

Gli obiettivi LATteco Anarb

Cento per cento è la percentuale raggiunta dall'Associazione nazionale nell'ambito dell'attività svolta nel 2018 per il progetto "Le razze bovine da latte per la definizione di modelli selettivi sostenibili".

Sul precedente numero di questa rivista abbiamo pubblicato una sintesi del lavoro svolto nel 2018 e degli obiettivi raggiunti, tutti, al cento per cento per il progetto LATteco Anarb. Questo articolo illustra con maggiore dettaglio i singoli argomenti, considerando che il secondo anno di attività del progetto è stato dedicato soprattutto alle fasi di creazione e di studio, con l'obiettivo di creare l'infrastruttura dedicata alla gestione dei dati e alla fornitura dei servizi, studiando nel contempo parametri innovativi per la biodiversità, l'impatto ambientale e il benessere animale. Nel 2018 la disseminazione è stata concentrata maggiormente sulla presa di coscienza della situazione della razza e aziendale, nonché sull'impatto delle scelte da parte dell'allevatore.

Genotipizzazioni

I soggetti effettivamente prelevati sono risultati 4.247, di cui 390 di Bruna Originaria. Un campione indubbiamente significativo, pari a oltre il 40% di quanto previsto dall'intero progetto che si sviluppa in tre anni. Le aree geografiche di ubicazione delle aziende dei suddetti soggetti sono così distribuite: 44% in Trentino Alto Adige, 25% in Lombardia, 12% in Veneto, 10% in Puglia, 5% in Emilia Romagna e le restanti in Piemonte, Liguria, Toscana, Basilicata, Friuli Venezia Giulia, Sicilia, Molise. Notevole la variabilità genetica del campione analizzato; sono, infatti, oltre 450 le diverse paternità riscontrate. Parte dei soggetti campionati sono a bassa consanguineità, parte a media e parte a alta consanguineità.

The article describes all that has been organized by the ANARB during the second year of the European Project named "Dairy Cattle Breeds to define sustainable selection programs". 2018 saw the study and the organization phase which included the creation of the structure dedicated to the management of the records and the services and the development of new parameters concerning bio-diversity, environmental impact and animal well-being. The knowledge of the breed and of the herd situation and the impact of the breeder's choices were

Verifica, controllo e qualità dei dati

Le informazioni raccolte sono sottoposte a controlli incrociati di congruenza per individuare eventuali discordanze, e, più in generale, per verificare la qualità dei dati.

I principali controlli effettuati hanno riguardato la congruenza dei dati anagrafici dei soggetti: matricola, data di nascita, sesso, genitori, azienda di nascita, razza, genitori. Le misurazioni biometriche, rilevate per i soggetti della Bruna Originaria, sono state registrate in uno specifico *data base* e sono state anch'esse sottoposte alle opportune verifiche.

La verifica della qualità dei dati genomici è un aspetto fondamentale per un corretto impiego degli stessi sia



the main topics of the communication activities.

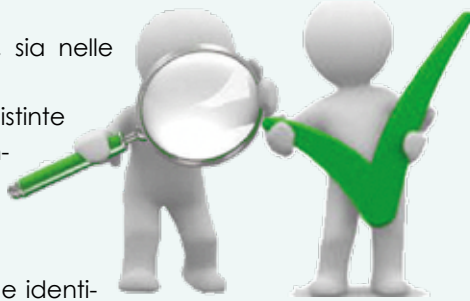
On the whole, all the objectives set by the ANARB were completely fulfilled:

- a) percentage of animals with genomic analysis;
- b) number of check points for quality records;
- c) number of parameters describing pedigree records and phenotypical records;
- d) number of parameters describing the quality of genomic records;

nelle fasi di ricerca, sia nelle fasi di utilizzo.

Si hanno tre fasi distinte che possono influenzare la correttezza di un'analisi genetica:

- corretta raccolta e identificazione del campione
- effettuazione dell'analisi
- controllo dell'utilità delle singole informazioni nell'elaborazione dei dati.



Per la verifica della correttezza nella raccolta del campione viene verificata la parentela del soggetto e la corrispondenza del sesso. Nell'effettuazione dell'analisi, è il laboratorio che verifica i criteri minimi di qualità del DNA per poter analizzare il campione, restituendo poi il parametro di *call rate* che descrive la percentuale degli SNP previsti da un determinato chip analizzati.

Se un'analisi supera positivamente i primi due gruppi di verifica della qualità, viene inserita nel gruppo di genotipi utilizzabili dai vari processi di controllo.

A tal punto si calcolano una serie di parametri descrittivi per ogni singolo SNP. Tali parametri servono, in funzione delle analisi che si intendono effettuare, per determinare quali SNP utilizzare. In particolare si calcolano:

- MAF, la frequenza allelica dell'allele meno presente nella popolazione, se questo valore è molto basso è difficile stimare correttamente l'effetto di sostituzione genica;
- Equilibrio di Hardy-Weinberg, parametro che può essere utilizzato per identificare SNP che non vengono analizzati correttamente o per identificare aree del DNA che determinano particolari patologie genetiche;
- *Call rate* totale, che indica quanti soggetti all'interno

- e) number of parameters with an estimate of genomic consanguinity;
- h) number of animals with records collected at the lab site;
- i) numbers of identified parameters of genetic diversity;
- j) number of animals with phenotypical records (BLC);
- k) number of bio-different sires (minimum kin), eco sires (minimum emission), the happy sires (the highest well being) and OB (Original Brown) products;
- l) number of doses of semen of bio-different, eco, happy and OB sires distributed;
- m) average difference between commercial and bio sires;
- n) number of breeders attending during the communication activities;

del database hanno l'analisi per uno specifico SNP. Un valore troppo basso per un determinato SNP determina la difficoltà di una corretta imputazione;

- *Call rate* per chip, serve per definire se in un determinato chip esistono specifici SNP con problemi di analisi;
- Errori tra parenti, identifica per ogni SNP quante volte viene segnalato un allele incompatibile con i genitori; questo serve ad identificare SNP con problemi di clusterizzazione nella fase di attribuzione degli alleli.

Stime ereditabilità

La stima dei parametri genetici nel corso del 2018 si è concentrata soprattutto su un gruppo di caratteri che monitorizzano l'utilizzo delle risorse da parte dell'animale.

Questo aspetto risulta importante per quanto concerne l'impatto ambientale, perché l'azoto escreto nelle deiezioni animali è sia una risorsa agronomica molto importante, sia una fonte di inquinamento se gestita in modo non corretto. Inoltre, squilibri nell'utilizzo delle risorse azotate sono la fonte di molte patologie metaboliche. In particolar modo ci si è concentrati sui caratteri urea, caseina, proteina, proteina del siero ed ai rapporti tra di essi.

Per i caratteri percentuale di caseina e percentuale di proteina sono state stimate ereditabilità medio-alte rispettivamente del 37% e del 36%, la proteina del siero, invece, ha una ereditabilità media del 22%, mentre i rapporti tra i caratteri hanno ereditabilità del 15%.

I valori stimati sono interessanti e dimostrano che è possibile lavorare dal punto di vista selettivo prevedendo buoni risultati per tutti i caratteri in esame.

Stima della consanguineità da pedigree

Primo metro di misurazione della consanguineità nella

- o) number of promotion actions;
- p) number of articles about bio-diversity published in the magazine "rb".

In diesem Artikel geht es um all das, was der Anarb-Verband im zweiten Jahr des Europaprojektes "Milchrindrasen zur Ermittlung verträglicher Zuchtmodelle" erreicht hat.

Im Jahr 2018 wurden hauptsächlich Grundlagen geschaffen, die Infrastrukturen für Datenverwaltung und Dienstleistungen fördern sollen.

Gleichzeitig sind moderne Kriterien im Bezug auf Artenvielfalt, Umweltverträglichkeit und artgerechte Tierhaltung erforscht worden.

popolazione è il parametro stimato basandosi sulle informazioni di pedigree utilizzando il software MEUW.exe che è un modulo del programma PEDIG sviluppato da Boichard.

Il software è in grado di gestire un numero limitato di individui per singola elaborazione, di conseguenza è stato necessario predisporre una procedura per l'analisi a gruppi dei soggetti. Così facendo è possibile calcolare ad ogni valutazione genetica il coefficiente di parentela per tutti i soggetti di Bruna. Inoltre, si è investigata l'influenza della profondità del pedigree sulla precisione della stima.

I dati così calcolati servono sia per una prima analisi del livello di consanguineità nella popolazione, sia come elemento di paragone per la valutazione della consanguineità genomica.

Stima della consanguineità genomica

I dati anagrafici e genomici a disposizione permettono di stimare diversi indicatori di biodiversità, tra i quali:

- Consanguineità da pedigree: probabilità che due alleli in un individuo siano identici per discendenza;
- Runs of homozygosity (ROH): sono porzioni continue di genoma in omozigosi in un individuo derivanti dalla trasmissione di un antenato in comune tra i due genitori e misurano la reale consanguineità di un soggetto.

Questi due indicatori permettono di monitorare l'andamento della consanguineità nella popolazione. Il vantaggio della consanguineità da pedigree è che può essere stimata in tutta la popolazione grazie alle sole informazioni anagrafiche. Le ROH possono essere determinate solo nei soggetti genotipizzati, ma hanno il vantaggio di fornire una misura più accurata del reale livello di consanguineità nella popolazione.

Il coefficiente di consanguineità genomico è stato infine

Die Projektplanung konzentrierte sich vor allem auf die Sensibilisierung für Rinderrasse und Betrieb und die Tragweite von Züchterentscheidungen.

Alle vom Anarb-Verbandes anvisierten Ziele wurden erreicht:

- a) Prozentanteil der genomisch geprüften Tiere;
- b) Zahl der Überkreuzabgleiche (Datenqualität);
- c) Zahl der linearen Qualitätsmerkmale von Tierdaten und Phänotypen;
- d) Zahl der Qualitätsparameter für Genomdaten;
- e) Zahl der Merkmale mit Erblichkeitsschätzung;
- f) Zahl der Tiere mit Schätzung der Abstammungskonsanguinität;
- g) Zahl der Tiere mit Genomkonsanguinität;
- h) Zahl der Tiere mit in der Versuchsstation erhobenen Daten;



calcolato come rapporto tra la lunghezza delle ROH sulla lunghezza totale del genoma.

La correlazione tra consanguineità genomica e da pedigree stimate sui 45.168 soggetti varia da 0.340 a 0.627 diminuendo la soglia lunghezza fisica minima delle ROH. Il risultato è atteso, in quanto ROH più lunghe catturano solo una consanguineità più recente, mentre lunghezze più corte riescono a catturare anche la consanguineità meno recente. È possibile anche graficamente individuare alcuni soggetti che anche se da pedigree non risultavano consanguinei invece lo sono. La consanguineità da pedigree può essere sottostimata qualora il pedigree non sia sufficientemente profondo o, caso più frequente nella nostra popolazione, ci siano dei genitori mancanti nel pedigree. Inoltre, stime errate della consanguineità da pedigree possono verificarsi quando ci sono errori di parentela nel pedigree. È quindi atteso che le correlazioni tra i due metodi siano inferiori a 1.0.

Dati raccolti in stazione sperimentale

Dal 2018 sono entrate in piena attività tutte le nuove

- i) Zahl der Kriterien für ermittelte Genvariabilität;
- j) Zahl der Tiere mit phänotypischen Daten (Blc);
- k) Zahl der Vererber der Kategorien "artenreich" (Minimalverwandtschaft), "Öko" (Minimalausstoß), "happy" (maximale Tiergesundheit) und "Ob" (Original-Braunvieh);
- l) Zahl der gehandelten Samendosen für Stiere der Kategorien "artenreich", "öko", "happy" und "Ob";
- m) Verwandtschaftsdifferenz im Bestandsdurchschnitt zwischen marktgängigen Stieren und "Bio"-Stieren;
- n) Zahl der auf Fortbildungen kontaktierten Züchter;
- o) Zahl der Werbeaktionen zugunsten der Artenvielfalt;
- p) Zahl der in der Zeitschrift 'la razza bruna' veröffentlichten Beiträge zur Artenvielfalt.

strumentazioni di misurazioni, quindi alle misurazioni già iniziate nel 2017 si sono aggiunte le seguenti:

- Comportamento
- Attività
- Ruminazione
- Numero di passi
- Tempo di riposo
- Quantità di alimento consumato
- Quantità di CO₂ emessa
- Quantità di metano emessa
- Ulteriori parametri di qualità del materiale seminale.

Nel corso del 2018 sono stati raccolti i dati su 60 soggetti maschi e, di questi, ben 35 hanno rilevazioni complete per tutto il loro periodo di permanenza al centro, in quanto entrati dopo l'inizio del progetto LATTeco ed usciti nel corso del 2018.

In primavera 2018, una volta completati gli investimenti necessari ed ottenuto le autorizzazioni da parte del Dipartimento di prevenzione Veterinaria de Ulss 9, è iniziata la raccolta dati anche sulle femmine.

A fine 2018 erano 54 le femmine presenti presso la stazione di controllo.

Parametri di diversità genetica

Esistono diversi approcci per identificare la variabilità genomica esistente nelle popolazioni e valutare la loro diversità genomica (Holdenbroek e coll., 2017). In questo studio sono utilizzate le seguenti:

- Run of Homozygosity (ROH) - Le ROH sono regioni del genoma in cui si susseguono ininterrottamente marcatori con genotipo omozigote per discendenza mendeliana. Il confronto delle ROH tra diversi individui permette quindi di evidenziare le regioni del genoma che sono sotto pressione selettiva comune e quindi nella popolazione.
- Consanguineità genomica (FROH) - Il confronto tra la dimensione del genoma in stato omozigote, ossia la lunghezza totale delle ROH, rispetto alla lunghezza totale del genoma permette di calcolare la consanguineità genomica, FROH.
- FIS - La FIS è un parametro che indica se la popolazione è preferenzialmente accoppiata seguendo uno schema di *outbreeding* (diminuzione della consanguineità) o di *inbreeding* (aumento della consanguineità) rispetto allo stato attuale. La FIS è calcolata

utilizzando la Eterozigosità attesa (HE) e la Eterozigosità Osservata (HO), due parametri anch'essi indicativi della variabilità genetica esistente nella popolazione.

- Genotipi SNP e CNV - Queste due classi di marcatori sono entrambe utilizzate per valutare la variabilità esistente nelle popolazioni sia con Analisi delle componenti Principali (PCA) Questa analisi permette di identificare se la BI può essere suddivisa in sottopopolazioni, e se la BO è genomicamente un gruppo di individui distinto.
- VST e FST - Sono due misure in grado di identificare la variabilità esistente tra due popolazioni, la prima basandosi sui CNV, la seconda sui genotipi degli SNP.

Animali con rilevazione fenotipiche (BLC/OB)

Le rilevazioni effettuate nel 2018 hanno riguardato oltre 120 bovine in lattazione per quanto riguarda i dati biometrici ed oltre 100 per la mungibilità. Si sono rilevati dati su bovine con diversi ordini di parto, l'età media delle stesse è pari a circa 4-5 anni. Il suddetto campione rilevato è stato sottoposto ad alcune analisi statistiche volte a evidenziare variabilità e livelli medi dei singoli caratteri nella popolazione. Per quasi tutti i tratti morfologici considerati, la distribuzione dei valori è abbastanza regolare. Da queste elaborazioni è possibile definire il "contesto morfologico" della popolazione Bruna Originaria allevata in Italia sia per quanto riguarda gli estremi biologici che le relative medie delle caratteristiche considerate. Inoltre, dai rilevamenti non sono emersi difetti "morfo-funzionali" statisticamente significativi. I dati relativi alla mungibilità verranno invece elaborati nel 2019.



Riproduttori "biodiversi", "Eco", "Happy sire" e "BO"

Nel corso del 2018 sono stati allevati fino all'età riproduttiva quattro tori per il progetto. Si tratta di due tori identificati come Eco, cioè che produrranno figlie con ridotto impatto ambientale, un toro di Bruna originaria e un toro Happy, scelto per migliorare il benessere animale. Di seguito i rispettivi nomi: toro OB: **Arkansas**; toro Happy: **Furgon**; toro Eco: **Jungle**; toro Eco: **Benoit**.

Dosi distribuite per tori "biodiversi", "Eco", "Happy" e "BO"

Nel corso del 2018 sono state distribuite 1036 dosi di seme prodotte nel progetto LATTeco. Nel dettaglio, 500

dosi del toro Volund e 536 dosi del toro Ringhio. Le dosi sono state distribuite in più di 70 allevamenti dislocati su tutto il territorio nazionale.

Parentela media con la popolazione tra tori commerciali e tori "BIO"

Nel corso del 2018 sono entrati al Centro due riproduttori particolarmente interessanti per avere una bassa parentela media. Si tratta di Elastico e Voxel, che rispettivamente hanno parentela media con le femmine vive di 0.047 e 0.048. Per avere termini di paragone, mediamente i tori giovani commerciali entrati al Centro nel 2018 hanno una parentela media di 0.58 con soggetti che arrivano a valori di 0.63.

Allevatori contattati durante le giornate di aggiornamento

Nelle due giornate della Bruna svoltasi nel 2018 si sono registrate 133 persone di cui 110 erano allevatori e 23 tecnici. Inoltre, in diverse occasioni non è stato possibile registrare puntualmente il numero di partecipanti, ma da un conteggio approssimativo si stima che erano presenti circa 80 persone al primo convegno LATteco, 45 persone all'incontro di Pejo (Tn) e 80, 90, 120 partecipanti ai meeting tenutisi rispettivamente in Lombardia, Veneto e Puglia.

Promozione per la biodiversità

Il 2 febbraio 2018 si è tenuto il primo convegno del progetto con diverse presentazioni interessanti effettuate da personale Anarb e professori universitari. L'evento si è svolto a Verona nell'ambito della mostra nazionale. Un gruppo nutrito di tecnici e allevatori hanno seguito con interesse i lavori.

Nel corso della 50° mostra nazionale del Libro genealogico sono stati organizzati premi speciali, dedicati ai soggetti con il livello di consanguineità inferiore ed ha avuto luogo una esposizione di bovini di Bruna Originaria.

Il 17 gennaio a Pejo (Tn) è stato effettuato un incontro per gli allevatori della Val di Sole, nel corso del quale si è discusso della utilità di selezionare per il benessere, l'impatto ambientale e la biodiversità. Nell'estate 2018 nel corso di tre meeting con gli allevatori è stato possibile presentare il progetto; in dettaglio, il 28 giugno presso



Malga Gaver in provincia di Brescia si sono incontrati gli allevatori lombardi, il 9 luglio a Putignano gli allevatori pugliesi, mentre il 4 agosto sull'Altopiano di Asiago è stata la volta degli allevatori veneti. Il 27 settembre a Potenza e il 30 ottobre a Parma si sono svolte due giornate interamente dedicate alla Bruna, dove si è potuto parlare a platee molto interessate al progetto. Durante il congresso AITEL 2018, tenutosi a Trento il 20 settembre, è stato presentato un poster relativo al progetto, che ha destato l'interesse di molte persone intervenute al convegno. Per la condivisione delle attività LATteco, nel corso dell'anno sono state organizzate anche altre riunioni specifiche, dedicate al personale dell'Associazione e ai collaboratori di campo. L'incontro specifico riservato agli esperti di razza si è svolto in provincia di Bolzano. Tutti gli esperti ed i tecnici sono stati inoltre coinvolti in occasione delle "Giornate della Bruna" effettuate per il Sud in Basilicata e per il Centro-Nord in Emilia Romagna.

La divulgazione delle finalità del progetto è stata realizzata anche nell'ambito delle manifestazioni zootecniche – circa una quarantina – che si sono svolte sul territorio nazionale nel corso del 2018. In alcune di queste, è stato possibile fare rilevare agli allevatori, e al pubblico presente, le reali differenze tra la Bruna moderna e la Bruna originaria.

Articoli pubblicati sulla rivista 'la razza bruna' per la biodiversità

Oltre alla realizzazione del logo e dell'immagine del progetto, al fine di trasmettere tempestivamente, in forma sintetica e immediata, i principali contenuti, finalità e obiettivi di LATteco, è stato stilato un vero e proprio decalogo (breve) per gli addetti ai lavori.

Nel 2018 è stato creato un sito dedicato al progetto (www.latteco.it) per la presentazione delle attività e dei risultati.

La creazione di apposito materiale divulgativo ha visto anche la pianificazione, l'organizzazione e l'assemblaggio, di un inserto redazionale costante, con grafica ad hoc, su la rivista 'la razza bruna'; ciò nell'ottica di un'informazione e aggiornamento continui dei nostri lettori, in Italia e all'estero.

Tra gli altri strumenti divulgativi del progetto, utilizzati già nel primo anno di attività, vanno ricordati i Social Network e la Newsletter, oltre alla creazione di apposita documentazione fotografica.

UFFICI TECNICI ANARB