



**ANASB • BUFALA MEDITERRANEA ITALIANA**  
TECNOLOGIE INNOVATIVE PER IL MIGLIORAMENTO **GENETICO**

**PSRN Biodiversità Sottomisura 10.2**

**Progetto BIG**  
*report n.4*

**Indice Genomico di Prima Generazione della  
Bufala Mediterranea Italiana - IGBMI**  
*Giugno 2023*

Capofila ANASB  
Partner DMVPA – UNINA

Consulenti: CIPAB, IZSM, IBBA-CNR, DAFNAE – UNIPD

**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 dell'agricoltura,  
della sovranità alimentare e delle foreste

Ministero dell'agricoltura,  
della sovranità alimentare  
e delle foreste

## INTRODUZIONE

Il miglioramento genetico rappresenta un processo efficace che favorisce cambiamenti permanenti e cumulativi nelle performance di una razza. Riguardo a questo, la specie bufalina è stata selezionata principalmente per le sue caratteristiche di produzione di latte, sebbene attualmente i programmi di miglioramento strutturali su prove di progenie sono attuati solo in pochi paesi. La selezione genetica nei bufali è da sempre ostacolata da diversi fattori, come la mancanza di informazioni genealogiche, la difficile implementazione della raccolta dati o le scarse prestazioni riproduttive, motivi per i quali il potenziale del bufalo non è stato sfruttato appieno.

Attualmente, i principi base che definiscono un buon programma di selezione aziendale non sono cambiati, ma gli strumenti che oggi è possibile utilizzare rendono tutto più attendibile ed efficace. Se pensiamo alle bovine da latte, la selezione genomica ha avuto un impatto molto significativo sul loro miglioramento genetico: ha aumentato l'attendibilità degli indici dei tori e delle loro madri e ha velocizzato il progresso genetico sia attraverso l'aumento dell'intensità di selezione, che attraverso la riduzione dell'età media di padri e madri di toro. Negli ultimi dieci anni, grazie all'introduzione degli strumenti di selezione genomica è stato possibile sviluppare e pubblicare indici per il miglioramento genetico per diversi aspetti, come la salute degli animali, l'efficienza alimentare, l'impatto ambientale e il benessere animale, un insieme di fattori che oggi rappresentano i pilastri che possono contribuire a costruire una zootecnia sostenibile. L'introduzione della genomica, pertanto, ha rivoluzionato la selezione genetica degli animali da reddito, ma la sua applicazione non è stata omogenea tra le diverse specie. Le principali caratteristiche da considerare sono rappresentate dalla struttura della popolazione, dall'utilizzo diffuso dell'inseminazione artificiale e dalla disponibilità di fenotipi accurati. Anche gli approcci metodologici ne hanno inizialmente limitato l'applicazione alle grandi popolazioni, ma oggi sono disponibili algoritmi adatti a situazioni fortemente disomogenee, come il metodo cosiddetto Single-step genomic BLUP (**ssGBLUP**). Questo metodo ha affiancato, e spesso sostituito, il metodo multifase che era stato inizialmente utilizzato per le valutazioni genetiche in diverse specie di animali da allevamento.

Il metodo ssGBLUP combina la matrice della parentela additiva classica (A) e la matrice della parentela genomica (G). Nonostante i limiti del passato dovuti a problemi con gruppi di genitori sconosciuti e costi computazionali, studi recenti hanno dimostrato la validità di questo metodo per stimare il valore genetico individuale (EBV - Estimated Breeding Value) in diverse specie da reddito, compresi i bovini da latte, i bovini da carne, le capre, le pecore e i bufali.

Con il metodo ssGBLUP vengono analizzati tutti i soggetti in un'unica analisi, che può includere animali con fenotipo e DNA, solo con DNA, solo con fenotipo o solo con informazioni anagrafiche, tutto insieme in un solo

**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 dell'agricoltura,  
della sovranità alimentare e delle foreste

Ministero dell'agricoltura,  
della sovranità alimentare  
e delle foreste

passaggio, al termine del quale ogni indice, per ogni carattere, ha la sua attendibilità stimata. Le prime popolazioni sulle quali è stato applicato questo approccio sono rappresentate dai bovini da carne e, successivamente, da latte, nelle quali è stato evidenziato un aumento significativo dell'accuratezza degli indici relativi a tutti i principali caratteri, dai produttivi ai funzionali. In questo contesto, tutto il sistema di selezione lavora oggi con un livello di precisione delle stime più che raddoppiato rispetto a quanto succedeva con il classico metodo delle prove di progenie.

Data la complessità nella misurazione di nuovi caratteri, come quelli relativi alla resistenza alle malattie, all'efficienza alimentare o alla resistenza allo stress da calore, sempre hanno mostrato una bassa accuratezza, ma grazie all'introduzione della selezione genomica, la loro accuratezza è aumentata considerevolmente e quindi possono essere utilizzati per fare selezione.

Grazie al metodo single step, che permette di sfruttare al meglio tutte le informazioni disponibili, è invece oggi possibile fare scelte affidabili anche su questi aspetti. Tutto ciò permette di misurare quello che avviene nella popolazione per tutti quei caratteri che possono incidere in maniera significativa sui costi di allevamento e sulla loro sostenibilità.

Anche la bufala mediterranea italiana (BMI) è pronta per approdare nel mondo della genomica nell'ambito del PSRN 2014–2022, Sottomisura 10.2, progetto "Bufala Mediterranea Italiana – tecnologie innovative per il miglioramento Genetico" (BIG), difatti grazie a BIG saranno genotipizzati 6000 soggetti.

Attualmente la popolazione bufalina genotipizzata attraverso BIG e attraverso il precedente Programma di ricerca per la Biosicurezza delle aziende bufaline conta più di 2500 analisi genomiche pertanto, è stato possibile valutare l'utilità dei modelli genomici per la predizione dei valori genetici per i caratteri di produzione e di morfologia nella BMI.

Di seguito è riportata la metodologia utilizzata per generare il numero 1 genomico di prima generazione per la BMI.

### **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 dell'agricoltura,  
della sovranità alimentare e delle foreste

Ministero dell'agricoltura,  
della sovranità alimentare  
e delle foreste

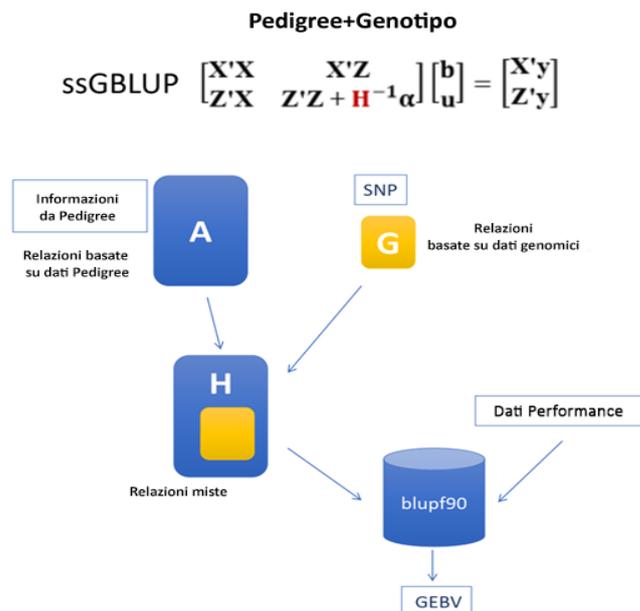
## METODOLOGIA

Sono stati utilizzati i dati genomici di animali iscritti al Libro Genealogico della Bufala Mediterranea Italiana, gestito dall'Associazione Nazionale Allevatori Specie Bufalina (ANASB).

I campioni biologici sono stati inviati al Laboratorio di Genetica e Servizi (Agrotis) e la genotipizzazione è stata effettuata utilizzando il chip Axiom™ Buffalo Genotyping Array 90k (Thermo Fisher), specifico per la specie bufalina. Questo chip permette la genotipizzazione di 90.000 punti di variazione (SNP - Single-Nucleotide Polymorphism) su tutto il genoma dell'animale.

L'intero set di dati utilizzato per la stima degli indici genetici/genomici consisteva in 762.177 lattazioni di 282.501 bufale nate dal 1984 al 2020. Per quanto riguarda la morfologia, il dataset conteneva 94.541 bufale con valutazioni dal 2004 al 2023.

La stima dell'indice genetico/genomico è stata eseguita utilizzando gli attuali modelli ufficiali sia per la produzione che per la morfologia. I valori genetici sono stati quindi stimati con il metodo tradizionale (BLUP) e con quello innovativo (ssGBLUP), che include i genotipi. La differenza sostanziale tra i due modelli dipende dalla matrice di parentela utilizzata: (i) il pedigree (BLUP) con la matrice di parentela additiva (A); (ii) il BLUP genomico a passo singolo (ssGBLUP) in cui A e la matrice della parentela genomica (G) sono mescolate in H, una matrice di parentela combinata (Figura 1).



**Figura 1: Schema valutazione genomica single step**

**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 • www.big.anasb.it

## VERIFICA DELLA PARENTELA

La verifica è stata eseguita secondo la seguente procedura:

1. Rimozione SNP in conflitto Mendeliano
2. Soglia di errore padre/madre-figlio/a < 2.5 %
3. Una parentela genomica > 0.49

In caso contrario il genotipo della figlia/o viene ESCLUSO. Rimane la parentela ufficiale ed il dato fenotipico.

## DATASET FINALE

È stato utilizzato un pedigree con 315.884 animali per la produzione, mentre per la morfologia il pedigree era composto da 152.536 soggetti. Per quanto riguarda i genotipi, il data set finale conteneva circa 45.556 SNP corrispondente a 3.030 soggetti.

## ANALISI

La stima dall'indice genetico/genomico è stata eseguita applicando il modello ufficiale utilizzato sia per la produzione che per la morfologia. In entrambi i casi è stato utilizzato un modello multi-carattere.

## RISULTATI

Uno dei vantaggi della genomica riguarda la maggiore accuratezza delle stime (Figura 2). Gli indici (e relative accuratezze) calcolati con il metodo ssGBLUP sono risultati superiori agli indici ottenuti con il metodo BLUP tradizionale.

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

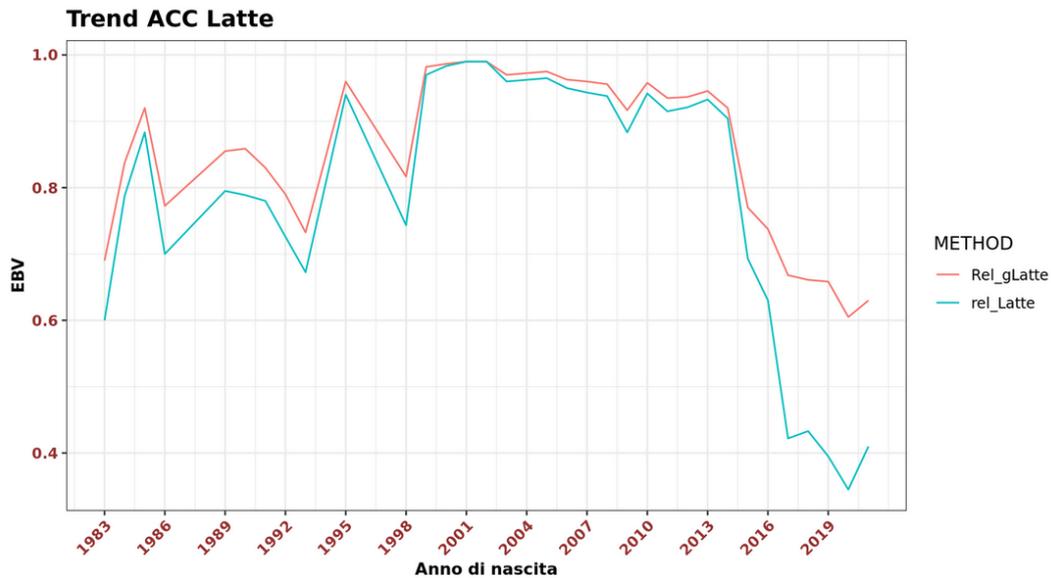
Via F. Petrarca 42/44 - Loc. Centurano 81100 - Caserta (CE) • Tel. 0823/356743 • Fax 0823/320964 • Email: [info@big-anasb.it](mailto:info@big-anasb.it) • [www.big.anasb.it](http://www.big.anasb.it)



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

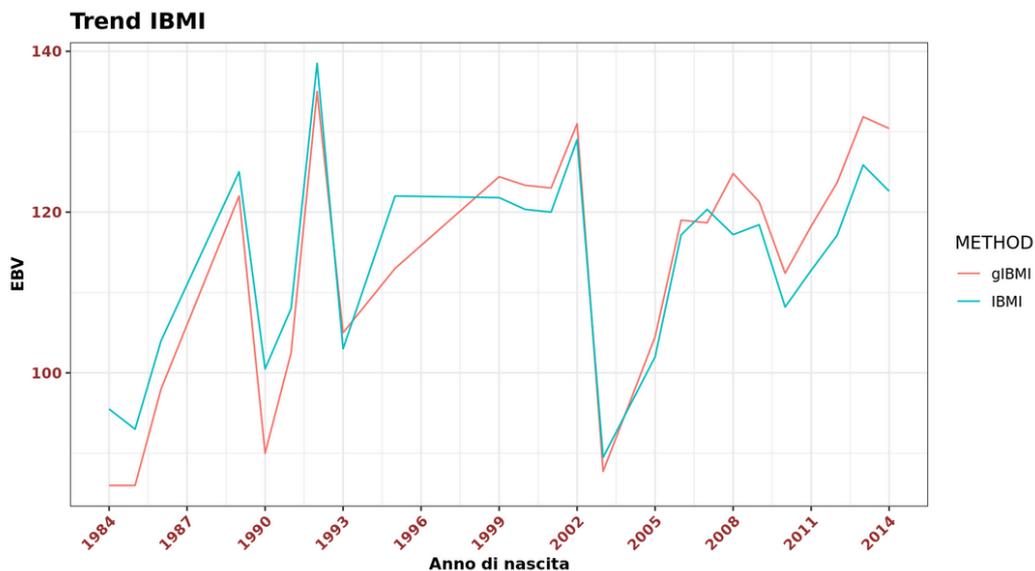
Progetto finanziato nell'ambito  
della Sottomisura 10.2 - PSRN 2014/2020  
Autorità di gestione:  
Direzione Generale dello Sviluppo Rurale  
Ministero dell'agricoltura,  
della sovranità alimentare e delle foreste

Ministero dell'agricoltura,  
della sovranità alimentare  
e delle foreste



**Figura 2: Trend accuratezza latte per i tori FA valutazione genetica confrontata con valutazione genomica**

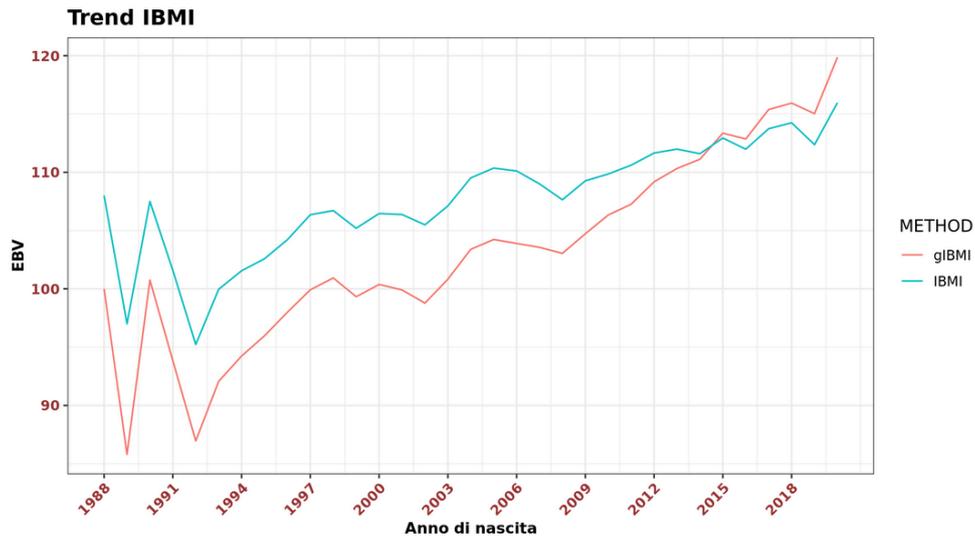
L'incremento dell'accuratezza varia dal 5 al 10% ed è molto evidente sui soggetti più giovani. I risultati per le femmine rispecchiano abbastanza quanto osservato per i maschi, con i maggiori cambiamenti per il carattere morfologico arti-piedi. Si riporta nella figura 3 il trend IBMI genetico confrontato con quello genomico per i tori FA con almeno 25 figlie, analogamente in figura 4 il trend delle bufale con fenotipo e genitori noti.



**Figura 3: Trend genetico IBMI per i tori FA (tori con almeno 25 figlie)**

**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 • www.big.anasb.it



**Figura 4: Trend genetico IBMI femmine con fenotipo e con padre e madre noto**

**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 • 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 dell'agricoltura,  
della sovranità alimentare e delle foreste

Ministero dell'agricoltura,  
della sovranità alimentare  
e delle foreste

## CONSIDERAZIONI FINALI

- ❖ I risultati ottenuti sono promettenti e rispecchiano quanto già visto con il metodo BLUP. Questo risultato è in parte atteso per alcuni motivi: 1) i modelli utilizzati (in termini di effetti fissi) sono esattamente identici (cambia la matrice di parentela) 2) il numero di genotipi è ancora ridotto rispetto al totale degli animali con osservazione e quindi l'impatto può essere più limitato, 3) il metodo BLUP è comunque molto robusto e aver osservato risultati estremamente diversi avrebbe indicato problemi molto più gravi nel calcolo complessivo.
- ❖ I risultati ottenuti inserendo i genotipi all'interno del calcolo dei soggetti iscritti al LG ANASB dimostrano che si muovono nella direzione attesa, in particolare per quanto riguarda la maggiore accuratezza e capacità predittiva. Con la genomica, infatti, si va a migliorare l'accuratezza del calcolo dell'indice IBMI, si ha la possibilità di identificare meglio gli animali e capire quali sono quelli realmente differenti dalla media di popolazione. Tutto ciò fa in modo che si possa stimare il valore genetico dell'animale già alla nascita, determinando così una sostanziale riduzione dell'intervallo generazionale. Le correlazioni tra gli indici, sia per i maschi che per le femmine, sono risultate alte, in primis per quanto riguarda la produzione: in definitiva, il modello ssGBLUP fornisce un'alternativa valida alla valutazione genomica.
- ❖ L'applicazione di tale modello per la Bufala Mediterranea Italiana ha favorito la nascita dell'Indice Genomico di Prima Generazione nella IBMI.
- ❖ Il nuovo calcolo richiede comunque l'aggiustamento dei coefficienti utilizzati per calcolare la formula del gIBMI, questo in virtù delle diverse varianze degli indici genomici.

La nuova formula diventa:

$$100 + 3.7 * (0.98*ARTP + 1.52*AM + 0.01*LATTE \text{ kg} + 5.08*\text{Grasso}\% + 19.34*\text{Proteina}\%)$$

**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 dell'agricoltura,  
della sovranità alimentare e delle foreste

Ministero dell'agricoltura,  
della sovranità alimentare  
e delle foreste



ANASB • BUFALA MEDITERRANEA ITALIANA  
TECNOLOGIE INNOVATIVE PER IL MIGLIORAMENTO GENETICO

## PARTNER del PROGETTO



Dipartimento  
**Medicina Veterinaria**  
Produzioni Animali

## in COLLABORAZIONE con



Istituto Zooprofilattico  
Sperimentale  
del Mezzogiorno



UNIVERSITÀ  
DEGLI STUDI  
DI PADOVA

**DAFNAE**  
Department of Agronomy Food  
Natural resources Animal Environment

## 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 • 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 dell'agricoltura,  
della sovranità alimentare e delle foreste

Ministero dell'agricoltura,  
della sovranità alimentare  
e delle foreste