

## Accoppiamenti programmati attraverso software specifici

### INTRODUZIONE

Nell'ambito delle attività proposte nel progetto BIG, rientrano l'implementazione dei piani di accoppiamento nella razza bufala Mediterranea Italiana. Lo sviluppo di questo nuovo strumento innovativo e più preciso mira a fornire ai soci uno strumento che supporti e faciliti la scelta di un candidato alla riproduzione, sfide che ogni allevatore affronta ogni giorno, grazie a un controllo più rapido e attento della parentela e della consanguineità.

L'uso diffuso dell'inseminazione strumentale (IS) e di altre tecnologie riproduttive ha portato notevoli guadagni genetici alle mandrie negli ultimi decenni. Un'altra conseguenza è che solo un numero limitato di animali con un indice genetico elevato viene utilizzato in gran numero nei programmi di riproduzione, che può portare a un aumento dei tassi di consanguineità a livelli indesiderabili (Wang et al., 2017a). Elevati tassi di consanguineità non solo portano a una significativa riduzione della variazione genetica, ma gli alleli recessivi più deleteri diventano omozigoti, il che può minacciare il futuro dell'intera popolazione (Falconer and Mackay, 1996). Pertanto, esiste un conflitto tra la massimizzazione del guadagno genetico e la gestione dei tassi di consanguineità.

La selezione ottimale del contributo è un metodo di selezione che bilancia efficacemente il tasso di consanguineità e il guadagno genetico. Questo processo di selezione massimizza il guadagno genetico nella generazione successiva, limitando il tasso di consanguineità e la parentela tra la progenie (Meuwissen, 1997, Woolliams et al., 2015, Wellmann, 2019). In sintesi, i programmi di miglioramento genetico possono avere diversi obiettivi contemporaneamente, che sono aumentare il guadagno genetico, aumentare o mantenere la diversità genetica, recuperare il background genetico originale delle razze e mantenere o aumentare la diversità genetica nei segmenti aploipici nativi. L'ottimizzazione di

**A.N.A.S.B. • Associazione Nazionale Allevatori Specie Bufalina**

Via F. Petrarca 42/44 - Loc. Centurano 81100 - Caserta (CE) • Tel. 0823/356743 • Fax 0823/320964 • Email: [info@big-anasb.it](mailto:info@big-anasb.it) • [www.big.anasb.it](http://www.big.anasb.it)



**FEASR**  
Fondo europeo agricolo  
per lo Sviluppo Rurale:  
"l'Europa investe nelle zone rurali"

Progetto finanziato nell'ambito  
della Sottomisura 10.2 - PSRN 2014/2020

Autorità di gestione:  
Direzione Generale dello Sviluppo Rurale  
Ministero delle politiche alimentari e forestali

**mipaaf**  
ministero delle politiche  
agricole alimentari e forestali

uno di questi criteri e la limitazione degli altri è chiamata “*optimum contribution selection* (OCS)” avanzato (Wang et al., 2017a, Wang et al., 2017b).

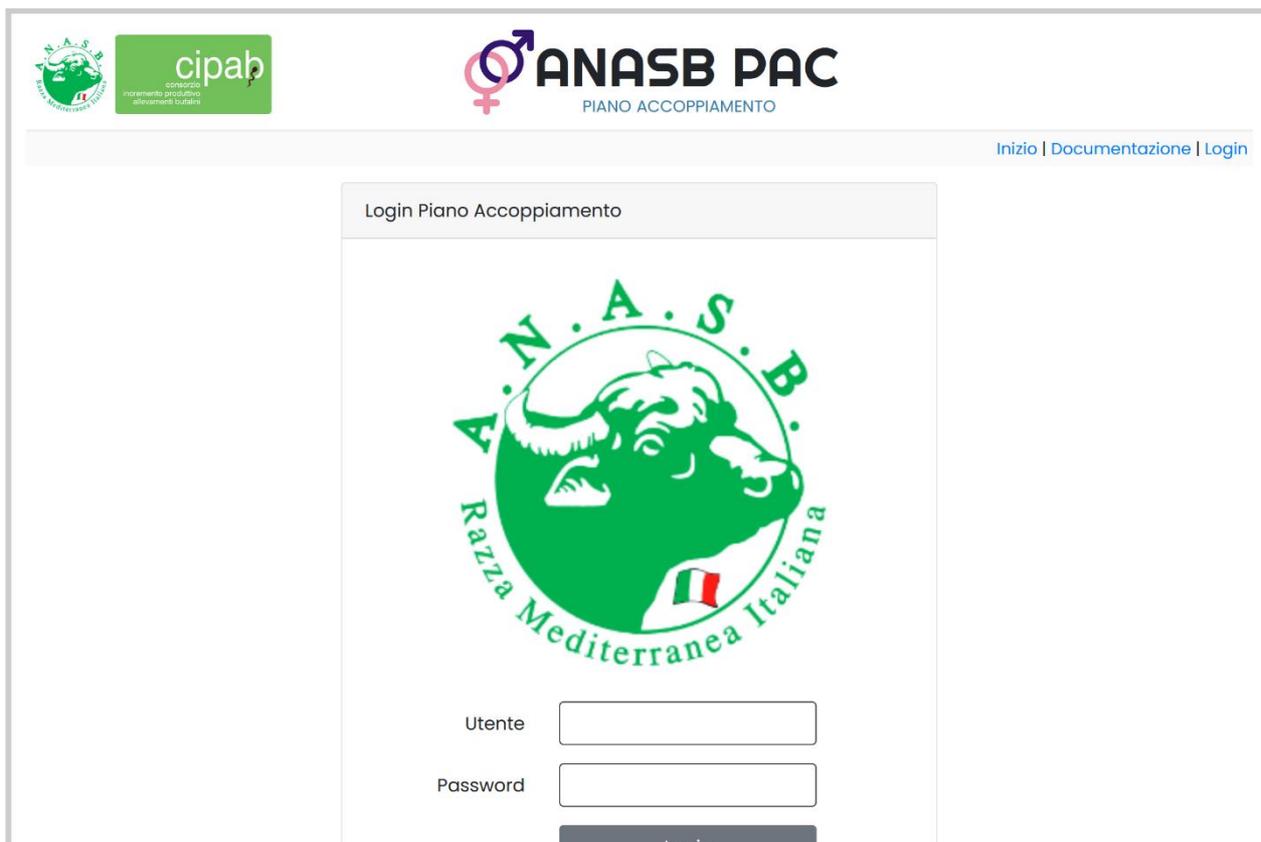
Attualmente ci sono diversi software per determinare l'OCS, tuttavia alcuni non possono gestire tutti gli obiettivi contrastanti dei programmi di miglioramento genetico contemporaneamente e molti di loro potrebbero non trovare l'ottimo globale. Alcuni di questi pacchetti forniscono opportunità flessibili per l'assegnazione di coppie, tra cui **GenCont** che utilizza Lagrangian multipliers (Meuwissen, 2002), ma non garantisce di trovare la soluzione ottimale (Pong-Wong and Woolliams, 2007), mentre il software commerciale **TGRM** utilizza algoritmi evolutivi (Kinghorn, 2011). Un'alternativa è il software libero **EVA** (Berg et al., 2006) che utilizza un algoritmo evolutivo per l'ottimizzazione.

EVA è uno strumento per ottimizzare i contributi genetici; 1) ottimizzando la funzione lineare dell'indice genetico e della correlazione genetica additiva media e, 2) assumendo contributi ottimali, dove gli individui possono accoppiarsi temporaneamente, e per ridurre al minimo la consanguineità nella progenie.

Tale sistema “*optimum contribution selection*” consente di generare abbinamenti mirati tra bufale/manze di una determinata stalla e tori di IS, al fine di migliorare il patrimonio genetico della progenie attesa. Si deduce, quindi, che il piano di accoppiamento rappresenta uno strumento fondamentale per il miglioramento genetico della popolazione bufalina. Per tanto, lo scopo di questa azione è sviluppare e mettere a punto il funzionamento del piano di accoppiamento nella BMI.

## MODALITA' DI UTILIZZO

L'accesso al programma avviene tramite browser inserendo username e password.



The screenshot shows the login interface for the ANASB PAC (Piano Accoppiamento) system. At the top left, there are logos for ANASB and CIPAB (Consorzio Incentivato per lo Sviluppo delle Attività di Miglioramento Genetico). The main header features the ANASB PAC logo with a male and female symbol and the text "PIANO ACCOPIAMENTO". Navigation links for "Inizio", "Documentazione", and "Login" are visible in the top right. The central content area is titled "Login Piano Accoppiamento" and contains a large circular logo for "A.N.A.S.B. RAZZA MEDITERRANEA ITALIANA" featuring a bull's head. Below the logo are input fields for "Utente" and "Password", and a "Login" button.

L'esperto può accedere ai dati dell'azienda richiedente, scrivendone la denominazione oppure il codice AUA.



**cipab**  
consorzio  
incremento produttivo  
allevamenti bufalini



## ANASB PAC

PIANO ACCOPPIAMENTO

Utente **999**  
Anasb Test

[Inizio](#) | [Documentazione](#) | [Admin](#) | [Logout](#)

### Pagina principale

Ripristina impostazioni predefinite?  Si  No

Nuovo piano per singola azienda (AUA):  ▶ Vai

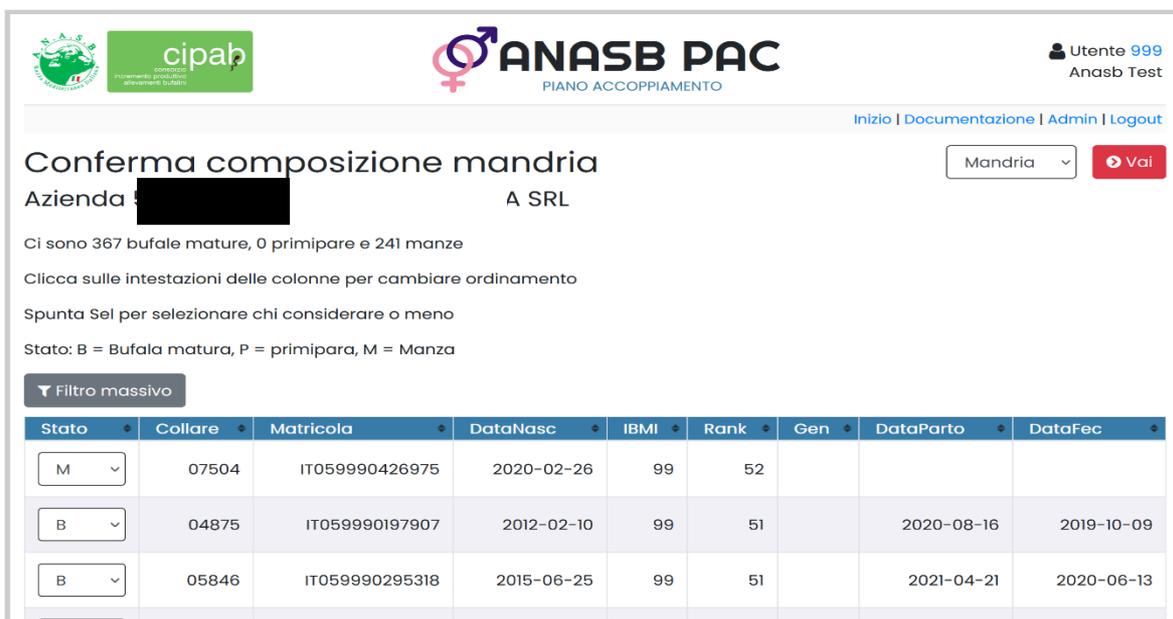
Ripristina piano elaborato recentemente

Azione	Data/ora	Descrizione	Capi	IBMI tori	
<span style="background-color: #444; color: white; padding: 2px 10px; border-radius: 5px; cursor: pointer;">▶ Ripristina</span>	01-Feb 12:52		SRL	48	144
<span style="background-color: #444; color: white; padding: 2px 10px; border-radius: 5px; cursor: pointer;">▶ Ripristina</span>	01-Feb 12:51		SRL	48	139
<span style="background-color: #444; color: white; padding: 2px 10px; border-radius: 5px; cursor: pointer;">▶ Ripristina</span>	01-Feb 12:50		SRL	48	145
<span style="background-color: #444; color: white; padding: 2px 10px; border-radius: 5px; cursor: pointer;">▶ Ripristina</span>	01-Feb 12:49		SRL	48	139
<span style="background-color: #444; color: white; padding: 2px 10px; border-radius: 5px; cursor: pointer;">▶ Ripristina</span>	01-Feb 12:40		SRL	48	135

Il piano di accoppiamento può essere generato impostando i seguenti parametri:

- Il tipo di piano: elaborato in ufficio, in azienda o in promozione
- La % massima di utilizzo per i tori in prova di progenie
- L'età minima delle manze da includere nel piano
- Inserire nel piano esclusivamente le manze, le bufale o entrambe
- L'ordinamento di stampa per matricola, per collare (numero aziendale) o per data di nascita

Inoltre, è possibile decidere se applicare il piano a tutti i soggetti della stalla oppure ad un elenco di bufale scelte, selezionando alla voce “**mandria**” il filtro “**filtro massivo**” ed inserendo la lista di matricola separate da “,”.



Utente 999  
Anasb Test

Inizio | Documentazione | Admin | Logout

## Conferma composizione mandria

Mandria

Azienda [redacted] A SRL

Ci sono 367 bufale mature, 0 primipare e 241 manze

Clicca sulle intestazioni delle colonne per cambiare ordinamento

Spunta Sel per selezionare chi considerare o meno

Stato: B = Bufala matura, P = primipara, M = Manza

Stato	Collare	Matricola	DataNasc	IBMI	Rank	Gen	DataParto	DataFec
M	07504	IT059990426975	2020-02-26	99	52			
B	04875	IT059990197907	2012-02-10	99	51		2020-08-16	2019-10-09
B	05846	IT059990295318	2015-06-25	99	51		2021-04-21	2020-06-13

Dopo, è possibile indirizzare il piano di accoppiamento verso uno specifico carattere, selezionando nell’area “**obiettivi**” una delle seguenti voci:

- IBMI
- MORFOLOGIA
- RESA
- FUNZIONALITÀ
- MAMMELLA
- LONGEVITÀ

Azienda: [REDACTED] Elabora

### Scelta obiettivo principale

IBMI qui

### Impostazione premi/penalità

CAM <input type="text" value="0"/>	Attendibilità <input type="text" value="0"/>
------------------------------------	----------------------------------------------

CAM = consanguineità attesa media del toro se usato a caso sulla mandria

Produzione	Funzionalità	Morfologia
IGT <input type="text" value="0"/>	IGT <input type="text" value="0"/>	IGT <input type="text" value="0"/>
IGT <input type="text" value="0"/>	IGT <input type="text" value="0"/>	IGT <input type="text" value="0"/>

[Aiuto](#)

Allo stesso modo, è possibile selezionare il peso dei seguenti caratteri:

- CAM = consanguineità attesa media del toro se usato a caso sulla mandria
- Caratteri produttivi (Latte, grasso, proteine)
- Caratteri funzionali (Struttura, potenzialità produttiva, arti e piedi, mammella)
- Caratteri morfologici (Indici dei lineari dei caratteri presenti nella scheda per le valutazioni morfologiche)

Nell'area **"TORI"** si possono filtrare e limitare i tori da utilizzare, così come indicare il numero massimo di dosi; Di conseguenza, inserendo **"0"** come numero massimo di dosi, si può eliminare l'utilizzo di un determinato toro.

Elenco tori disponibile: [nuovo tab](#) o [scarica](#).

Elabora ▾

Vai

Numero di tori da consigliare:  Max tori con lo stesso padre:

### Filtri per limitare i tori

Filtro 1	<input type="text"/>	<input type="text"/>	Filtro 2	<input type="text"/>	<input type="text"/>
Filtro 3	<input type="text"/>	<input type="text"/>	Filtro 4	<input type="text"/>	<input type="text"/>

Togliere figli di:

### Limiti sui singoli tori

Numero massimo di accoppiamenti (0 per eliminare un toro)

Toro	Limite	Toro	Limite
<input type="text"/>	<input type="text"/>	<input type="text"/>	<input type="text"/>
<input type="text"/>	<input type="text"/>	<input type="text"/>	<input type="text"/>
<input type="text"/>	<input type="text"/>	<input type="text"/>	<input type="text"/>

Se invece si vogliono utilizzare solo dosi già in possesso dell'allevatore (Tori Bidone), va inserito il nome del toro e il numero di dosi in possesso. In questo caso, la somma delle dosi impostata deve essere uguale o superiore a quello totale di femmine della mandria.

È possibile scegliere il numero di tori da utilizzare nel piano ed il numero massimo di tori con lo stesso padre.

Inoltre, è possibile selezionare i tori in base alla loro paternità e filtrarli scegliendo i requisiti minimi per ogni indice:

- Min IBMI
- Min latte
- Min grasso %
- Min proteine %

- Min cellule
- Min carne
- Min struttura
- Min potenzialità produttiva
- Min arti e piedi
- Min mammella
- Min mungibilità

Una volta impostato il piano come si desidera, si può procedere con l'elaborazione.

Il programma metterà a disposizione dell'operatore **tre file**:

- Tori consigliati: qui si possono vedere i tori che il programma ha proposto con i relativi indici
- Accoppiamenti consigliati: qui vengono elencate le matricole delle femmine inserite nel piano, con i rispettivi IBMI, rank, data di nascita e cross (padre – nonno materno). Per ognuno di tali soggetti saranno abbinati due tori.
- Accoppiamento con dettagli: qui si possono vedere gli indici relativi al capo da accoppiare e gli indici dei due tori selezionati per l'accoppiamento.

Se il piano di accoppiamento ci soddisfa, si prosegue al salvataggio del file con la relativa consegna all'allevatore.

Animali elaborati: femmine 608 (bufale 367, manze 241), tori 95

Media ponderata IBMI dei tori consigliati: 143

## Stampe

- [Tori consigliati](#) 
  - [Accoppiamenti consigliati](#) 
  - [Accoppiamenti con dettagli](#) 
- 
- [Analisi geni](#) 
- 
- [Stampa ultimo piano accoppiamento aziendale salvato](#) 
  - [Stampa progresso genetico atteso](#) 
  - [Stampa tori consigliati ultimo piano accoppiamento aziendale salvato](#) 

Consegnato all'allevatore

Salva

Elenco tori filtrati: [qui](#).

Una volta salvato, il programma ci mostrerà **tre documenti PDF** da presentare all'allevatore:

- **Stampa ultimo piano di accoppiamento salvato**: in cui c'è l'abbinamento della matricola con due tori, inserendo l'IBMI atteso, l'indice latte atteso e la consanguineità attesa per entrambi i tori consigliati.

PIANO ACCOPPIAMENTO BUFALINA

Azienda: XXXXXXXXXX  
 Codice AUA: XXXXXXXXXX  
 Stampato il: 02/02/2022 16:05:47  
 Esperto: 999                      Ordine: DataNasc  
 Filtri tare:



		Accoppiamenti consigliati										
Maticola	B/M	Azien.	Rank	Nome toro			Nome toro					
				IBMI atteso	Latte atteso	Consang. attesa	IBMI atteso	Latte atteso	Consang. attesa			
IT059000126306	B	1998	99	OBELIX MIG	140	430	1.9	BATIMAN	138	507	1.5	
IT059990091180	B	3775	21	PASSATORE	118	288	3.4	CIRIPICCHIO	124	27	3.4	
IT059990106426	B	3939	80	OBELIX MIG	126	156	1.8	BATIMAN	124	233	1.1	
IT059990122706	B	3975	85	MOZ'ART	128	268	2.4	OBELIX MIG	127	412	1.9	
IT059990122704	B	3973	99	CIRIPICCHIO	138	285	1.2	MOZ'ART	136	366	3.0	
IT059990153472	B	4370	57	OBELIX MIG	124	293	2.0	ARTE-TECA	123	166	2.1	
IT059990153474	B	4372	82	CIRIPICCHIO	130	214	0.9	ARTE-TECA	126	312	1.9	
IT059990153502	B	4400	97	OBELIX MIG	132	320	1.9	BATIMAN	130	398	1.3	
IT059990173522	B	4575	97	ARTE-TECA	132	227	2.4	LANCILLOTTO	127	413	1.9	
IT059990173553	B	4608	75	CIRIPICCHIO	128	206	0.9	ATON DAL PARCO	117	73	0.3	
IT059990173578	B	4634	75	CIRIPICCHIO	128	133	2.7	ATON DAL PARCO	117	-1	2.5	
IT059990197758	B	4722	11	BATIMAN	117	340	2.5	CIRIPICCHIO	122	37	2.1	
IT059990197828	B	4791	98	OBELIX MIG	134	479	2.9	MOZ'ART	136	335	3.1	
IT059990197832	B	4797	75	BATIMAN	123	460	1.4	MOZ'ART	126	239	2.7	

- **Stampa progresso genetico atteso:** in cui possiamo vedere degli istogrammi su cui viene mostrata la media della popolazione, la media di stalla e la media attesa dall'utilizzo del piano di accoppiamento di IBMI, Latte, Struttura, Potenzialità produttiva, Arti e piedi e Mammella.

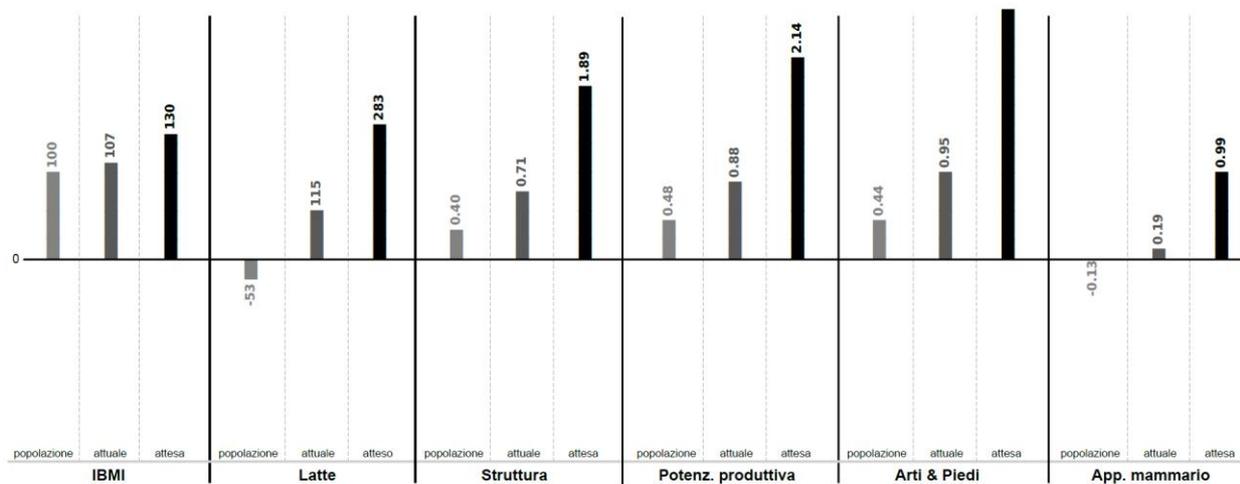
## PIANO ACCOPPIAMENTO BUFALINA



Azienda: XXXXXXXXXX  
 Codice AUA: XXXXXXXXXX  
 Stampato il: 02/02/2022 16:06:46  
 Esperto: 999

### PROGRESSO GENETICO ATTESO

	IBMI	Latte Kg	Struttura	Potenzialità produttiva	Arti & Piedi	Apparato mammario
Medie popolazione:	99	-53	0,4	0,48	0,44	-0,13
Medie di stalla attuali:	107	115	0,7	0,87	0,94	0,19
<b>Medie di stalla attese:</b>	<b>130</b>	<b>283</b>	<b>1,89</b>	<b>2,14</b>	<b>2,66</b>	<b>0,99</b>



- **Stampa tori consigliati ultimo piano di accoppiamento:** in cui sono elencati i tori utilizzati nel piano, con relativa matricola, stato (se toro provato o in prova), numero di manze su cui è stato abbinato, numero di bufale su cui è stato utilizzato, numero di dosi da comprare, e tutti gli indici.

PIANO ACCOPPIAMENTO  
BUFALINA

Azienda:   
Codice AUA:   
Stampato il: 02/02/2022 10:07:12   
Esperto: 999



TORI CONSIGLIATI

Obiettivo di selezione: IBMI Manze: 241 Bufale: 367

Matricola	Nome	Stato	Manze	Bufale	Dosi	IBMI	Attendib.	Latte	Grasso Kg	Grasso %	Prot. Kg	Prot. %	Struttura	Pot. prod.	Arti & Piedi	Apparato mammario	Purteggio finale	Statura	Altezza torace	Lunghezza tronco	Forza pastoja	Lungh. att. anteriore	Lungh. att. posteriore	Distanza piano-garr.	Direzione capezzoli	Lunghezza capezzoli	BCS			
IT065800814207	CIRIPICCHIO	PR	60	124	92	153	1	-58	8	0.49	1	0.15	5.57	5.15	7.06	0.78	4.36	5.02	4.35	5.66	5.83	0.29	-0.01	3.0	2.24	-1.3	-0.03			
IT061990314731	MOZART	PR	52	91	71	149	1	104	25	0.62	9	0.14	0.5	2.17	3.75	2.06	2.74	1.17	2.37	1.5	2.38	0.55	0.92	0.66	2.44	1.79	0.83			
IT061990527312	OBELIX MIG	PR	57	98	77	147	1	392	32	0.02	21	0.11	3.02	3.92	3.87	1.77	3.63	2.19	2.72	3.03	2.54	2.97	3.62	-1.42	-0.21	1.76	-0.11			
IT059990091193	ARTE-TECA	PR	90	94	92	146	1	139	19	0.24	11	0.15	1.73	1.63	5.8	0.09	1.77	0.66	1.41	0.36	4.96	1.35	1.67	-1.4	0.25	0.16	-0.21			
IT003990040535	BATIMAN	PR	66	81	73	142	1	547	44	0.04	26	0.01	2.99	4.09	1.62	3.18	4.36	2.7	3.22	3.69	0.96	2.54	2.85	-1.01	2.02	2.35	-0.05			
IT059990158982	PASSATORE	PR	30	61	45	141	1	465	43	0.13	23	0.04	2.29	2.36	3.53	0.95	2.37	2.75	1.48	3.23	2.22	1.9	1.33	1.03	0.28	-0.03	-0.54			
IT071990106584	ATON DAL PARCO	PR	46	109	77	130	1	-325	-4	0.96	-9	0.26	1.59	1.5	0.92	1.13	1.75	0.2	0.9	1.09	1.34	2.75	1.18	0.39	0.68	1.31	-1.29			
IT065990500896	LANCILLOTTO	GE	81	76	78	137		510	42	0.08	24	0.02																		
								Media	143	1	221	26	0.32	13	0.11	2.53	2.97	3.79	1.42	3.0	2.1	2.35	2.65	2.89	1.76	1.65	0.18	1.1	0.86	-0.2

## CONCLUSIONI

La Bufala Mediterranea Italiana è una razza ad alta produzione di latte e soggetta a un processo selettivo, caratteristiche che possono portare ad una perdita di variabilità genetica. L'utilizzo dell'Optimum Contribution Selection facilita la gestione di questi parametri e contemporaneamente massimizza il guadagno genetico.

Le strategie avanzate di optimum contribution selection consentono di trovare un equilibrio tra i diversi obiettivi di selezione, che sono il miglioramento del progresso genetico, il recupero del pool genetico originale e la conservazione della diversità genetica. Pertanto, è essenziale trovare un equilibrio tra i due principali obiettivi di un programma di miglioramento genetico, come raggiungere il progresso genetico e preservare la diversità genetica della razza.

## BIBLIOGRAFIA

- Berg, P., J. Nielsen, and M. K. Sørensen. 2006. EVA: Realized and predicted optimal genetic contributions. Pages 27-09. Instituto Prociência.
- Falconer, D. S. and T. F. C. Mackay. 1996. Introduction to quantitative genetics, 4th ed. 4th Ed ed. Longmans Sci. and tech., Harlow, Essex, UK.
- Kinghorn, B. P. 2011. An algorithm for efficient constrained mate selection. *Genet Sel Evol* 43(1):1-9.
- Meuwissen, T. H. 2002. GENCONT: an operational tool for controlling inbreeding in selection and conservation schemes. Pages 19-23.
- Meuwissen, T. H. E. 1997. Maximizing the response of selection with a predefined rate of inbreeding. *J. Anim. Sci.* 75(4):934-940.
- Pong-Wong, R. and J. A. Woolliams. 2007. Optimisation of contribution of candidate parents to maximise genetic gain and restricting inbreeding using semidefinite programming (Open Access publication). *Genet Sel Evol* 39(1):1-23.
- Wang, Y., J. Bennewitz, and R. Wellmann. 2017a. Novel optimum contribution selection methods accounting for conflicting objectives in breeding programs for livestock breeds with historical migration. *Genet Sel Evol* 49(1):45.
- Wang, Y., D. Segelke, R. Emmerling, J. Bennewitz, and R. Wellmann. 2017b. Long-term impact of optimum contribution selection strategies on local livestock breeds with historical introgression using the example of German Angler cattle. *G3: Genes, Genomes, Genetics* 7(12):4009-4018.
- Wellmann, R. 2019. Optimum contribution selection for animal breeding and conservation: the R package optiSel. *BMC Bioinformatics* 20(1):25.
- Woolliams, J. A., P. Berg, B. S. Dagnachew, and T. H. E. Meuwissen. 2015. Genetic contributions and their optimization. *J. Anim. Breed. Genet.* 132(2):89-99.