DOSSIER / BUFALA

Intervista a Stefano Biffani, ricercatore Cnr

La genomica accelererà il miglioramento genetico

di Carlo Borrelli

Tra i propri obiettivi il progetto Big ha anche quello di costituire una biobanca di materiale seminale maschile ed embrioni. Biffani: l'idea tien conto dell'esigenza di perseguire la sostenibilità e di garantire il reddito dell'allevatore

onostante siano passati quasi trecento, gli attuali programmi di miglioramento genetico si basano ancora su quanto messo in pratica per la prima volta da Sir Robert Bakewell, un allevatore di ovini e bovini da carne dell'Inghilterra centrale. La ricetta era molto semplice ma efficace: raccogliere dati sulle performance dei suoi animali e sulla base di queste informazioni scegliere solo alcuni riproduttori e utilizzarli sulla mandria. Questo è quello che per anni è successo e sta ancora avvenendo in tutte le popolazioni di animali da reddito, con risultati estremamente positivi in termini di miglioramento delle produzioni e della funzionalità".

Sono le parole di Stefano Biffani, ricercatore presso l'Istituto di biologia e biotecnologia agraria (Ibba-Cnr) che ci ha illustrato il nuovissimo e innovativo progetto di miglioramento genetico denominato Big.

In minor tempo

"Negli ultimi 15 anni – aggiunge Biffani - le cose sono migliorate ancora di più a seguito dell'introduzione di metodologie e tecniche di laboratorio che ci hanno permesso di vedere meglio e con più precisione cosa regola le produzioni animali: il genoma. La possibilità di ottenere attraverso un semplice campione biologico migliaia di informazioni sulla struttura del genoma di ogni singolo individuo (genotipo) ha permesso di ottenere in minor tempo, stime del valore genetico degli animali ancor più accurate. Una stima più accurata in minor tempo vuol dire maggior progresso genetico".

La genomica è stata inizialmente utilizzata nel bovino da latte, con risultati davvero impressionanti.

"Oggi, tutte le popolazioni bovine da latte utilizzano la genomica ai fini selettivi e i risultati sono sotto gli occhi di tutti – aggiunge Biffani - basti dare



Stefano Biffani, ricercatore presso l'Istituto di biologia e biotecnologia agraria del Cnr

un'occhiata a quanto avvenuto, anche in Italia, nella Frisona, nella Bruna e nella Pezzata Rossa, solo per citarne alcune".

Il "ritardo" nel miglioramento genetico della bufala

Nelle altre specie la genomica è arrivata dopo, come nel caso della specie bufalina.

"I motivi del ritardo sono di diverso tipo; ci sono aspetti – spiega il ricercatore – legati alla fisiologia della specie, in particolare per quanto riguarda la riproduzione. Nonostante la bufala sia un animale poliestrale si riconosce un andamento stagionale e molte aziende,

DOSSIER / BUFALA



soprattutto nelle bufale primipare, utilizzano tecniche di de-stagionalizzazione. Poi ci sono gli aspetti legati all'utilizzo della monta naturale, ancora molto presente, e al numero non elevato di tori in fecondazione naturale. Infine ci sono anche aspetti legati all'obiettivo di selezione che è sempre stato focalizzato verso la produzione (tabella 1)".

In relazione all'obiettivo di selezione possiamo affermare che a partire dal 2018 ci sono stati dei grandi cambiamenti.

"Per quasi 30 anni – afferma Biffani - la selezione nella Bufala mediterranea italiana è stata focalizzata solo sulla produzione senza considerare tutti gli altri caratteri. Questo approccio è cambiato nel 2018 quando è stato introdotto

Tabella 1 - Alcuni aspetti legati alla fisiologia della specie

Stagionalità riproduttiva

Utilizzo monta naturale

Numero di tori in FA limitato

Obiettivo selettivo focalizzato fondamentalmente sui kg di latte

Fonte: Stefano Biffani, Fieragricola Verona 2024

l'indice Ibmi, un indice aggregato il cui obiettivo era migliorare non solo le produzioni, favorendo la qualità e quindi la resa in mozzarella, ma anche la funzionalità della mammella e dell'apparato locomotore. Infine, il cambiamento più grande: il progetto Big e l'inizio dell'applicazione della genomica anche alla bufala mediterranea".

II progetto

Il progetto Big, di cui Anasb è capofila insieme al dipartimento di Medicina veterinaria e produzioni animali (Dmvpa) dell'Università Federico II di Napoli, rientra nell'ambito del programma di Sviluppo rurale nazionale biodiversità (sottomisura 10.2) del Ministero delle politiche agricole alimentari e forestali (Mipaaf).

Al progetto collaborano anche l'Istituto di biologia e biotecnologia agraria (Ibba) del Consiglio nazionale delle ricerche (Cnr), l'Istituto zooprofilattico sperimentale del mezzogiorno (Izsm), del Consorzio incremento produttivo allevamenti bufalini (Cipab) e il dipartimento di Agronomia animali, alimenti, risorse naturali e ambiente (Dafnae)

Il futuro nel presente

Usare i genotipi nella valutazione genetica della Bufala mediterranea italiana è possibile.

Cosa può fornire?

- indici più accurati per maschi con figlie e fenotipo;
- indici più accurati per bufale con fenotipo, l'accuratezza aumenta all'aumentare del numero di soggetti con fenotipo e genotipo;
- valutazione per soggetti giovani e con genotipo;
- verifica delle parentele e/o assegnazione dell'individuo al padre più probabile.

(Fonte: Stefano Biffani, Fieragricola Verona 2024)

dell'Università di Padova.

"È un progetto complesso ma innovativo – sottolinea Biffani - che ha come scopo il miglioramento genetico di caratteri innovativi legati alla resistenza/ resilienza a patologie (brucellosi, tubercolosi, paratubercolosi), alla sostenibilità ambientale (efficienza alimentare,

DOSSIER / BUFALA

emissioni in atmosfera), alla qualità delle produzioni (caseificazione), alla valorizzazione della produzione della carne come prodotto secondario (ad esempio muscolosità e Bcs) e il mantenimento della variabilità genetica nella razza Bufala mediterranea italiana attraverso il controllo dell'inbreeding e la costituzione di una biobanca di materiale seminale maschile ed embrioni. Tutti aspetti che per la prima volta vengono affrontati nella specie bufalina".

Grazie a Big, sono già stati genotipizzati quasi 4500 soggetti, dei quali circa 400 maschi e oltre 4000 femmine, distribuiti in aziende iscritte al Libro genealogico Anasb.

Nuove metodologie per i bufali

"Grazie a questi genotipi - aggiunge il nostro interlocutore - è stato possibile applicare una delle più innovative metodologie di stima degli indici genetici: la cosiddetta valutazione genomica single-step, una metodologia di calcolo che permette di tener conto contemporaneamente delle informazioni di pedigree tradizionali e delle infor-

Tabella 2 - Grazie al progetto Big sono stati sviluppati numerosi indici genetici e indici aggregati

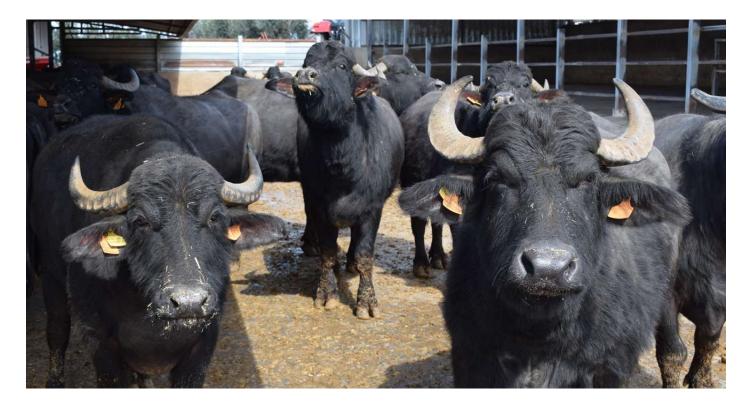
Quando	Cosa	Carattere
ago-21	Indice genetico	Età al primo parto
dic-21	Indice genetico + Indice aggregato	Intervallo tra parti, days open e riproduzione
ago-22	Indice aggregato	Benessere mammella
dic-22	Indice genetico	Longevità funzionale e cellume somatiche
apr-23	Indice genetico	Locomozione, persistenza, muscolosità e Bcs
lug-23	Indice aggregato	Arti e piedi
dic-23	Indice genetico	Brucellosi, paratubercolosi e tubercolosi
dic-23	Indice genetico	Facilità al parto e mungibilità
Fonte: Stefano Biffani, Fieragricola Verona 2024.		

mazioni genomiche. Il tutto a vantaggio dell'accuratezza della stima. Possiamo affermare che Anasb è stata la prima associazione bufalina al mondo a utilizzare questa metodologia, aprendo nuovi orizzonti selettivi per la specie". In poco più di due anni di attività, grazie al progetto Big sono stati sviluppati 13 indici genetici e 3 indici aggregati, tutti finalizzati alla sostenibilità (tabella 2). Continua Biffani: "Si è cominciato con un indice genetico per l'età al primo parto, passando per la longevità fun-

zionale e le cellule somatiche, per la locomozione e gli arti-piedi, la persistenza della lattazione, la brucellosi e la paratubercolosi fino alla facilità di parto e alla mungibilità. Tutti strumenti già a disposizione degli allevatori e che rappresentano delle novità assolute per al Bufala mediterranea italiana".

Informazioni anche su femmine e giovani animali

Oltre a rappresentare delle novità assolute, questi nuovi strumenti e in partico-







lare la genomica forniscono informazioni molto più accurate sia sui maschi ma soprattutto sulle femmine, aiutando quindi a valorizzare tutto il patrimonio zootecnico nazionale.

"È possibile valorizzare in particolare i soggetti giovani – spiega Biffani - che possono ora essere valutati alla nascita e con una maggiore accuratezza. Per non parlare dei vantaggi anche per quanto riguarda l'annoso problema della verifica delle parentele".

Il progetto Big, in definitiva, rappresenta un impressionante salto in avanti per la specie bufalina e attraverso i nuovi strumenti genomici prodotti fornisce le basi per raggiungere, in tempi più brevi, importanti obiettivi selettivi.

"Obiettivi al passo con i tempi – precisa Biffani - e che tengono conto anche delle attuali esigenze di sostenibilità e impatto ambientale, garantendo però il reddito dell'allevatore".

