al Registro

Anagrafico o al registro genealogico vacche e da padre iscritto al registro genealogico tori o da seme importato (autorizzato) e le vitelle nate da madre importata gravida proveniente dai L.G. esteri ufficialmente riconosciuti: per i maschi la madre deve

essere iscritta almeno al registro genealogico vacche (per il resto valgono le stesse condizioni per le femmine).

- sezione 2° vengono iscritti i soggetti maschi e femmine regolarmente autorizzati

all'importazione come riproduttori di razza pura provenienti dai LG. esteri ufficialmente

riconosciuti, scortati dal certificato genealogico che dovrà essere depositato presso l'ufficio

centrale che rilascerà apposita scheda genealogica sostitutiva.

- sezione 3° vengono iscritti i soggetti femmine che non sono in possesso dei requisiti previsti per l'iscrizione alle sezioni 1 e 2 e di ascendenza sconosciuta che presentino i caratteri di razza.
- sezione 4° riguarda gli uffici esteri e in essa vengono iscritti i soggetti frisoni esportati

dall'Italia o nati da questi o dalla loro progenie. Per i nati all'estero si applicano le stesse

norme previste per la sezione 1°, sostituendo l'ufficio estero con l'ufficio provinciale

Identificazione dei bovini appartenenti al libro genealogico

L'identificazione viene applicata mediante contrassegno metallico che è applicato al padiglione

dell'orecchio sinistro dell'animale e porta impresso su un verso il numero di matricola e la sigla

della provincia, sull'altro verso sono incise le sigle delle associazioni nazionali.

Certificato genealogico

È rilasciato dall'Ufficio Provinciale a richiesta dal proprietario dell'allevamento nel quale è nato il

soggetto che dovrà accompagnarlo nel caso di passaggio di proprietà da una provincia all'altra del

territorio nazionale.

In caso di smarrimento potrà rilasciarsi un secondo certificato sul quale dovrà essere stampigliata in modo evidente la parola duplicato.

### 3 Progresso genetico

‘Il miglioramento genetico (MG) degli animali zootecnici è la tecnica che consente l’aumento delle prestazioni produttive e riproduttive degli allevamenti attraverso la valutazione e la conseguente scelta (selezione) dei riproduttori’.

Il miglioramento genetico è e deve essere inquadrato come uno strumento a disposizione dell’allevatore al fine di migliorare la redditività dei propri animali. Stabilire le lacune presenti in allevamento è un punto di partenza fondamentale per migliorare l’efficienza. Da questo punto di vista il miglioramento genetico può fare la sua parte qualora vengano scelti i riproduttori secondo criteri scientifici, tanto da consentire all’imprenditore allevatore di ottenere con il passare degli anni una mandria funzionale e ad hoc secondo le sue esigenze.

Come per le aziende zootecniche, anche per i centri I.A, la ricerca finalizzata a migliorare le caratteristiche genotipiche degli animali è un aspetto estremamente importante e centrale al progetto. L’obiettivo generale per un centro ricerca FA è quello di massimizzare il proprio reddito sviluppando e commercializzando sul mercato nazionale e internazionale i tori che tutti gli allevatori vorrebbero usare per la mandria del futuro con caratteristiche quasi estreme, in grado di creare interesse e richiesta da parte di più allevamenti possibili.

Per un allevatore l’obiettivo è dunque migliorare la gestione della propria azienda e migliorare il livello genetico della propria mandria utilizzando i migliori tori disponibili e, con gli strumenti messi a disposizione dalla genomica, scegliendo le migliori vacche e manze per la rimonta aziendale.

Il lavoro di un centro di FA e quello di un allevatore sono interconnessi.

Per gli allevatori invece che scoprono di avere vacche e manze di alto valore genetico un ulteriore obiettivo è quello di collaborare e contribuire a selezionare i tori miglioratori. (Fabiola Canavesi Point Veterinaire Italie 2016).

Sia che si lavori a livello di azienda sia a livello di un centro di FA il miglioramento genetico si misura attraverso il lento e progressivo miglioramento della media della popolazione.

La formula per calcolare il progresso genetico è piuttosto semplice:

$$\Delta G = \frac{i r_{Ai} \sigma_A}{L}$$

$i$  = INTENSITÀ DI SELEZIONE  
 $r_{Ai}$  = ACCURATEZZA di STIMA  
 $\sigma_A$  = VARIABILITÀ GENETICA  
 $\Delta G$  = PROGRESSO GENETICO  
 $L$  = INTERVALLO DI GENERAZIONE

Tabella 3.1: Formula miglioramento genetico

La variabilità genetica nel linguaggio statistico è rappresentata dalla deviazione standard (DS), essa indica l'ampiezza che assume una curva gaussiana che rappresenta al suo interno tutte le caratteristiche di ogni singolo individuo che compone la popolazione.

La variabilità nel contesto genetico è l'unico parametro dell'equazione che è stabile nel tempo e non può essere facilmente modificata se non attraverso un lungo e costante processo di fissazione dei geni.

Per massimizzare il progresso genetico si agisce sugli altri tre parametri e in particolare aumentando l'intensità e l'accuratezza della selezione, cercando il più possibile di diminuire l'intervallo di generazione.

Questo parametro (intervallo di generazione) misura il tempo che trascorre da quando il soggetto nasce a quando viene sostituito dalla generazione successiva.

Il parametro senza dubbio più incisivo riportato in questa formula e per il quale è possibile aumentare in maniera significativa il progresso genetico anche nel breve – medio periodo è senza alcun dubbio l'intensità di selezione.

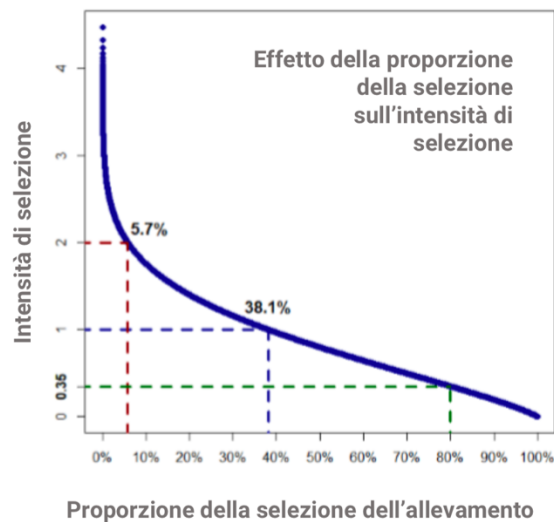


Tabella 3.2: Intensità di selezione di ABS

Come riporta ABS nel suo grafico sovrastante ed esaminando le loro strategie di selezione consigliate, possiamo ben vedere come l'intensità di selezione è estremamente condizionata in particolar modo dalla richiesta di riforma aziendale, più questa è alta e più l'intensità di selezione sarà bassa per il semplice motivo che alcune bovine per le quali non si attesta un patrimonio genetico interessante, dovranno produrre nuovi individui necessari a sostituire gli animali che lasceranno l'allevamento. Allo stesso modo molto importante e interessante è considerare la possibilità di utilizzare seme sessato allo scopo di ridurre le bovine destinate a produrre nuovi individui da allevare in azienda, in modo da consentire di premiare in modo più efficienti le bovine con caratteristiche genetiche migliori, ed indirizzare le restanti bovine, meno prestigiose dal punto di vista genetico alla produzione dei 'meticci nazionali' che sono incroci con base frisona inseminata con tori da carne (blu belga, inra 95, limousine ecc). Questi bovini sono interessanti da un punto di vista economico in quanto presentano un forte mercato stabile e redditizio, gli animali hanno buoni accrescimenti con una resa quantitativa e qualitativa in carne soddisfacente, oltre ad essere molto versatili, si prestano molto bene sia in contesti produttivi a carne bianca che a carne rossa.



Il valore medio dell'intensità di selezione a livello nazionale si attesta a 0,35, la riforma media negli allevamenti è del 30-35%, a questo intervallo bisogna aggiungere anche la quota di rimonta che per i motivi più svariati non arriva in produzione oltre che la mortalità neonatale che può verificarsi fino e non dopo la fase di svezzamento. (L.O. Fiems, e.t *Carcass and meat quality in double-muscléd Belgian Blue bulls and cows Meat* 2003)

Nel caso di aziende le quali utilizzano esclusivamente dosi di seme convenzionale o peggio ancora usufruiscono del toro riproduttore aziendale, per ottenere almeno un 40% di nuove vitelle femmine all'anno, vi è bisogno di almeno 80% se non addirittura l'intero gruppo di bovine aziendali da destinare alla produzione di nuovi individui.

Così facendo è molto intuitivo e logico da capire che il coefficiente riguardante l'intensità di selezione risulti tutto sommato basso (0,35) per il fatto che nella scelta delle bovine da destinare alla produzione del cambio generazionale, selezioniamo genotipi che non sono di nostro interesse da qui abbiamo la possibilità del 50% di ottenere nuove femmine, allo stesso modo nella quota di individui con caratteristiche di pregio sui quali dovremmo concentrare la nostra attenzione, abbiamo un'alta percentuale di ricavarne una prole di sesso maschile, la quale verrà poi venduta.

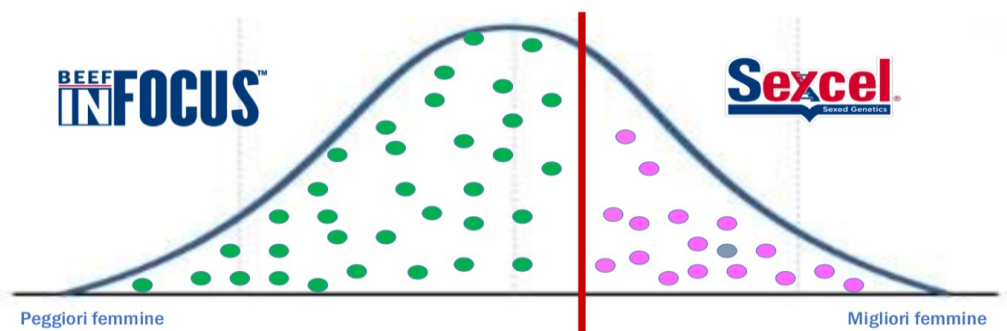


Tabella 3.3 distribuzione di una ipotetica mandria aziendale in base alle caratteristiche genotipiche delle bovine e scelta delle migliori femmine da cui ricavarne la futura rimonta. Tabella ABS.

Solo utilizzando seme sessato, il quale ha una % di sessaggio del seme pari al 95%, la quota di bovine da destinare alla produzione della nuova generazione si dimezza, questo

ci permette di ottenere con una probabilità molto elevata, delle femmine dalle migliori bovine che abbiamo in azienda riuscendo a valorizzarle molto di più.

Con questa metodica l'intensità di selezione triplica raggiungendo valore pari a 1, soprattutto per il fatto che tutte le bovine con genotipo di pregio che abbiamo selezionato per la produzione di nuove vitelle, saranno situate tutte a destra della media della gaussiana, e questa selezione non fa altro che applicare una selezione direzionale. Eseguendo questa modalità si riesce ad accelerare in modo significativo l'intensità di selezione, tanto da permettere in un solo anno di ottenere risultati straordinari e di accelerare di ben 3 generazioni gli indici che sarebbero stati raggiunti dopo ben 3 anni applicando il metodo convenzionale.

## 4 Gli indici di selezione

gli indici di selezione sono estremamente importanti per stimare il valore genetico di un soggetto attraverso l'impiego di analisi statistiche in grado di abbinare i dati fenotipici e anagrafici. Prima di creare un indice di selezione è necessario avere ben chiari quelli che sono gli obiettivi di razza, l'importanza economica che assume ogni carattere e il livello genetico attuale confrontato alle correlazioni genetiche. Un altro aspetto importantissimo è rappresentato dalla valutazione genetica, essa infatti può essere effettuata solo per quei caratteri che possono essere misurabili ed ereditabili. Nel primo caso per poter misurare un carattere abbiamo la necessità di notazioni fenotipiche oggettive ovvero facilmente misurabili ed in maniera precisa, come la produzione di latte per lattazione o la difficoltà al parto al fine di ottenere indici significativi, in secondo luogo questi caratteri devono obbligatoriamente essere ereditabili, meglio se controllato da più geni, per poter contenere meglio l'influenza ambientale, per l'appunto caratteri controllati da un unico gene (monogenici) come per esempio la K-caseina, hanno ereditabilità del carattere pari a 1 perché non viene influenzata significativamente dalla interazione con l'ambiente. Un indice deve assumere anche un importante significato economico, infatti il sistema di valutazione, raccolta e rielaborazione dati, genera un onere economico importante, per cui il poter minare le indicazioni di questi indici devono portare agli agricoltori vantaggi tangibili.

## 4.1 INDICE PFT

Il PFT è un indice di selezione di riferimento a livello nazionale per la razza frisona italiana, istituito per la prima volta nell'anno 2002 dalla commissione tecnica centrale (CTC) di ANAFIBJ per poi essere successivamente aggiornato ad intervalli periodici a seconda dei nuovi criteri di selezione della razza (CANAVESI F., *scegliere i tori per PFT*) . L'ultimo aggiornamento, infatti, si è svolto il 5 novembre 2021 a Montichiari, in concomitanza allo svolgimento della rinomata Fiera Agricola Zootecnica Italiana (FAZI). L'acronimo PFT sta per produzione, funzionalità e tipo (indice composto da più parametri). La prima voce fa riferimento ai kg di produzione di latte non solo limitati alla specifica quantità prodotta ma anche alla qualità (kg di proteine, kg di grasso). La seconda voce ovvero la funzionalità vuole far riferimento per l'appunto alla capacità della bovina di sostare in azienda, rendendosi dunque molto funzionale, in quest'ottica si presta molta attenzione ad alcuni aspetti specifici quali la longevità e la fertilità dell'animale, per poi concludersi con aspetti legati alla produzione, ma sul lato sanitario ovvero la capacità dell'animale nel contrastare eventuali patogeni. Un esempio il numero di cellule somatiche. L'ultimo aspetto riguarda invece il tipo, ovvero la morfologia dell'animale la quale vuole stilare un ideale estetico per la razza frisona in particolare la composizione della mammella e gli arti. A livello mondiale, per quanto riguarda la razza Holstein friesian, vi sono indici molto simili al PFT Italiano, essi sono per esempio il TPI (total performance index USA) e LPI (lifetime performance index Canada).

La formula del PFT è la seguente:  $PFT = 12,50 * (0,32 * \text{grasso kg} + 1,79 * \text{proteina kg} + 0,087 * \text{grasso\%} * 100 + 0,28 * \text{proteina\%} * 100 + 4,04 * \text{TIPO} + 13,93 * \text{ICM} + 6,07 * \text{IAP} + 9,21 * ((\text{longevità}-100)/5) + 11,51 * ((\text{cellule}-100)/5,70) + 10,59 * ((\text{IAF}-100)/5))$

Produzione	PFT vecchio, %	PFT nuovo, %	Morfologia	PFT vecchio, %	PFT nuovo, %	Funzionalità	PFT vecchio, %	PFT nuovo, %
<i>Kg Grasso</i>	8	8	<i>Tipo</i>	4	4	<i>Longevità</i>	8	5
<i>Kg Proteine</i>	36	33	<i>ICM</i>	13	9	<i>Cellule</i>	10	5
<i>% Grasso</i>	2	3	<i>Arti &amp; Piedi</i>	6	4	<i>MST</i>	-	6
<i>% Proteine</i>	3	3				<i>Fertilità figlie</i>	10	20

Tabella 4.1 tabella pdf aggiornata da dicembre 2019 Confronto tra il nuovo e vecchio indice PDF ricavato da intermizoo

## 4.2 INDICE ECONOMICO SALUTE (IES)

Lo IES acronimo di indice economico salute è l'indice di recentissima realizzazione, avvenuta nel 2016 dopo un lungo periodo di consultazione della commissione tecnica di ANFIBJ. Lo scopo principale che ha portato alla realizzazione di questo indice è dato dalla sempre maggiore necessità che si assisteva negli ultimi anni, di avere animali efficienti in allevamento, per quanto riguarda naturalmente l'aspetto economico ma soprattutto per l'aspetto etico-sociale e normativo per cui nei prossimi anni non sarà ammesso in alcun modo preterire aspetti importantissimi quali l'impatto ambientale, il benessere animale e la riduzione degli antibiotici. Per far fronte a ciò questo indice andrà sicuramente a premiare tutti quei riproduttori in grado di trasmettere alle discendenze ottimi caratteri produttivi combinati a caratteri funzionali quali la fertilità, longevità e resistenza ai patogeni (MARUSI M., *da anafi: IES, nuovo indice di selezione 2020*)

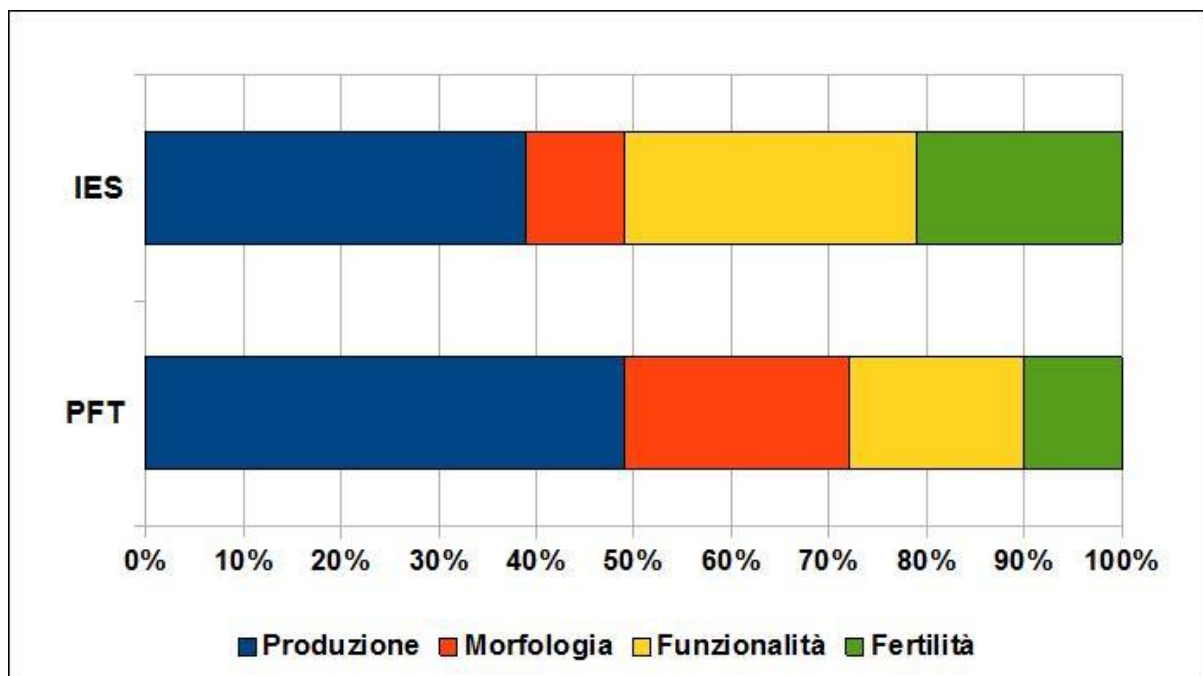
L'indice IES viene misurato in euro, allo scopo di quantificare in maniera netta e tangibile, la redditività che la prole può ereditare da un determinato riproduttore attraverso uno studio economico svolto sui costi e ricavi avuti. Questo indice ci informa su quella che è la capacità di un riproduttore di trasmettere dal punto di vista prettamente economico la sua capacità di creare reddito alle nuove generazioni, essa può essere positiva o negativa, ma al contempo non è in grado di spiegarci l'origine. Questa nuova forma di redditività può essere attribuibile al fatto che le bovine aumentano la loro fertilità, piuttosto che alla longevità, che siano in grado di produrre più latte rispetto alla media o ancora posseggano un indice di conversione alimentare più efficiente. Con questo nuovo indice si andrà verso un allevamento molto più selettivo, in cui viene posto maggior riguardo alla 'robustezza' della bovina, senza in alcun modo contrastare l'indice di riferimento nazionale (PFT) ma piuttosto una differente possibilità da intraprendere. La classifica nazionale ANAFI, ci riporta l'andamento che compone questo indice, ad oggi Pellegrino toro del centro F.A. Intermizoo è al vertice della classifica con un punteggio IES pari a 1473 euro per quanto

riguarda la classifica tori italiani, mentre per i tori provati siamo naturalmente ad un punteggio più basso, pari a 967 euro.

Nel resto del mondo, con qualche anno di anticipo rispetto a noi, molti altri paesi hanno stilato il loro indice economico, per citare alcuni nomi dobbiamo riportare il famosissimo Net Merit (USA), il PBL (inglese), EBI (irlandese).L'indice IES oltre alla valutazione svolta sui riproduttori, è attualmente analizzato anche sulle bovine di sesso femminile, esclusivamente post analisi genotipica.

La tabella riporta i pesi percentuali degli indici che compongono l'indice IES, la cui formula è la seguente:

$$\text{IES} = 0,32 * \text{grasso kg} + 1,37 * \text{proteina kg} + 0,043 * \text{grasso\%} * 100 + 0,0188 * \text{proteina\%} * 100 - 5 * \text{statura} + 4 * \text{locomozione} + 1 * \text{profondità mammella} + 20,51 * (\text{longevità}-100) / 5 + 6 * ((\text{scs}-100) / 5,7) + 18 * ((\text{fertilità}-100) / 5) + 3,35 * ((\text{bcs}-100) / 5) + 3,51 * ((\text{facilità parto materna}-100) / 5)$$
 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 4.2 queste tabelle mettono a confronto i vari pesi attribuiti all'indice economico salute in confronto al PFT fonte ANAFIBJ – Associazione Nazionale Allevatori della Razza Frisona e Jersey Italiana).

### 4.3. INDICE ICS - PR

ICS-PR acronimo di indice Caseificazione Sostenibilità Parmigiano Reggiano è un indice il cui scopo è quello di aiutare l'allevatore nell'impostare una selezione rivolta al miglioramento delle caratteristiche casearie del latte prodotto in azienda. Questo indice è stato rilasciato nel 2018, grazie all'importante lavoro di ricerca svolto dall'università di Padova e Parma, le quali sono riuscite a sviluppare un metodo per analizzare le caratteristiche di caseificazione del latte basandosi sull'utilizzo della spettroscopia all'infrarosso. *CASSANDRO M., miglioramento genetico, nuove vie per la qualità del latte, 2020*). Altri enti da ricordare sono sicuramente, il consorzio Parmigiano Reggiano, l'APA, la regione Veneto e alcuni caseifici produttori di questa specifica D.O.P. l'indice ICS-PR combina tra loro altri indici qualitativi per la produzione del latte, in particolare grasso e proteina in frazione percentuale, le varie tipologie di K caseine ed infine il contenuto di cellule somatiche. È giusto ricordare che, come per l'indice IES, anche questo indice ha l'obiettivo di massimizzare il profitto aziendale allo scopo di rendere l'allevamento redditizio ma anche rendere l'intero iter produttivo più efficiente. L'indice è espresso in euro come per lo IES, cioè il valore economico che assume determina secondo stima statistica, l'utile netto che apporta l'animale nella sua carriera produttiva, anche questo indice compare nel risultato delle analisi condotte sulle bovine post tesaggio genotipico.

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

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 4.3 criteri di valutazione e 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.

#### 4.4 GLI INDICI PER I CARATTERI LEGATI ALLA PRODUZIONE

Gli indici genetici che possono influenzare la produttività di un allevamento sono molteplici; i principali sono senza alcun dubbio gli indici legati alla produttività (kg per lattazione), alla qualità (percentuale o kg di proteine e grassi per lattazione) e infine aspetti legati alla sanità (cellule somatiche). Le stime statistiche di questi indici genetici sono estremamente accurate, questo grazie al fatto che vengono elaborate tramite campionamenti mensili svolti su un numero elevatissimo di aziende zootecniche nazionali per mezzo dei controllori ARA, i quali passeranno i dati raccolti alla associazione italiana allevatori (AIA) la quale provvederà poi settimanalmente a inviare i record produttivi all'ANAFIBJ. La produttività di ogni singolo animale rilevata allo scopo di poter essere valutata e confrontata con altri animali a parità di allevamento, stadio produttivo, età e giorno di controllo, tramite EBV (estimated breeding value) valore riproduttivo stimato.

## **Indice latte, grasso e proteine**

La spiegazione di questi tre indici è molto intuitiva, per assurdo sono gli indici essenziali per il calcolo della plv latte. L'indice latte rappresenta la capacità lattogena che un riproduttore è in grado di trasmettere, si misura in kg per lattazione. La durata della lattazione non dipende solamente dalla produttività della bovina ma piuttosto dalla sua fertilità che ne controlla direttamente il concepimento, una lattazione ottimale dovrebbe durare mediamente 305 giorni, nella pratica questo dato tende ad essere prorogato anche di decine di giorni. Gli indici proteine e grasso invece si possono esprimere o in kg per lattazione oppure in percentuale, essi invece incidono sulle rese casearie. È infatti importante per l'allevatore riuscire ad avere questi indici sempre al di sopra dei requisiti minimi di idoneità del latte (proteine 3,2% e grasso 3,5%) al fine di ricavare da esso un prezzo di vendita più elevato.

## **Cellule somatiche**

La mastite è una malattia che gli allevatori conoscono molto bene, avviene a causa dell'ingresso di varie tipologie di patogeni nella mammella infettandola. L'infezione della mammella comporta al manifestarsi di un'infiammazione più o meno grave in cui il sistema immunitario (leucociti, neutrofili e linfociti) a livello degli alveoli mammari tentano di contrastare l'infezione in corso, portando di contro come risultato finale a dover gestire un latte di bassissima qualità casearia perché estremamente carico di queste celluliti e porzioni di epitelio mammario che compromettono la coagulazione del latte e quindi la cagliata. Qualsiasi allevatore sa di dover affrontare quotidianamente il problema mastite, esso infatti può portare al diffondersi della patologia tra i vari animali, tramite la pratica della mungitura a dover gestire terapie ed eventuali penalità per la non idoneità delle caratteristiche del latte idoneo, di conseguenza l'indice cellule è un aspetto di valutazione essenziale.

## **Indice persistenza**

L'indice di persistenza studia l'andamento dell'intera lattazione e ne quantifica la componente genetica. Per svolgere questa analisi si avvale dell'utilizzo dei report della



lattazione nella fase iniziale in prossimità del picco (60 gg), i quali saranno poi confrontati con la produttività finale (circa 280 gg), l'indice di persistenza è molto importante, indici alti sono sinonimi di lattazioni produttive. Questo indice inoltre è molto utile accoppiato all'indice BCS per determinare la mobilitazione delle riserve del grasso corporeo durante le lattazioni.

## 4.5 INDICI FUNZIONALI

### L'ICM

L'ICM acronimo di Indice Composto Mammella, è un indice di selezione molto importante il cui obiettivo primario è quello di ottenere una mammella efficiente per quanto riguarda la parte produttiva, la quale a sua volta è fortemente dipende dalla corretta conformazione che essa assume, infatti per quanto riguarda la valutazione morfologica, viene attribuito un peso del 40% sul punteggio finale.

L'ICM è stato istituito per la prima volta nel 1993 e con il passare degli anni, questo indice non sono mai susseguiti aggiornamenti fino al 5 novembre 2021 quando al FAZI di Montichiari la commissione tecnica di ANAFIBJ ha delineato i nuovi criteri di valutazione riguardanti questo indice. Le modifiche apportate riguardanti i nuovi criteri di giudizio per la composizione della mammella, sono mutate notevolmente; è diminuito l'interesse rivolto alla profondità della mammella e ai legamenti sospensori mentre si è posta maggiore attenzione riguardo alla lunghezza dei capezzoli con i rispettivi appiombi e alla maggiore forza negli attacchi posteriori ed anteriori dei vari quarti che compongono la mammella. Tutto questo è la risultante del fatto che negli ultimi anni molte mammelle presentavano una significativa riduzione della lunghezza dei capezzoli (20% nel 2010 fino al 41% nel 2020 off- type Canavesi F. ruminantia 2018) a cui seguiva con una errata inserzione di essi, in alcuni casi troppo estera ed in altri troppo interna ottenendo nel tempo una percentuale di mammelle sempre meno funzionali. Con le

attuali linee si premiano solamente i riproduttori in grado di trasmettere alla progenie una corretta dimensione ed appiombamento dei capezzoli allo scopo di facilitare e migliorare da un punto di vista pratico - fisiologico la pratica di mungitura, tradizionale e soprattutto automatizzata, quest'ultima un po' più esigente rispetto alla pratica tradizionale svolta manualmente.

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 \* forza attacco anteriore + 0,17 \* altezza attacco posteriore + 0,21 \* legamento + 0,26 \* profondità mammella + 0,17 \* posizione dei capezzoli anteriore.

Indice	ICM 1993	ICM 2021	
		Pesi	Punto ottimale
Forza attacco anteriore	19	20	-
Altezza attacco posteriore	17	20	-
Legamento	21	15	-
Profondità mammella	26	20	-
Posizione capezzoli anteriori	17	10	da 0 a 1
Lunghezza capezzoli anteriori	0	5	da +0,5 a +1,5
Posizione capezzoli posteriori	0	10	da -1,5 a -0,5

Tabella 4.5.1 confronto pesi e punteggi di calcolo ICM 1993 e aggiornamento ICM 2021 fonte ANAFIBJ – Associazione Nazionale Allevatori della Razza Frisona, bruna e Jersey Italiana).

## L'IAP

L'IAP acronimo di Indice Arti e Piedi, è stato creato per la prima volta nel mese di maggio dell'anno 2000. Questo indice può inoltre vantare il pregio di essere tra i primordiali indici di selezione ad essere stati redatti. La finalità principale dell'indice arti e piedi è

quella di valutare sia la struttura morfologica dell'animale che la rispettiva deambulazione, infatti arti troppo steccati o al contrario troppo falciati, inducono gli ispettori di razza a de valorizzare l'animale, in quanto la deambulazione sarà sicuramente anomala. Come se ciò non bastasse la presenza di articolazioni in difetto comportano sicuramente ad una distribuzione del peso dell'animale errata degli zoccoli inducendo la comparsa di lesioni o zoppie, tutto ciò è in contrasto con la funzionalità ma soprattutto la longevità della bovina, la quale sarà candidata alla riforma.

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

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

## **L'Indice a TIPO**

L'indice tipo ha la finalità di attribuire un punteggio complessivo all'animale, in base alla votazione finale attribuita all'animale, possiamo determinare a livello morfologico i punti di forza e di carenze che la bovina riporta, confrontato con l'ideale perfetto della razza frisona a cui ci si ispira. Le bovine ottengono la prima votazione esclusivamente in fase produttiva e non prima dei cento giorni di lattazione, al fine di poter dare un giudizio ottimale alla conformazione che assume la mammella. L'ispettore di razza molto spesso attribuisce una sola valutazione che vale per tutta la vita della bovina, qualora si presuma che anche raggiungendo la piena maturità, essa non manifesti importanti cambiamenti, di solito questi animali non presentano alti punteggi, ciò significa che rispetto all'ideale di razza, si riscontrano parecchie tare. 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:

$TIPO = 0,000 * \text{statura} + 0,128 * \text{forza} + 0,031 * \text{profondità} + 0,158 * \text{angolosità} + 0,044 * \text{angolo groppa} + 0,013 * \text{larghezza groppa} - 0,025 * \text{abs}(\text{arti visti di lato} + 1) + 0,038 *$


arti visti da dietro + 0,050 \* angolo del piede + 0,175 \* mammella anteriore + 0,072 \* altezza posteriore + 0,030 \* legamento + 0,014 \* profondità mammella + 0,050 \* posizione capezzoli anteriori + 0,023 \* dimensione capezzoli - 0,032 \* abs (posizione capezzoli posteriori + 1) + 0,016 \* locomozione

## INDICE BCS


L'indice legato alla composizione corporea o BCS (body condition score) consiste in una valutazione visiva esteriore dell'animale, si analizza in particolare la deposizione del grasso corporeo distribuito principalmente nella zona lombare e pelvica. Il rivestimento in grasso va valutato nei punti evidenziati nella figura sottostante, ma è importante anche un'ispezione generale dell'animale. Per valutare lo spessore del grasso e la prominenza delle ossa all'attaccatura della coda e nei lombi bisogna porsi direttamente dietro la bovina e tastare le aree sopracitate. L'attaccatura della coda è valutata usando la prominenza delle ossa pelviche e tastando la quantità di grasso presente. Per i lombi si considerano le proiezioni orizzontali e verticali delle vertebre e la quantità di grasso tra di esse. È da preferire il fianco destro della bovina perché la presenza del rumine a sinistra rischia di portare a valori sovrastimati. Il punteggio si basa su una scala con intervalli che partono da 1 e arrivano a 5 con intermedi di 0,25 punti.

**GUIDA PER STABILIRE L'INDICE DI CONDIZIONE CORPOREA DELLE BOVINE DA LATTE**


Primo: guardare la regione pelvica di lato. Controllare la linea che unisce gli ischi, la testa del femore e gli ilai.




Se la linea forma una V schiacciata, allora si può considerare un BCS minore o uguale a 3.0. Si può quindi procedere all'analisi delle figure 1-4.




**FIGURA 1**  
Se gli ilai sono arrotondati, BCS = 3.0.



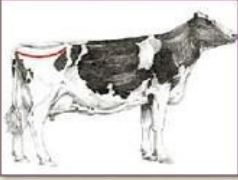
**FIGURA 2**  
Se gli ilai sono angolari, la vacca ha un BCS uguale od inferiore a 2.75. Se gli ischi sono arrotondati o coperti di grasso il BCS = 2.75.




**FIGURA 3**  
Se gli ischi sono angolari, il BCS < 2.75. Se il grasso è presente solo sulle punte degli ischi il BCS = 2.50.




**FIGURA 4**  
Se gli ischi sono privi di grasso il BCS < 2.50. Osservare lo stato dei processi trasversi. Se il profilo dei processi trasversi è visibile per circa metà (1/2) della distanza dalla linea dorsale il BCS = 2.25. Se il profilo dei processi trasversi è visibile per circa 3/4 della distanza dalla linea dorsale il BCS = 2.00. Se il trocantere è prominente e la spina dorsale molto visibile il BCS < 2.0.




Se la linea forma una U, si può considerare un BCS maggiore od uguale a 3.25. Si può quindi procedere all'analisi delle figure 5-8.




**FIGURA 5**  
Se il legamento sacro-iliaco e quello sacro-ischiatico sono visibili BCS = 3.25.



**FIGURA 6**  
Se il legamento sacro-iliaco è visibile e quello sacro-ischiatico è appena visibile BCS = 3.50.



**FIGURA 7**  
Se il legamento sacro-iliaco è appena visibile e quello sacro-ischiatico non è visibile, il BCS = 3.75.



**FIGURA 8**  
Se la linea ischi-trocanteri-ili è completamente piatta il BCS > 4.0. Se le estremità dei processi trasversi sono appena visibili, il BCS = 4.25. Se la linea ischi-trocanteri-ili è completamente piatta e gli ischi sono ben ricoperti BCS = 4.5. Se gli ilai sono appena visibili il BCS = 4.75. Se tutte le estremità ossee (ilii, ischi...) sono arrotondate il BCS = 5.0.

Tabella 4.5.2 fonte Ruminantia, questa tabella illustrativa permette di classificare visivamente lo stato corporeo di una bovina da latte, determinandone il punteggio BCS

Strategie e accorgimenti per limitare la mobilitazione del grasso corporeo durante l'intero periodo di lattazione:

- Dopo il parto, bisogna evitare che la bovina perda più di 0,5-1 punto di BCS (Penn State Extension).
- Il BCS è soggetto a una fluttuazione fisiologica ma cambiamenti troppo repentini compromettono la salute dell'animale.
- In caso di necessità, il primo fattore su cui intervenire è l'alimentazione (i foraggi devono essere almeno il 45% della sostanza secca) (Penn State Extension).
- In caso di BCS eccessivamente basso aggiungere oli vegetali alla razione (al massimo il 5% sul secco, mentre i grassi totali della razione non devono eccedere il 7% della sostanza secca). I grassi ruminanti protetti hanno un'efficacia maggiore a tale scopo (Penn State Extension).
- La tarda lattazione è il momento migliore per correggere il BCS in quanto i cambiamenti apportati sortiscono effetti in maniera più efficiente (Jones et al., 2016).

## L'INDICE IAF

L'indice IAF acronimo di indice aggregato per la fertilità è un indice che è stato aggiornato dalla commissione tecnica di anafibj a fine 2018, l'obiettivo di questo indice è quello di calcolare il livello genetico di tori riproduttori e il tasso di concepimento al primo servizio delle manze + vacche. Sì, con il nuovo aggiornamento dell'indice IAF, vengono valutate sotto questo aspetto anche gli animali ancora improduttivi, ad essi viene calcolata in base l'età alla prima inseminazione. Il tasso di concepimento dipende dalla fertilità e dalla condizione corporea.

## 5 raccolta e valutazione materiale seminale del toro

I maschi per i quali si attesta una elevata genetica intrinseca sono interessanti dal punto di vista del miglioramento della razza bovina in quanto capaci di trasmettere alle discendenze specifici caratteri migliorativi.

Questi bovini fin dalla nascita vengono sottoposti a severi e ripetuti controlli che spaziano dalla loro capacità di accrescimento e sanitarie, valutazioni morfologiche, di sviluppo fino a che, raggiunta la pubertà vengono sottoposti ai primi prelievi di materiale seminale.

Il materiale seminale viene prelevato esclusivamente dai maschi sanitariamente controllati, i quali sono stati selezionati in base alle caratteristiche genetiche e morfologiche.

Molto importante è infatti capire fin da subito che un toro candidato alla riproduzione seppur con genotipo altamente interessante, non diventerà mai un riproduttore nel caso in cui pecchi dal punto di vista sanitario manifestando la positività a con malattie infettive e trasmissibili contratte già all'atto della nascita come per esempio paratubercolosi , brucellosi o IBR, per le quali nel caso di contagio bisogna allertare ATS provinciale e adottarsi a seguire meticolosamente protocolli severi e molto rigidi per debellare queste malattie batteriche/ virali che possono colpire gli allevamenti zootecnici.

Le stalle che presentano positività a queste malattie oltre ad avere danni diretti dal punto di vista squisitamente economico, esse possono essere potenziali inoculi di diffusione anche presso gli allevamenti confinanti, la diffusione di queste malattie inoltre può essere spianata qualora non vengano prese in considerazione protocolli vaccinali di prevenzione da parte dell'imprenditore.

Superati i test sanitari, un altro eventuale aspetto che induce la perdita della candidatura del riproduttore, viene determinata dalla produzione e valutazione del seme.

Oramai è ben assodato che durante la fase improduttiva, la nutrizione degli animali gioca un ruolo centrale sullo sviluppo dimensionale e riproduttivo degli animali, infatti come per le manze allevate per riformare le vacche in uscita degli allevamenti ad indirizzo lattiero-caseario, si cerca di spingere con la selezione genetica e la nutrizione

in maniera tale da avere animali già pronti per essere fecondati anche a 12 mesi di età con altezza al garretto di 1,40cm e un 60% del peso vivo medio delle vacche adulte nelle stalle, tutto questo si verifica anche per i tori difatti, già all'età di 10-12 mesi sono in grado di produrre un quantitativo di eiaculato sufficiente per F.A tutta via monte molto precoci o comunque sia le prime monte spesso presentano un livello qualitativo del seme scarso, inducendo i ricercatori dei centri di I.A. a smaltire la partita spermatica raccolta.

Il seme viene raccolto facendo montare il toro su manichino artificiale che simula la forma di una bovina, normalmente vengono eseguiti due salti settimanali ripetuti 2 volte per giorno, ottenendo in questo modo circa 4 eiaculati settimanali per toro, questi valori sono valori medi, molto spesso i salti possono essere decisamente minori, dipendono in parte dalla età, dalla bontà qualitativa dell'eiaculato e anche dalla stagionalità e dagli stress i quali riducono il processo di spermatogenesi o ne alterano la qualità di esso.

Il seme durante la monta viene raccolto mediante vagina artificiale la quale è sostenuta da un operatore posto a lato del manichino il cui compito è quello di deviare l'apice del pene all'interno della vagina artificiale, essa è composta da un tubo cilindrico ricoperto internamente da una guaina in gomma con possibilità di poter essere termo riscaldata attraverso l'ingresso di acqua calda tra la guaina e il tubo cilindrico per migliorare il confort all'animale durante avvenimento del coito, per poi concludersi con un cono in gomma distale con al suo interno un tubo in vetro per raccolta seme.

## **5.2 VALUTAZIONE GENOMICA DEL RIPRODUTTORE**

prima dell'avvento della genomica e la messa in commercio dei primi chip di analisi del genoma, i riproduttori venivano scelti in base a dati anagrafici (discendenze di incrocio) e dati fenotipici (risultati di progenie. Al giorno d'oggi siamo in grado di descrivere le caratteristiche di un toro, crearne un profilo, senza avere dati ricavati sulla generazione figliare, ma basandosi solo sulle analisi del DNA. l'attendibilità degli indici di questi tori genomici è paragonabile a quella di tori con 10-15 figlie in produzione (circa 75%). Al giorno d'oggi un allevatore può scegliere ben 3 tipologie di riproduttori;

- toro provato che può essere nazionale o di importazione, generalmente con più di 5 anni di vita e moltissime figlie già in fase produttiva, per cui gli indici sono rafforzati dai molti dati ottenuti dalla generazione figliare
- toro genomico il suo indice è stimato in base al suo genotipo.
- toro in prova di progenie nazionale o non sono tori che venivano utilizzati negli incroci per stimare la loro bontà come riproduttori, si usavano molto prima dell'avvento della genomica, ad oggi essendo il testaggio una pratica base nei centri F.A. questa differenza tra toro di progenie e toro genomico è sottilissima, ciò che cambia è l'età del riproduttore e il numero di figlie già ottenute.

La possibilità di poter conoscere la bontà di un riproduttore già in fase prematura, senza figli solo tramite analisi del genoma, ha permesso di implementare notevolmente l'intensità di selezione all'interno della razza, infatti le nuove leve candidate a diventare riproduttori, possiedono una sicurezza sui loro dati molto maggiore rispetto ai coetanei di un decennio fa in cui i risultati ottenuti derivano da analisi di progenie, allo stesso tempo riusciamo a ridurre l'intervallo generazionale per mezzo di incroci tra animali sempre più giovani. Il vantaggio decisamente più importante che possiamo ottenere dalla valutazione genomica sta nella maggiore attendibilità che otteniamo dagli indici. Aggiungendo la possibilità di testare i riproduttori, siamo passati da una attendibilità di circa 35% nel contesto progeny -test a attendibilità pressoché doppia 65 -70% nel caso della sola genotipizzazione, lo stesso ragionamento è traslabile all'allevamento, in cui gli stessi valori li riscontriamo passando dal gestire il tradizionale piano di accoppiamenti a quello integrato con il testaggio delle bovine, ciò significa che una vitella appena nata ha una attendibilità dei dati paragonabile con una bovina adulta con 3 lattazioni. Qui sotto è riportato un grafico che mette in relazione l'utilizzo di riproduttori genomici e tradizionali/ provati e il trend genetico che si sta assistendo in questi ultimi anni.



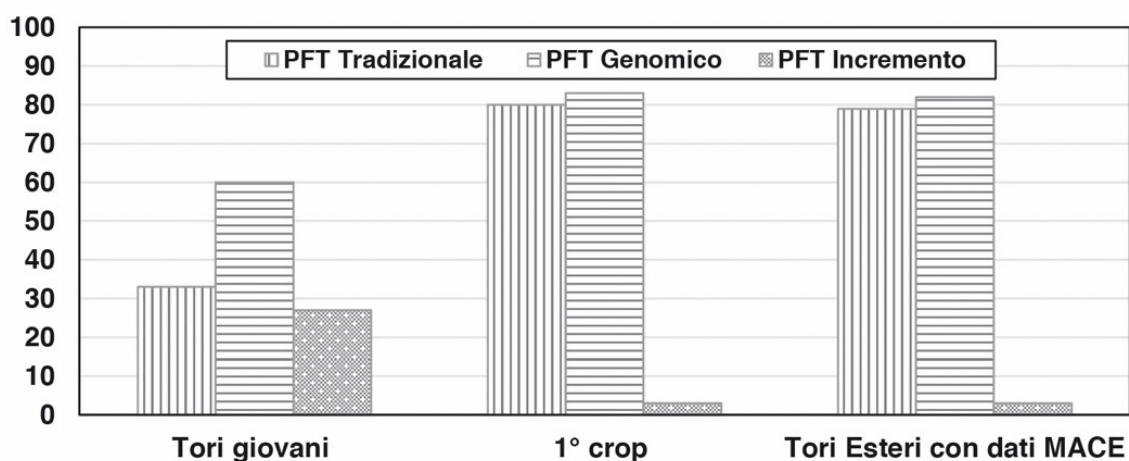


Tabella 5 .1 viene rappresentata l'Attendibilità Tradizionale e Genomica. Indice di selezione nazionale (PFT) sia per tori provati che per quelli genomici, fonte ANAFIJ – Associazione Nazionale Allevatori della Razza Frisona e Jersey Italiana

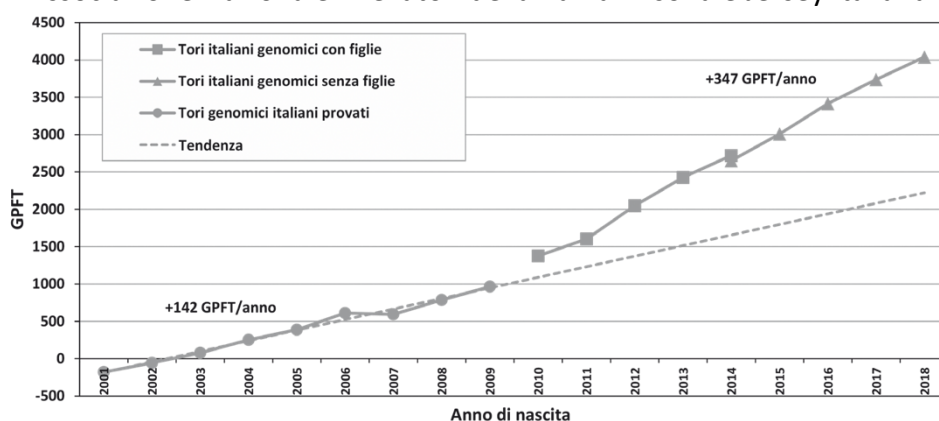


Grafico 6.2 illustra il Trend genetico per gPFT. L'impatto della genomica sul programma di selezione della razza, tendenza genetico del gPFT per i tori provati e per i giovani tori, fonte ANAFIJ – Associazione Nazionale Allevatori della Razza Frisona e Jersey Italiana

### CRITERI DI IDONEITA'

- 500 x 10<sup>6</sup> spermatozoi/ml
- 50% di motilità progressiva
- 70% spermatozoi morfologicamente normali:

Anche se questi requisiti non vengono soddisfatti, il toro non può essere definito sterile, ma semplicemente non risponde ai requisiti minimi in altri termini, non conviene economicamente mantenere il toro nel centro I.A. da esso saranno ricavate poche dosi, allo stesso modo, in caso di molta libera come può avvenire nel contesto di un toro aziendale, esso determinerà poche gravidanze.

Per svolgere una corretta stima delle caratteristiche seminali, è richiesto lo svolgimento di una serie di prelievi dall'eiaculato, allo stesso modo, non esiste un singolo test in grado di prevedere la fertilità dell'eiaculato in analisi.

La motilità indica la % di spermatozoi mobili, presenti all'interno dell'eiaculato.

La motilità può essere valutata sul seme tal quale o dopo trattamento di diluizione 'extender' che si distingue dalla motilità totale – progressiva – progressiva rapida e poi lenta – non progressiva.

In soggetti normali la motilità non dovrebbe essere inferiore al 70%, tuttavia è influenzata da fattori endogeni ed esogeni.

Nella prima casistica gli spermatozoi maturano all'interno dell'epididimo testicolare, all'interno del quale gli spermatozoi lo attraversano impiegando mediamente 60 giorni alimentandosi della secrezione di sostanze proteiche derivanti dalla prostata e sostanze glucidiche secrete dalle ghiandole accessorie. Fattori esogeni che limitano la motilità sono senza dubbio la pulizia di tutto il materiale di laboratorio che viene utilizzato e la temperatura.

La motilità è una delle caratteristiche maggiormente correlate con la fertilità in quanto serve per:

- L'attraversamento della cervice (solo in contesto di monta naturale in quanto con F.A si supera la cervice e viene depositato il seme nel corpo uterino)
- Attraversamento della giunzione utero-tubarica
- Penetrazione del cumulo ooforo
- Penetrazione attraverso la zona pellucida.

Caratteristiche fisiche per la valutazione:

- Volume adeguato, un toro mediamente produce in un intervallo di 2-10 CC

- concentrazione 500-3000 x 10<sup>6</sup> nel caso di concentrazione scarsa, il seme può essere centrifugato.

La concentrazione è un aspetto estremamente importante, in quanto è in grado di influenzare il numero potenziale di femmine che possono essere inseminate / numero di dosi che possiamo ottenere dell'eiaculato. Il conteggio può essere eseguito manualmente tramite emocitometro (in camera di Thomas, di Bürker, di Neubauer), semi-automatico (fotometro) e completamente automatico (Coulter counter, citofluorimetro, C.A.S.A.

- la colorazione (bianco, lattescente; giallo riboflavina) è un aspetto molto importante, tendenzialmente il seme deve avere colorazione più bianca- lattescente possibile, qualora si manifesta una pigmentazione più giallognola significa che nell'eiaculato vi è la presenza di pus, quindi nient'altro che leucociti in via decomposizione derivanti da uno stato di infiammazione.

Eiaculati di color tendente al giallo si attestano frequentemente in torrelli giovani durante i primi salti.

-odore e viscosità

-PH tendenzialmente neutro (7-1 con variazione di 0.2)

## 6 METODI SESSAGGIO SEME

La possibilità di poter determinare con certezza, il sesso dei futuri vitelli, ha consentito agli allevatori di migliorare notevolmente il progresso genetico nei loro allevamenti, per far avvenire ciò, la paillette che viene utilizzata per la fecondazione artificiale deve necessariamente contenere quasi esclusivamente spermatozoi femminili. La tecnica di sessaggio del seme permette di separare i cromosomi femminili da quelli maschili, attraverso differenti metodiche più o meno invasive sviluppate negli anni, ad oggi la tecnica più utilizzata ed efficiente è senz'altro la cito fluorimetria a flusso verticale. Nei mammiferi, i soggetti maschili sono composti da un cromosoma X e un cromosoma Y, al contrario del sesso femminile, il quale è composto esclusivamente da due cromosomi X. Questa differenza non è esclusivamente estetica ma anche conformazionale, infatti il cromosoma femminile (Y) vanta il pregio di essere dimensionalmente più grande

rispetto al cromosoma maschile (Y), di conseguenza anche il contenuto di informazione genica è maggiore (3,8% DNA), questo aspetto è estremamente importante per quanto riguarda la pratica di sessaggio del seme moderna, in quanto l'aumento di Dna funge da mezzo di identificazione fisica tra le varianti cromosomiche sessuali.

Oggi per effettuare il sessaggio del seme, viene utilizzata la cito fluorimetria a flusso, in particolar modo il sistema più efficiente è quello proposto dal metodo Sexcel 4M di ABS, il quale permette di ottenere un elevato tasso di concepimento negli allevamenti italiani, paragonabile ad un tasso pari a circa il 90% rispetto al seme convenzionale quindi un'efficienza quasi paragonabile, queste osservazioni sono state effettuate e divulgate nell'indice Real World Data® (RWD™) di ABS Global.

Questa tecnologia preserva notevolmente la motilità degli spermatozoi, tramite l'innovativo trattamento con laser, il quale non effettua una separazione fisica tra i cromosomi X o Y, mediante un sistema a centrifugazione che si usava in passato, ma piuttosto distrugge con il raggio laser la testa dello spermatozoo appartenente al sesso per il quale non viene posto l'interesse commerciale o in alternativa provvede a devitalizzare anche tutti gli spermatozoi che presentano malformazioni di sintesi, come possono essere code bi-flagellate piuttosto che difetti significativi della forma della testa o assenza di acrosoma.

Questa tecnologia permette quindi di apportare un miglioramento qualitativo del contenuto spermatico commercializzato in quanto il seme oltre ad essere sessato è anche ripulito da eventuali spermatozoi anormali, comunque tendenzialmente meno fertili come trattato da (Z. LIU and R. H. FOOTE E.T 1998). Tuttavia le Paillette, recipiente cilindrico di materiale plastico in cloruro di polivinile, con volume differente 0,5 ml (Paillettes medie) e 0,25 ml (Paillettes mini) presentano inoltre una colorazione esterna differente che varia dal giallo, blu, rosa, verde, trasparente ecc. lo scopo esclusivo di questa metodica è quella di agevolare l'identificazione della razza bovina da utilizzare o eventualmente l'individuazione di una specifica dose di interesse contenuta nel bidone criobiologico, riducendo in questo modo i tempi e svolgendo una scongelazione della Paillettes ottimale sfociando in un aumento considerevole dell'eventuale efficienza della inseminazione. Le Paillettes o dosi, contengono al loro interno un quantitativo differente

di spermatozoi viventi, infatti nel caso in cui venga utilizzata una Paillette contenente seme per il quale è stato compiuto un trattamento di sessaggio, dobbiamo tener ben presente che il numero di spermatozoi si attesta sui 2 milioni a dose, in confronto ad una Paillette di seme convenzionale che è in grado di offrire ben 15-20 milioni di spermatozoi a dose. C. Maicas, I. e.t. Fertility of fresh and frozen sex-sorted semen in dairy cows and heifers in seasonal-calving pasture-based herds (2019)

A fronte di questa differenza di dosaggio quasi decuplo, bisogna detrarre i cromosomi Y e tutti quelli per il quale si è riscontrata anomalia funzionale/strutturale oltre al fatto che in natura la produzione dei gameti maschili e femminili, non è mai pari alla metà, ma vira a favore del gamete maschile Y che contenendo meno Dna, vede la sua biosintesi meno onerosa dal punto di vista energetico, tanto che questo processo induce uno spostamento del rapporto gamete maschile/ femminile pari a 52:48. (Fabiola Canavesi Point Veterinaire Italie 2016). Questa tecnologia è senz'altro più dolce, le cellule spermatiche non vengono sottoposte a differenze di pressione, centrifugazioni o correnti elettriche come avvenivano nei sistemi più obsoleti. La differenza dimensionale tra i cromosomi sessuali, ci permette di individuare meglio la tipologia spermatica che passa di fronte al primo raggio laser, i cromosomi femminili, essendo più luminose vantando un contenuto di Dna maggiore, questo processo è fondamentale in quanto sussegue un altro raggio laser con lo scopo di neutralizzare i cromosomi appartenenti al sesso non desiderato o per i quali si presentano alcune malformazioni fisiologiche, mantenendo perciò post trattamento, solamente i cromosomi funzionali al nostro scopo.

## 6.1 Sessaggio degli spermatozoi

In passato, le tecniche di sessaggio oramai obsolete manifestavano alcune limitazioni importanti, in particolar modo la ridotta percentuale di concepimento, che rappresenta il principale fattore che ha determinato ad un notevole abbandono dell'utilizzo di questa tecnica in molte aziende zootecniche. Adenaike c, e.t. Genetic evaluation of semen traits in Friesian bulls 2021 )

Molti allevatori acquisendo dosi sessate, attestavano frequentemente un ASPP (Average Pregnancy Per Service) molto elevato, il quale induceva a una richiesta di intervento fecondativo maggiore per ogni gravidanza attestata (Tabellini R. 2008).

Bisognava al tempo stesso considerare un costo per dose naturalmente più elevato con una percentuale di sessaggio più bassa, dovuta all'accuratezza molto grossolana del sistema utilizzato, tutto ciò portava a un elevato numero di vitelli maschi nati ad anno rispetto alle nuove tecnologie di sessaggio più moderne attuali in cui abbiamo una percentuale di sessaggio del seme pari al 90-95% (C. Maicas 2019) Anatomicamente gli spermatozoi si possono suddividere in 3 parti, la testa che contiene li cromosoma, il segmento intermedio che rappresenta la centrale energetica e la porzione più distale ovvero la coda o flagello la cui funzione è quella di permettere il movimento della cellula riproduttiva. Gli spermatozoi sono rivestiti da un doppio strato di fosfolipidi che compone la membrana plasmatica e da glicoproteine che la rivestono.

Il sessaggio del seme è comunque una procedura particolarmente invasiva che impatta negativamente sulla vitalità dello sperma e sulla longevità di esso, rispetto alla normale crioconservazione del seme.

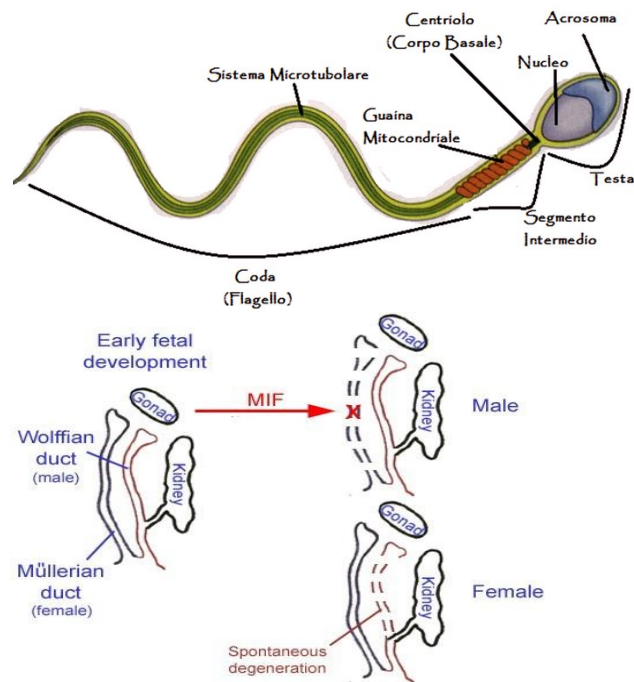


Figura 6.1.1 A sinistra rappresentazione anatomica molto schematica di uno spermatozoo, a destra differenza strutturale del cromosoma X rispetto a Y.

## CITOFUORIMETRIA A FLUSSO

Negli ultimi anni questa tecnologia ha vissuto un'importante crescita nella diagnostica di laboratorio grazie a una continua innovazione tecnologica e alle molteplici applicazioni in ambito clinico. L'introduzione della cito fluorimetria a flusso nella pratica clinica avvenne negli anni '70 e sin dall'inizio lo scopo dei ricercatori era quello di costruire un sistema capace di valutare più parametri cellulari contemporaneamente, la dimensione forma e proprietà di singole cellule, superando quelli che erano i limiti della microscopia ottica. La cito fluorimetria infatti si differenzia dalla microscopia ottica principalmente grazie all'elevato numero di cellule che possono essere processate per ogni ciclo di analisi, ed anche dalla tipologia di campione che si vuole esaminare, in questo caso vi è la necessità che il campione sia composto come una sospensione cellulare, al fine di poter analizzare ogni singolo cellule.

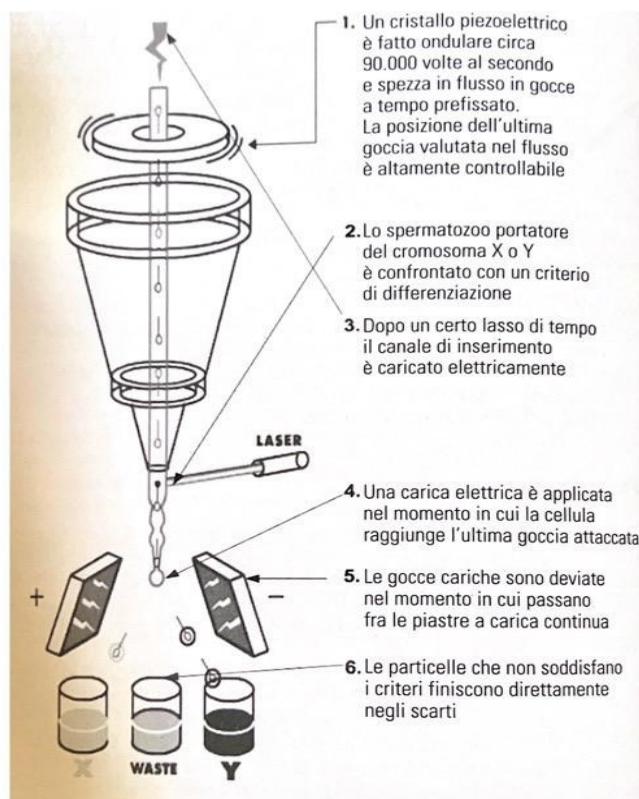


Figura 6.1.1 immagine schematizzata citometro di flusso

Lo strumento di base è il citometro di flusso. Il termine flusso sta a indicare che le cellule spermatiche nel nostro contesto, sono state messe in una sospensione matriciale, la quale funge da mezzo tramite il quale avviene la movimentazione delle cellule spermatiche all'interno della macchina. Il campione di seme preparato viene messo a contatto con un colorante sopravvitalo (che non danneggia la vitalità degli spermatozoi) che penetra negli spermatozoi e avendo una particolare affinità per il DNA e si lega a esso. (Marc Y. E.t *The osmotic tolerance of boar spermatozoa and its usefulness as sperm quality parameter* 2010). Più DNA c'è in uno spermatozoo e più colorante rimarrà legato. Il colorante utilizzato ha la proprietà di essere fluorescente: se colpito da un raggio laser emette una luce. Quindi gli spermatozoi che contengono il cromosoma X emettono più luce rispetto a quelli che contengono il cromosoma Y e questa differenza nell'emissione



di luce è in grado di essere valutata dal separatore e utilizzata per distinguere le due popolazioni di spermatozoi.

Al termine del processo il contenuto di una dose di seme sessato è intorno ai 2 milioni di spermatozoi, inferiore a quella di una dose di seme convenzionale, non sessato, che è di 15-20 milioni, ma è di qualità superiore perché il processo di divisione fra cellule portatrici di X e Y, infatti, elimina anche tutto il materiale seminale anomalo e/o non vitale. Questo processo ha un costo che giustifica il prezzo più alto del seme sessato rispetto a quello convenzionale (si stima che il processo abbia una resa del 15%, ovvero solo il 15% del seme iniziale si trasforma in dosi vendibili).

L'accuratezza della separazione è intorno al 90%, cioè le due popolazioni X e Y finali hanno un grado di purezza inferiore a 100.

A livello tecnologico è stato osservato come non tutti i tori abbiano uno sperma con caratteristiche che ben si adattano alla produzione di seme sessato.



# Capitolo 2

## 7 Cosa si intende per Genomica?

Nella zootecnia dei bovini da latte ormai il termine “genomica” viene utilizzato ovunque si parli di miglioramento genetico, dalla pubblicità dei tori alla promozione dei programmi di miglioramento di centri di fecondazione artificiali, nelle associazioni di razza, a livello nazionale e internazionale (CANAVESI F. *rivoluzione genomica* 2018).

Sempre più spesso gli allevatori sono invitati a genotipizzare i loro animali per conoscerne “il vero valore genetico”.

La conoscenza del genoma nelle specie domestiche ha consentito la selezione di caratteristiche importanti per la produzione e lo sviluppo di tecniche molecolari utilizzate per il miglioramento genetico animale.

Con il termine “genomica” si intende la scienza, all’interno della genetica e nell’ambito della biologia molecolare, che studia il genoma ovvero i geni e il loro funzionamento generale (Treccani). In particolare, si occupa della struttura del contenuto, della funzione e infine della evoluzione del genoma.

La genomica è dottrina che si sviluppa dalla bioinformatica per l’elaborazione e la visualizzazione dell’enorme quantità di dati che produce.

Dopo la genomica sono nate quindi una serie di altre discipline, le cosiddette ‘omiche’ quali la proteomica, la trascrittomica, la metabolomica, la nutrigenomica fino a quella che oggi si chiama epigenetica. ( Canavesi F2016)

Per comprendere meglio questo processo, dobbiamo ricordarci che i risultati produttivi e morfologici, derivano dalle caratteristiche intrinseche insediate all’interno delle proteine che li compongono e che a sua volta queste proteine sono regolate da specifici

geni che si trovano nel DNA, l'insieme di questi è chiamato "genoma" (Francis Crick sintesi delle proteine 1958).

Negli ultimi anni sono stati avviati vari progetti per studiare i genomi di più specie, a oggi, è difficile tenere il conto preciso di tutti gli organismi di cui è stato sequenziato il genoma in quanto la lista è in continuo aggiornamento e quello che possiamo dire oggi, domani sarà già una nozione superata.

Il primo sequenziamento completo è stato quello di un virus all'inizio degli anni '80, il genoma umano è stato sequenziato completamente nell'anno 2003, quello bovino nel 2009 insieme a quello suino e del cavallo. (M. Lillehammer 2011)

Il sequenziamento di tutte le specie di interesse zootecnico è ormai quasi completato, una delle specie ad indirizzo zootecnico in cui sono stati compiuti progressi in quest'area è il bovino, grazie al progetto denominato "genoma bovino" sono stati compiuti notevoli passi in avanti nella comprensione del suo genoma.

Il progetto 'genoma bovino' iniziato nel 2003, si rivelò essere un lavoro molto tortuoso e impegnativo, tanto da dover richiedere le più avanzate tecniche di analisi disponibili sul mercato e l'unione delle migliori menti composte da circa 300 ricercatori presenti nel mondo, per portare a termine nel 2009 il sequenziamento genetico dell'intero genoma.

Il progetto fu finanziato dai principali stati mondiali, tra cui anche l'Italia che vi ha partecipato apportando un grande contributo. (Bovine Genome Sequencing and Analysis Consortium; Elsick et al., 2009; Bovine HapMap Consortium, Gibbs et al. 2009). Tutto questo lavoro svolto ha determinato un notevole progresso nella comprensione del genoma bovino.

Attraverso questo progetto, infatti, sono stati individuati e marcati importanti geni in grado di determinare e influenzare la produzione a livello quantitativo e qualitativo di carne e latte.

L'importanza di aver marcato la posizioni dei principali geni nel DNA, attraverso l'uso dei marcatori molecolari, ci ha permesso di creare ed aggiornare la mappa genica dei bovini, la quale è uno strumento estremamente importante per analizzare sia nei genitori che nella loro progenie, la presenza di un determinato gene o QTL di interesse

per la selezione (MAS), oltre a consentire l'esecuzione di ulteriori analisi di rilevante importanza come per esempio il livello polimorfico di determinati geni, i quali potrebbero anche influenzare i risultati genotipici e fenotipici tra gli individui all'interno e tra le generazioni. CANAVESI F. *strategia di scelta dei tori nell'era genomica 2021*)

Questi i cambiamenti sono molto importanti per quanto riguarda l'allevamento degli animali in quanto ci permettono di identificare preventivamente e tempestivamente gli individui per i quali si riscontrano caratteristiche produttive maggiori all'interno della popolazioni dovute a una composizione genetica degli alleli più favorevole rispetto a altri individui in qui questi geni sono contenuti in una composizione allelica più svantaggiosa dal punto di vista di un interesse prettamente economico e gestionale dell'animale allevato oppure in determinate condizioni possono manifestare caratteri deleteri e/o di scarso valore genetico( A.S. Khattab 2021).

Quando si scopre che un marcatore che è associato alla presenza di una caratteristica produttiva diventa un potente strumento per la selezione animale in grado di massimizzare il progresso genetico.

Conoscere la sequenza dei geni è solo il primo passo: determinare effetti e dinamiche di azione e interazione è la vera sfida.

Indubbiamente gli sforzi compiuti dalla ricerca per approfondire la conoscenza dei geni e della loro funzione si sono, negli ultimi anni, moltiplicati in misura esponenziale allo scopo di arricchire le mappe genetiche. La mappa genetica è un termine generale che viene utilizzato per designare l'organizzazione del genoma. La prima mappa bovina è stata il cariotipo (Basrur e Moon, 1967), in cui è stato stabilito che il genoma era organizzato in 29 cromosomi autosomici più la coppia di cromosomi sessuali ( $2n = 60$ ). La maggiore differenza cariologica tra le due specie bovine (*Bos taurus* e *Bos indicus*) infatti la troviamo nel cromosoma Y: in *Bos indicus* questo cromosoma è acrocentrico mentre quello in *Bos taurus* è submetacentrico.

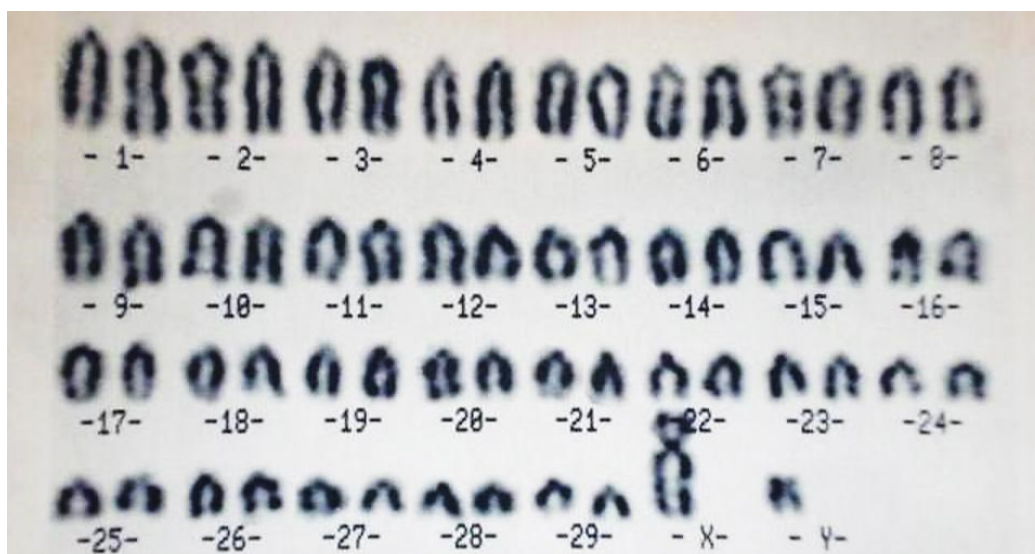


Foto 9 cariotipo bovino fonte Pugliesi R. *citogenica negli allevamenti*, informatore zootecnico.

Il DNA bovino è stato ora parzialmente decodificato, un approccio alla mappa genetica bovina è stato pubblicato nel 1997 (Kappes et al. 1997), da allora e fino ad oggi ci sono stati continui progressi di aggiornamento tale da determinare che il genoma bovino è composto da 22 mila geni, la cui composizione è molto simile a quella appartenente alla specie umana e canina. Una grossa differenza tra il genoma umano e quello bovino sta nel fatto che quest'ultimo contiene un numero di geni duplicati maggiore. Ciò comporta un aumento significativo della produzione di difese immunitarie, in questa via si sono condotti alcuni studi, nei quali viene spiegato questo fenomeno come una difesa attiva contro i batteri poligastrici.

## 8 I marcatori molecolari

In genetica, un marcatore molecolare (identificato come marcatore genetico) è un frammento di DNA associato a una determinata posizione all'interno del genoma, essi ci permettono di monitorare cosa succede all'interno di un tratto cromosomico, essendo per l'appunto sequenze di DNA rilevabili e definite a livello fenotipico.

I marcatori molecolari vengono usati in biologia molecolare e biotecnologia per identificare una particolare sequenza di DNA in un pool di DNA sconosciuto (Stefano Biffani 2015).

Negli ultimi decenni i marcatori molecolari (MM) si sono dimostrati molto utili nel rimpiazzare i saggi biologici in quanto consentono di marcare determinati loci o regioni genomiche durante i programmi di breeding.

Mendel a suo tempo li aveva inconsciamente sfruttati durante le sue sperimentazioni su *Pisum Sativum*, in particolare seguiva dei marcatori fenotipici che venivano codificati da specifici tratti genetici racchiusi all'interno del genoma es. colore del seme piuttosto che l'altezza della pianta.

Da queste osservazioni, Mendel arrivò a stipulare i suoi tre enunciati i quali aprirono la strada alla genetica moderna, rivoluzionando completamente.

Un marcatore è quindi un tratto di DNA, rilevabile con primer specifici posizionati a monte e a valle (forward e reverse) della sequenza di interesse, esso ci permette di individuare in modo inequivocabile il tratto cromosomico e le regioni che lo fiancheggiano alle estremità 5' e 3' per il motivo che i marcatori molecolari sono specifici. I marcatori vengono rilevati facendo avvenire la replicazione del DNA: la DNA polimerasi ha bisogno di un innesco che permetta di far partire la replicazione esattamente dal punto voluto, andando a replicare un tratto di DNA specifico; usando per tutti gli individui lo stesso innesco, si va a confrontare la stessa regione cromosomica (H. Aliloo, R 2018)

I marcatori sono chiaramente definiti e rilevabili fenotipicamente e presentano un elevato grado di polimorfismo, ovvero si hanno variazioni della sequenza del DNA nello stesso tratto cromosomico (quindi nello stesso marcatore): questa caratteristica è particolarmente importante in quanto, se tutti gli individui fossero uguali, non si potrebbero osservare la segregazione e la ricombinazione in quella regione cromosomica. A differenza dei marcatori morfologici (es colore del fiore), i marcatori

molecolari non sono riconducibili direttamente ad un gene, ma si basano appunto sulle differenze (polimorfismi) tra individui nella sequenza del DNA in quel tratto cromosomico specifico (o locus). Come se non bastasse sono in grado anche di determinare la diversità di sequenza o diversità nelle dimensioni di uno specifico tratto genetico, confrontando regioni di DNA omologhe in individui diversi, queste diversità molto spesso sono il risultato di mutazioni (Stefano Biffani 2015).

La sequenza nucleotidica del marcatore molecolare può essere totalmente o parzialmente nota, a seconda della tecnica impiegata, può prevedere o meno il sequenziamento del marcatore. Le sequenze che affiancano il marcatore sono quelle riconosciute dagli inneschi oligonucleotidici formati da un tratto di DNA a singolo filamento che riconosce la sequenza complementare e va ad ibridare con essa, delimitando la regione che deve essere replicata. La tecnica impiegata per la replicazione del DNA su base selettiva è la PCR (polimerase chain reaction, reazione a catena della polimerasi) che verrà trattata in seguito.

Per essere utile all'analisi genetica un carattere deve esistere in almeno due forme alternative, o fenotipi ereditabili in modo mendeliano.

Nel caso dei marcatori molecolari, i diversi fenotipi molecolari sono riconducibili ad alleli diversi a livello di sequenza del DNA (varianti alleliche), e vengono rilevati attraverso un'analisi elettroforetica dei frammenti replicati con la PCR (H. Aliloo, R 2018). Gli alleli sono forme alternative con le quali può presentarsi un gene ad un determinato locus; se ci sono almeno due alleli, il locus è detto polimorfico, se l'allele è presente in una sola forma il locus è monomorfo e non permette di marcare la regione cromosomica. I marcatori molecolari fanno riferimento a un singolo tratto cromosomico che viene ereditato secondo le leggi di Mendel, che può essere visibile o meno a livello morfologico o addirittura non espresso.

Questo non è sempre valido per i marcatori morfologici, per i quali un singolo fenotipo può essere dovuto a più geni (l'analisi ad un singolo locus può non consentire di discriminare fenotipi diversi) o addirittura a situazioni genotipiche diverse.



I marcatori molecolari, rispetto a quelli morfologici, presentano numerosi aspetti positivi:

o Non subiscono interferenze da parte dell'ambiente, trattandosi di differenze a livello di DNA: si possono discriminare in maniera certa gli individui sulla base del marcatore molecolare.

o Coprono qualsiasi parte del genoma (trascritta e non), si possono sviluppare un numero di marcatori virtualmente infinito, permettendo di rilevare differenze anche tra individui geneticamente simili e fenotipicamente indistinguibili.

o In molti casi hanno espressione codominante, consentendo così di distinguere l'eterozigote dagli omozigoti.

## 9 La PCR

I marcatori molecolari attualmente disponibili per le analisi del polimorfismo genetico utilizzati oggi in ambito della genetica molecolare, sono di vari tipi e con diversa funzionalità come si vedrà in seguito.

I marcatori molecolari attualmente utilizzati vengono definiti come marcatori PCR-derivati.

Essi differenziano principalmente per il tipo di sequenze che vengono analizzate, tuttavia vengono spesso accomunati dal fatto che questi marcatori prevedono l'utilizzo base della PCR o Reazione a Catena della Polimerasi, motivo per il quale è doveroso fare un accenno a questo strumento estremamente prezioso, in grado di rivoluzionare l'attività svolta presso i laboratori di ricerca e diagnostica trovando applicazioni ed impieghi in svariati campi che passano dalla medicina alla biologia.

La PCR viene quotidianamente utilizzata in ambiti scientifici come la biochimica, microbiologia, biologia molecolare, virologia, ma anche in medicina forense, in

oncologia e in ambito botanico, in estrema sintesi in tutte le scienze della vita (Jennie E. 2011).

La PCR è un sistema che viene molto utilizzato in biologia molecolare, ciò infatti ci permette di clonare ripetutamente porzioni di informazione genetica ben definite delle quali conosciamo molto bene le sequenze nucleotidiche iniziali e terminali. Tutto ciò ci permette di ottenere miliardi di frammenti neosintetizzati identici di un tratto di DNA. Questa tecnica è possibile applicarla a qualsiasi tipologia di estratto biologico per il quale si vuole esaminare l'informazione genetica contenuta al suo interno, sapendo per l'appunto che il codice genetico è universale in tutti gli organismi viventi, il preparato biologico può derivare da qualsiasi tipologia di cellula o tessuto, può essere ricavato dalla zona nucleare, organellare (mitocondriale), plasmidico, virale, e per concludere può presentarsi strutturalmente integro o in parte compromesso.



Figura 9 il termociclatore fonte BioPills wikipedia

Questa tecnica denominata PCR è stata inventata da Mullis (premio Nobel nel 1993), per aver inventato e realizzato il termociclatore, uno strumento molto importante che consente di ottenere la PCR attraverso dei cicli termici.

### **Funzionamento della PCR**

La reazione è incentrata sul complesso dell'enzima DNA polimerasi, appartenente alla categoria delle transferasi.

Questo complesso enzimatico è estremamente importante, infatti è il responsabile della replicazione del DNA in vivo che avviene durante la fase S del ciclo cellulare del processo mitotico.

Come ben sappiamo il complesso DNA Polimerasi, prima di iniziare a operare richiede che la doppia elica del DNA venga aperta e distesa in modo che si possa utilizzare una delle due singole eliche come stampo per sintetizzare il nuovo filamento complementare; allo stesso tempo, la DNA polimerasi non è in grado di sintetizzare il nuovo filamento ex-novo, richiede perciò la sintesi di un breve tratto oligonucleotidico di RNA che funge da innesco, conosciuto con il termine primer, il quale viene sintetizzato tramite l'RNA Primasi.

Come si vedrà in seguito non esiste un unico complesso DNA polimerasi, ma ve ne sono molteplici, in questo modo ci saranno più complessi enzimatici che sintetizzano contemporaneamente in più punti del filamento le varie sequenze nucleotidiche, di conseguenza vi saranno anche un numero maggiore di primer chiamati forward (complementare alla sequenza iniziale di uno dei due filamenti del tratto da amplificare) e reverse (complementare alla parte finale dell'altro filamento) cioè oligonucleotidi posizionati a valle e a monte al tratto nucleotidico che sarà complessato dalla DNA polimerasi, circoscrivendo e appaiando in questo una specifica zona cromosomica, delimitando l'inizio e la fine della zona da appaiare, motivo per il quale i primer sono anche conosciuti come frammenti specifici (H. Aliloo, R 2018)

Le fasi della PCR sono:

1. Denaturazione
2. Annealing
3. Allungamento

Denaturazione: la denaturazione del DNA avviene a 95°C, in modo che la doppia elica del DNA venga completamente divisa nei due filamenti che compongono la molecola di DNA rendendoli liberi e disponibili ad essere appaiati. A seguito della denaturazione, segue poi un calo della temperatura (50-60 °C) al fine di indurre l'appaiamento dei primers (fase di appaiamento o di annealing).

Per finire la temperatura viene alzata fino a 72 °C al fine di massimizzare l'azione della DNA polimerasi che determina un allungamento dei primers legati, utilizzando come stampo il filamento singolo di DNA (fase di polimerizzazione o di prolungamento).

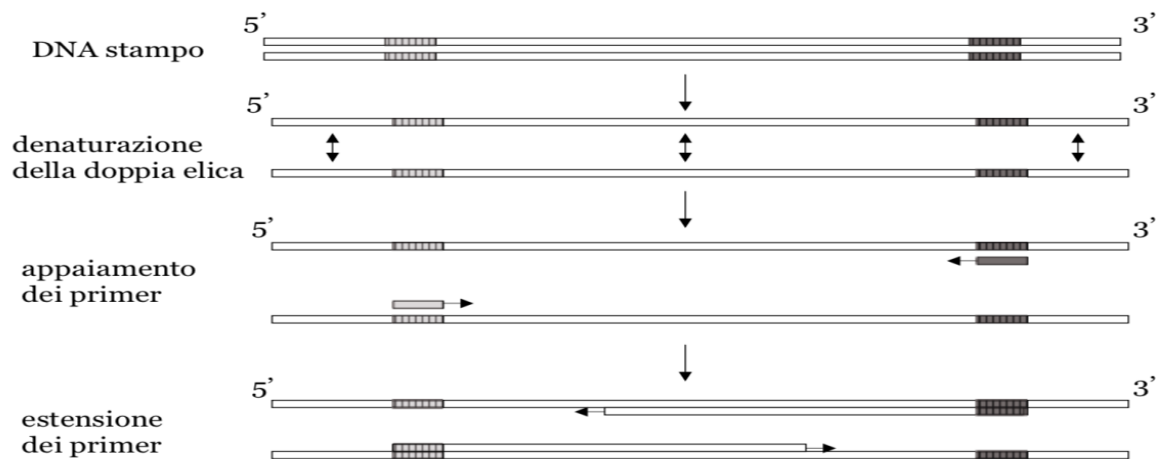


Figura 9.1 fase di denaturazione schematizzata con appaiamento dei primers sui tratti complementari delle eliche.

Annealing: i primers ibridano con la sequenza complementare e forniscono l'innescò alla taq polimerasi.

Si utilizza la taq polimerasi perché molte DNA polimerasi, tra cui anche quella umana, non possono resistere alle temperature necessarie per la denaturazione che avviene nel

processo della PCR, in natura questo processo viene svolto dall'enzima Elicasi, tuttavia si fa ricorso alle polimerasi appartenenti a questi organismi termofili perché esse non vengono inattivate dalle alte temperature, ma allo stesso tempo riescono a lavorare molto bene, la Taq polimerasi deriva dal batterio termofilo *Thermus aquaticus* isolato nel 1969 nel parco nazionale di Yellowstone.

La temperatura per l'ibridazione dei primers, va definita sperimentalmente perché deve permettere una corretta ibridazione e dipende dal livello di selettività che si vuole avere, in genere se si conosce poco una specie, si usano primers di cui non si conosce il punto preciso di ibridazione e si tiene una temperatura più bassa per permettere un'ibridazione con qualche eventuale errore, mentre se si sa dove il primer va a ibridare si tiene una temperatura stringente piuttosto che avvengano appaiamenti errati.

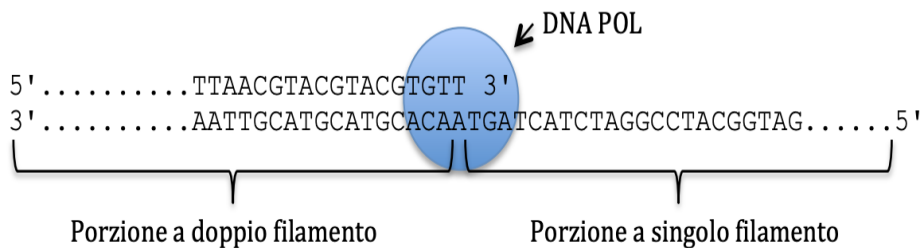


Figura 9.2 Esempio DNA Polimerasi

La DNA polimerasi per poter funzionare ha bisogno di un innesco, ovvero di una regione a doppio filamento seguita da una regione a singolo filamento. L'enzima, a partire dall'innesco, incorpora un nucleotide dopo l'altro, secondo la complementarità delle basi dell'elica a singolo filamento (che fa da stampo), muovendosi in direzione 5' > 3'.

Extension: la taq polimerasi che inizia a replicare in direzione 5'-3' a 72°C



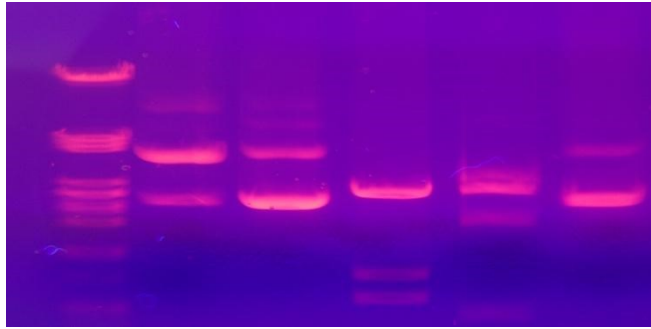
### Figura 9.3 funzionamento della pcr all'aumentare dei cicli

Il ciclo sopra descritto viene ripetuto generalmente per circa 25-35 volte.

Dopo il primo ciclo da una singola molecola di DNA se ne originano 2, dopo il secondo ciclo da queste se ne originano 4, dopo il terzo da queste se ne originano 8 e così via, in modo geometrico. Dopo  $n$  cicli da una singola molecola di DNA si otterranno  $2^n$  frammenti di DNA compresi tra i due oligonucleotidi. Dopo 30 cicli teoricamente si possono ottenere 230 ovvero oltre un miliardo di molecole di DNA identiche.

Dopo aver effettuato l'analisi PCR, nella provetta ci saranno dunque il DNA di partenza e milioni – miliardi di copie del frammento di interesse; a questo punto si può procedere con l'analisi tramite elettroforesi. Per poter essere visualizzati, infatti, i frammenti amplificati devono venire separati in base alla loro dimensione. L'elettroforesi consiste nell'applicare un campo elettrico ad un substrato inerte attraverso cui i frammenti di DNA, con carica elettrica negativa, migrano in questo materiale e poroso (gel di agarosio) il quale li separa in base alle dimensioni (lunghezza e peso molecolare): frammenti di dimensioni minori migrano verso il polo positivo più velocemente attraverso le maglie del gel, quelli più lunghi si spostano più lentamente, per il semplice motivo che la velocità di avanzamento è inversamente proporzionale alle dimensioni dei frammenti di DNA.

Una volta terminata la corsa elettroforetica, i frammenti di DNA saranno localizzati in punti diversi del gel e sarà possibile individuarli con l'impiego di coloranti che emettono luce fluorescente se messi sotto una lampada UV: i singoli frammenti di DNA sono visibili come bande fluorescenti. Per attribuire una dimensione ai frammenti amplificati, in un pozzetto vengono fatti passare frammenti di DNA di dimensioni note con cui fare un confronto. In base alla stratificazione dei frammenti nucleotidici, è possibile determinare la presenza o assenza di determinati geni o addirittura è possibile determinare l'eventuale polimorfismo di essi in base ai marcatori molecolari utilizzati.



Esempio 9.4 elettroforesi su gel di agarosio analisi nucleotidi

L'intera procedura è assai rapida poiché ciascun ciclo dura solo pochi minuti.

Una reazione di PCR avviene generalmente all'interno di micro-provette da 200  $\mu$ l che vengono inserite all'interno del termociclatore e al loro interno vengono inseriti i seguenti elementi in soluzione:

- DNA che si tende analizzare, previa purificazione
- Nucleotidi in abbondanza per appaiarsi al tratto genetico da studiare
- Primers fatti su misura in grado di appaiarsi al filamento
- una DNA polimerasi termoresistente
- un Buffer che serve a mantenere il pH stabile (tamponi) e necessario per costituire l'ambiente adatto alla reazione
- acqua per portare a volume la soluzione

## 10 ELETTROFORESI

L'elettroforesi è uno strumento di analisi che ci permette di analizzare tramite un processo di sedimentazione le differenze che assumono particelle cariche elettricamente che migrano in un fluido carico elettricamente. Le particelle si spostano verso il catodo (cataforesi) se hanno carica positiva e verso l'anodo (anaforesi) se hanno carica negativa. Fu realizzata per la prima volta nel 1937 dal chimico svedese Arne Tiselius.



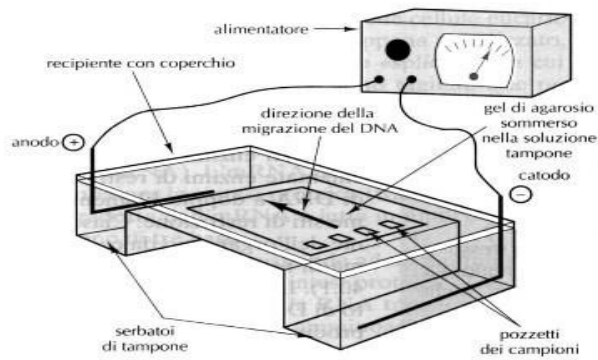


Figura 40.2 Elettroforesi su gel di agarosio del DNA.

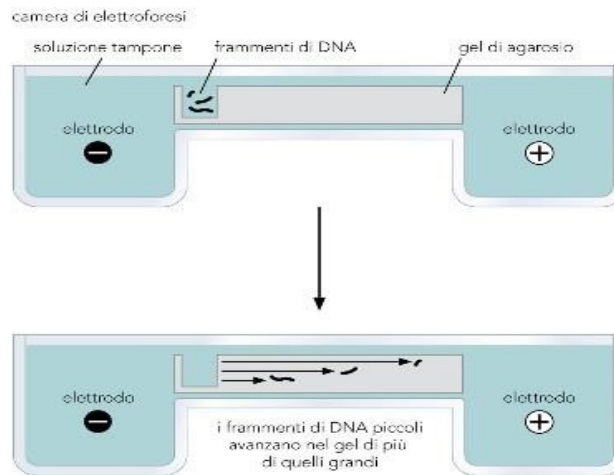


Figura 10 schema funzionamento elettroforesi

Per separare gli acidi nucleici, si utilizza l'elettroforesi su gel di agarosio. La miscela di DNA viene caricata in un pozzetto, e ad essa va aggiunto un colorante che permette la visualizzazione delle molecole una volta terminata la migrazione verso il polo opposto.

I pozzetti si trovano nell'estremità su cui è posizionato il catodo del campo elettrico; l'anodo si trova all'estremità opposta. I frammenti di DNA o RNA sono carichi negativamente per la presenza dei gruppi fosfato, quindi si spostano nel gel dal catodo all'anodo. Il gel è essenziale per questa pratica, essendo di matrice porosa, riesce a setacciare le varie molecole in base al loro peso molecolare, di conseguenza le molecole più piccole attraverseranno il gel molto più velocemente rispetto a quelle più pesanti. L'elettroforesi del gel agarosio è un modo veloce e conveniente per determinare la quantità, la qualità e la lunghezza del DNA. Scegliendo la concentrazione di agarosio

appropriata (0,3-2%), le molecole di DNA da 100 a 20 kb possono essere separate semplicemente per lunghezza.

Fattori che fanno variare la velocità di migrazione sono:

- Peso molecolare
- Concentrazione di agarosio
- Conformazione DNA
- Voltaggio applicato
- Intercalanti
- Tampone di elettrofore

## 11 Marcatori molecolari utilizzati

MM basati su tecniche di ibridazione e restrizione;

RFLP e VNTR sono stati utilizzati nelle prime fasi della costruzione delle mappe genetiche nelle specie di interesse zootecnico (Beckmann e Soller, 1983), si intuì che gli RFLP dovevano essere molto frequenti e davano la possibilità di coprire l'intero genoma animale (Botstein et al., 1980), potevano essere utilizzati anche per identificare loci responsabili della variabilità genetica quantitativa (*Quantitative Trait Loci*: QTL). Gli RFLP, tuttavia, non hanno trovato larga applicazione sono stati sostituiti da altri marcatori, quali i microsatelliti, che possono essere facilmente analizzati utilizzando la tecnica della PCR, bypassando l'utilizzo del South Blot.

Coprono l'intero genoma dell'organismo studiato, aumentando la probabilità di trovare associazioni tra questi marcatori e geni che controllano un carattere di interesse.

Hanno espressione codominante, ovvero in ogni locus studiato è possibile identificare genotipi eterozigoti e omozigoti, possono inoltre essere utilizzati vari enzimi di restrizione, che combinati con un numero quasi illimitato di sequenze clonate possono generare un elevato numero di marcatori.

Sono molto laboriosi, bisogna creare sonde specifiche al genoma che si vuole esaminare (processo di diversi mesi), richiede personale tecnicamente qualificato per la manipolazione del DNA e prevede l'utilizzo di materiali radioattivi.

Marcatori primer casuali:

Di questa tipologia di marcatori è conosciuta solo la sequenza dei primer, l'appaiamento sui cromosomi avviene in maniera del tutto casuale tanto che risulta molto difficile stimare la posizione esatta in cui i primer andranno a ibridare con il cromosoma, assumono un mappaggio molto randomizzato e casuale.

Sono dei marcatori multilocus, ovvero che analizzano simultaneamente molti loci genomici che derivano dall'amplificazione di tratti cromosomici con primer a sequenza casuale nota. Sono inoltre marcatori dominanti: ad ogni locus viene evidenziata la presenza/assenza di una banda ottenuta da analisi elettroforetica, è impossibile in questo modo riuscire a scindere la situazione eterozigote rispetto a quella omozigote, in quanto l'amplificato produce sempre e comunque una banda.

I marcatori RAPDs sono stati i primi marcatori messi a punto e siccome l'analisi viene svolta su un tratto cromosomico del tutto casuale, non ha senso inserire due primers che segmentano uno specifico tratto cromosomico, piuttosto è sufficiente averne solo 1 in grado di dare origine ad un prodotto di amplificazione. Un marcatore RAPD è quindi definito come un qualsiasi segmento di DNA amplificato selettivamente mediante PCR, a partire da inneschi singoli oligonucleotidici ( 10 nucleotidi) di sequenza arbitraria; essendo brevi ed in genere sono composti per circa il 60% dal rapporto G+C, riescono a produrre mediamente 6-12 polimorfismi/primer, determinando in questo modo numerosi siti di appaiamento.

MM a sequenze ripetute; microsatelliti

SSR (Single Sequence Repeat) sono marcatori molecolari che consentono di evidenziare i polimorfismi legati a sequenze genomiche ripetute dette microsatelliti che sono molto abbondanti nel genoma nucleare delle specie eucariotiche ma non nei procarioti. Di

questi tratti cromosomici che ripetuti, non è ancora chiara la loro funzione, tuttavia si è visto che la loro posizione è sempre vicina a geni codificanti oltre al fatto che in questa zona la frequenza di mutazioni è maggiore, allo scopo di proteggere per il tratto codificante. Questi marcatori sono caratterizzati da un numero variabile di ripetizioni di sequenze di 1-5 nucleotidi e sono altamente informativi grazie al loro elevato numero di alleli (Litt e Luty, 1989; Weber e May, 1989).

#### SNPs (Single Nucleotide Polymorphism)

Sono i marcatori più diffusi, il polimorfismo dei singoli nucleotidi è una tecnica impiegata per la rivelazione di marcatori di tipo codominante, si basa sulla valutazione dei polimorfismi riconducibili a differenze di singoli nucleotidi in una sequenza genica. A differenza degli altri marcatori PCR derivati, gli SNPs vengono rilevati attraverso il sequenziamento dei prodotti di PCR di DNA genomico isolato in un certo numero di campioni di individui geneticamente differenti.

I prodotti di PCR vengono confrontati tra loro attraverso l'allineamento delle sequenze, che permette di evidenziare al loro interno le regioni conservate e le posizioni che presentano polimorfismi dovuti alla sostituzione di singoli nucleotidi.

Le applicazioni pratiche di queste tecnologie si sono avute principalmente in genetica umana, anche se recentemente alcune di queste nuove tecniche di analisi sono state utilizzate per la tipizzazione di polimorfismi in animali di interesse zootecnico.

## 12 Procedura di testaggio di un bovino

Prima di ottenere un'analisi genomica di un soggetto occorre innanzi tutto prelevare un campione biologico da cui estrarre il DNA. Il tessuto di partenza può essere qualsiasi, l'importante è estrarre il materiale genetico in buona qualità e quantità sufficiente.

Nell'ambito dell'allevamento bovino, il tessuto biologico utilizzato può essere molteplice (cartilagine orecchio, pelo, sangue e saliva), si sono evolute in concomitanza tecniche di prelievo allo scopo di ridurre al minimo lo stress per l'animale utilizzando campioni del tutto non invasivi.

Il tessuto biologico che si sceglie come partenza per testare i vitelli appena nati è la cartilagine dell'orecchio, da cui viene estratto il campione durante il processo delle marcature auricolari per l'identificazione e censimento dell'animale.

il campione raccolto non subisce contaminazioni esterne svolgendosi in ambiente isolato e la possibilità di introdurre errore nella fase di campionamento viene azzerata dal fatto che il campione contiene lo stesso codice identificativo contenuto sulla marca auricolare.

Qualora vi sia bisogno di testare animali grandi, l'estrazione del tessuto cartilagineo, risulta più invasivo e meno pratico rispetto a un semplice campionamento salivare, del sangue o pelo.

In questi casi, c'è la possibilità di introdurre errore nella fase di identificazione bovino – campione, e l'inquinamento del tessuto può essere maggiore.

Successivamente alla fase di campionamento, il materiale biologico viene conservato e spedito in laboratori di analisi specifico. Nel caso di ABS tutti i campioni vengono spediti nel Wisconsin, analizzati e i dati successivamente vengono caricati all'interno del loro database.

La genotipizzazione avviene attraverso l'uso di chip per DNA a diverse densità, i marcatori del chip sono tutti snp.

Per i bovini da latte oggi sono disponibili diversi tipi di chip che variano nella densità dei marcatori che sono in grado di identificare e hanno costi diversi fra loro.

In Italia oggi è possibile effettuare analisi con tre diversi chip: bassa densità, da 7.000 a 30.000 marcatori (low density), media densità o standard, per esempio ILLUMINA

BOVINE 50k chip con circa 54.000 marcatori e alta densità, con più di 800.000 marcatori (ILLUMINA BOVINE HD).

Nel tempo i chip si evolveranno e così anche il loro costo, grazie all'evoluzione della tecnologia di analisi. Il chip che viene normalmente utilizzato per la genotipizzazione delle vacche è quello a bassa densità, quindi l'investimento è abbastanza contenuto. Questo chip consente, infatti, grazie allo sviluppo aggiunto dalle applicazioni di genomica nei bovini da latte, di ricostruire un'informazione equivalente al chip standard con un'accuratezza che va dal 98 al 99% ma a un costo decisamente più conveniente. Il chip standard è quello che viene normalmente utilizzato per le madri di toro e per i giovani torelli sia da avviare alla FA sia da mettere sul mercato come tori genomici.

Il chip ad alta densità viene utilizzato per lo studio delle popolazioni e dei geni e viene impiegato per i soggetti fondatori o soggetti portatori di caratteristiche particolarmente interessanti per l'identificazione di geni importanti.

Il costo del testaggio dipende dal chip utilizzato e dalla quantità e qualità di dati che si vogliono conoscere, al giorno d'oggi i centri tori offrono un servizio completo di testaggio mandria + vendita seme, il prezzo minimo per un testaggio per una bovina si attesta sui 35 euro ma può superare anche i 65 euro qualora si richieda il certificato ufficiale CDCB ( Council on Dairy Cattle Breeding).

# Capitolo 3

## 13 ABS Global

ABS è un'azienda di inseminazione artificiale americana con sede a DeForest, Wisconsin, fondata da John Rockefeller Prentice nel 1942, festeggiando proprio quest'anno 70 anni di attività, ricchi di grossi successi e obiettivi conquistati negli anni.

L'azienda nel tempo è riuscita senza alcun dubbio a influenzare ma soprattutto a rivoluzionare l'intera industria di I.A, principalmente partendo dal suo operato ma anche grazie alla filosofia personale incentrata prevalentemente alla innovazione tecnica, un perno essenziale che ha consentito di raggiungere un numero sempre maggiore di allevatori e industrie lattiero – casearie.

A partire dal 1962, quindi a soli 20 anni dalla sua fondazione, allora con sede a Madison, nel Wisconsin, secondo quanto riferito, ABS fu in grado di sviluppare l'innovativa tecnica della conservazione spermatica tramite l'ausilio di azoto liquido; riuscì infatti a comporre strutture in grado di immagazzinare oltre 1,5 milioni di ampolle di sperma di toro.

La crioconservazione che ad oggi viene considerata una tecnica basilare per la corretta conservazione dello sperma bovino, fu per quei tempi una vera e propria rivoluzione, una tecnica vincente in grado di poter aumentare la commercializzazione dei tori da monta anche esternamente al comprensorio di residenza.

Con il passare del tempo, ABS fu acquisita dalla società Genus plc (1999), le innovazioni tuttavia non mancarono, ci fu il lancio sul mercato del seme sessato, tramite il progetto Sexation® attualmente denominato SEXCEL ultra 4M®, il lancio di DURAbulls e GMS allo scopo di scongiurare l'incremento della consanguineità negli allevamenti zootecnici, tramite l'utilizzo di un sistema computerizzato supportato da dati di 4 milioni di bovine con l'obiettivo di promuovere all'interno delle stalle dei clienti, il diffondersi di bovine sempre più resistenti e longeve. CANAVESI F., *consanguineità, è tempo di agire 2020*) Questa multinazionale vende annualmente 14 milioni di dosi di sperma di razza bovina tra linea specializzata per il settore lattiero – caseario e quello da carne, rispettivamente

in 80 paesi nel mondo, vengono allevati 190 tori da riproduzione in 6 centri in tutto il mondo.

## 14 Strategie differenti per incidere sul progresso genetico

Fare progresso genetico implica scegliere soggetti miglioratori che tramite la loro superiorità vadano a costruire il futuro livello genetico aziendale.

Per quanto ci piacerebbe che fosse diversamente, il progresso genetico è da intendersi come un percorso che non può essere intrapreso dall'oggi al domani volendone successivamente trarne risultati immediati, ma piuttosto risulta essere una strada molto tortuosa, di difficile pianificazione che se ben eseguita nel tempo sa dare molte soddisfazioni e ricompense, sia da un punto di vista economico che sociale.

La valutazione genetica risulta perciò un parametro importantissimo da considerare al fine di permetterci di determinare se le scelte genetiche intraprese ci stanno portando nella giusta direzione verso la conquista degli obiettivi prefissati.

Il processo di valutazione genetica al giorno d'oggi è fatto essenzialmente attraverso l'analisi del pedigree o meglio ancora tramite le informazioni genomiche di un animale ricavate dallo studio del relativo genotipo, queste metodiche tuttavia presentano accuratezze differenti in grado di incidere significativamente sul progresso genetico. Le analisi ci permettono di determinare con una certa significatività se l'eventuale generazione prossima presenta specifiche caratteristiche genetiche in grado di risultare migliori rispetto a quelle antecedenti oltre a fornirci dati quantitativi, con dati ottenuti da misurazioni e quindi confrontabili. Sviluppare una strategia genetica può sembrare apparentemente facile, in realtà non viene fatto spesso, il che probabilmente sta a indicare che la pianificazione non è poi così semplice e molti allevatori non hanno le competenze adeguate ad occuparsi e gestire in prima persona questa tematica.



Molto spesso, capita di vedere allevatori che impostano le loro strategie future sulla base delle caratteristiche richieste dall'industria di trasformazione, delle volte invece acquistano seme di tori senza conoscere adeguatamente le rispettive caratteristiche perché persuasi dalle classifiche mondiali per indici o peggio ancora incentivati da offerte last-minute applicate per determinati tori da riproduzione. Così facendo, molto spesso non si tiene conto delle particolarità specifiche della loro attività, intaccando quelle che sono le performance dell'azienda anche in modo significativo dal punto di vista economico.

## 15 L'importanza del piano di accoppiamento

Il Piano di Accoppiamento è uno strumento che rende più semplice la gestione del miglioramento genetico di un allevamento bovino, esso infatti assegna ad ogni animale allevato in fase riproduttiva uno specifico riproduttore determinato per caratteristiche specifiche e complementari alla bovina allevata (MATTIACCIO M., *il miglioramento genetico non si ferma* 2015)

Non tutte le manze o le vacche hanno lo stesso ruolo all'interno di un programma di accoppiamento. I bovini di bassa genetica non dovrebbero mai contribuire con la loro genetica alla generazione successiva. Le loro caratteristiche produttive e genetiche risultano essere inferiori alla media della popolazione allevata, di conseguenza il loro apporto nell'ambito del progresso genetico risulta deleterio.

Con l'aumentare dell'età della bovina, infatti si assiste ad una diminuzione delle caratteristiche genetiche di questi animali. Eseguendo e progettando un corretto piano di accoppiamento tarato al fine di incrementare il progresso della genetica all'interno dell'allevamento, siamo in grado di ottenere generazione dopo generazione bovine dalle caratteristiche superiore. Ottenere progenie meticcias da bovine di scarso valore genetico è molto più vantaggioso da un punto di vista economico rispetto al ricavarne individui

da rimonta meno redditizi per l'azienda, infatti allevare una vitella geneticamente scarsa o una di genetica superiore costa in ugual misura, dal punto di vista dei fattori tecnici (posto stalla, alimentazione e manodopera). La vitella con una genetica superiore è senza alcun dubbio in grado di rientrare più rapidamente dal capitale investito nella fase improduttiva.

Un aspetto indiretto che deve essere tenuto fortemente in considerazione durante la realizzazione del piano di accoppiamento è il possibile manifestarsi nel tempo di un numero sempre maggiore di caratteri deleteri recessivi che si accumulano all'interno del genoma delle bovine, principalmente a causa di incroci tra individui imparentati.

Questo fenomeno conosciuto con il nome di depressione da inbreeding, si sta diffondendo con una intensità sempre maggiore all'interno degli allevamenti zootecnici, manifestandosi con patologie gravi, che toccano direttamente in maniera considerevole l'economia di una azienda.

Qualche esempio sono patologie quali BLAD, CVM, citrullinemia, bulldog e brachispina in grado di manifestarsi come riassorbimenti embrionali, aborti ed elevata mortalità perinatale, studi fatti sulla popolazione canadese e statunitense stimano intorno al 5% e al 6% la percentuale di soggetti portatori sani all'interno delle mandrie esaminate.

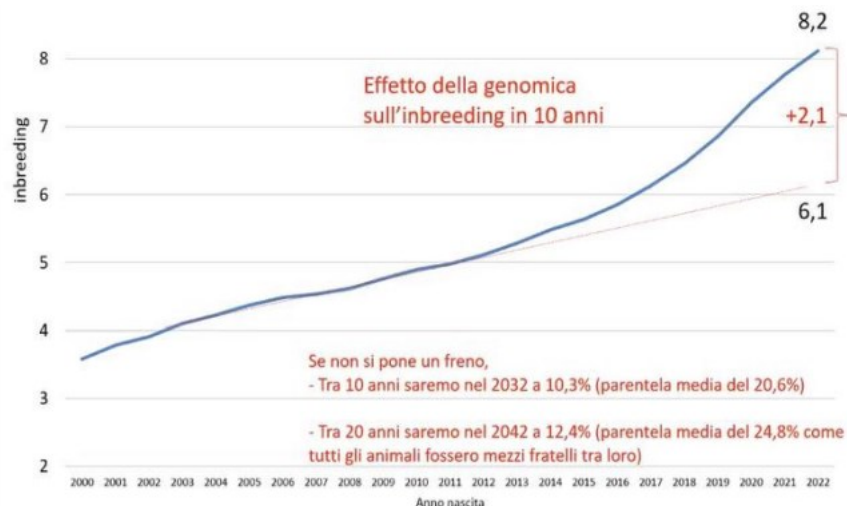


figura 15 grafico divulgato da ANAFIBJ riporta il crescente aumento del livello di inbreeding.

L'allarme alla tendenza sempre in aumento della depressione da inbreeding è stato posto anche dalla ANAFIBJ, la quale voleva sensibilizzare gli allevatori nel porre attenzione a questo fenomeno in costante aumento, in particolare ha quantificato come valore medio nazionale degli allevamenti italiani, una percentuale di 6.1% del tasso di inbreeding, valore leggermente inferiore rispetto alle medie aziendali americane e canadesi che han già superato l'8%.

Questo aumento è in parte correlato alla riduzione di variabilità genetica che si sta assistendo a livello di I.A. in cui i nuovi tori che entrano a far parte del gruppo dei riproduttori commercializzati, molto spesso sono i figli di riproduttori storici d'élite (tasso di inbreeding nei centri >anche del 13%). Bisogna tenere anche in considerazione la diffusione sempre maggiore che si sta diffondendo nel reparto della genomica, esplosa in questa ultima decade, difatti i riproduttori senza figlie iniziano ad avere una accuratezza dei dati molto alta a fronte dell'impiego dei test genomici, ciò sprona molti allevatori a utilizzare con maggior interesse questi giovani tori, traendone in questo modo il vantaggio di diminuire considerevolmente l'intervallo generazionale.

Impattando con questi dati che possono giustamente preoccupare, bisogna considerare che anche a fronte del fenomeno di depressione, le tendenze produttive non stanno regredendo anzi, stanno rispondendo positivamente, quest'ultima analisi dovrebbe essere un controsenso per il motivo semplice a livello del pool genico, entrano in gioco gli alleli deleteri con maggior frequenza, i quali prima rimanevano mascherati sotto forma di eterozigote nel carico genetico.

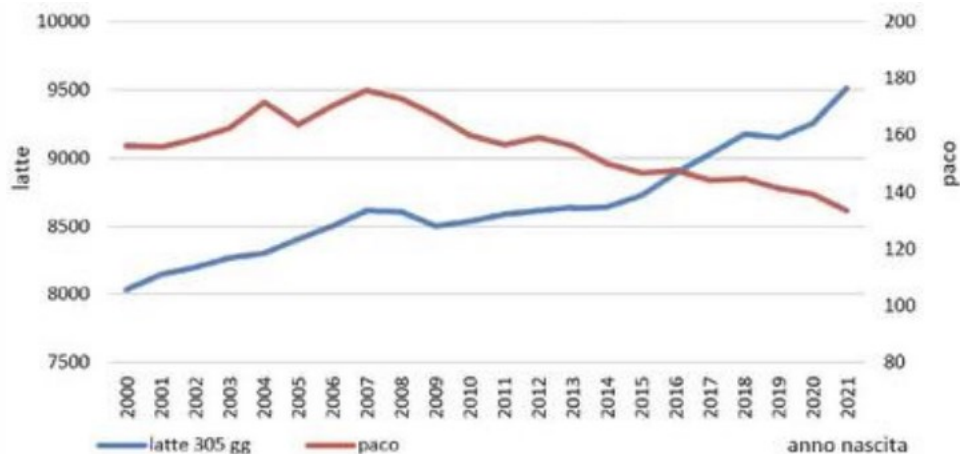


Figura 15.2 grafico divulgato da ANAFIBJ riguardante trend produzione latte – parto concepimento

Questo grafico riporta la curva di lattazione media per una bovina allevata in Italia, come si può vedere, viene mantenuta una tendenza di crescita più che positiva negli anni, aggiunta dal fatto che si assiste nel tempo ad un graduale intervallo parto concepimento sempre più basso, grazie sicuramente al miglioramento genetico avvenuto negli anni.

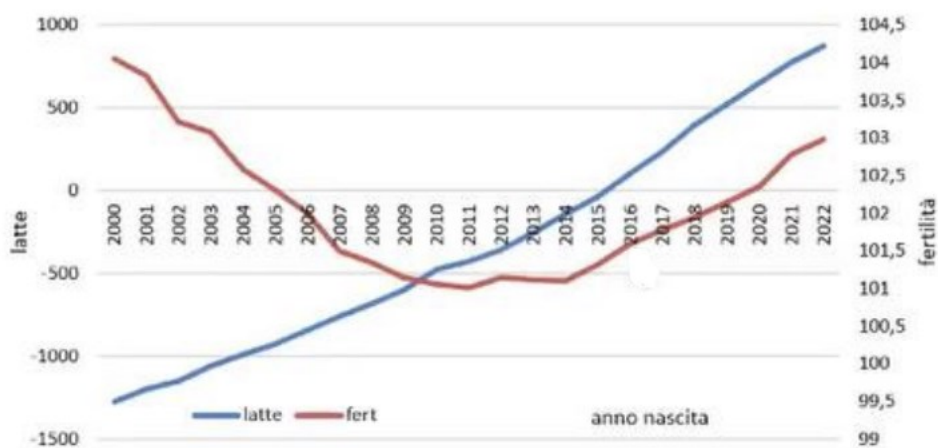


Figura 15.3 grafico divulgato da ANAFIBJ riguardante la produzione di latte e la fertilità

Come si evince dal grafico, la fertilità delle bovine molto spesso risulta inversamente proporzionale alla tendenza produttiva di latte, difatti negli allevamenti molto produttivi

è frequente assistere ad un aumento dell'intervallo di parto concepimento o allo svilupparsi delle tecniche di sincronizzazione dei calori in frequenze molto più marcate, il cui utilizzo è successivamente consolidato dall'aumento dei bovini allevati in stalla. La fertilità delle bovine risulta associata principalmente a fattori metabolici, decenni fa, la qualità alimentare che possiamo vantare oggi non era presente, molti alimenti risultavano meno nutritivi rispetto a quelli odierni (vedasi foraggi BMR), l'integrazione minerale, la mangimistica e la disponibilità di sottoprodotti non era ai livelli attuali, cioè comportava nelle aziende con alte produzioni al verificarsi di situazioni con problemi di fertilità.

Dal 2009 tuttavia si è iniziati a selezionare i tori da riproduzione anche in base alla fertilità, tutto ciò ha determinato nella ultima decade il ristoro soddisfacente della fertilità.

A fronte di ciò l'associazione ANAFIBJ consigliava agli allevatori di porre molta attenzione a questo fenomeno che si sta dilagando e di prendere in considerazione l'utilizzo con maggior priorità di tori fuori linea per tenere sotto controllo l'imbreding.

Questa strategia risulta essere la migliore, nel contesto in cui un'azienda agricola non disponga ancora dei mezzi tecnici o le conoscenze adeguate a elaborare e iniziare un iter di testaggio dei propri animali, in questo caso è consigliato l'utilizzo di riproduttori fuori linea all'interno del piano di accoppiamento perché di base si lavora con indici di pedigree e non con la reale composizione genotipica degli animali, questi dati presentano attendibilità del 30% circa.

Dal momento in cui si disponga di animali genotipizzati l'esito finale cambia, la percentuale di imbreding aziendale inizia a passare in secondo piano in quanto effettuando un'analisi genomica, i marcatori molecolari andranno a esaminare la composizione esatta dei principali geni di interesse zootecnico, questo determinerà la conoscenza a priori delle caratteristiche polimorfiche degli alleli contenute nei geni dei parentali.

Con queste informazioni riusciamo ad accettare un aumento del inbreeding all'interno della mandria, tenendo allo stesso tempo sotto controllo eventuali geni letali e sfavorevoli che andrebbero a manifestarsi con l'aumento del tasso di depressione, di conseguenza aumenteremo il genoma in comune tra gli animali ma allo stesso tempo aumentiamo l'eterosi.

## 16 L'intensità di selezione

Rappresenta una variabile fondamentale per quanto concerne il progresso genetico, in Italia il suo valore medio è attestato intorno a 0,35 tuttavia con alcune accortezze un allevatore può arrivare a triplicare l'efficienza di selezione arrivando a coefficiente 1, ricavandone notevoli guadagni già nel breve periodo (A.S. Khattab 2021).

Per aumentare esponenzialmente la selezione bisogna innanzitutto agire all'interno della mandria, lo scopo è riuscire a individuare quali siano gli animali effettivamente migliori presenti all'interno del nostro allevamento in maniera tale da poterli discriminare da quelli con caratteristiche peggiori. Una volta determinati gli animali migliori, cioè tutti quelli che presentano caratteristiche funzionali superiori almeno alla nostra media di popolazione, il passo successivo è quello provare a ridurre il più possibile il numero di bovine da adibire con la gravidanza alla produrre la futura rimonta.

Per far ciò un incremento seppur marginale potrebbe attestarsi semplicemente migliorando la gestione aziendale e il cow-confort; al fine di dover allevare una quota minore di rimonta aumentandone in questo modo l'efficienza. La vera svolta però risulta essere senza alcun dubbio l'utilizzo di seme sessato, in questa maniera riusciamo a ottenere con una percentuale minima > 90% la possibilità figliolanza femminile. Il programma sexcel di ABS consiglia l'utilizzo di seme sessato sugli animali migliori della mandria per ottenere le manze necessarie alla quota di rimonta richiesta, con questa strategia si incrementa l'indice di selezione, infatti viene ridotta la variabilità genetica

delle bovine su cui si sarebbe scelto di produrre prole da destinare alla rimonta aziendale.

L'utilizzo di seme sessato tuttavia apporta un miglioramento limitato se non accoppiato all'utilizzo di tori genomici. Se si pensa che il primo toro provato in classifica mondiale per indice PFT è paragonabile come valori al 200° toro in classifica PFT genomico, è facile intuire che il progresso genetico in questa ultima decade ha fatto progressi non indifferenti. L'utilizzo di questi nuovi riproduttori con età media veramente bassissima, ci permette di ottenere un aumento pari a 100 - 200 punti PFT/anno, dati rafforzati dai test genomici che ci portano ad avere accuratezza di stima pari al 70% (canavesi 2016).

Al giorno d'oggi è diventata una pratica ordinaria quella di utilizzare seme di riproduttori da carne sulle bovine da latte a basso valore genetico. Il motivo principale di questo incremento è dovuto al maggior valore economico dei baliotti ottenuti con seme da carne rispetto ai tradizionali da latte.

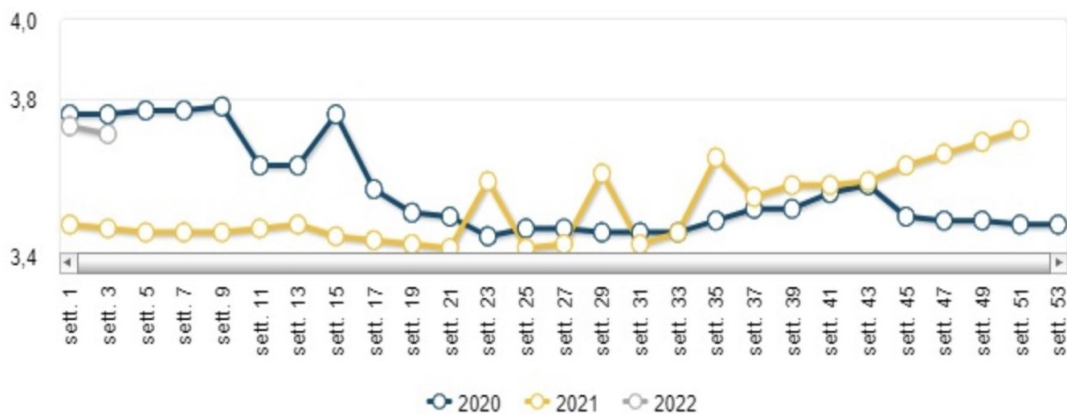


Figura 16.1 andamento del mercato italiano per la compravendita di vitelli meticci BB.

Un'analisi di mercato estrapolata da Ismea, riporta l'andamento di mercato di questi meticci nazionali. Il prezzo di vendita di questi vitelli si aggira in un intervallo di 3,5/4 euro al kg di peso vivo, con poca differenza legata al sesso dei vitelli.

Traits	N	Minimum	Maximum	Mean	Standard deviation	Coefficient variation, %
Birth weight, kg	30	30.6	67.5	46.28	5.96	12.89
Body height, cm	26	65	84	76.19	4.55	5.98
Chest girth, cm	26	68	92	81.84	5.33	6.52
Body length, cm	26	60	80	66.50	4.92	7.40

Variable	N	Birth weight (kg)	Body height (cm)	Chest girth (cm)	Body length (cm)
Location :					
IRIAP	22	47.53±1.37	76.93±1.23	87.82±1.91 <sup>a</sup>	66.75±1.76
LEC	8	49.94±2.13	74.76±1.63	82.00±1.44 <sup>b</sup>	66.64±1.33
Genotype:					
BB purebred	10	55.27±1.95 <sup>a</sup>	75.89±1.73	88.73±2.02 <sup>a</sup>	66.75±1.76
F1 BB x FH	20	42.20±1.47 <sup>b</sup>	75.80±1.14	81.10±1.34 <sup>b</sup>	66.66±1.24
Sex:					
Male	18	50.16±1.60	75.51±1.32	86.16±1.55	67.75±1.57
Female	12	47.32±1.80	76.17±1.46	83.67±1.71	65.64±1.43

Tabella 16.2 in seguito vengono riportati il peso e le dimensioni al parto dei vitelli blue belga incrociati su vacche frisone, dati della ricerca presi da L Praharani *et al* 2019

Volendo svolgere una analisi su questi vitelli misurati in un intervallo che varia dal parto alla vendita (meno di 40 giorni di vita); è possibile trarre importanti considerazioni, in primo luogo è facile intuire il motivo per il quale, questa tipologia di incroci si sta nel tempo diffondendo sempre più, i vitelli alla nascita possiedono dimensioni del tutto paragonabili a quelle di vitelli di razza pura holstein, tuttavia presentano un peso leggermente più elevato (media 45-51 kg alla nascita su vacca pluripara) rispetto ai vitelli frisone che presentano un peso medio di circa 41-44 kg alla nascita da vacca pluripara.

Dal punto di vista statistico, inoltre, non si attesta una variazione significativa sul punto di vista del peso e delle dimensioni tra i vitelli di sesso maschile e femminile ottenuti dall'incrocio tra le vacche da latte e tori da carne, questi valori cambieranno tuttavia nella fase di adulta. I vitelli presentano una elevata efficienza di conversione alimentare già dai primi giorni di vita, manifestano in media incrementi di 700-800 grammi al giorno, arrivando a toccare aumento di peso superiore anche di 20 kg durante l'atto di vendita dei vitelli dopo soli 25-40 giorni di allevamento (M. Vestergaard 2019).



Da anni il mercato per la compravendita risulta essere molto attivo, infatti questi animali vengono richiesti sia per l'allevamento a carne bianca che per l'ingrasso tradizionale. I punti di forza dell'utilizzo di questi bovini specializzati nella produzione di carne sono essenzialmente dovuti alla loro elevata espressione genetica della miostatina, una proteina che induce ipertrofia muscolare. L'incrocio tra questi bovini determina una prole in grado di acquisire le caratteristiche estreme di muscolosità tipica della razza Bianco Blue Del Belgio in aggiunta di un ottimo contenuto adiposo, ereditato come ben sappiamo dalla razza frisona, permettendoci di ottenere in questo modo animali con caratteristiche del tutto paragonabili agli accrescimenti dei bovini importati d'oltralpe.

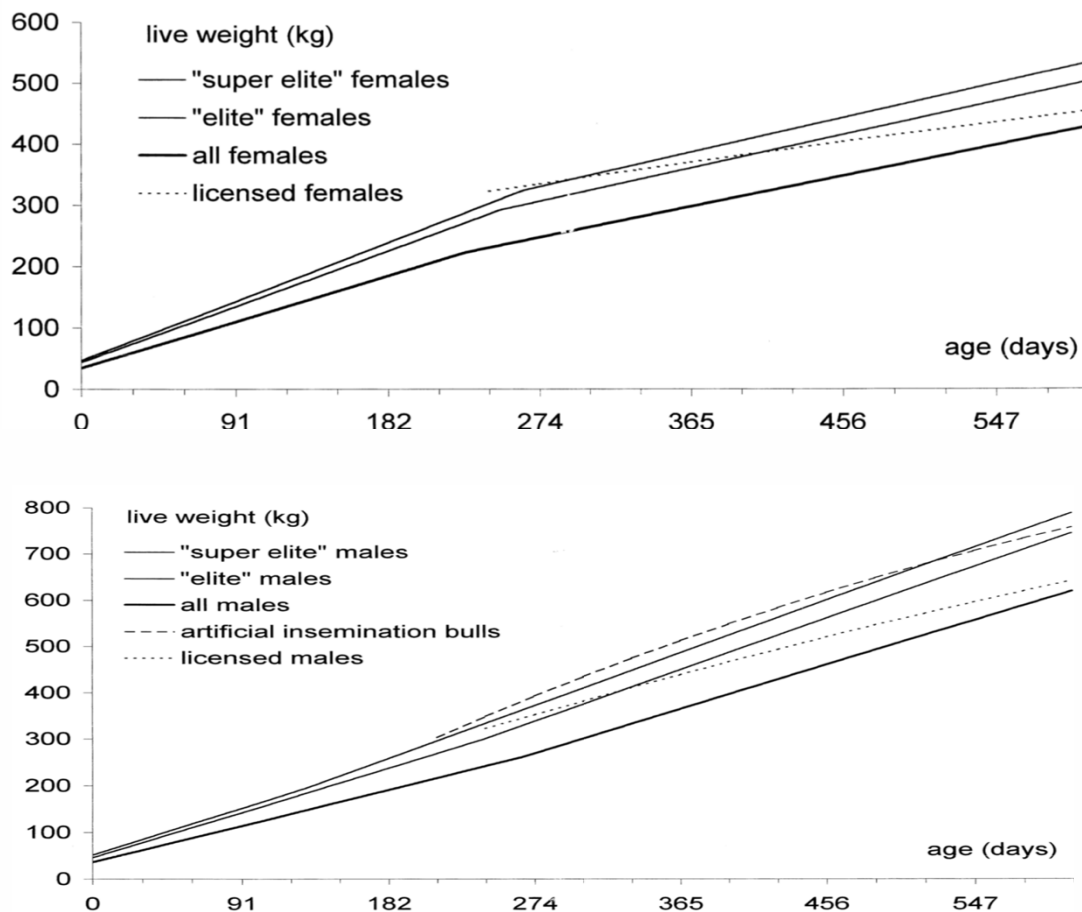


Figura 16.3 Curve di crescita incrocio B. Belga frisona studio 2021 American Dairy Science Association<sup>®</sup> pubblicato su Elsevier Inc.

## 17 Intervallo generazionale

L'intervallo di generazione è un indice che varia in base alla ampiezza di tempo che intercorre tra la nascita di un futuro riproduttore e quella dei suoi figli dello stesso sesso oppure, in altri termini si può definire misurando l'età media dei genitori alla nascita dei figli.

Ridurre l'intervallo di generazione è molto importante, ciò ci permette di costituire più rapidamente una generazione filiale migliorata rispetto alla generazione parentale di partenza. La strategia migliore da applicare allo scopo di ridurre al massimo l'intervallo di generazione è dato dall'utilizzo di seme sessato genomico in copertura delle manze da rimonta.

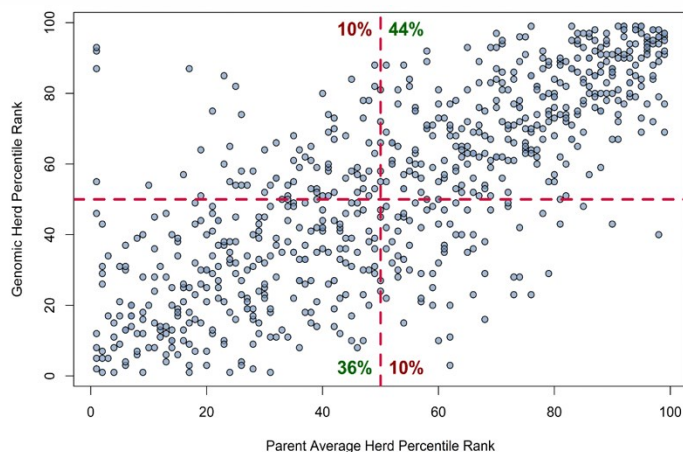
Ridurre ulteriormente questo intervallo risulta impossibile; in quanto non si può sopperire al tempo minimo richiesto per entrare in pubertà e per sostenere tutto il periodo di gestazione.

A fronte di questo aspetto, aumentare notevolmente l'intervallo di generazione rappresenta un aspetto deleterio, che incide negativamente sul progresso genetico.

## 18 Accuratezza della stima

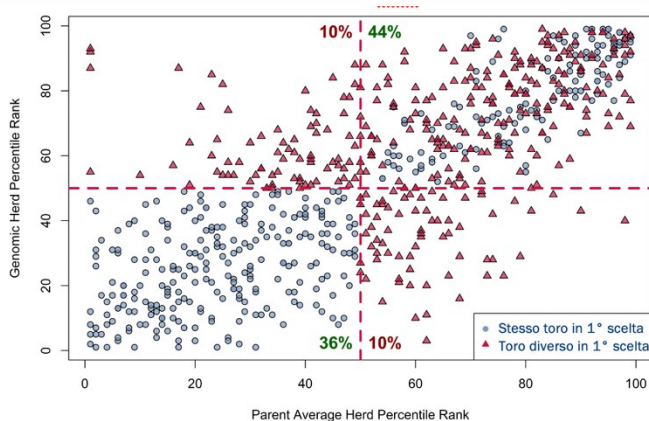
Per aumentare l'accuratezza di stima un allevatore non può fare altro che ricorrere al testaggio dei propri animali, infatti i test genomici permettono di aumentare l'attendibilità dei dati ricavati ed inoltre sono particolarmente utili per mandrie con informazioni limitate sul pedigree.

Abs a tale scopo ha immesso sul mercato dal 2019 il servizio di GENEadvance®, una strategia che permette di svolgere i test genomici sulle femmine al fine di prevederne il valore genetico già in età prematura, migliorando in questo modo l'accuratezza della selezione della rimonta, aiutando a intraprendere delle scelte decisionali più mirate secondo gli obiettivi di selezione ricercati dall'azienda.



Il grafico sovrastante si riferisce a una ipotetica popolazione, nella quale ogni bovina viene contrassegnata da un puntino azzurro, predisposto secondo il valore risultante dal test genomico ed il valore di parent average.

Come si può vedere dal grafico, l'utilizzo del test genomico migliora l'accuratezza della stima, difatti rispetto alla media tra i parentali, si assiste ad una differenza importante pari ad un 20% (somma dei due quadranti 2 e 4 del piano cartesiano), queste differenze conducono all'applicare tecniche di selezione molto diverse tra i due differenti contesti.



Come se non bastasse, l'utilizzo del test genomico applicato su tutta la popolazione applicata, consente di correggere e migliorare l'accuratezza dei programmi dei piani di accoppiamento. L'aumento dell'attendibilità può essere sfruttato per incrementare in modo più sicuro l'intensità di selezione. In questo grafico compaiono dei triangoli rossi, essi rappresentano il cambio di scelta del riproduttore sulla specifica vacca. La modifica del piano di accoppiamento è risultato un passo essenziale da compiersi dopo che è avvenuto il testaggio degli animali, il quale ha permesso di migliorare la valutazione della bontà delle riproduttrici. Il cambiamento della combinazione specifica toro-vacca riguarda naturalmente, come esaminato in precedenza tutti i quadranti 2 e 4, essi rappresentano l'errore di stima durante la scelta delle riproduttrici migliori, allo stesso tempo si può vedere che anche per il quadrante 1 si assiste ad una modesta variazione del toro specifico per l'accoppiamento, sebbene ci troviamo per entrambi i contesti (P.A e Genomic T.) nella parte in cui sono collocate le bovine migliori contenute all'interno della popolazione, questo fenomeno avviene essenzialmente perché avendo stime più accurate sulle nostre bovine, possiamo attribuire con una maggiore precisione il riproduttore perfetto per l'incrocio. nel terzo quadrante viceversa sono raggruppate le bovine con valore genetico più basso, perciò la scelta del toro non cambia essendo destinate con una buona probabilità all'incrocio con toro da carne.

# Capitolo 4

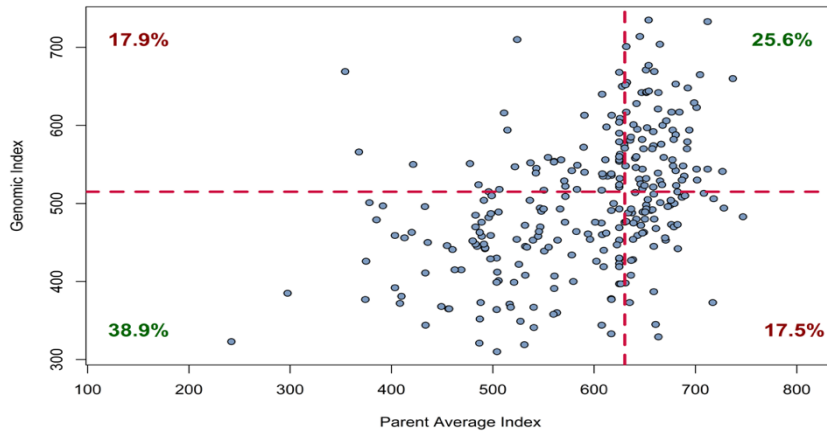
Questo capitolo è stato svolto assieme al dottor Damiano Carretta, genetista presso ABS Global, il quale molto gentilmente ha offerto tre stalle zootecniche italiane, molto rappresentative e ad indirizzo lattiero caseario, dove all'interno delle quali si sono svolte le prove sperimentali.

Tutti gli allevamenti che seguiranno applicano il programma GMS 2.0 di ABS (piano di accoppiamento rafforzato dai test genomici sulle bovine); in accoppiata al programma sexcel e beef in focus (seme sessato e carne) con l'utilizzo esclusivo di tori genomici.

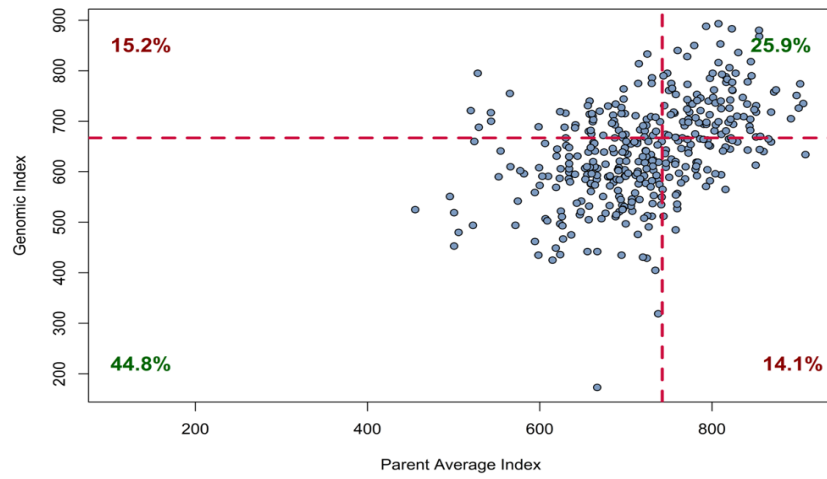
Le stalle per motivi di privacy saranno nominate dalle lettere A, B e C in quanto non è stato dato il consenso per la diffusione di dati personali.

Queste aziende presentano alcune differenze principalmente determinabili in; numerosità dei capi allevati, eterogeneità genetica presente in allevamento e intensità di selezione applicata sulla mandria. Questi tre aspetti principali, come si vedrà in seguito, determineranno differenze significative tra gli allevamenti, tuttavia lo scopo principale di questo capitolo è quello di esaminare e discutere il significativo miglioramento ottenuto in tutte le aziende tramite l'accoppiata seme genomico in combinazione al testaggio delle bovine. Questa metodica ha permesso di ottenere un importante e significativo incremento genetico.

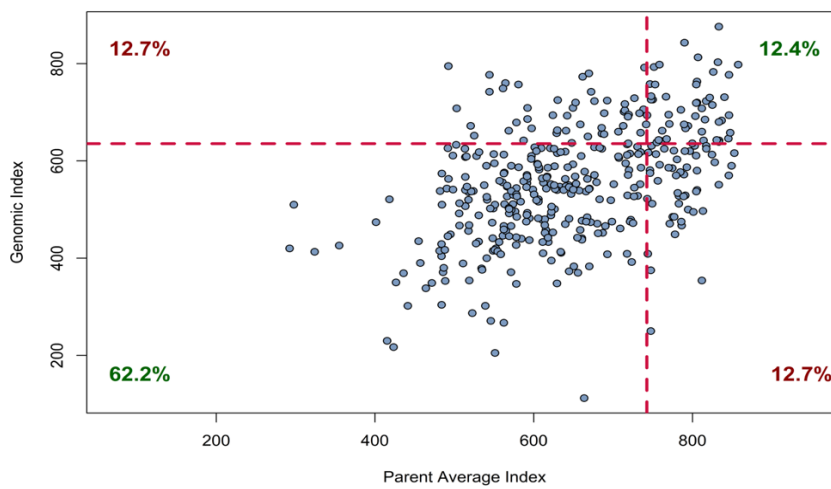
**Parent Average Index vs. Genomic Tested Index  
Showing Selection Threshold at 57% Beef Usage.**



**Parent Average Index vs. Genomic Tested Index  
Showing Selection Threshold at 60% Beef Usage.**



**Parent Average Index vs. Genomic Tested Index  
Showing Selection Threshold at 75% Beef Usage.**

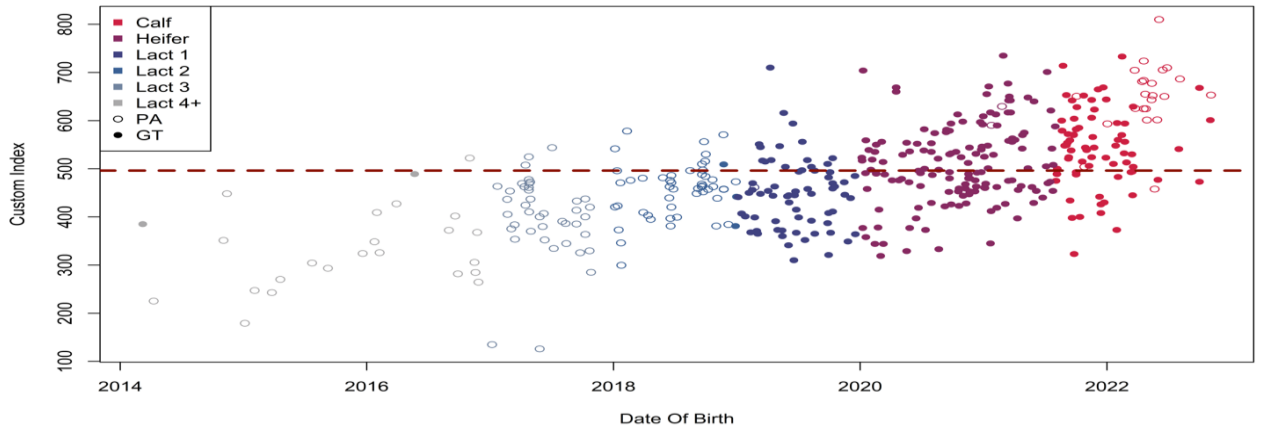


## 19 Confronto tra allevamenti:

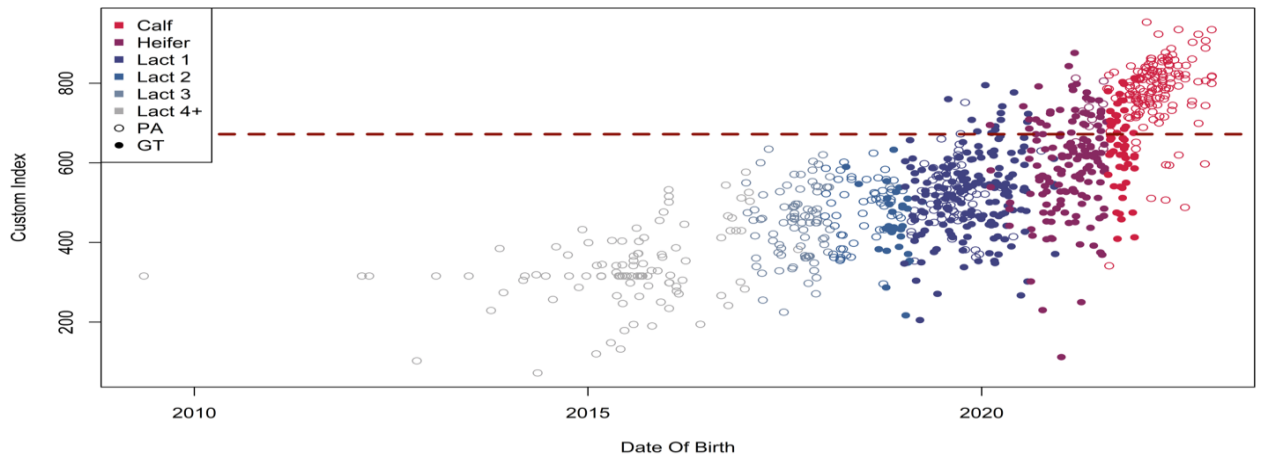
Confrontando le stalle che in ordine A, B e C, si può subito notare una leggera differenza tra gli allevamenti che riguardano in primis la numerosità; stalla A 250 capi (vacche in lattazione, asciutta rimonta), stalla B risulta essere la più numerosa con 350 capi e per finire abbiamo la stalla C con 300 capi. Un secondo aspetto che va analizzato è dato dall'omogeneità degli animali allevati, la stalla A presenta moltissima variabilità all'interno del suo allevamento, a confronto di B e C che sono molto simili, l'omogeneità è inoltre un aspetto molto importante da tenere in considerazione, oltre ad avere maggiori problemi dal punto di vista prettamente gestionale, è molto frequente in ambito genetico l'attestarsi di un aumento della frequenza di varianti trasgressive, che portano ad avere stalle con indici genetici molto più bassi rispetto ad allevamenti con bovine molto omogenee, quasi standardizzate, analizzando le medie dei punteggi, le stalle B e C risultano ancora una volta molto simili, sullo stesso trend mentre la stalla A da questo punto di vista è inferiore.

I grafici inoltre riportano la richiesta di rimonta aziendale, l'allevamento A come anche il B necessitano di inseminare più del 40% delle bovine con seme sessato frisona, destinando la restante quota rappresentata da bovine con una genetica peggiore, alla produzione di meticci da destinare alla vendita. L'allevamento C invece richiede una quota di rimonta molto minore, l'azienda per il 75% delle inseminazioni utilizza tori da carne. L'intensità di selezione applicata in questa azienda è maggiore rispetto alle altre due ma allo stesso tempo come si vedrà sulle conclusioni di questo elaborato, anche la redditività ricavata dalla vendita dei vitelli da carne di questa azienda è sicuramente maggiore. Esaminando ora l'effetto della immissione dei test genomici nei vari allevamenti, possiamo vedere in moto tangibile come questi ultimi abbiano corretto in maniera molto importante, la possibilità di introdurre errori durante la scelta delle bovine migliori. La stalla A grazie al testaggio è riuscita a evitare di introdurre un errore di scelta pari al 35,4%, la stalla B del 29.3 % mentre la stalla c del 25.4%. con l'introduzione di questa pratica, le aziende otterranno benefici tangibili nel breve e lungo periodo, un 30% del piano di accoppiamento basato sul pedigree risulta essere

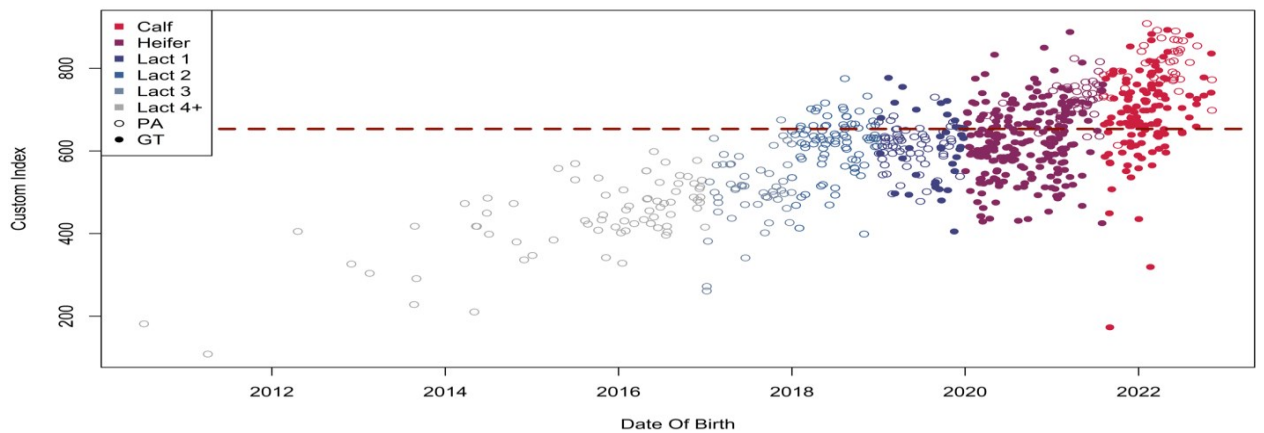
sbagliato, allo stesso tempo i test aumentano l'attendibilità dei nostri dati consentendoci di usufruire di piani di accoppiamento molto più specifici e corretti.



Distribuzione popolazione stalla A



Distribuzione popolazione stalla B



Distribuzione popolazione stalla C



Queste distribuzioni riportano in una modalità differente molto più intuitiva, semplice e ordinata, il processo di miglioramento genetico che si assiste negli anni nei vari allevamenti. I grafici riportano l'evoluzione delle nuove generazioni tramite l'utilizzo di queste nuove tecnologie genomiche.

Come si era già discusso nei capitoli precedenti, questo grafico ci da conferma di come gli animali con indici genetici più elevati siano sempre quelli più giovani, risulta quindi doveroso e intelligente destinare sempre questi ultimi animali alla produzione specifica di nuove generazioni / nuova rimonta interna.

La distribuzione delle bovine avviene in base all'anno di nascita e al loro valore genetico, come si evince dal grafico più andiamo a ritroso negli anni e più la frequenza di animali che troviamo ancora in allevamento diminuisce a seguito della riforma aziendale.

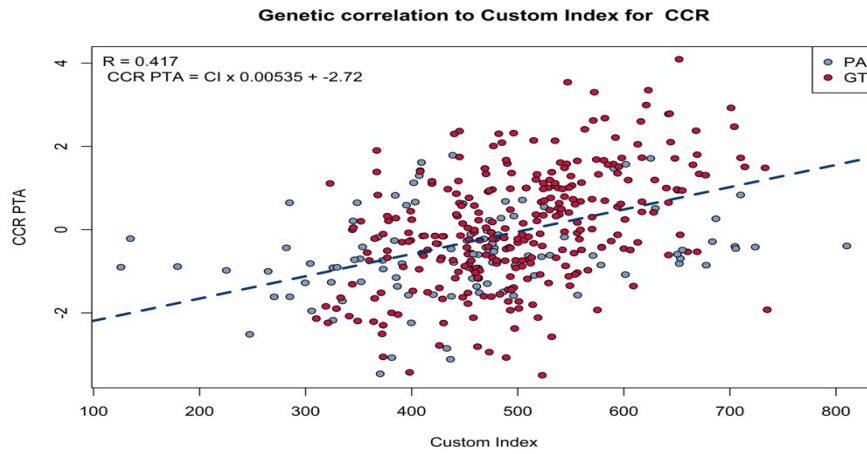
Per ogni anno è stato utilizzato un colore diverso, gli animali che presentano un puntino pieno, sono animali genotipizzati, sui quali si dispongono dei dati molto accurati. I testaggi nelle varie aziende sono partiti tutti nel 2019, all'uscita del servizio di abs genomeadvance; i primi effetti sono tangibili, Infatti, si può ben vedere come l'uniformità intrinseca delle nuove generazioni sia decisamente superiore e qualitativamente migliore rispetto agli anni passati.

L'uniformità è un aspetto molto ricercato, ci consente di avere animali molto standardizzati, molto più facili da gestire ed allo stesso tempo presentano indici genetici molto più alti per effetto di una selezione molto più uniforme e accurata. Volendo analizzare il progredire del miglioramento genetico all'interno delle stalle esaminate, l'allevamento che presenta un progresso genetico più alto è sicuramente la stalla B nella quale è tangibile l'aumento medio della bontà genetica della nuova rimonta allevata, ciò detto risulta essere in contrasto rispetto all'analisi fatta nella pagina pregressa, nella quale veniva descritto l'allevamento C come l'azienda che applica l'intensità di selezione più

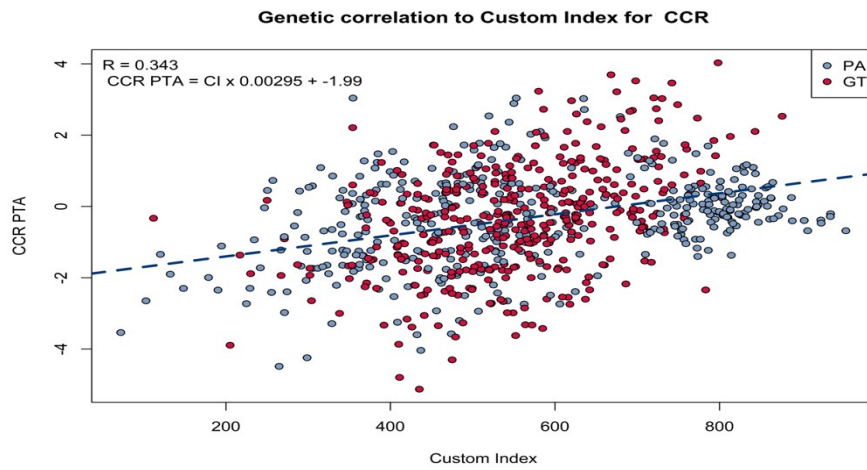
Marcata. Per spiegarne la soluzione bisognerebbe indagare sullo storico aziendale, conoscendo meglio le strategie applicate negli allevamenti, tuttavia questi dati non ci sono concessi e non abbiamo i criteri per trarne giudizio.

Quello che è certo è che la stalla A presenta una varietà genetica molto più alta rispetto alle altre due, inoltre risulta difficile inquadrare un effettivo e tangibile miglioramento genetico degli animali, sicuramente sarà presente ma risulterà essere molto differente rispetto alle altre due stalle, di conseguenza anche l'omogeneità nelle nuove generazioni risulterà sicuramente più bassa.

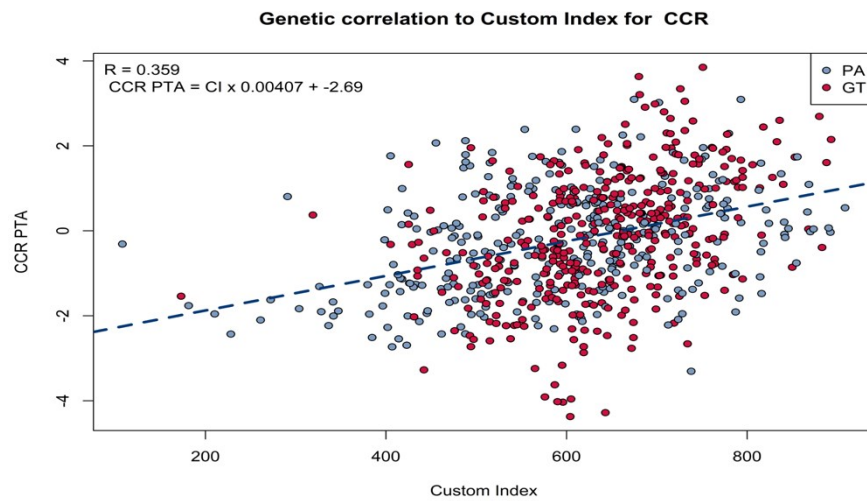
## 20 Risultati PTA sui principali indici di fertilità di interesse zootecnico



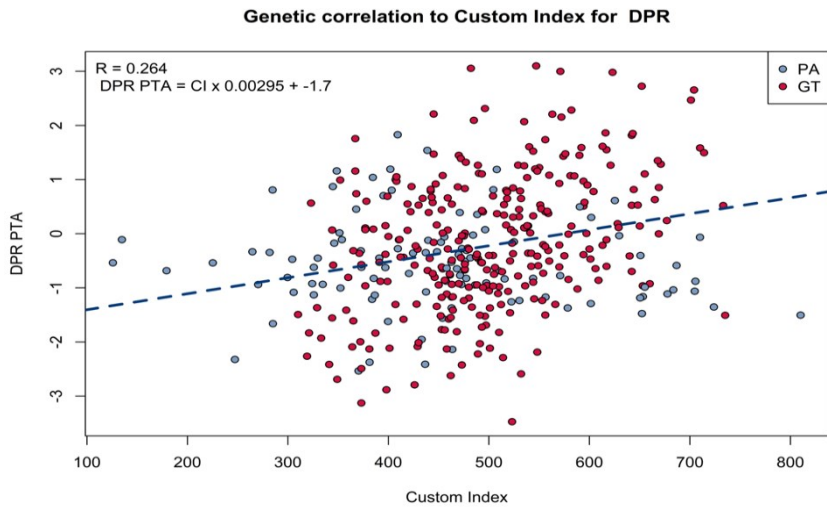
PTA CCR Stalla A



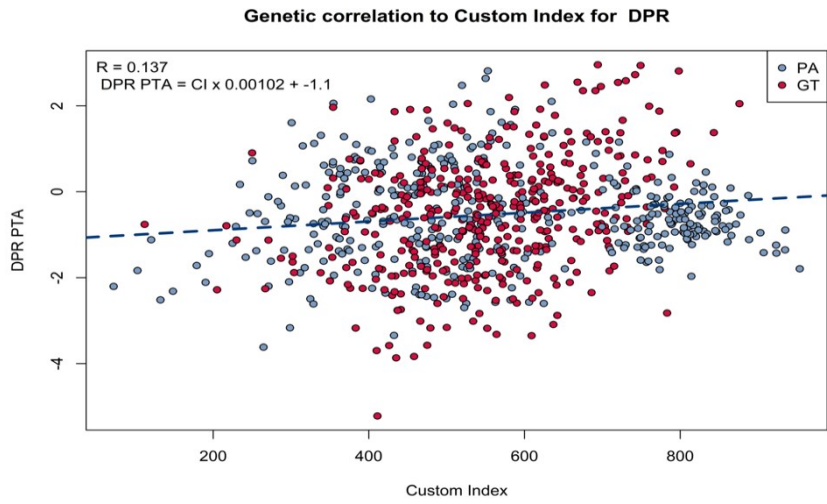
PTA CCR Stalla B



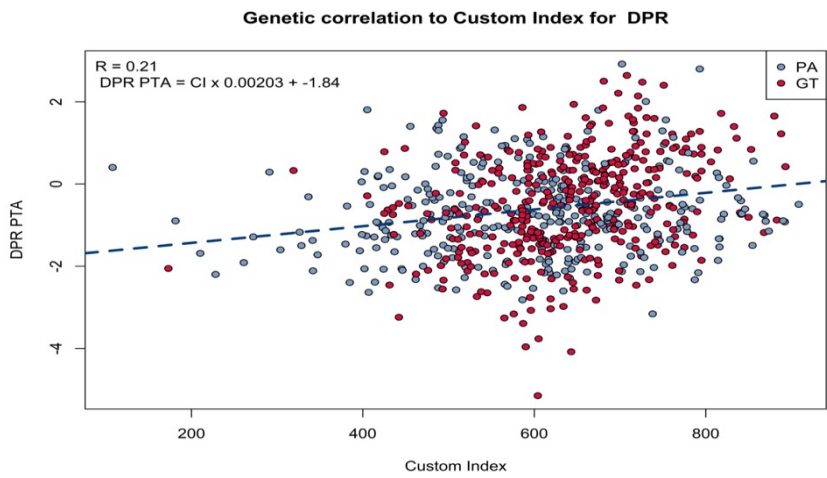
PTA CCR Stalla C



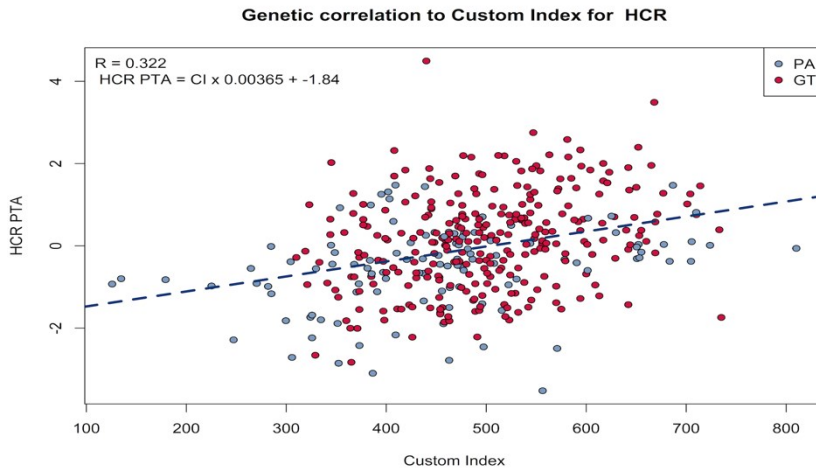
PTA DPR Stalla A



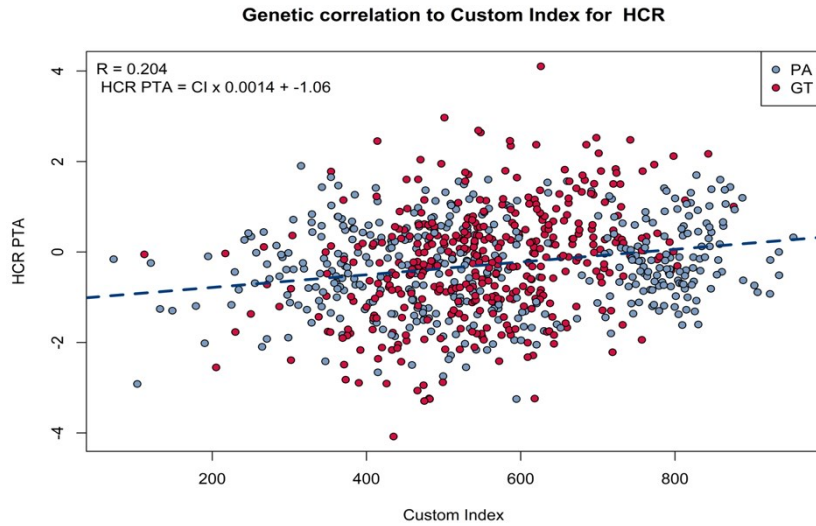
PTA DPR Stalla B



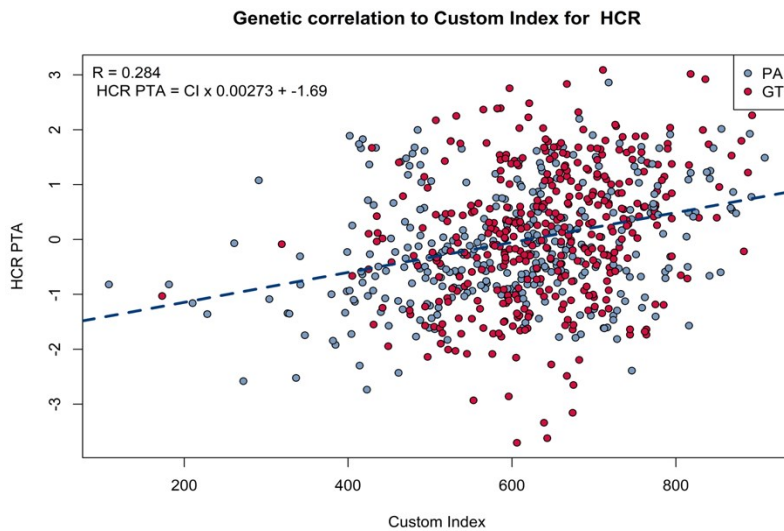
### PTA DPR Stalla C



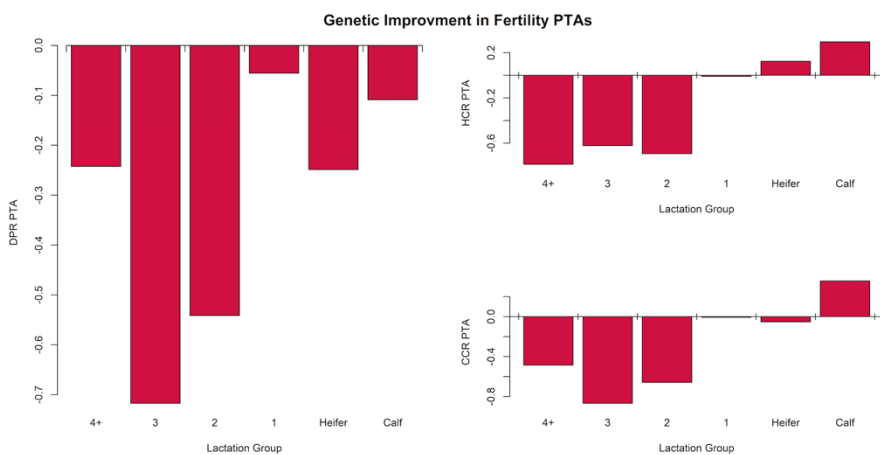
### PTA HCR Stalla A



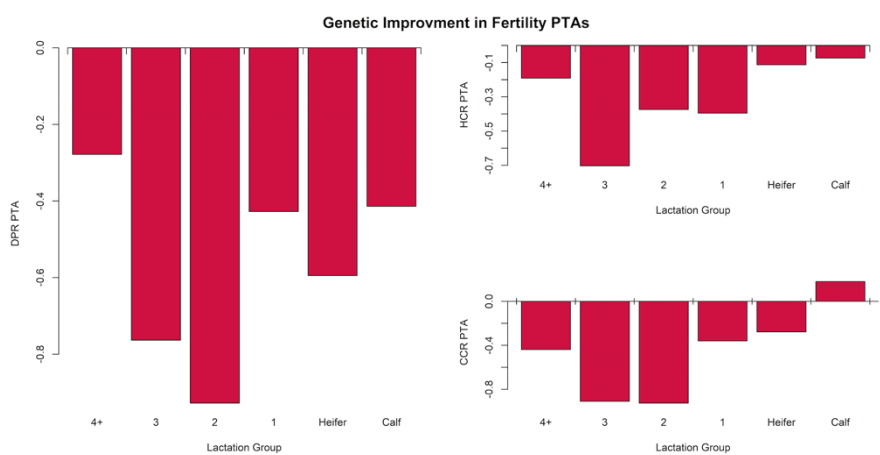
### PTA HCR Stalla B



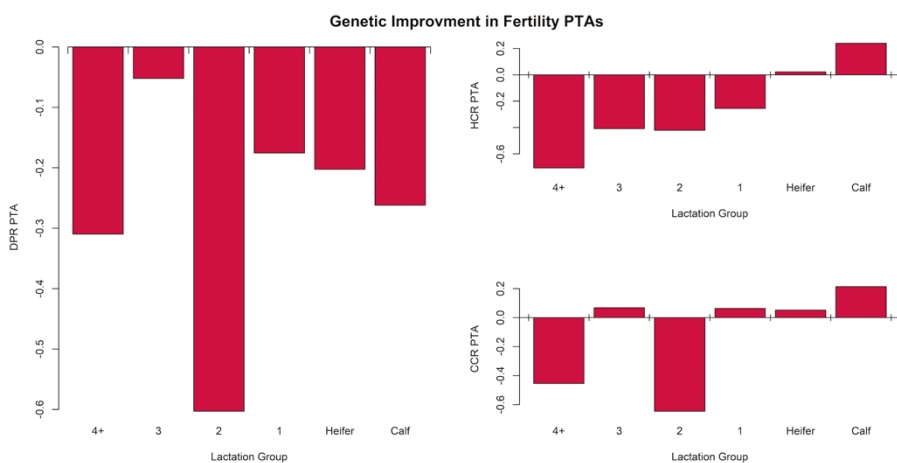
## PTA HCR Stalla C



Istogramma indici fertilità Stalla A

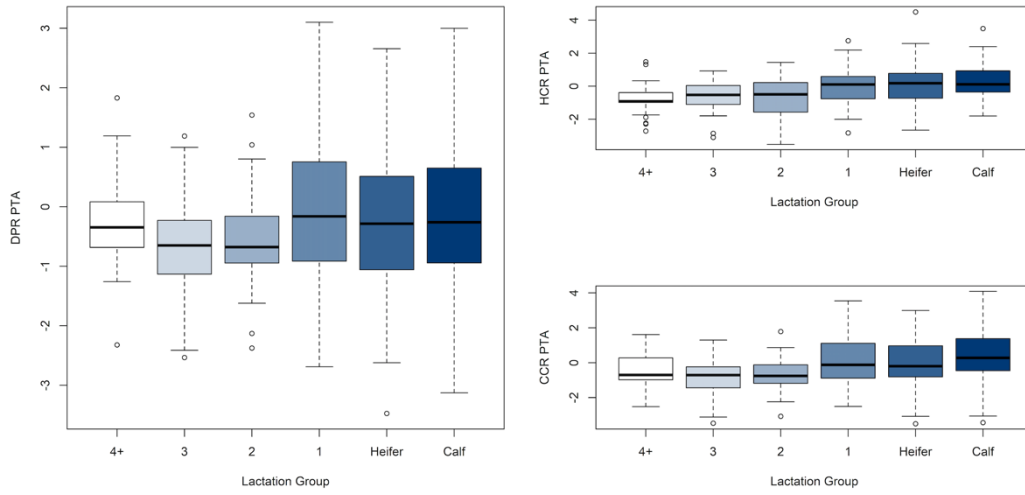


Istogramma indici fertilità Stalla B



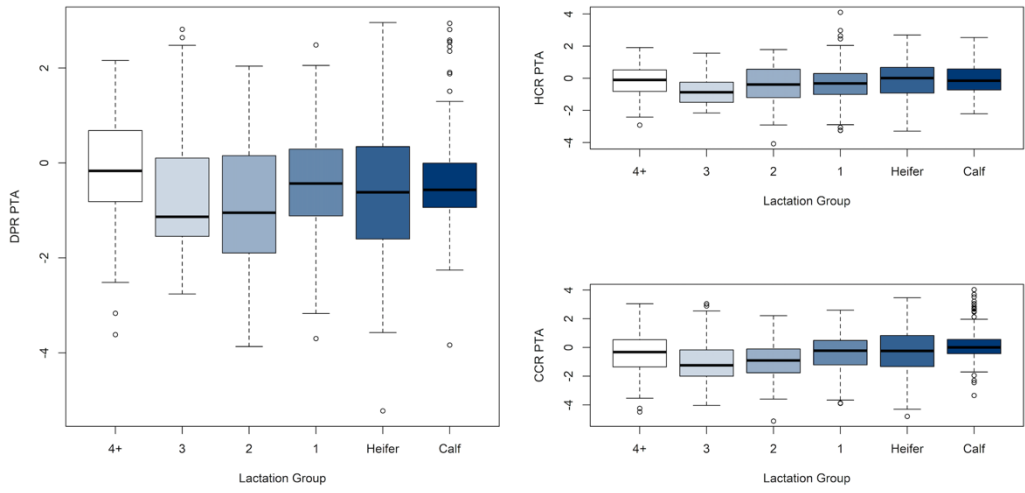
Istogramma indici fertilità Stalla C

Genetic Improvement in Fertility PTAs



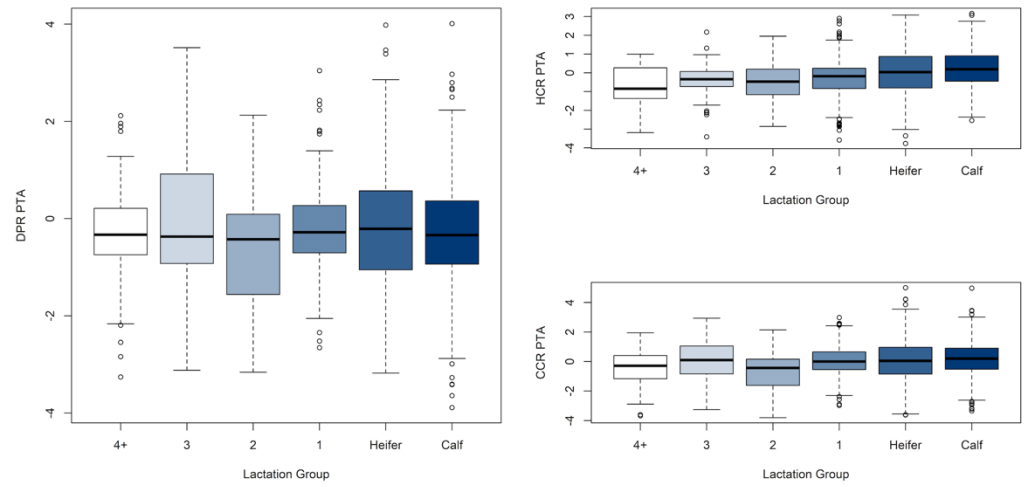
Quartili indici fertilità Stalla A

Genetic Improvement in Fertility PTAs



Quartili indici fertilità Stalla B

Genetic Improvement in Fertility PTAs



Quartili indici fertilità stalla C

Prima di iniziare il confronto tra le tre stalle è necessario effettuare una premessa, è necessario quanto meno descrivere come sono stati ricavati e rielaborati i seguenti dati, dai quali è stato possibile di sviluppare i grafici.

Alla base di tutto vi è l'utilizzo di un software di calcolo (excel nel nostro caso), tramite esso infatti si sono stati sviluppati tutti i grafici riportati in questo capitolo (correlazioni, istogrammi e quartili).

Tutti i dati genetici degli animali sono stati digitalizzati, per quanto riguarda gli animali più giovani che sono già stati sottoposti al testaggio, le analisi sono già in formato digitale e quindi prontamente elaborabili, mentre per gli animali più anziani su cui non è stata eseguita l'analisi del genoma, i risultati vengono ricavati secondo metodica tradizionale, ovvero il pedigree. Il genetista in questo caso ripercorre la discendenza dell'animale in esame e tramite un software specifico (Genetic Palette) è possibile riuscire a determinare le caratteristiche dell'animale, attribuendone valori numerici. Il software in questione esegue aggiornamenti periodici, in quanto i dati grezzi soprattutto quelli dei riproduttori, tendono a smussarsi nel tempo essendo corretti dall'aumentare delle figlie presenti nei vari allevamenti. Allo stesso tempo con l'aumentare degli anni, questi riproduttori possono uscire dal mercato oppure vengono naturalmente surclassati da altri giovani torelli con caratteristiche miglioratrici superiori. questo software genetic palette, tuttavia possiede un sistema di memoria che consente di ricavare dati numerici dai vecchi tori oramai non più in commercio.

Una volta che abbiamo inserito su un normalissimo foglio di calcolo tutti i nostri dati in formato digitale, il gioco è fatto, è necessario successivamente selezionare gli animali di interesse e tramite alcune funzioni dei fogli di calcolo, possiamo ottenere tutte queste rielaborazioni.

Prima di iniziare a discutere dei grafici è giusto precisare che questi risultati sono in funzione del PTA (predicted transmitting ability) o Capacità di trasmissione prevista. Consiste nello stimare la superiorità o inferiorità genetica per un dato tratto che si prevede che un animale possa trasmetta alla sua prole.

In parole differenti consiste nella capacità che ha un animale (nel nostro caso le femmine testate e non) di trasmettere un determinato carattere che in questo caso riguarda la



fertilità, mentre nelle prossime analisi la produttività e longevità. I grafici riguardanti le correlazioni, riportano la popolazione dei 3 allevamenti distribuita secondo le caratteristiche genetiche delle bovine. Come riportano i grafici, abbiamo bovini genotipizzati (più giovani) rappresentati con un cerchio rosso, in abbinata a bovini il cui valore genetico è stato calcolato secondo metodica tradizionale in quanto più anziani.

Dal punto di vista visivo, è ancora una volta ben tangibile come i dati degli animali testati risultino più accurati rispetto a quelli tradizionali, essi infatti presentano una dispersione molto minore.

Passando ad una analisi scientifica, analizzando dal punto di vista statistico i risultati ottenuti, risulta essere sempre positivo il coefficiente di correlazione anche in maniera tenue.

Il coefficiente di correlazione è una misura specifica usata per analizzare se due variabili risultano essere correlate tra di loro, ma anche in che maniera esse lo sono. Il coefficiente di correlazione (siglato con la lettera  $r$ ) è un valore privo di unità di misura e risulta compreso in un intervallo tra -1 e 1, con più il valore che assume  $r$  tende a zero, con più questa correlazione di tipo lineare è debole.

- Nel caso in cui  $r$  assume valore positivo, possiamo affermare che la correlazione è senz'altro positiva, le due variabili in esame tendono ad aumentare in parallelo.
- Qualora  $r$  assuma un valore negativo, possiamo invece affermare che la correlazione è negativa, di conseguenza all'aumentare di una variabile l'altra obbligatoriamente decresce.
- Valori di  $r$  compresi tra 1 e -1 vengono indicate come correlazioni perfette e nel mondo reale, con estrema fatica esse tendono a manifestarsi. In questi casi le variabili correlate cambiano direzione con la stessa velocità.

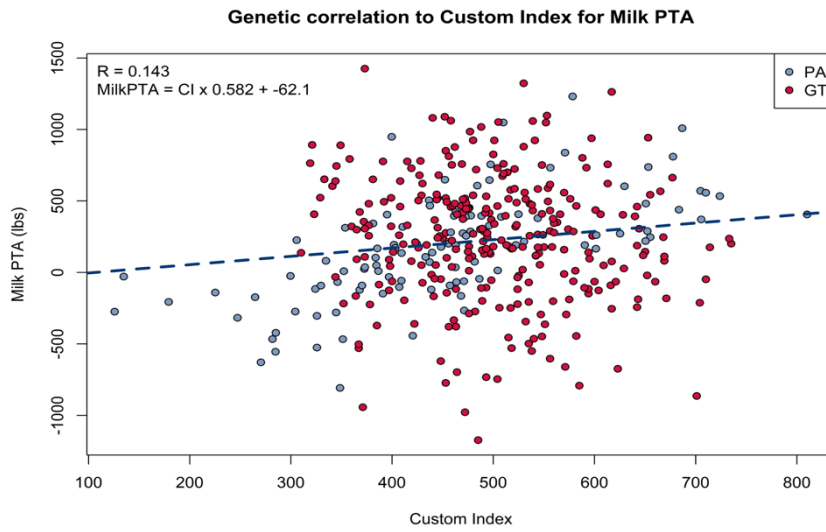
Prima di iniziare ad analizzare i dati dei grafici è giusto definire per che cosa codificano le sigle riportate; il CCR rappresenta l'acronimo di cow Conception rate, ovvero il tasso di concepimento quando le giovani manzette saranno vacche in lattazione, si definisce come la percentuale di vacche inseminate che rimangono incinte ad ogni servizio.

DPR (Daughter pregnancy rate) tasso di gravidanza delle figlie è definito come la percentuale di vacche non gravide che rimangono incinte durante ogni periodo di 21 giorni.

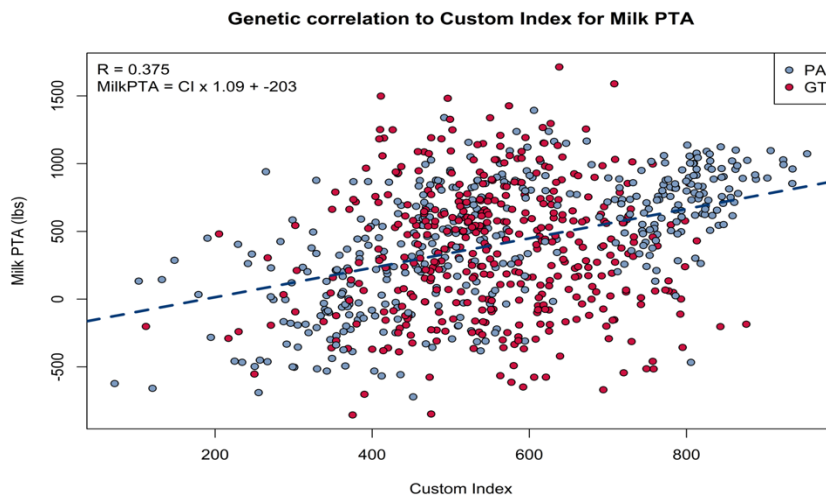
HCR (Heifer conception rate) Tasso di concepimento delle manze, consiste nella capacità di concepimento di una manza vergine, si determina come la percentuale di manze inseminate che rimangono incinte ad ogni servizio. La fertilità è una tematica molto conosciuta nel vocabolario dell'allevatore, molto spesso essa viene associata alla redditività. La fertilità può essere intesa come ponte legante tra l'aspetto produttivo e quello riguardante la longevità(sostenibilità), infatti un'ottima fertilità assicura una % di gravidanza per l'animale maggiore, di conseguenza (salvo altri casi gestionali) una persistenza maggiore per l'animale in stalla, ma non solo, una buona fertilità permette anche di ridurre il periodo parto concepimento, abbassando i costi di produzione e allo stesso tempo aumentandone la produttività.

Analizzando gli indici delle 3 stalle possiamo dire che un leggero trend di miglioramento si sta attestando in tutte le stalle e su tutte le nuove generazioni, tuttavia l'incremento genetico maggiore si sta verificando per la stalla A. Analizzando le correlazioni per tutte le stalle e tutti gli indici di fertilità, troviamo coefficienti di correlazione leggermente positivi, questo sta a dirci che una leggera correlazione positiva la stiamo avendo tra l'aumento degli indici di fertilità teorici (genetici) e nella fertilità in stalla. Anche se i valori risultano bassi, bisogna considerare che l'errore di base è abbastanza elevato (una parte delle bovine è esaminata su base test e una parte su base pedigree), perciò il riuscire a determinare altre cause che possono spiegarci l'errore presente risulta essere difficoltoso.

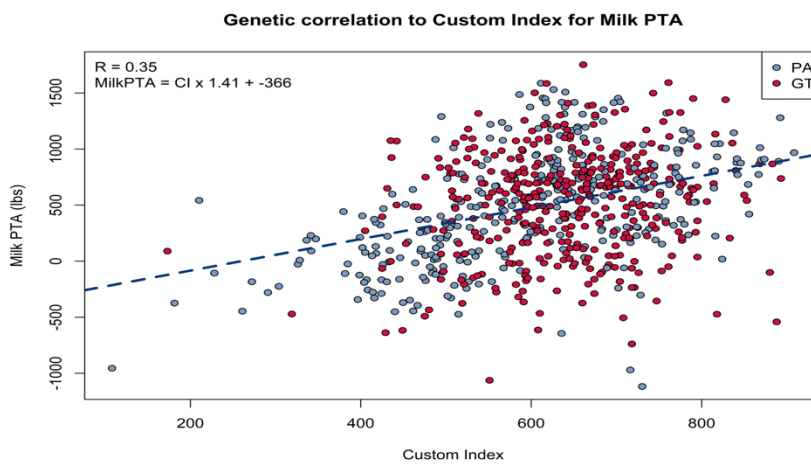
## 21 Risultati PTA sui principali indici latte di interesse zootecnico



PTA latte Stalla a

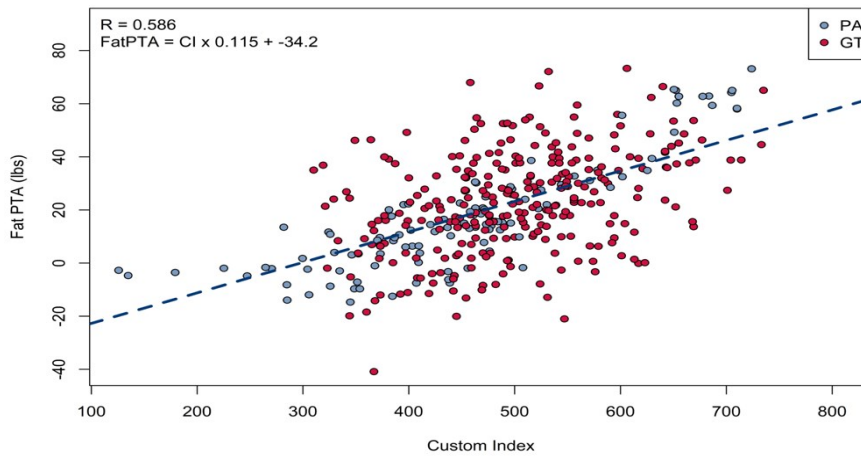


PTA latte Stalla B



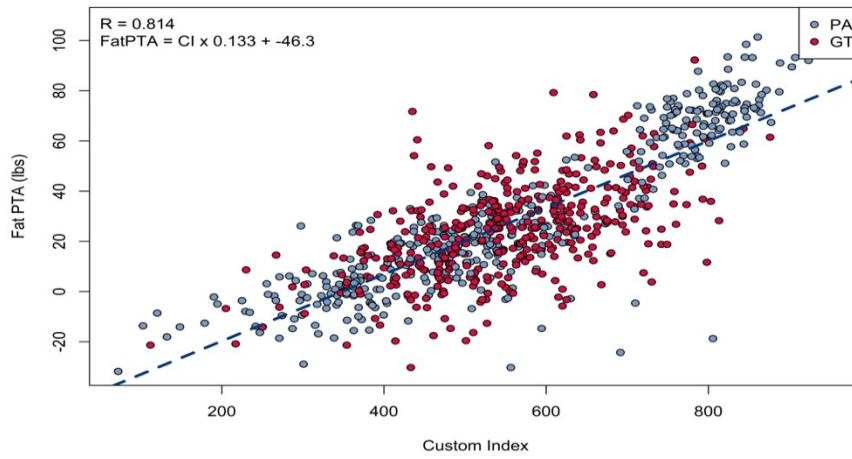
PTA latte Stalla C

Genetic correlation to Custom Index for FatPTA



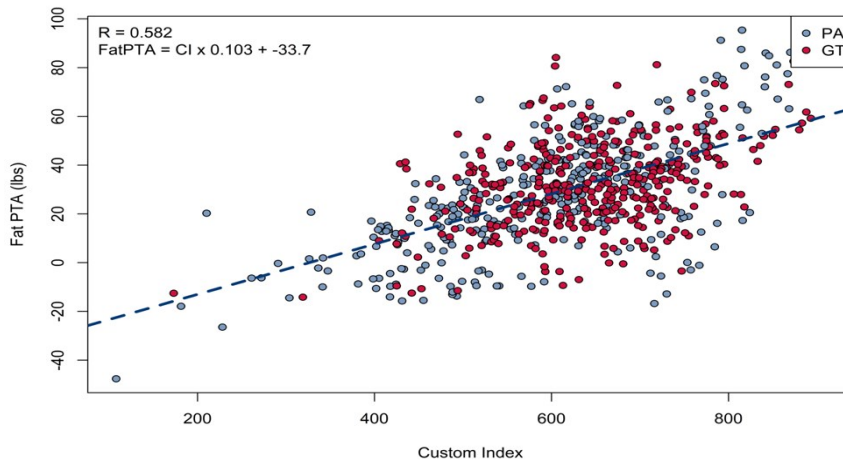
PTA grasso Stalla A

Genetic correlation to Custom Index for FatPTA

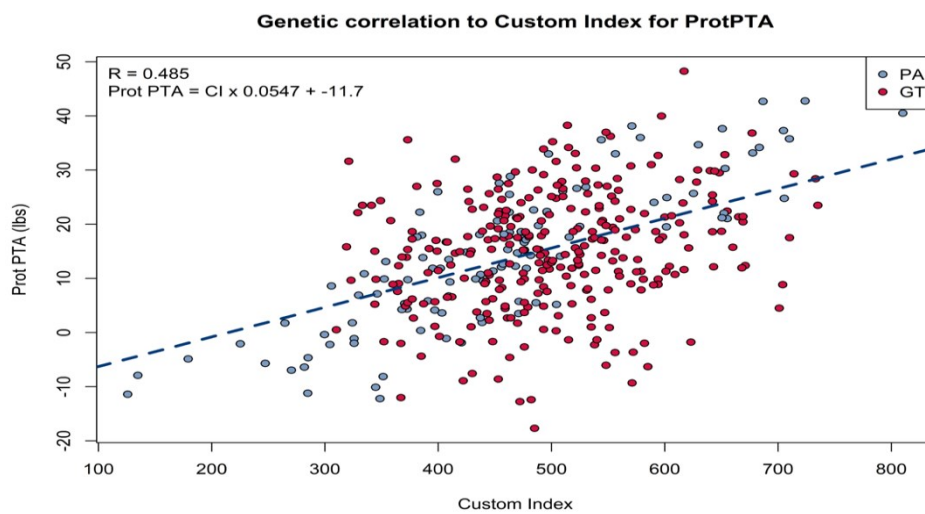


PTA grasso Stalla B

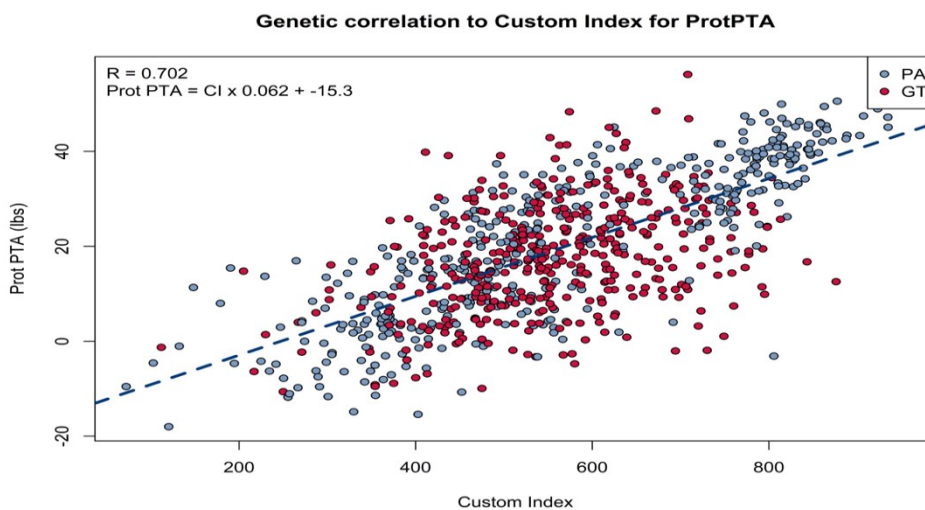
Genetic correlation to Custom Index for FatPTA



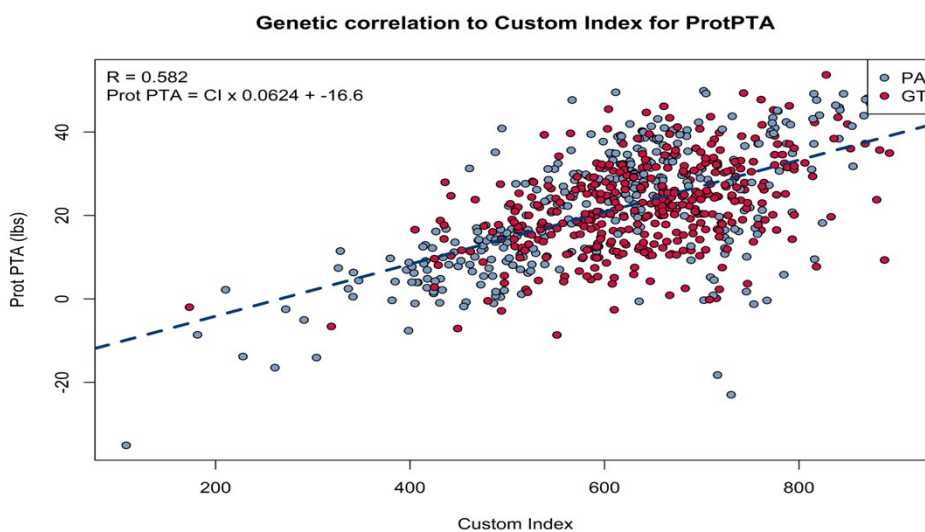
PTA grasso stalla C



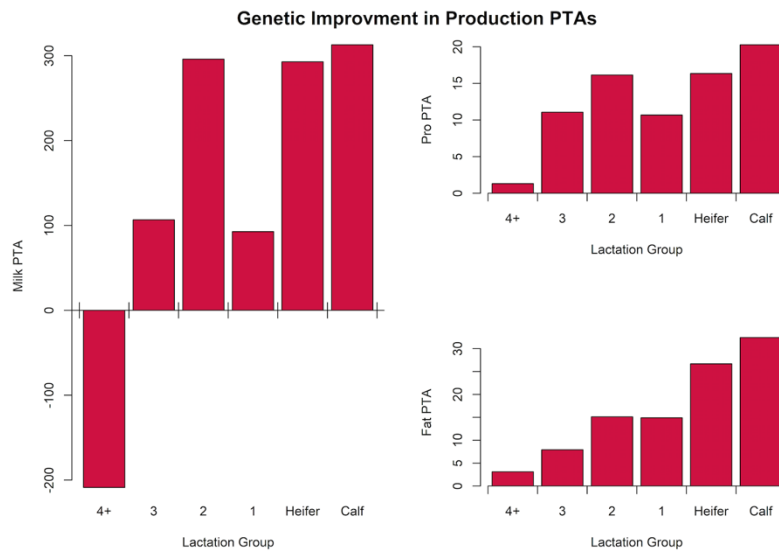
PTA proteina Stalla A



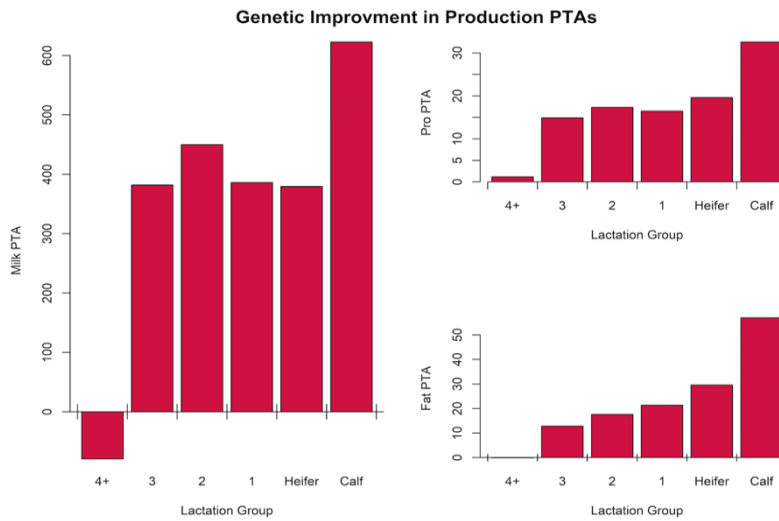
PTA proteina Stalla B



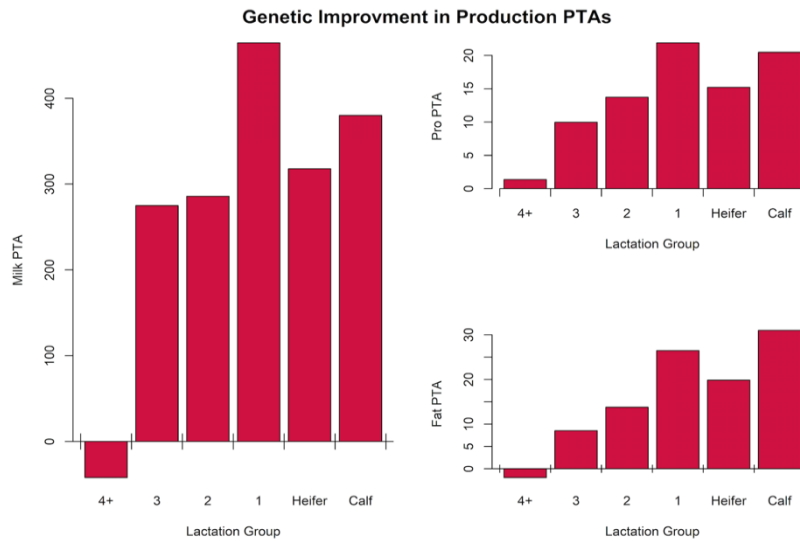
PTA proteina Stalla C



### Istogramma Indici latte Stalla A

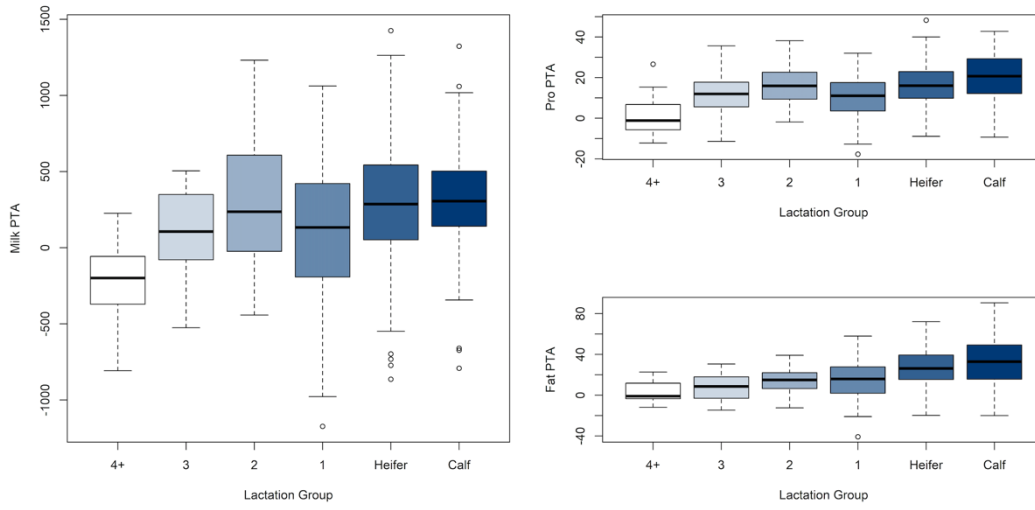


### Istogramma indici latte Stalla B



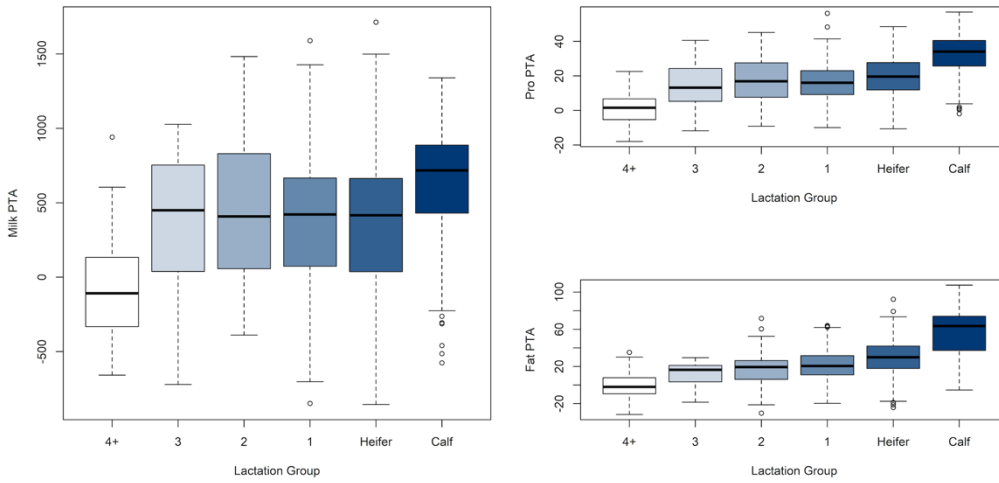
### Istogramma indici latte Stalla C

### Genetic Improvement in Production PTAs



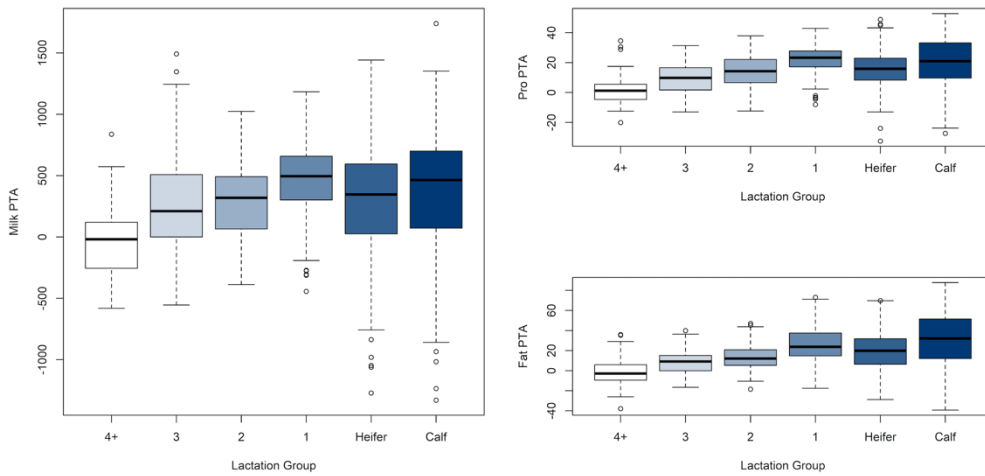
### Quartili indici latte Stalla A

#### Genetic Improvement in Production PTAs



### Quartili indici latte Stalla B

#### Genetic Improvement in Production PTAs



### Quartili indici latte Stalla C

Qui di seguito si andrà invece ad analizzare e discutere la sezione riguardante la produzione qualitativa e quantitativa del latte, la voce principale che compone le PLV aziendali degli allevamenti zootecnici italiani specializzati nella produzione di latte.

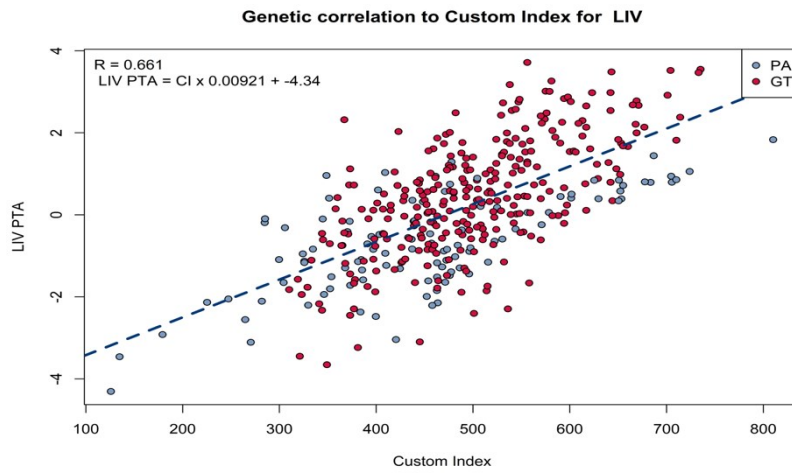
Lo sviluppo e rielaborazione dei dati genetici effettuati su ogni singola bovina, anche in questo contesto, rispecchiano esattamente il procedimento descritto in precedenza, tuttavia guardando con attenzione il coefficiente di correlazione, dei grafici milk, prot e fat; essi risultano estremamente più elevati e positivi. In questi contesti la correlazione è molto alta; l'indice latte tuttavia risulta essere quello statisticamente meno correlato (incremento teorico e effettivo aumento in stalla), anche se analizzando il contesto nel lato pratico, questo indice presenta già di base una elevatissima variabilità presente tra i vari genotipi (ciò non si verifica con proteine e grassi i quali presentano valori quasi costanti), allo stesso tempo è anche presente una forte dipendenza per altri input molto importanti come la gestione e management aziendali, la mungitura e il numero di lattazioni della bovina.

Tornando a discutere degli indici grasso e proteine, per questi settori troviamo variabilità che si attestano a decimali di punto, la composizione del latte a grandi linee è fatta in questo modo, per avere grosse variazioni che portano ad intervalli di differenze importanti superiori anche al punto, si presentano in questo contesto differenze di razza. A fronte di ciò questa correlazione statisticamente positiva e ben spiegata era già attesa.

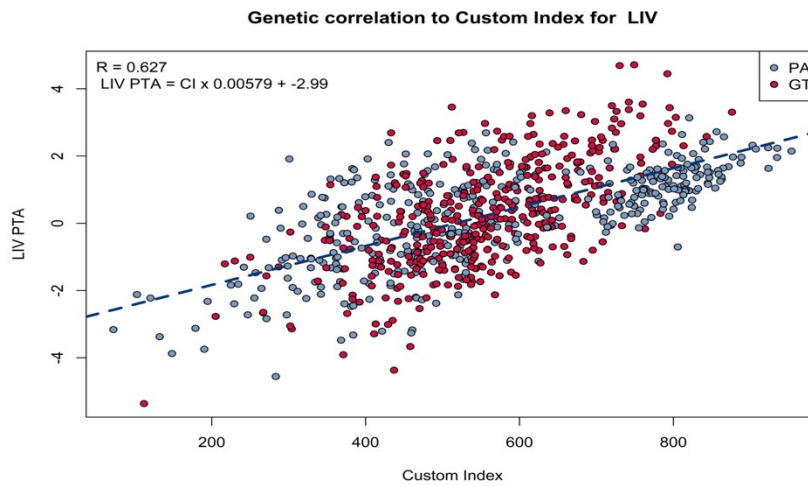
Dando uno sguardo a istogrammi e quartili risulta facile commentare come in tutte le tre differenti stalle, negli ultimi anni si è assistito ad un incremento positivo e molto abbondante della produzione lattifera, anche sotto aspetto qualitativo, ad ogni anno che trascorre la produttività delle aziende aumenta.



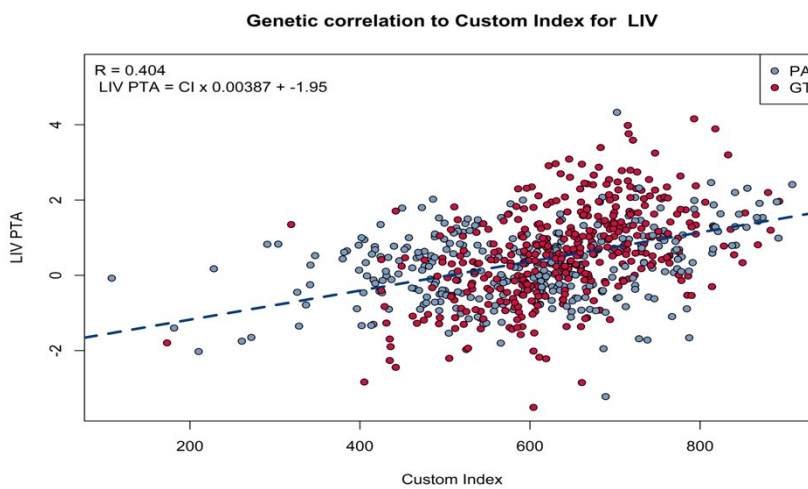
## 22 Risultati PTA sui principali indici salute di interesse zootecnico



### Vivibilità vacca Stalla A

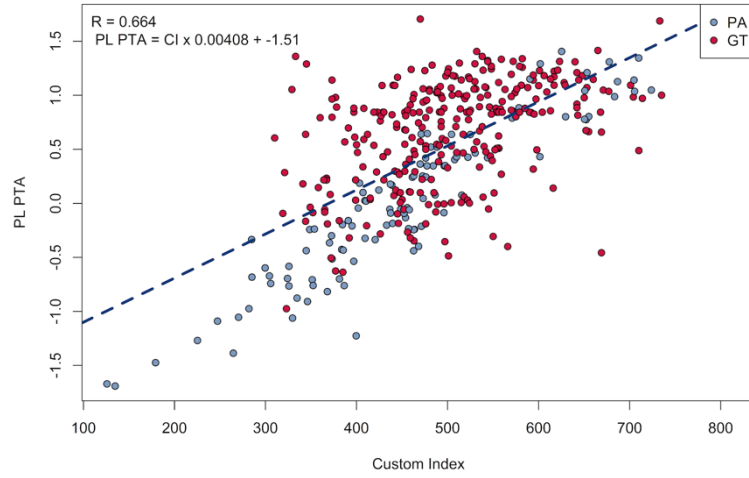


### Vivibilità vacca Stalla B



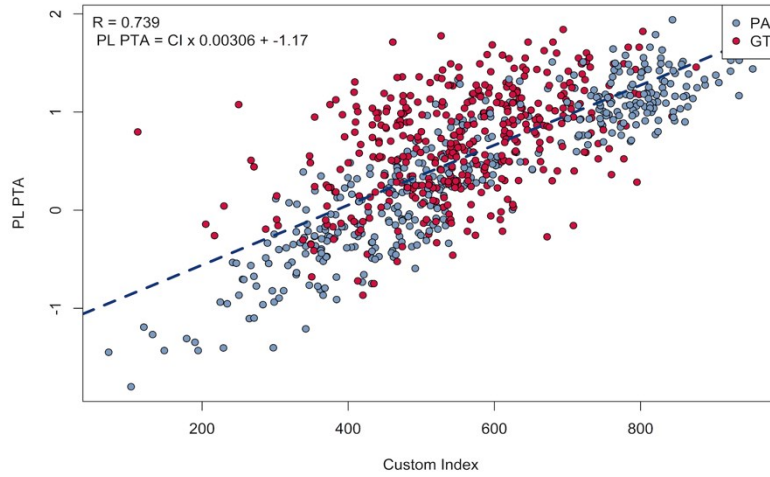
### Vivibilità vacca Stalla C

Genetic correlation to Custom Index for PL



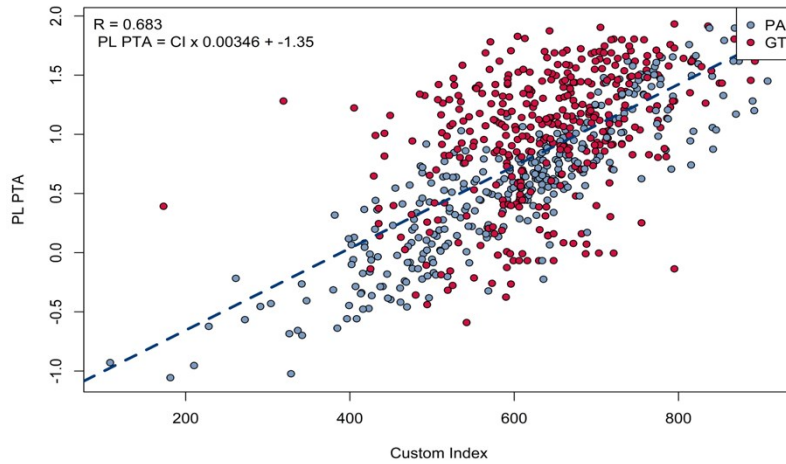
### Vita produttiva Stalla A

Genetic correlation to Custom Index for PL

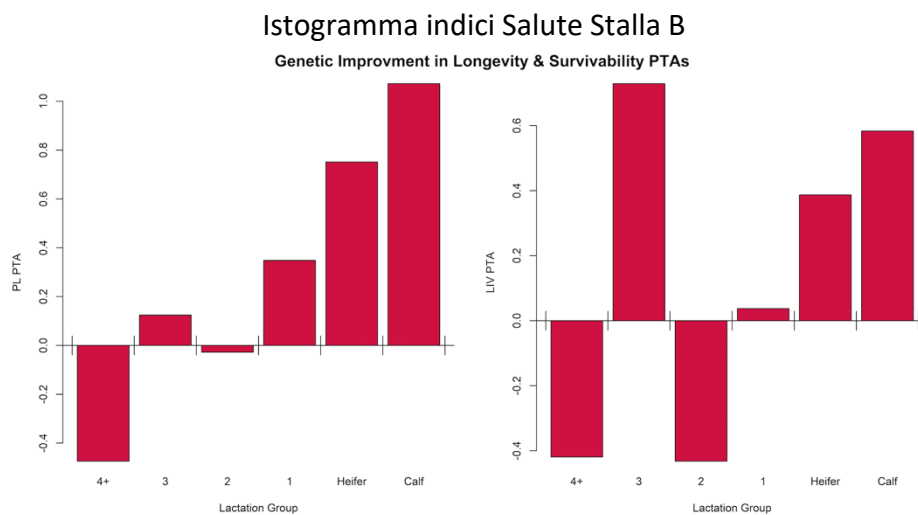
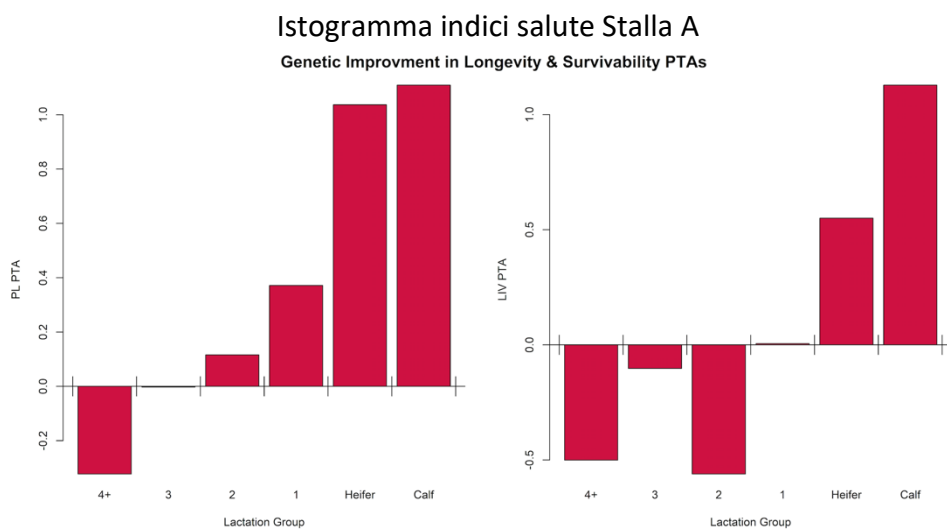
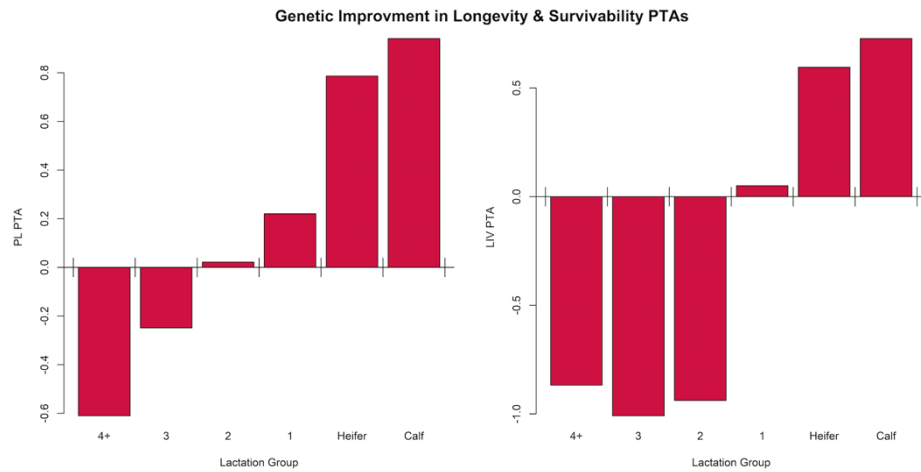


### Vita produttiva Stalla B

Genetic correlation to Custom Index for PL

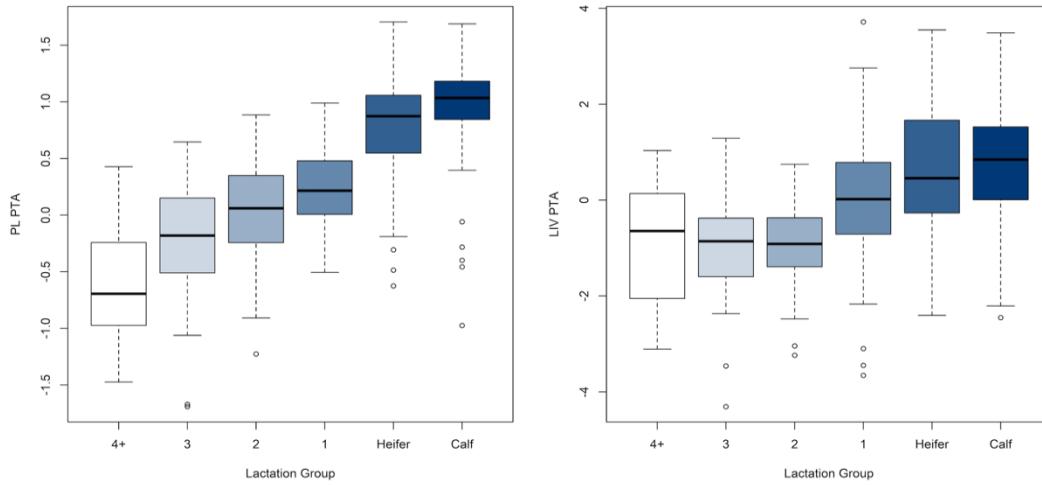


### Vita produttiva Stalla C



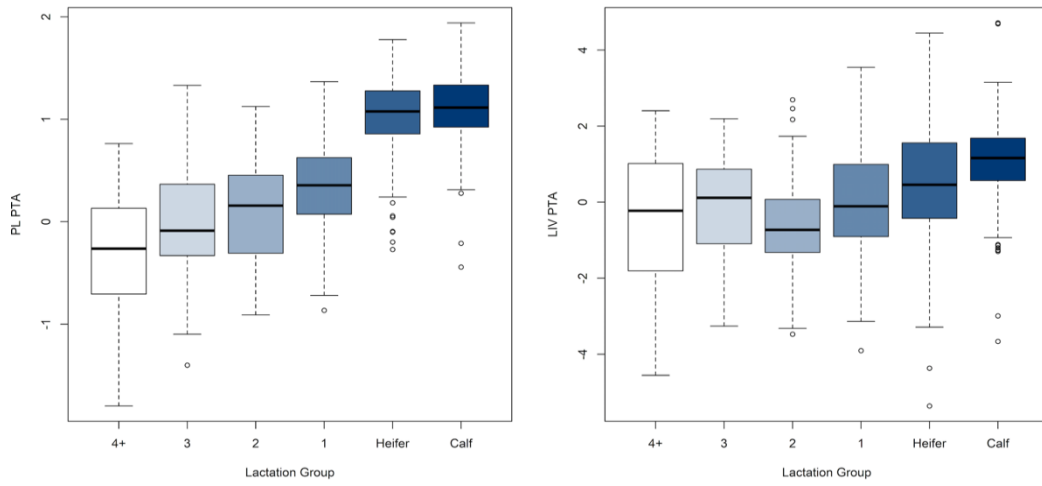
Istogramma indici salute Stalla c

### Genetic Improvement in Longevity & Survivability PTAs



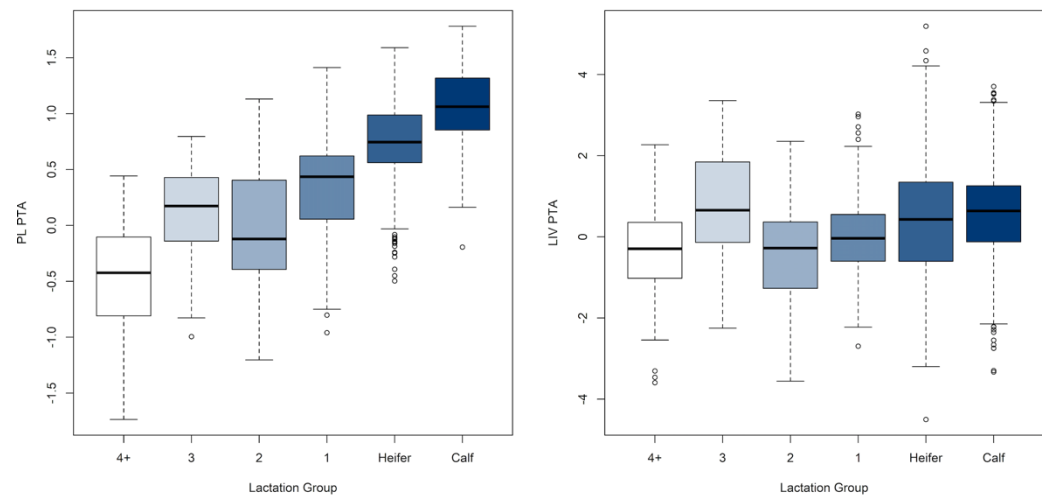
### Quartili indici salute Stalla A

#### Genetic Improvement in Longevity & Survivability PTAs



### Quartili indici salute Stalla B

#### Genetic Improvement in Longevity & Survivability PTAs



### Quartili indici salute Stalla C

Arrivando all'ultima analisi ma di certo non ultima per importanza che andremo a commentare, ovvero l'indice salute. La salute degli animali negli ultimi anni rappresenta sempre più un tema caldo per gli allevatori, la figura sociale del consumatore che si è diffusa nel tempo iniziando ad informarsi e ad essere sempre più partecipe e intransigente sulla qualità di vita degli animali negli allevamenti zootecnici, oggi tramite il benessere animale, richiede determinate condizioni che devono essere garantite alle bovine durante la loro vita.

Il benessere animale, che molto spesso innervosisce gli allevatori, tuttavia risulta essere un step molto importante che nel tempo ha permesso di guardare con occhi diversi l'intero sistema produttivo, traendone vantaggio nel riuscire ad aumentare la durata media negli allevamenti delle bovine tutelando principalmente sotto l'aspetto sanitario.

Gli indici trattati in questa parte sono PL (produttive live) vita produttiva che si misura come il numero totale di mesi produttivi che posso aspettarmi dalle figlie di un determinato incrocio nel corso della loro vita. L'aumento della persistenza in stalla di una bovina, ci permette di ricavare un quantitativo di latte nel lungo periodo molto elevato, allo stesso tempo una redditività più elevata.

Ogni allevatore vorrebbe che i loro capi non lascino l'allevamento durante la fase improduttiva o addirittura ancora prima del pareggio economico per non ricavarne una perdita secca, tuttavia spesso capitano situazioni del genere e questo indice di selezione può essere una garanzia in più.

Un altro indice salute molto importante è il LIV (Cow Livability) vivibilità della bovina. Questo indice misura la capacità della vacca di rimanere in vita all'interno della mandria. Analizzando le tendenze statistiche e gli istogrammi con quartili, possiamo dire con certezza che la correlazione tra incremento genetico teorico che trasmettiamo nelle nuove generazioni e risultati in allevamento, riportano alta correlazione e quindi significatività. Analizzando tutte le stalle, si evince che ad ogni anno si assiste ad un miglioramento della mandria grazie alle nuove generazioni più performanti. Analizzando le stalle nel loro complesso a parte la differenza di base sui valori genetici medi e le intensità di selezione, che cambiano da azienda ad azienda, abbiamo visto che le

tendenze di miglioramento grazie al testaggio degli animali sono immediate e tangibili, sicuramente la genomica che attualmente in alcune aziende è il presente, diventerà via via il futuro su cui incentrare il proprio allevamento zootecnico.

# Capitolo 5

## 23 conclusioni

per concludere questo elaborato di tesi magistrale, bisogna effettuare un'ultima considerazione, valutare se anche da un punto di vista economico la nuova frontiera della genomica può risultare economicamente sostenibile per gli allevamenti zootecnici italiani.

Quando si tratta di prendere una qualsiasi decisione che impatti sul bilancio aziendale, un imprenditore ci si ritrova sempre a dover valutare numerosi fattori personali, tecnici ed economici.

Tra tutti, fondamentale da considerare è senza dubbio se, quando e quanto sarà il Ritorno Economico sull'Investimento o ROI (acronimo inglese di Return On Investment), ovvero il profitto derivante dal capitale investito.

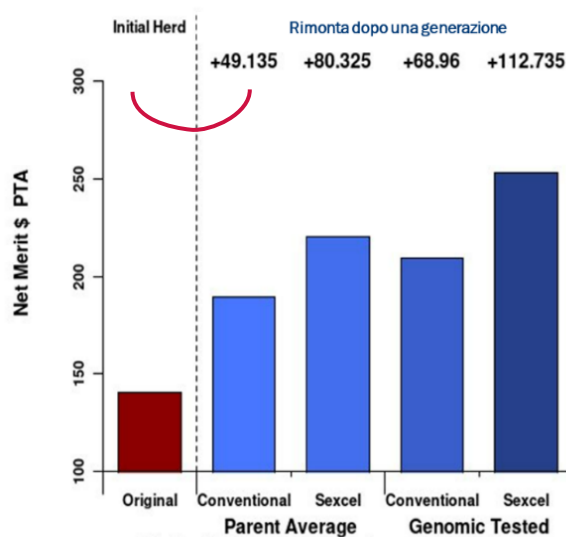
Possiamo e dobbiamo utilizzare questo importantissimo indicatore di redditività quando ci chiediamo se valga la pena o meno cambiare strategia di fecondazione, come ad esempio passare dal seme convenzionale all'uso esclusivo di seme sessato e da carne, o affidare il servizio di fecondazione a terzi, o ancora capire quando e quanto convenga fare i test genomici sui propri animali.

ABS dispone di strumenti in grado di calcolare il ROI per ciascun allevamento in termini di selezione genetica, ovvero risulta possibile dimostrare il valore che diverse combinazioni di attendibilità dei dati in aggiunta all'intensità di selezione possono modificare dal punto di vista genetico una mandria.

Qui sotto verrà riportato un grafico prodotto e divulgato da ABS, costruito tramite elaborazione dei dati su base statistica estrapolati dal database mondiale ABS.

Per ogni strategia si assisterà ad un incremento medio in punti NET MERIT (trend americano) simile al trend italiano IES.

## 1- STRATEGIA DI FECONDAZIONE CON SEME CONVENZIONALE BASATA SUI DATI DEL PEDIGREE

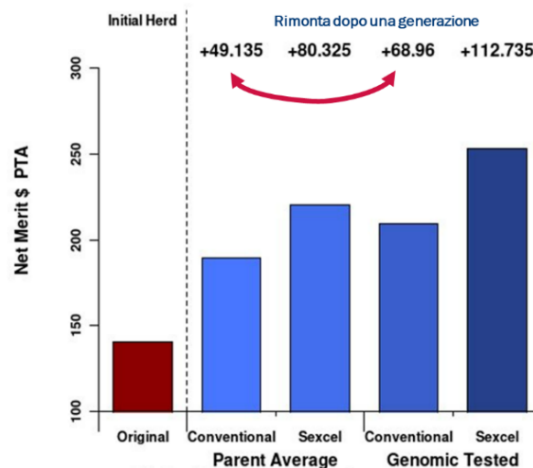


In questo esempio l'allevatore utilizza un piano di accoppiamento basato sui comuni dati di pedigree della mandria, e per ottenere la sua rimonta feconda il 100% della mandria con seme convenzionale.

Questo allevatore riesce a fare progresso genetico ma lo fa in maniera lenta, creando una rimonta migliorata di 49 punti NM\$, non applicando nessuna intensità di selezione (feconda infatti tutta la mandria, e non solo le migliori femmine) né migliorando l'accuratezza dei suoi dati (non fa i test genomici).

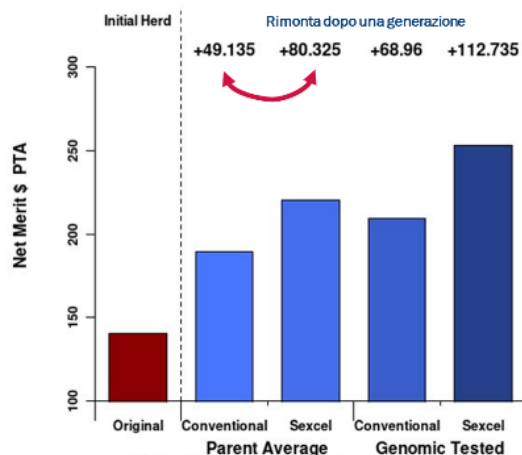
## 2- STRATEGIA DI FECONDAZIONE CON SEME CONVENZIONALE BASATA SUI DATI DEI TEST GENOMICI





Lo stesso allevatore decide di investire in genetica e fra le opzioni che ha a disposizione, sceglie di testare geneticamente i suoi animali, ma continuando a fecondare solo con seme convenzionale. Aggiungendo i test genomici alla sua strategia fecondativa e andando quindi a migliorare solo l'accuratezza dei suoi dati, la sua rimonta di certo migliora rispetto all'utilizzo dei dati del pedigree, guadagnando altri 20 NM\$ (+68.96 NM\$), ma calcolando che i test hanno un costo e che costituiscono una spesa che prima non aveva, quella marginalità sulla mandria di 20 NM\$ si va praticamente ad azzerare ed in conclusione non ha nessun ritorno economico sull'investimento.

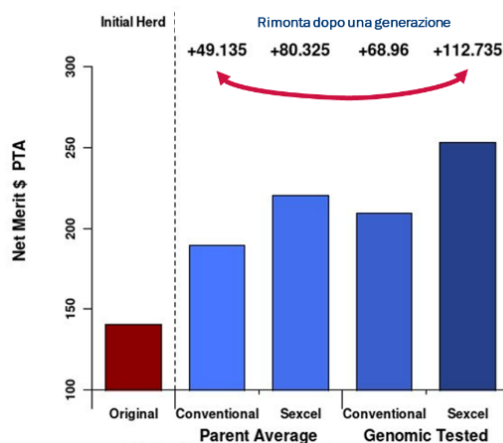
### 3- STRATEGIA DI FECONDAZIONE SESSATO + CARNE BASATA SUI DATI DEL PEDIGREE



Se lo stesso allevatore cambiasse strategia fecondativa ed effettuasse il passaggio ad una strategia Sexcel & Beef, andando cioè a fecondare solo le migliori femmine con seme sessato e tutto il resto con seme da carne (mantenendo praticamente invariata la spesa in seme), aggiungerebbe circa altri 30 NM\$ per rimonta creata (+ 80.325 NM\$), solo grazie all'aumento dell'intensità di selezione e senza la spesa dei test genomici.

Tra le due possibilità di cambio strategia, è chiaro quindi che una strategia sessato\carne sia comunque più profittevole rispetto ad un investimento in test genomici continuando ad usare seme convenzionale. Quello che ABS è in grado di offrire agli allevatori con il GENEadvance, è la combinazione di una strategia Sexcel+Beef e Test Genomici, in quanto si va ad utilizzare la massima accuratezza di stima dei dati derivante dai test per selezionare con certezza quali sono le migliori femmine da fecondare con seme Sexcel, oltretutto con la certezza di impostare accoppiamenti in un piano oltremodo più affidabile.

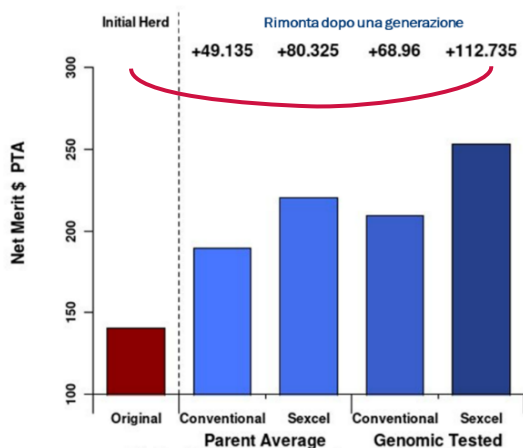
#### 4- STRATEGIA DI FECONDAZIONE SESSATO + CARNE BASATA SUI DATI DEI TEST GENOMICI



Aderendo al servizio GENEadvance, l'allevatore otterrebbe un miglioramento di ben 112.735 NM\$ per rimonta creata, ben 62 NM\$ in più rispetto a quello che forse non sta facendo ora.

Tutto quanto visto finora, presuppone che il nostro allevatore disponga di dati sufficienti e precisi per poter impostare un piano d'accoppiamento.

Se invece lo sesso allevatore, per svariati motivi (animali senza pedigree, nessuna iscrizione all'APA, animali acquistati dall'estero, etc.. non avesse alcun dato per fare un piano d'accoppiamento in questo caso non potrebbe ottenere nemmeno quel miglioramento di base di 50 NM\$ che si avrebbe fecondando tutta la mandria con seme convenzionale con un piano, per cui la sua mandria non riuscirebbe a migliorare geneticamente, ricordando la regola aurea; non si può migliorare con certezza qualcosa che non è misurabile.



Per gli allevatori che non hanno dati e che non possono fare un piano, i test genomici sono quindi l'unico modo per fare progresso genetico ed offrono direttamente un guadagno di +112.73 NM\$!

Concludendo provando a rispondere alla domanda iniziale: genotipizzare conviene?

La risposta è naturalmente dipende; Il maggiore profitto sarà ottenuto senza dubbio abbinando il test genomico a una strategia sesso e carne; ma se non si ha la possibilità di fare questo investimento è consigliabile lasciare da parte la pista del test genomico e

concentrarsi piuttosto su una strategia basata semplicemente su sessato e carne in quanto molto più redditizia.

Riportando un breve bilancio economico dimostrativo basato su quest'ultima metodica sessato + carne, in una stalla di 100 bovine in lattazione con quota di rimonta pari al 30%, si otterrebbero questi risultati:

Tipologia	capi da fecondare	Numero interventi	Totale interventi	Costo dose x intervento	Totale costo	
Sessato su vacche primipare d'elite	10	2,5	25	42 €	1050 €	
Sessato su manze	30	1,2	36	42 €	1512 €	
Seme da carne	75	2,5	188	8 €	1504 €	4066 €

Tipologia	N° vitelli	Peso medio 30 giorni	Valore di mercato	Totale	
Vitello frisona	4	50 kg	1 €	200 €	
Incrocio BB	75	60 kg	3.7€	16650\$€	16 850€

L'azienda in questo caso teoricamente avrebbe una serie di costi diretti pari ad un importo complessivo di 4.066 € necessari per l'acquisto del seme sessato genomico e quello da carne British blue. Utilizzando il prezzario a catalogo di ABS, il seme sessato mediamente presenta un costo di 42 euro, 16 euro per il seme convenzionale e 8 euro per il seme da carne british blue. (Tabellini R E.T *Seme bovino, più ricerca per essere competitivi* 2008). Sebbene il prezzo per dose del seme sessato presenti un costo in media quasi 2,5 volte superiore rispetto al convenzionale, abbinandolo a dosi di seme da carne, il prezzo finale non si innalza drasticamente. Nel caso in cui si utilizzasse solo dosi di seme convenzionale, il totale per i costi diretti sarebbe pari a 3.984 €, di conseguenza la differenza economica ha pressoché irrilevante.

Andando ad analizzare i ricavi della vendita dei vitelli, la strategia sessato-carne risulta essere senza alcun dubbio la più profittevole, determinando per l'allevatore un'altra alternativa importante come fonte di reddito. La vendita di questi incroci, oltre ad avere un peso medio più elevato, riporta un controvalore di mercato decisamente più importante, permettendo di trarne un utile complessivo pari a 16.850 € il quale sottratto poi ai 4066 € determina un ricavo totale pari a 12.784 €, un utile molto importante che non si avrebbe utilizzando solamente la strategia convenzionale, dalla quale otterremo solamente vitelli di razza frisona. Dalla vendita esclusiva di questi vitelli di razza frisona, infatti, l'allevatore ricaverebbe solamente 3.950 € ovvero la compensazione per l'acquisto delle dosi, senza trarne in questo caso nessun extraprofitto.

## Testi di approfondimento

1. BALASINI D., Zootecnica speciale. Principali razze di animali domestici e tecniche di allevamento per le diverse produzioni, Milano Edagricole scolastica, 1990
2. FUSCO R., La frisona italiana, Roma, Anafi edizione agricole, 1990
3. CANAVESI F., Selezione genomica della vacca da latte, dove siamo e dove andiamo, <<Milano, Point Veterinaire Italie, 2016

## Bibliografia

1. Adenaike c, M. El-Komey Shymma a, M.M. El-Gendy a, S.O. Peters b, A.M. Hussein *Genetic evaluation of semen traits in Friesian bulls raised* © 2021 Published by Elsevier Inc.
2. C. Maicas, I. A. Hutchinson, J. Kenneally, J. Grant, A. R. Cromie, P. Lonergan, and S. T. Butler *Fertility of fresh and frozen sex-sorted semen in dairy cows and heifers in seasonal-calving pasture-based herds* © American Dairy Science Association®, 2019.
3. Capoferri R., Galli A., Bongioni G.; LA TRACCIABILITA' GENETICA NELLA FILIERA BOVINA MEDIANTE ANALISI DEGLI SNPs 4th World Italian Beef Cattle Congress, Italy, April 29 th - May 1st, 2005
4. George A. Perry a, , Julie A. Walker a, Jerica J.J. Rich a, Emmalee J. Northrop a, Stephanie D. Perkins a, Erin E. Beck a, Merlyn D. Sandbulte b, Fabiana B. Mokry c *Influence of Sexcel™ (gender ablation technology) gender-ablated semen in fixed-time artificial insemination of beef cows and heifers* © 2020 Published by Elsevier Inc.
5. George R. Wiggans, John B. Cole, Suzanne M. Hubbard, and Tad S. Sonstegard; *Genomic Selection in Dairy Cattle: The USDA Experience*, Annu. Rev. Anim. Biosci. 2017
6. H. Aliloo, R. Mrode, A. M. Okeyo, G. Ni, M. E. Goddard, and J. P. Gibson ; *The feasibility of using low-density marker panels for genotype imputation and genomic prediction of crossbred dairy cattle of East Africa*, Published by FASS Inc. and Elsevier Inc. on behalf of the American Dairy Science Association. 2018.

7. Janskauska A., Johonninson A., Rodriguez-Martinez H.; “ Assessment of sperm quality through fluorimetry, and sperm chromatin structure assay in relation to field fertility of frozen-thawed semen from Swedish A.I. Bulls”; *Theriogenology*, vol.55, issue 4, 1 marzo 2001, pages 947-961;
8. Jennie E. Pryce, Ben J. Hayes, Sunduimijid Bolormaa and Michael E. Goddard; *Polymorphic Regions Affecting Human Height Also Control Stature in Cattle*, 2011 by the Genetics Society of America
9. Jenny E. Pryce<sup>A,B</sup> and H. D. Daetwyler<sup>A</sup> Designing dairy cattle breeding schemes under genomic selection: a review of international research *Animal Production Science*, 2012, 52, 107–114
10. Jud Heinrichs, Coleen M. Jones *Body Condition Scoring as a Tool for Dairy Herd Management* © The Pennsylvania State University 2022
11. L.O. Fiems, S. De Campeneere, W. Van Caelenbergh, J.L. De Boever, J.M. Vanacker *Carcass and meat quality in double-muscléd Belgian Blue bulls and cows* *Meat Science* 63 (2003) 345–352
12. M. Lillehammer, T. H. E. Meuwissen, and A. K. Sonesson *A comparison of dairy cattle breeding designs that use genomic selection* © American Dairy Science Association®, 2011.
13. M. Vestergaard, K.F. Jørgensen, C. Çakmakçia, M. Kargoc, M. Therkildsen, A. Munkb, T. Kristensene *Performance and carcass quality of crossbred beef x Holstein bull and heifer calves in comparison with purebred Holstein bull calves slaughtered at 17 months of age in an organic production system* M. Vestergaard, et al. *Livestock Science* 223 (2019) 184–192
14. Marc Yeste, Mailo Briz, Elisabeth Pinart, Sílvia Sancho, Eva Bussalleu, Sergi Bonet *The osmotic tolerance of boar spermatozoa and its usefulness as sperm quality parameter* *Animal Reproduction Science* 119 (2010) 265–274
15. Tabellini R., Salza G.; “Analisi di mercato – Seme bovino, più ricerca per essere competitivi”, *Agricoltura*, Feb 2008, pg 36-38 Smusiani; “Seme sessato Jersey – Ottenere il meglio con il seme sessato”, Viking Genetics, Ott 2008

# Sitografia

## **ANAFIBJ**

<http://www.anafi.it/>

schede di calcolo indici Frisona e Jesrey

<http://server01.anafi.it/IndiciGenetici/Schede-calcolo-Indici-ITA-2021.pdf>

indici genomici per vacche e manze

<http://www.anafi.it/it/indici-genetici/indici-vacche>

## **RUMINANTIA**

CANAVESI F. *rivoluzione genomica?*

<https://ruminantiamese.ruminantia.it/rivoluzione-genomica> rev. 2 febbraio 2023

CANAVESI F., *scegliere i tori per PFT o TPI*

<https://ruminantiamese.ruminantia.it/scegliere-i-tori-per-lazienda-pft-tpi-o/> rev. 2  
febbraio 2023

CANAVESI F. *strategia di scelta dei tori nell'era genomica*

<https://ruminantiamese.ruminantia.it/strategie-di-scelta-dei-tori-nellera-genomica>  
rev. 2 febbraio 2023

CANAVESI F., *PFT o IES?*

<https://ruminantiamese.ruminantia.it/pft-o-ies/> rev. 2 febbraio 2023

CANAVESI F., *la selezione italiana per qualità del latte*



<https://ruminantiamese.ruminantia.it/la-selezione-italiana-per-la-qualita-del-latte/>

rev. 2 febbraio 2023

#### **Informatore zootecnico:**

MATTIACCIO M., *il miglioramento genetico non si ferma,*

[https://informatorezootecnico.edagricole.it/wp-content/uploads/sites/15/2015/03/IZ-](https://informatorezootecnico.edagricole.it/wp-content/uploads/sites/15/2015/03/IZ-2015-06-PP.pdf)

[2015-06-PP.pdf](https://informatorezootecnico.edagricole.it/wp-content/uploads/sites/15/2015/03/IZ-2015-06-PP.pdf), rev. 2 febbraio 2023

MARUSI M., *da anafi: IES, nuovo indice di selezione*

<https://informatorezootecnico.edagricole.it/bovini-da-latte/anafi-ies-indice->

[selezione/#:~:text=La%20scala%20dello%20ies%20oggi,evidenziano%20valori%20sui%](https://informatorezootecnico.edagricole.it/bovini-da-latte/anafi-ies-indice-selezione/#:~:text=La%20scala%20dello%20ies%20oggi,evidenziano%20valori%20sui%201.450%20%E2%82%AC%20)

[201.450%20%E2%82%AC%20](https://informatorezootecnico.edagricole.it/bovini-da-latte/anafi-ies-indice-selezione/#:~:text=La%20scala%20dello%20ies%20oggi,evidenziano%20valori%20sui%201.450%20%E2%82%AC%20) rev. 2 febbraio 2023

SETTI G., *anafi, numeri in crescita per la frisona*

<https://informatorezootecnico.edagricole.it/flash-news/anafi-numeri-in-crescita-per->

[la-frisona](https://informatorezootecnico.edagricole.it/flash-news/anafi-numeri-in-crescita-per-la-frisona) rev. 2 febbraio 2023

CASSANDRO M., *miglioramento genetico, nuove vie per la qualità del latte,*

<https://informatorezootecnico.edagricole.it/bovini-da-latte/miglioramento-genetico->

[nuove-vie-per-la-qualita](https://informatorezootecnico.edagricole.it/bovini-da-latte/miglioramento-genetico-nuove-vie-per-la-qualita) rev. 2 febbraio 2023

#### **Allevatori top**

AMADEI A., *la consanguineità vista da oltreoceano*

<https://www.allevatori.top/fatti-tendenze-attualita/2022/12/27/la-consanguineita->

[vista-da-oltreoceano/1563](https://www.allevatori.top/fatti-tendenze-attualita/2022/12/27/la-consanguineita-vista-da-oltreoceano/1563) rev. 2 febbraio 2023

CANAVESI F., *consanguineità, è tempo di agire*

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

[tempo-di-agire/1562](https://www.allevatori.top/fatti-tendenze-attualita/2022/12/27/consanguineita-e-tempo-di-agire/1562) , rev. 2 febbraio 2023

**Illumina**

<https://www.illumina.com/techniques/popular-applications/genotyping.html>

**allflex**

<https://www.allflex.global/it>

**Intermizoo**

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

**St genetic**

<https://www.stgen.com/article/article.aspx?language=english&code=2198>

**ABS global**

<https://www.absglobal.com/it/>