



UNIVERSITÀ
DEGLI STUDI
FIRENZE

DAGRI
DEPARTMENT OF
AGRICULTURE, FOOD
ENVIRONMENT AND FORESTRY

Gestione della diversità e consanguineità nelle popolazioni di bovine da latte nord-americane: aspetti pratici

Francesco Tiezzi, Emmanuel Lozada Soto, Christian Maltecca

*Università degli Studi di Firenze
North Carolina State University, USA.*



NC STATE
UNIVERSITY

Tesi di dottorato NCSU

Emmanuel A. Lozada Soto

Inbreeding nelle bovine da latte in USA

1- I dati

2- Origine della consanguineità

3- Conseguenze delle consanguineità

4- Contenimento della consanguineità

Inbreeding nelle bovine da latte in USA

1- I dati

2- Origine della consanguineità

3- Conseguenze delle consanguineità

4- Contenimento della consanguineità

Inbreeding nelle bovine da latte in USA



J. Dairy Sci. 105

<https://doi.org/10.3168/jds.2022-22116>

© 2022, The Authors. Published by Elsevier Inc. and Fass Inc. on behalf of the American Dairy Science Association®.
This is an open access article under the CC BY license (<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>).

Genomic characterization of autozygosity and recent inbreeding trends in all major breeds of US dairy cattle

Emmanuel A. Lozada-Soto,^{1*}  Francesco Tiezzi,²  Jicai Jiang,¹  John B. Cole,³  Paul M. VanRaden,⁴  and Christian Maltecca¹ 

¹Department of Animal Science, North Carolina State University, Raleigh 27607

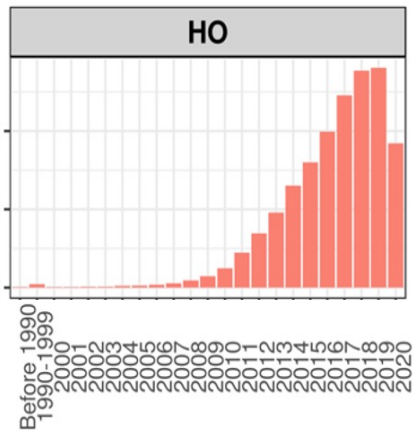
²Department of Agriculture, Food, Environment and Forestry (DAGRI), University of Florence, 50144 Florence, Italy

³URUS Group, Madison, WI 53718

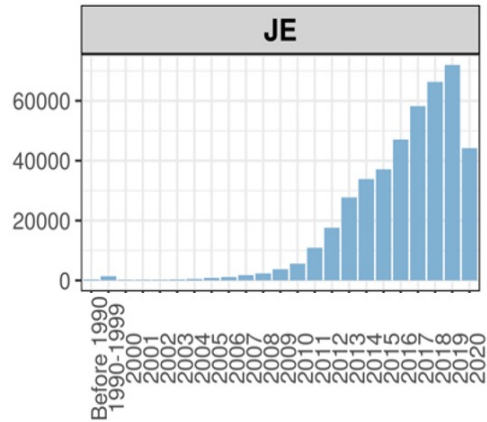
⁴Animal Genomics and Improvement Laboratory, Henry A. Wallace Beltsville Agricultural Research Service, USDA, Beltsville, MD 20705

Genotipizzazioni

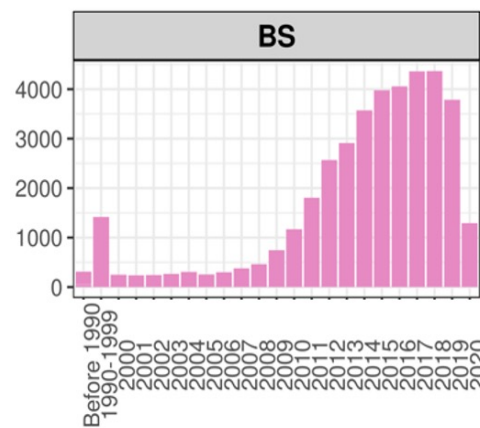
Holstein (HO)
N=3,525,992



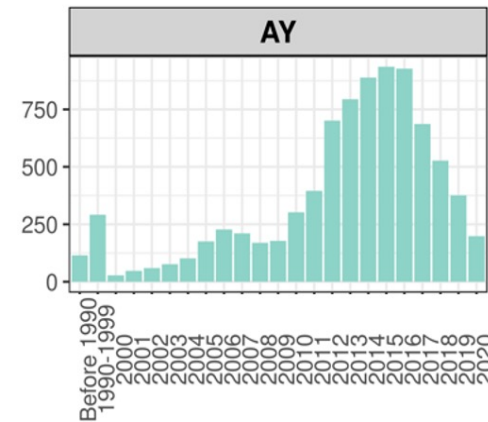
Jersey (JE)
N=433,439



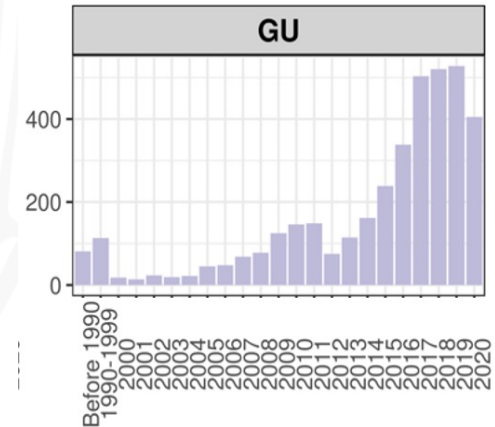
Brown Swiss (BS)
N=39,040



Ayrshire (AY)
N=8,413

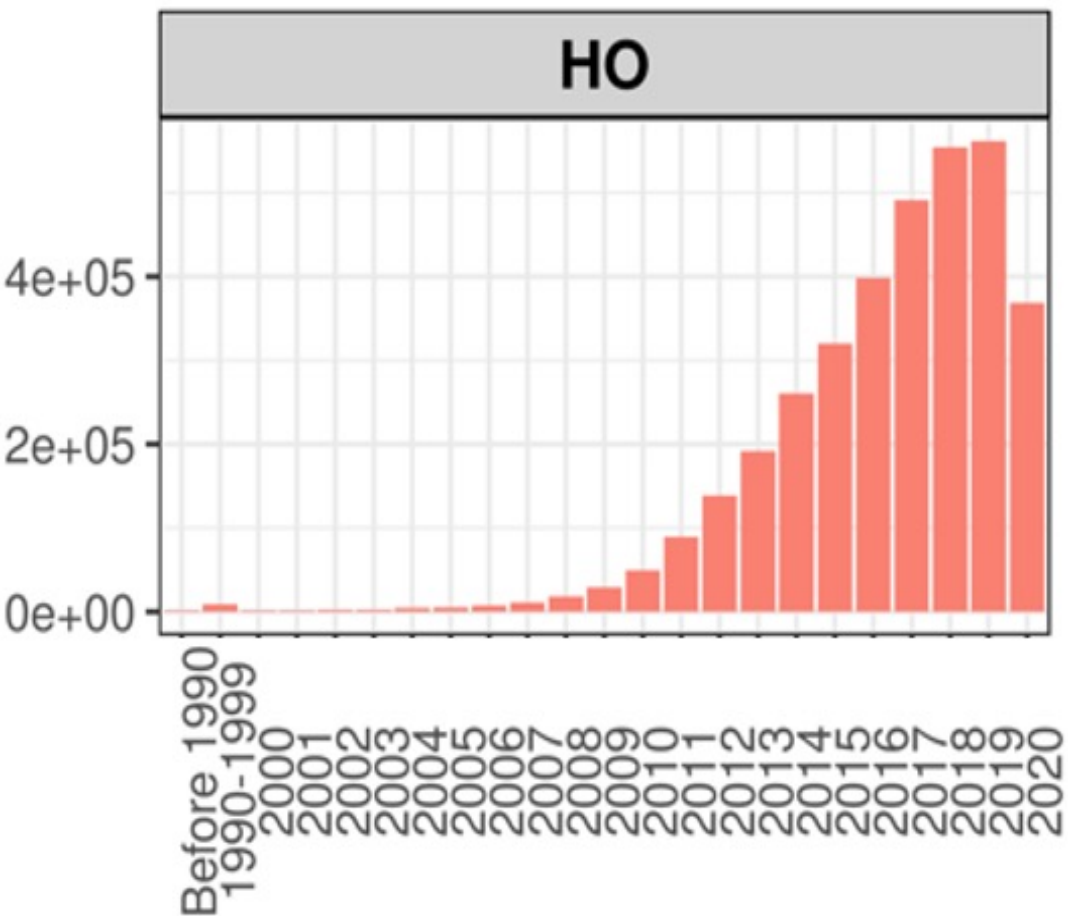


Guernsey (GU)
N=3,834

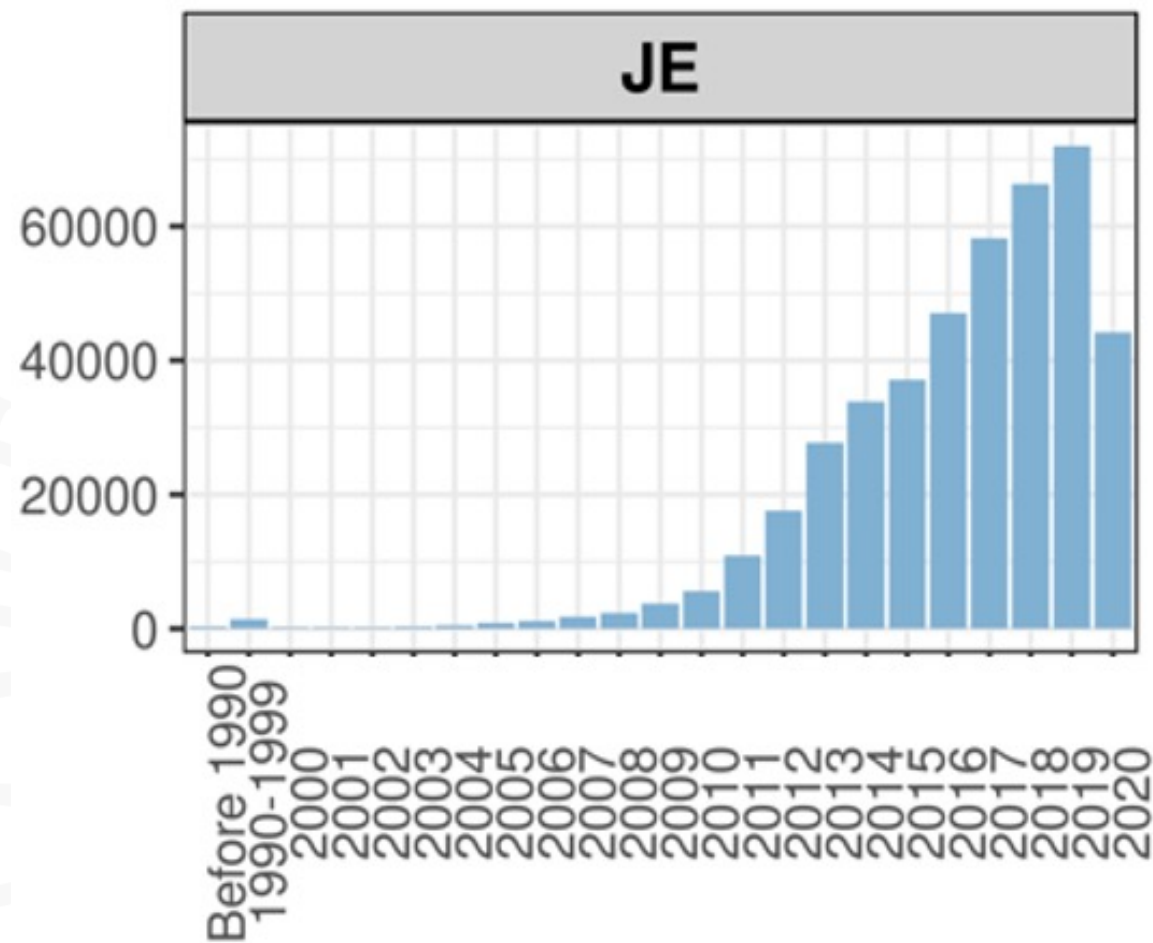




Holstein (HO)
N=3,525,992



Jersey (JE)
N=433,439



Inbreeding nelle bovine da latte in USA

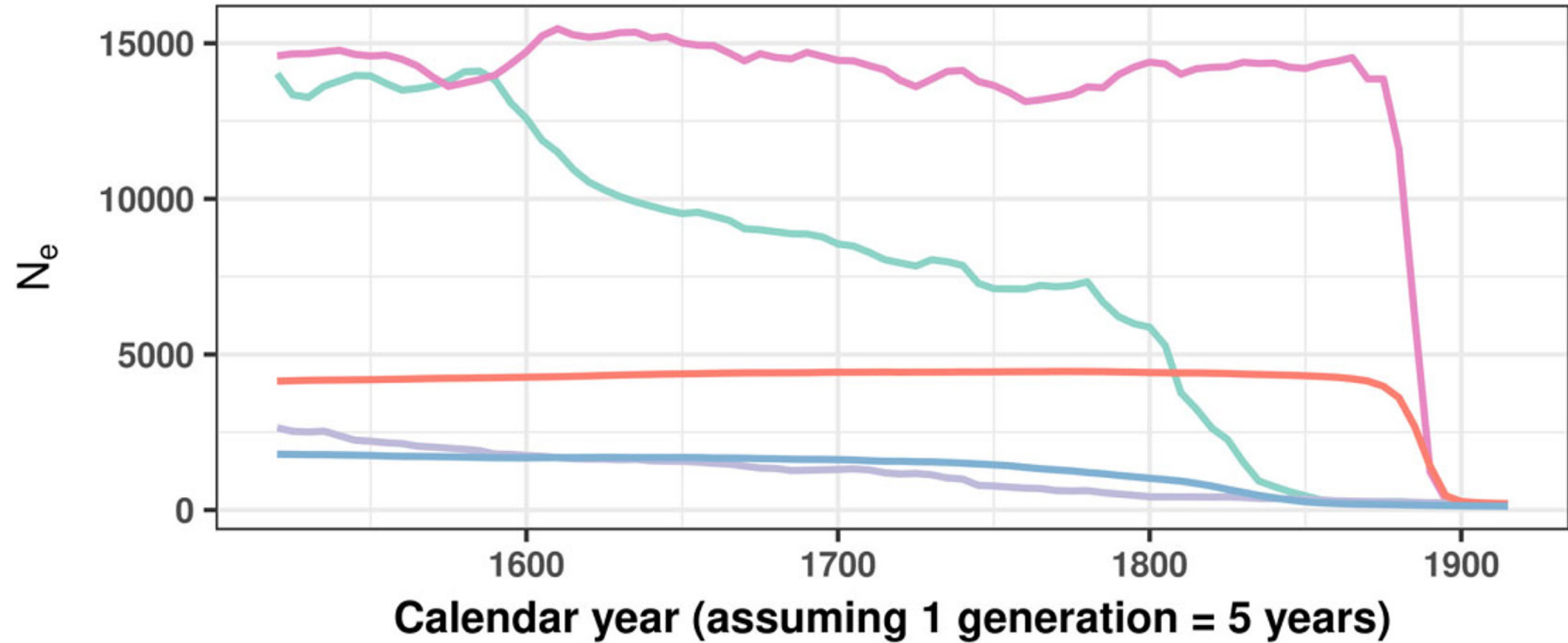
1- I dati

2- Origine della consanguineità

3- Conseguenze delle consanguineità

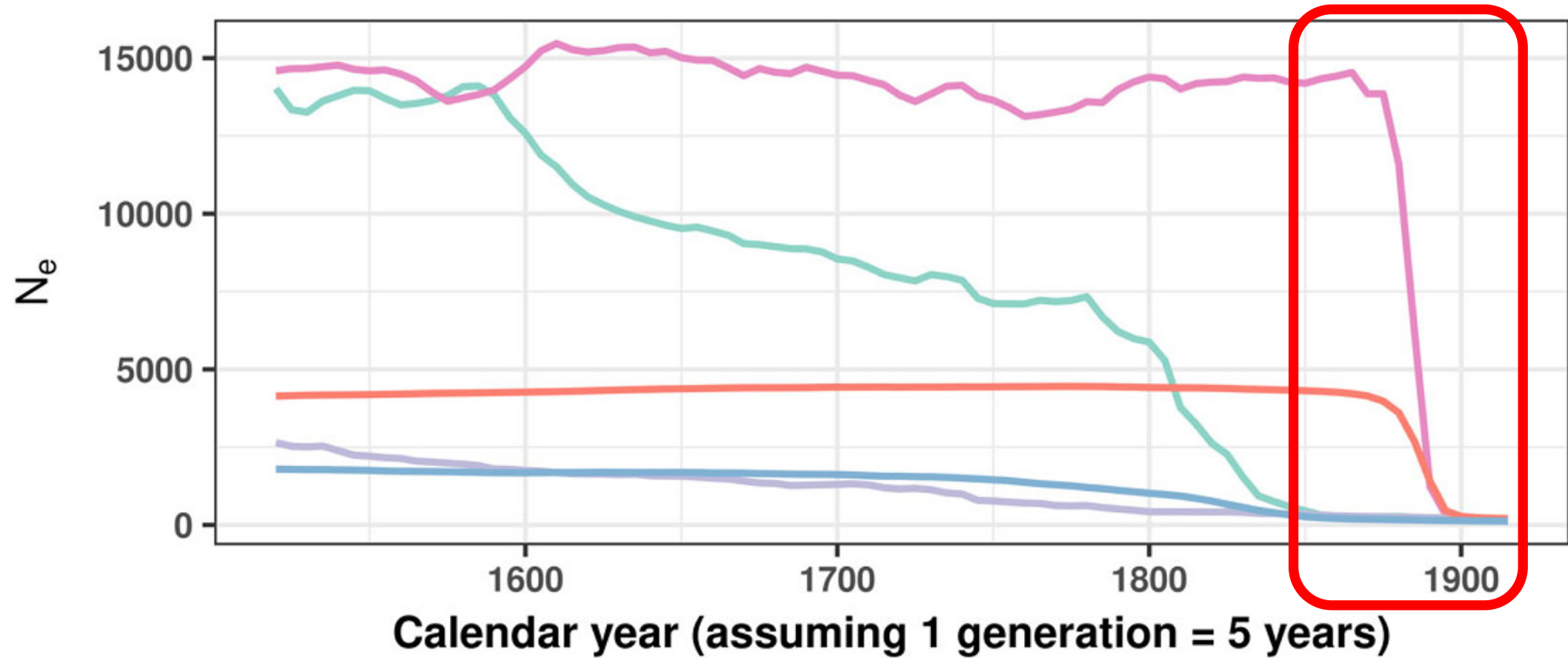
4- Contenimento della consanguineità

Popolazioni



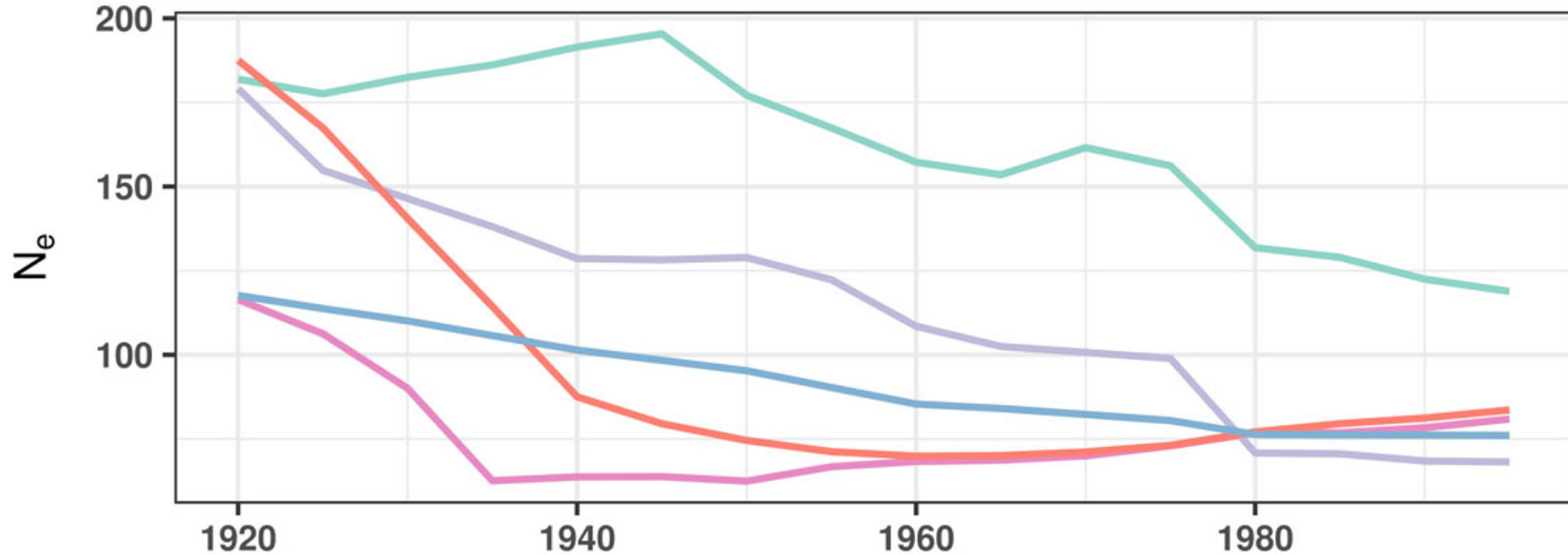
Breed — Ayrshire — Brown Swiss — Guernsey — Holstein — Jersey

Popolazioni



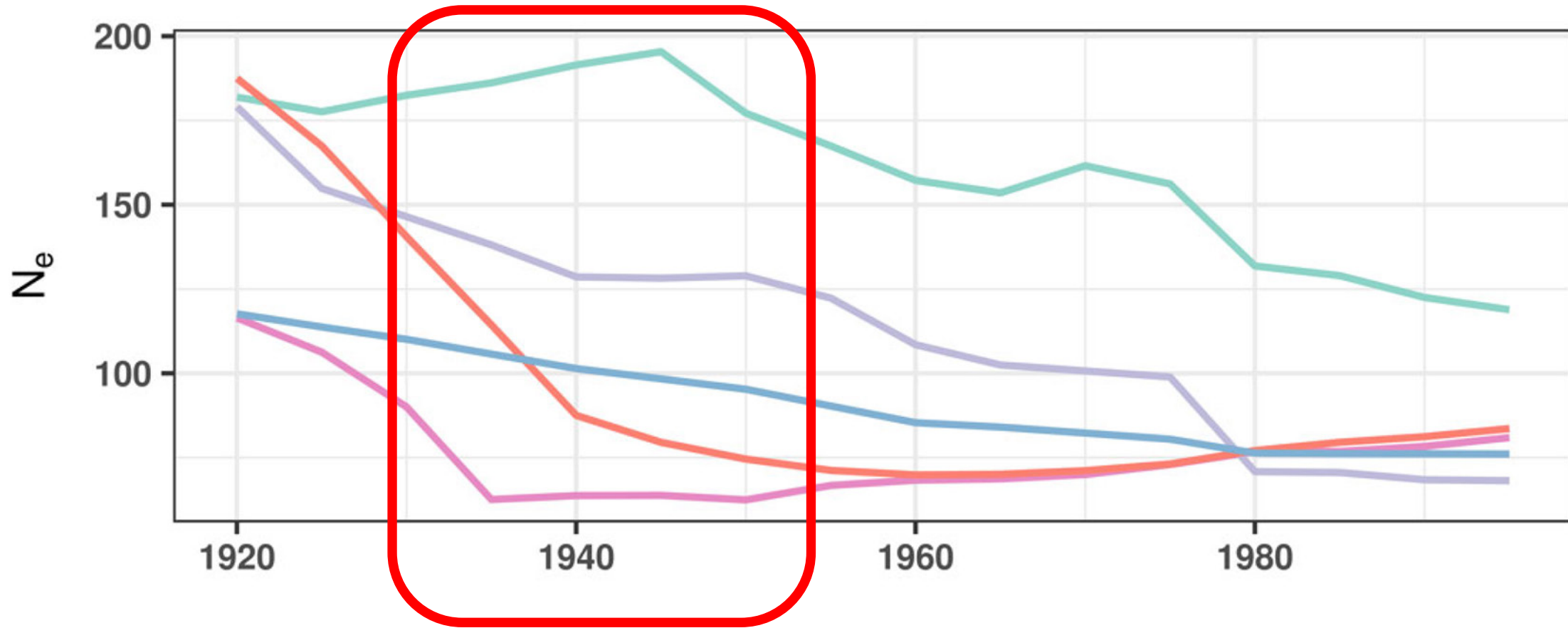
Breed — Ayrshire — Brown Swiss — Guernsey — Holstein — Jersey

Popolazioni



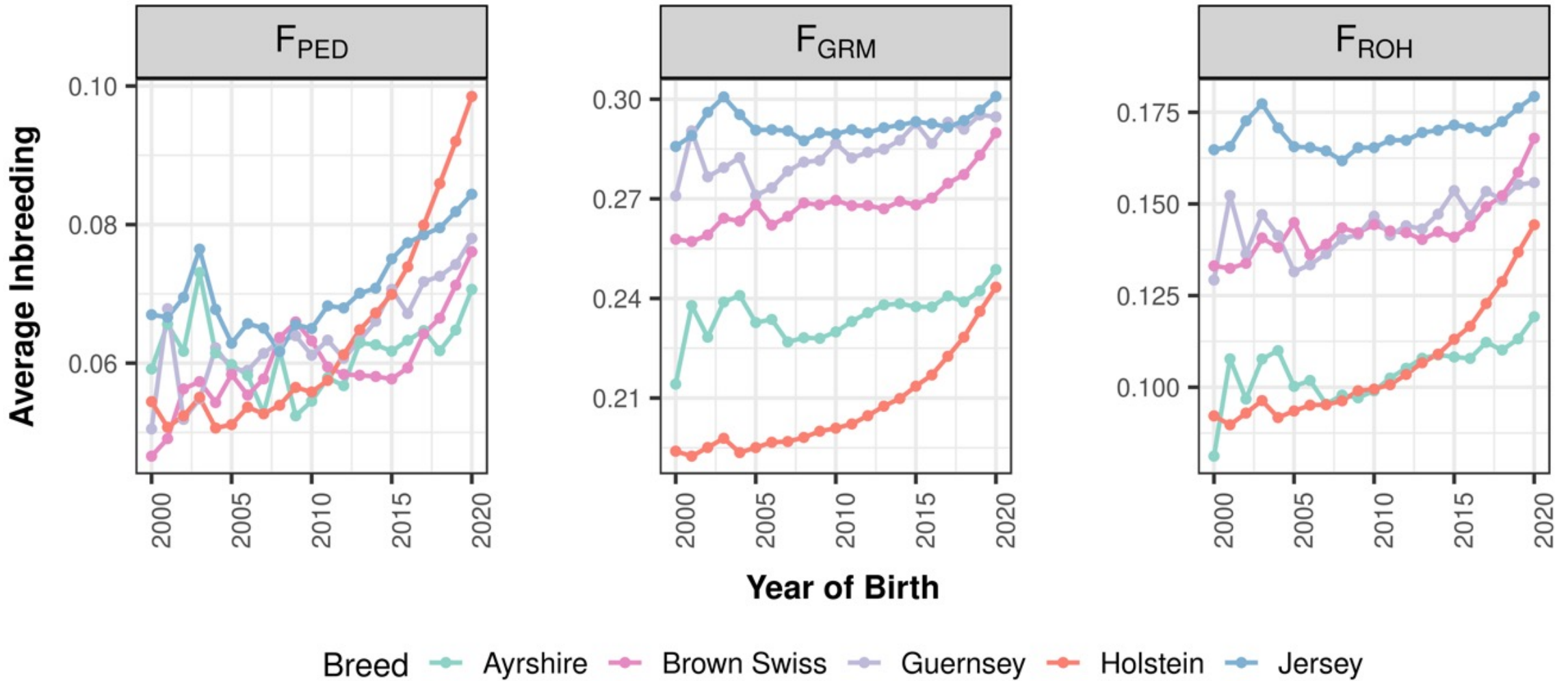
Breed — Ayrshire — Brown Swiss — Guernsey — Holstein — Jersey

Popolazioni

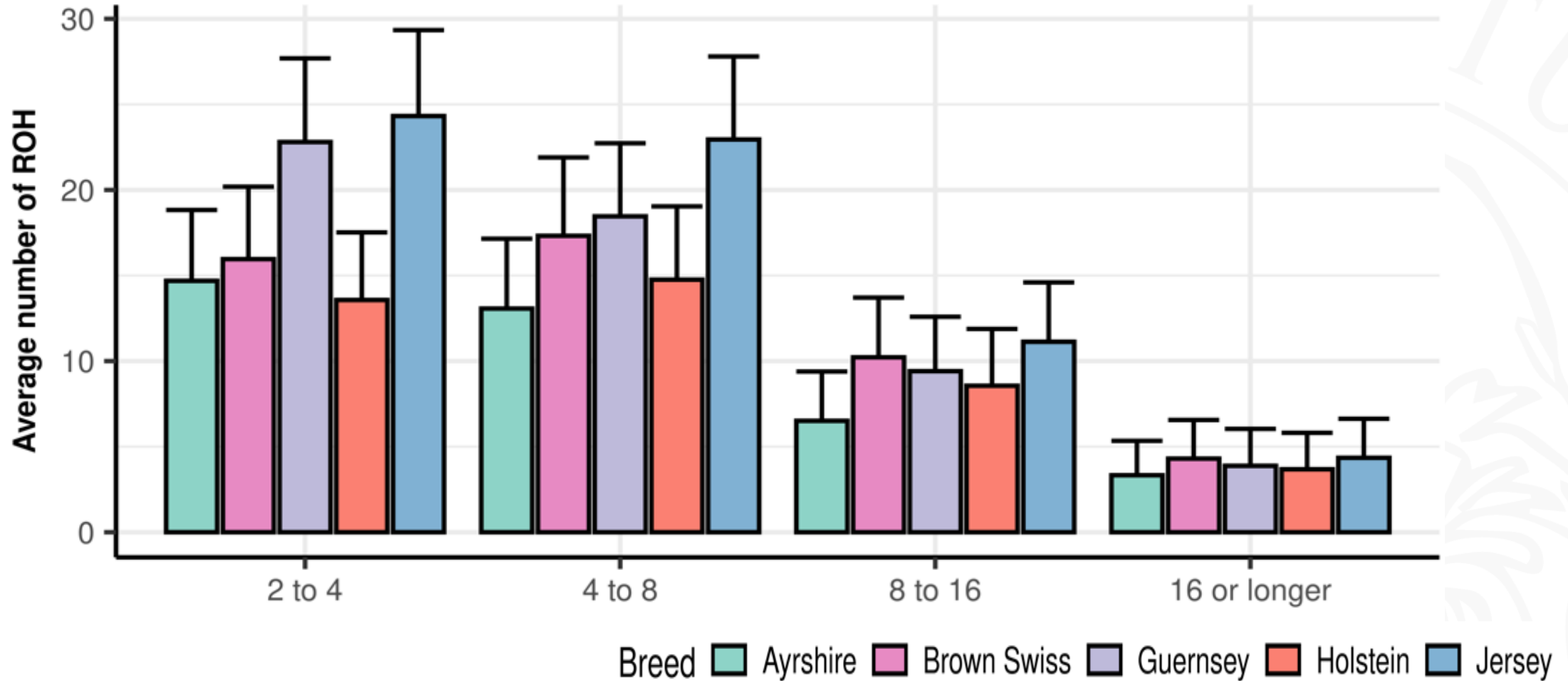


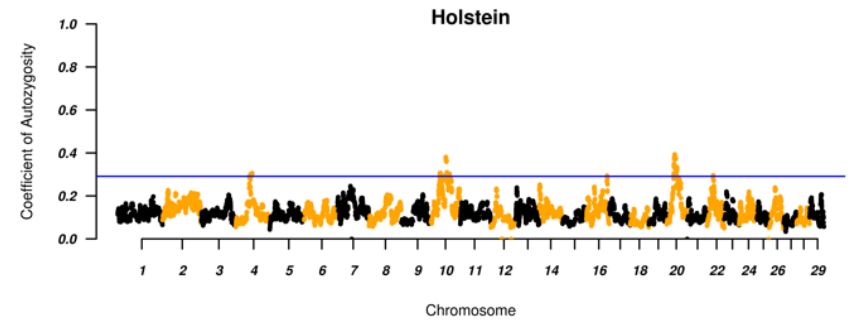
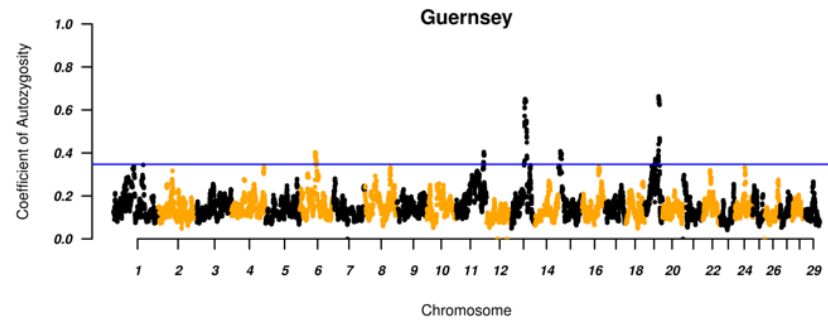
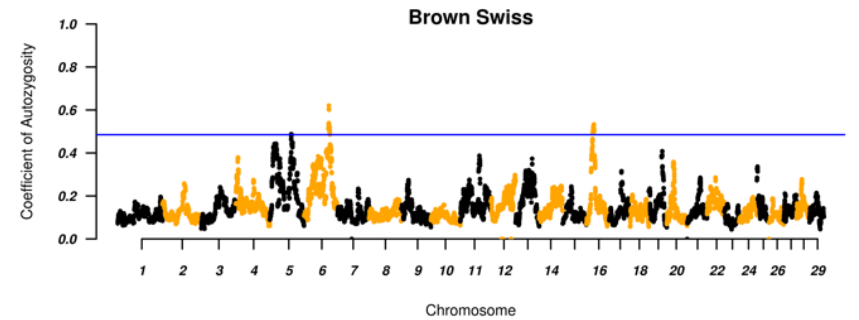
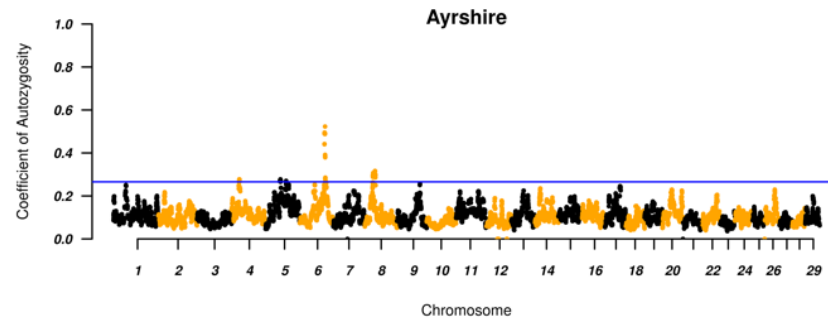
Breed — Ayrshire — Brown Swiss — Guernsey — Holstein — Jersey

Accumulo di omozigosi



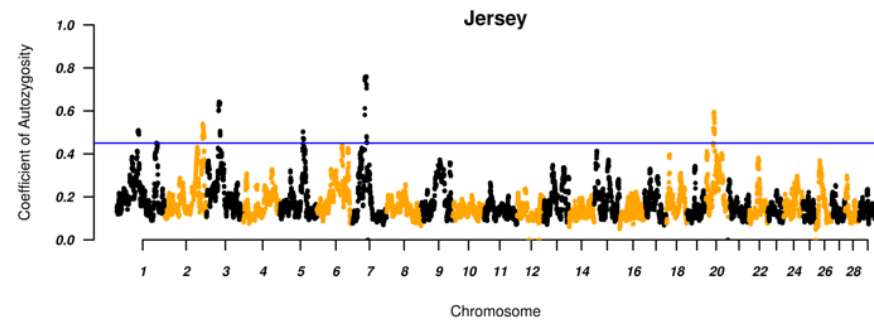
Accumulo di omozigosi





Caratteri associati ai geni:

- **Longevità funzionale** (ANKRD17, NPFFR2)
- **Latte** (ADAMTS3, ANKRD17, GC, NPFFR2)
- **Mastite** (GC and NPFFR2)
- **Chetosi** (ANKRD17)
- **Età alla pubertà** (ISL1, PELO)
- **Facilità di parto**(ISL1, PELO)



Inbreeding nelle bovine da latte in USA

1- I dati

2- Origine della consanguineità

3- Conseguenze delle consanguineità

4- Contenimento della consanguineità

Articolo in revisione su Journal of Dairy Science

Inbreeding nelle bovine da latte in USA



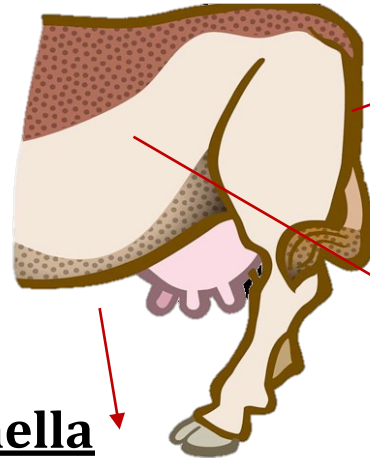
1- I dati

2- Origine della consanguineità

3- Conseguenze delle consanguineità

4- Contenimento della consanguineità

I caratteri studiati



Patologie della mammella

- Mastite (**MAST**)

Patologie riproduttive

- Metrite (**METR**)
- Ritenzione della placenta (**RETP**)
- Qualsiasi patologia riproduttiva (**REPR**)

Patologie metaboliche

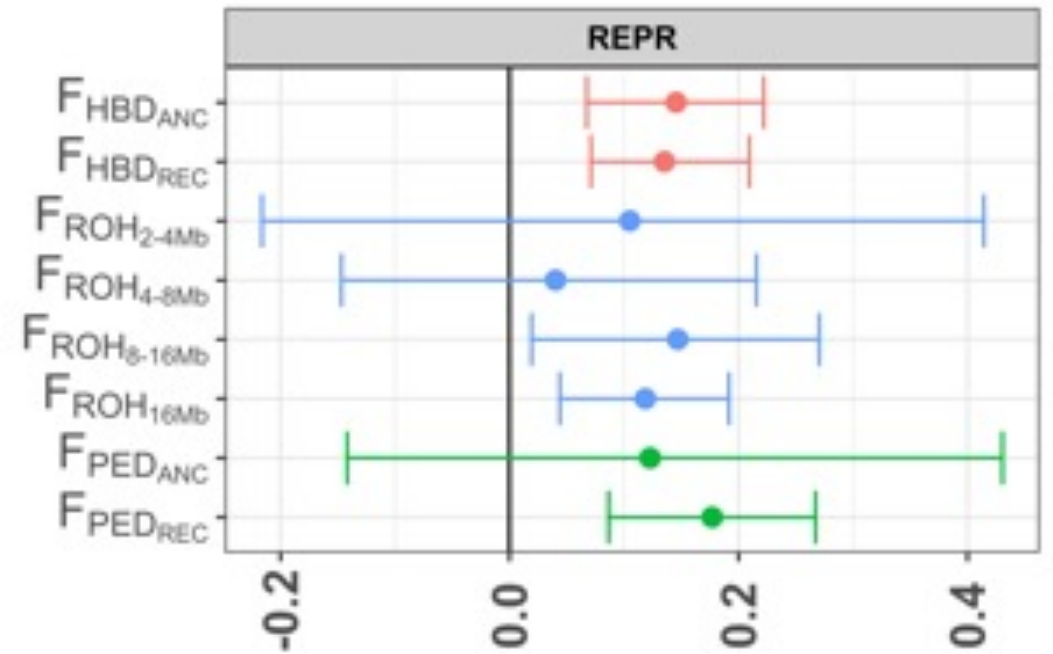
- Chetosi (**KETO**)
- Febbre da latte (**MFEV**)
- Dislocazione dell'abomaso (**DA**)
- Qualsiasi patologia metabolica (**META**)

Qualsiasi patologia (**ANYD**)

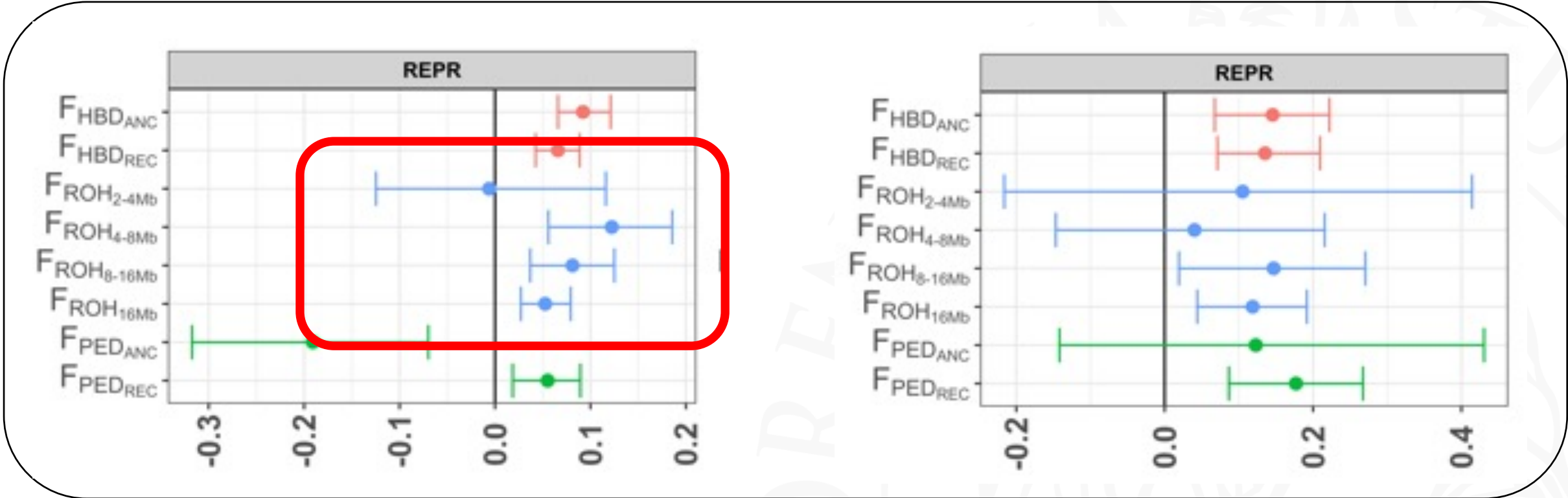
Incidenza delle patologie

Carattere	N. Animali		Incidenza	
	HO	JE	HO	JE
Quals. Patol.	354,043	68,292	0.16	0.12
Riproduttive	305,424	41,331	0.07	0.04
Metaboliche	299,014	56,816	0.05	0.03
Mastite	249,516	52,848	0.12	0.11
Metrite	213,256	29,631	0.08	0.04
Ritenzione della placenta	287,503	32,352	0.03	0.01
Chetosi	174,102	26,376	0.07	0.04
Febbre da latte	228,692	51,336	0.01	0.01
Dislocazione dell'abomaso	221,213	16,631	0.01	0.01

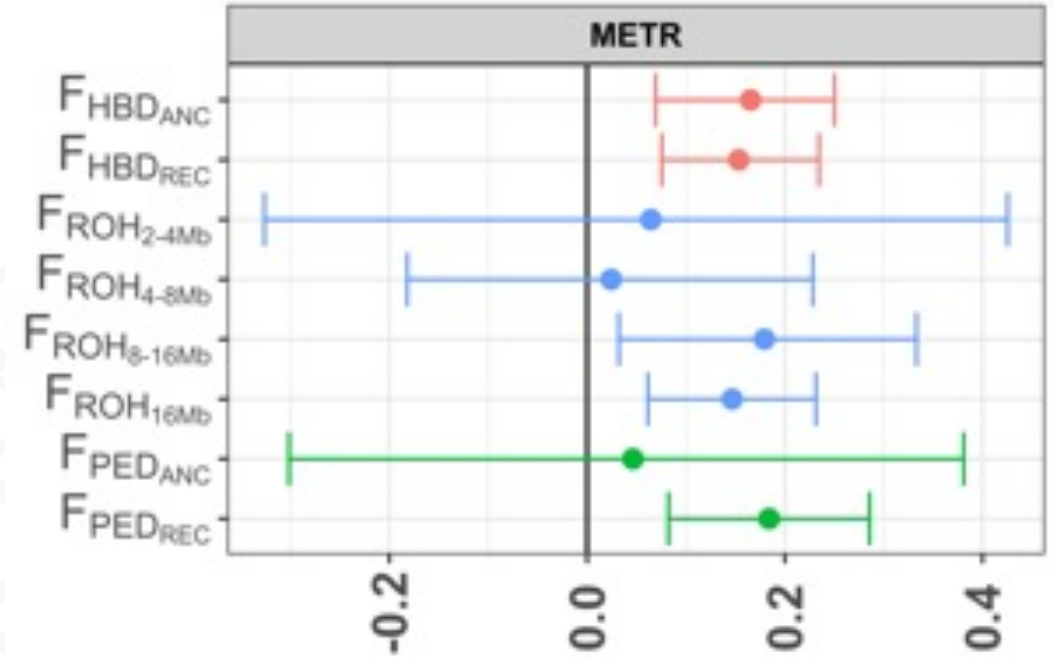
Patologie riproduttive



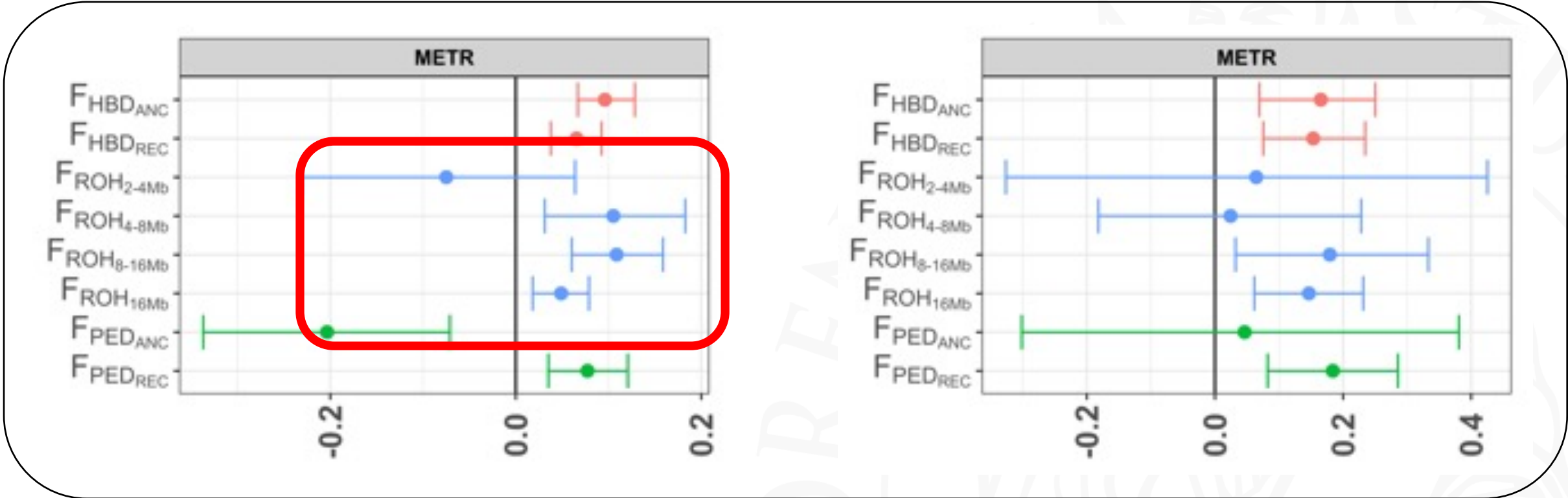
Patologie riproduttive



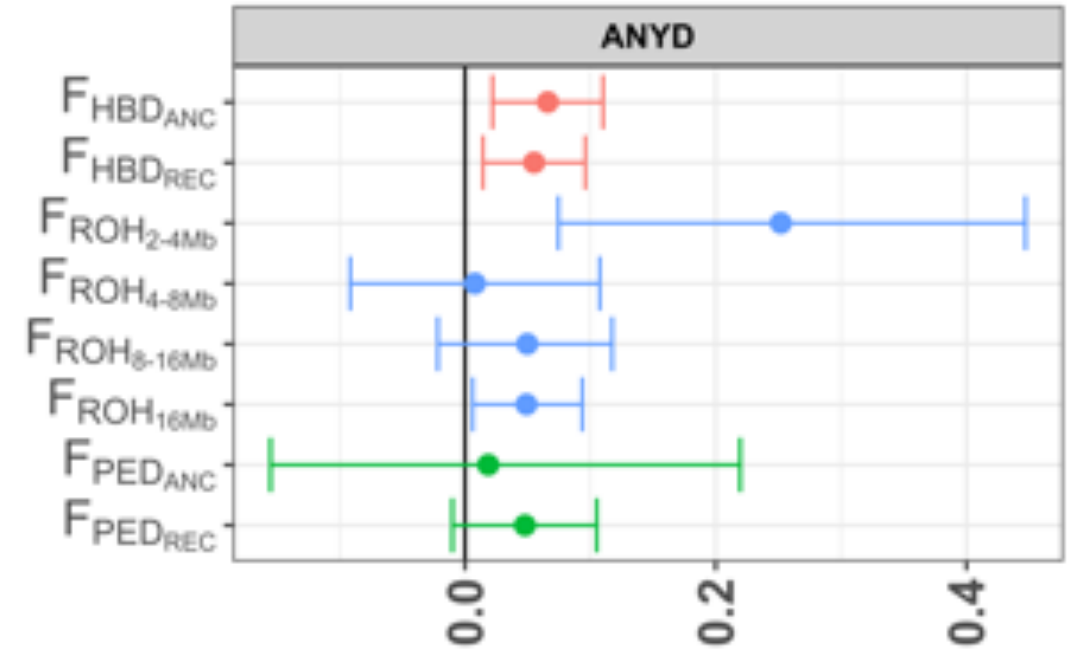
Metrite



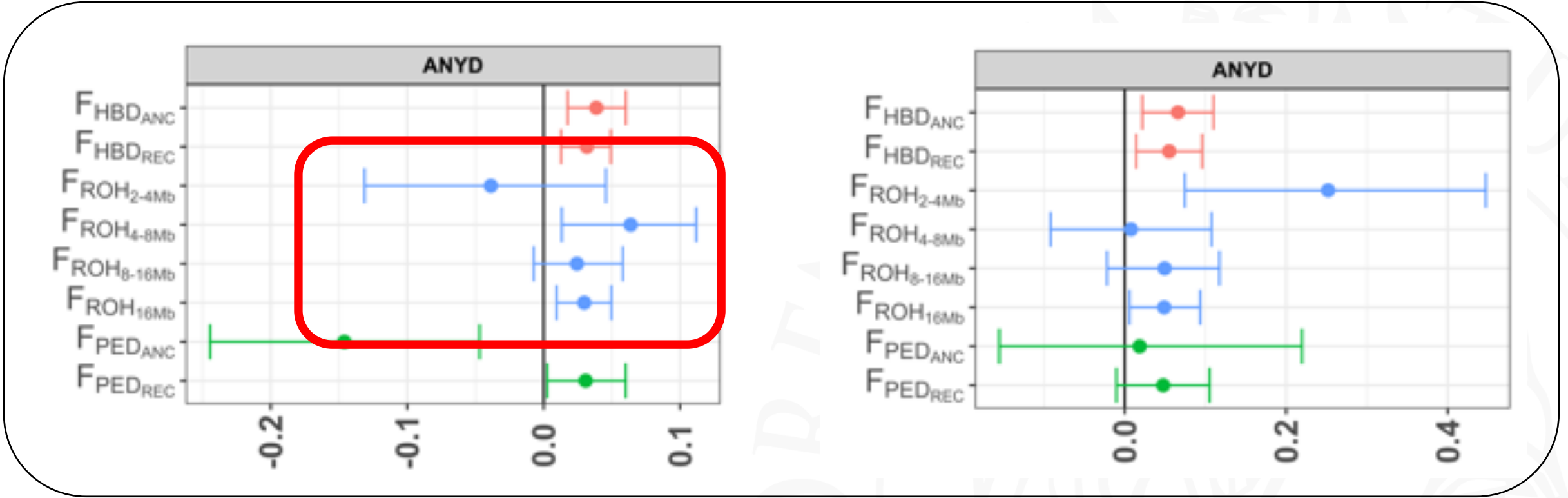
Metrite



Insorgenza di qualsiasi patologia



Insorgenza di qualsiasi patologia



Inbreeding nelle bovine da latte in USA

1- I dati

2- Origine della consanguineità

3- Conseguenze delle consanguineità

4- Contenimento della consanguineità

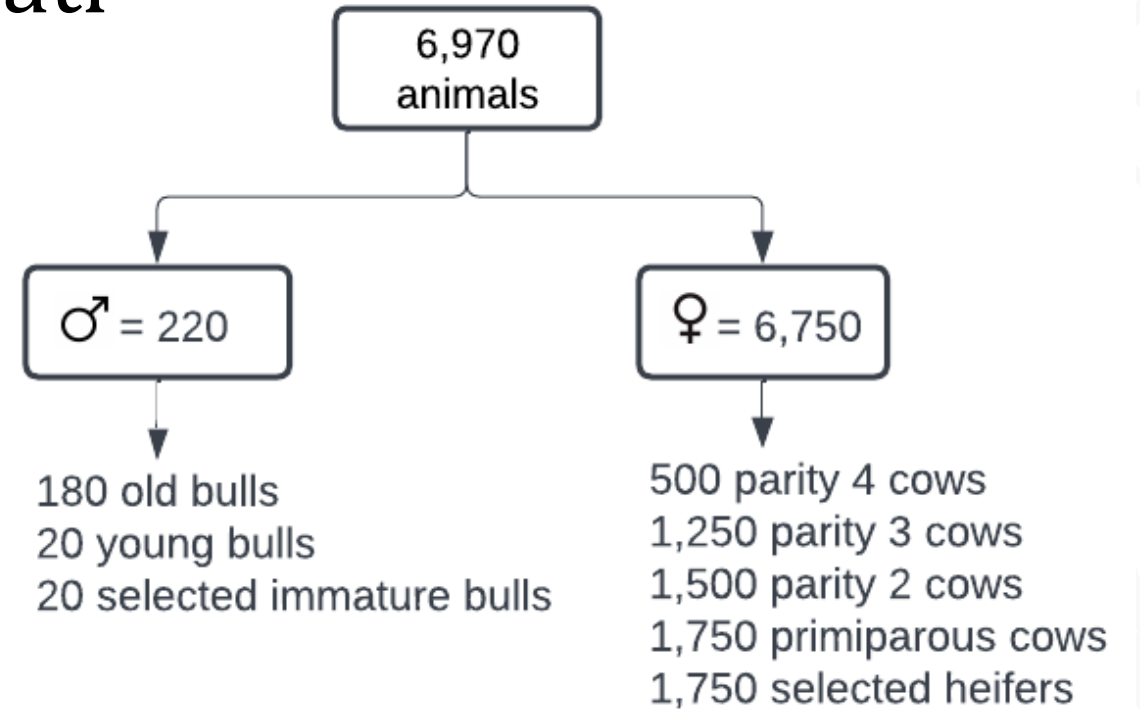
Articolo in preparazione

Studio *in silico*: simulazione

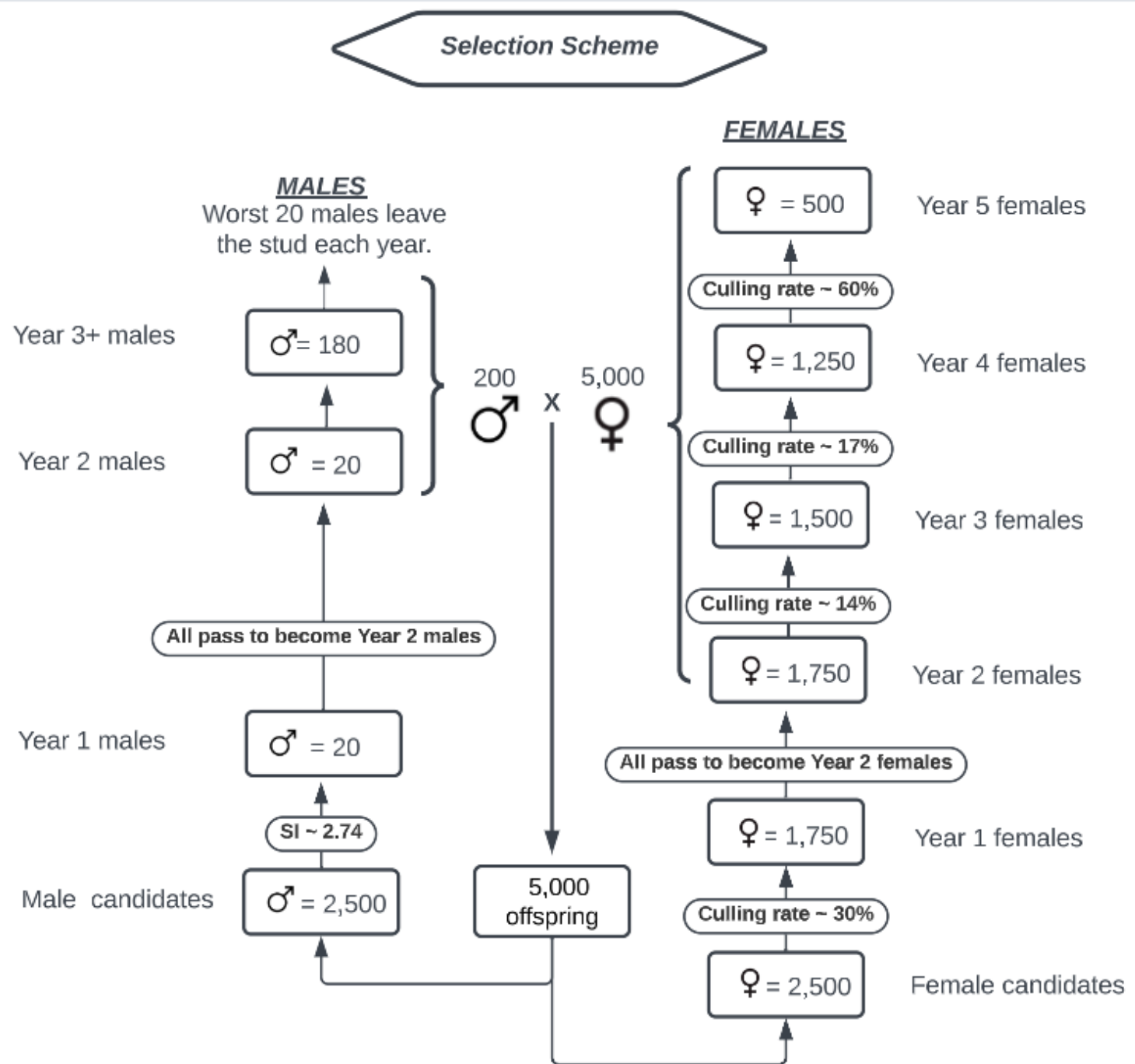
Scambio di germoplasma (tori) tra i centri AI.

Studio *in silico*: simulazione

Genotipi di individui campionati dai 3 principali centri AI in USA.



Simulazione



Impatto di:



Impatto di:

1. Metodo di selezione entro centro AI.
2. Metodo di scambio tra i centri AI.

Metodi di selezione entro centro AI:

Metodi di selezione entro centro AI:

1. Valore genetico reale – True Breeding Value - **TBV**.
2. Valore genetico stimato – Estimated breeding value - **EBV**.
 - a) Anche penalizzato per inbreeding della progenie (**PEN-EBV**).
3. A caso – **Random**.

Metodi di selezione entro centro AI:

1. Valore genetico reale – True Breeding Value - **TBV**.
2. Valore genetico stimato – Estimated Breeding Value - **EBV**.
 - a) Anche penalizzato per inbreeding della progenie (**PEN-EBV**).
3. A caso – **Random**.

Metodi di selezione entro centro AI:

1. Valore genetico reale – True Breeding Value - **TBV**.
2. Valore genetico stimato – Estimated Breeding Value - **EBV**.
 - a) Anche penalizzato per inbreeding della progenie (**PEN-EBV**).
3. A caso – **Random**.

Metodi di selezione entro centro AI:

1. Valore genetico reale – True Breeding Value - **TBV**.
2. Valore genetico stimato – Estimated Breeding Value - **EBV**.
 - a) Anche penalizzato per inbreeding della progenie (**PEN-EBV**).
3. A caso – **Random**.

Metodi di scambio **tra centri AI:**

1. Valore genetico reale – True Breeding Value - **TBV**.
2. Valore genetico stimato – Estimated Breeding Value - **EBV**.
 - a) Anche penalizzato per inbreeding della progenie (**PEN-EBV**).
3. A caso – **Random**.
4. Nessuno scambio – **None**.



Impatto su:

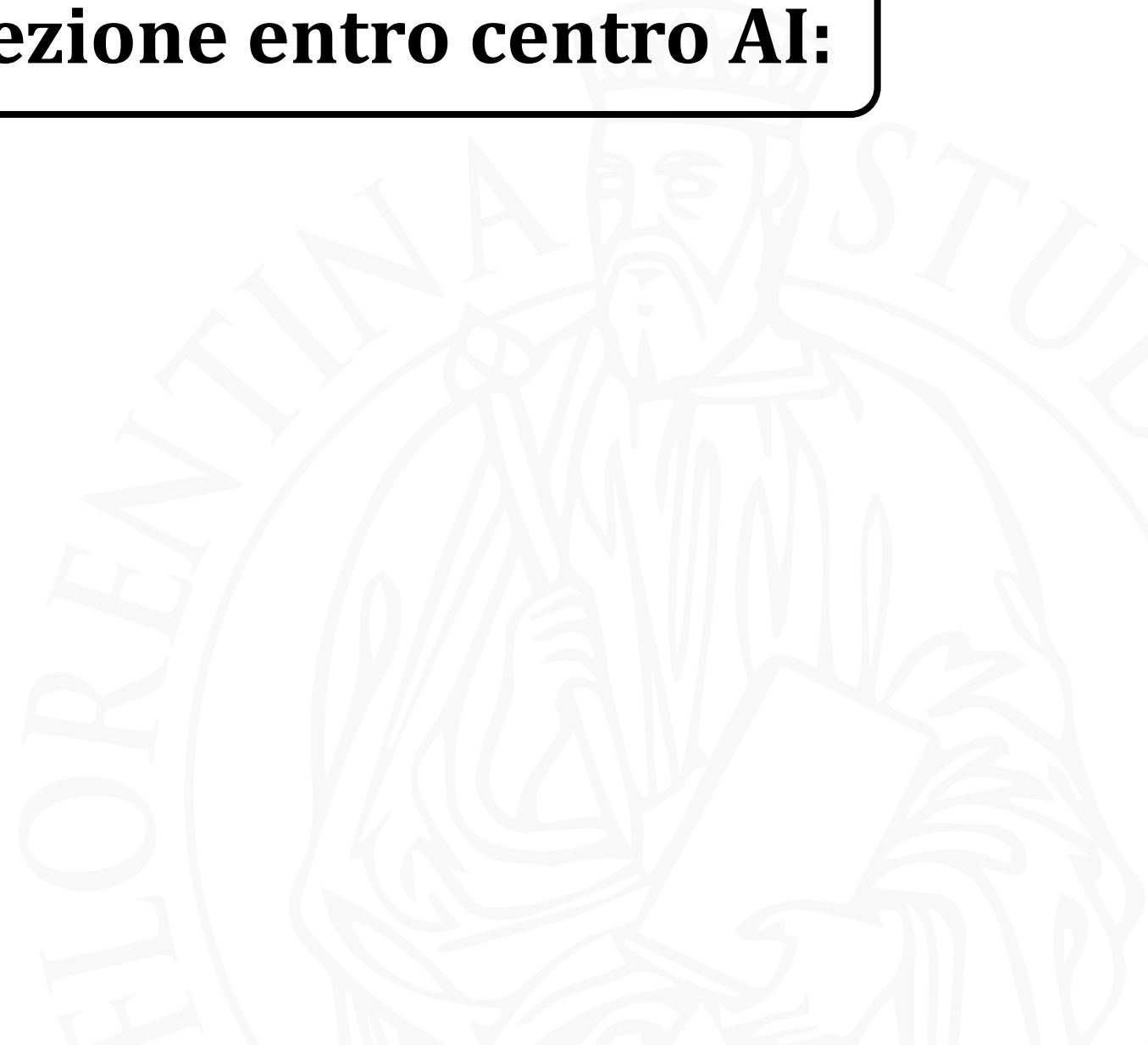


Impatto su:

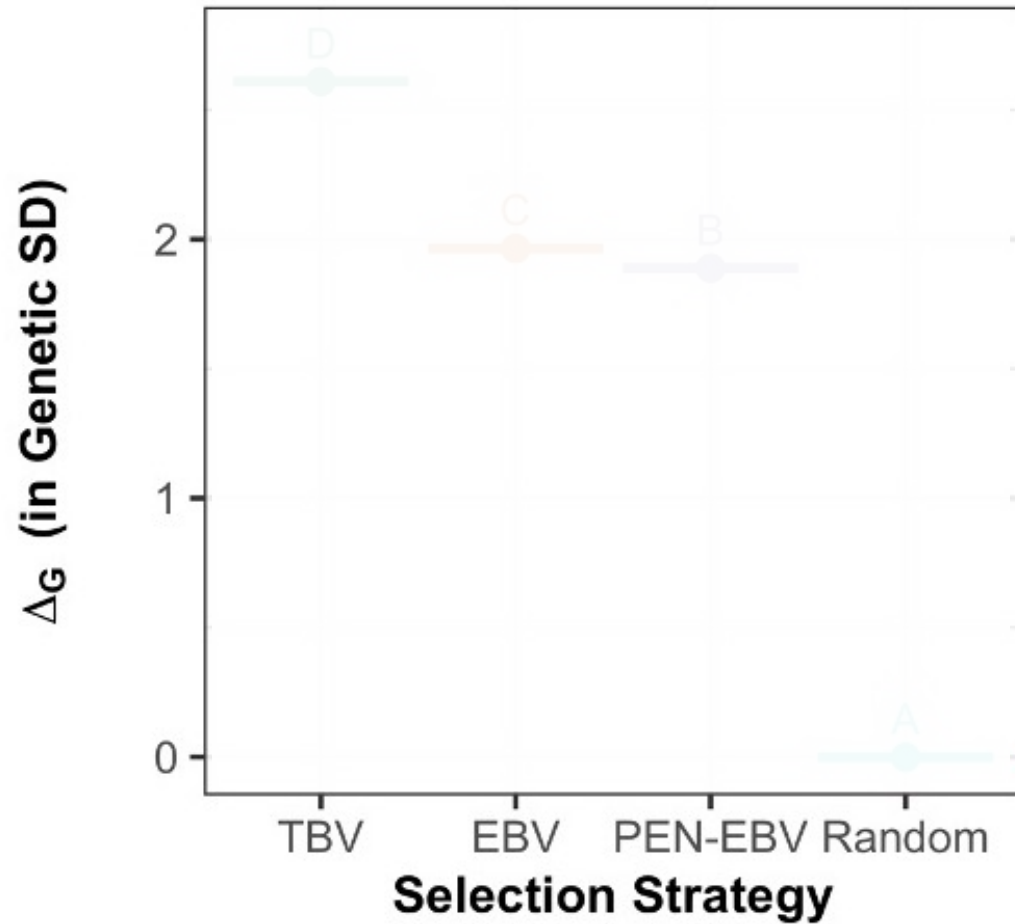
1. Progresso genetico (Delta-G).
2. Accumulo di omozigosi (Delta-F).



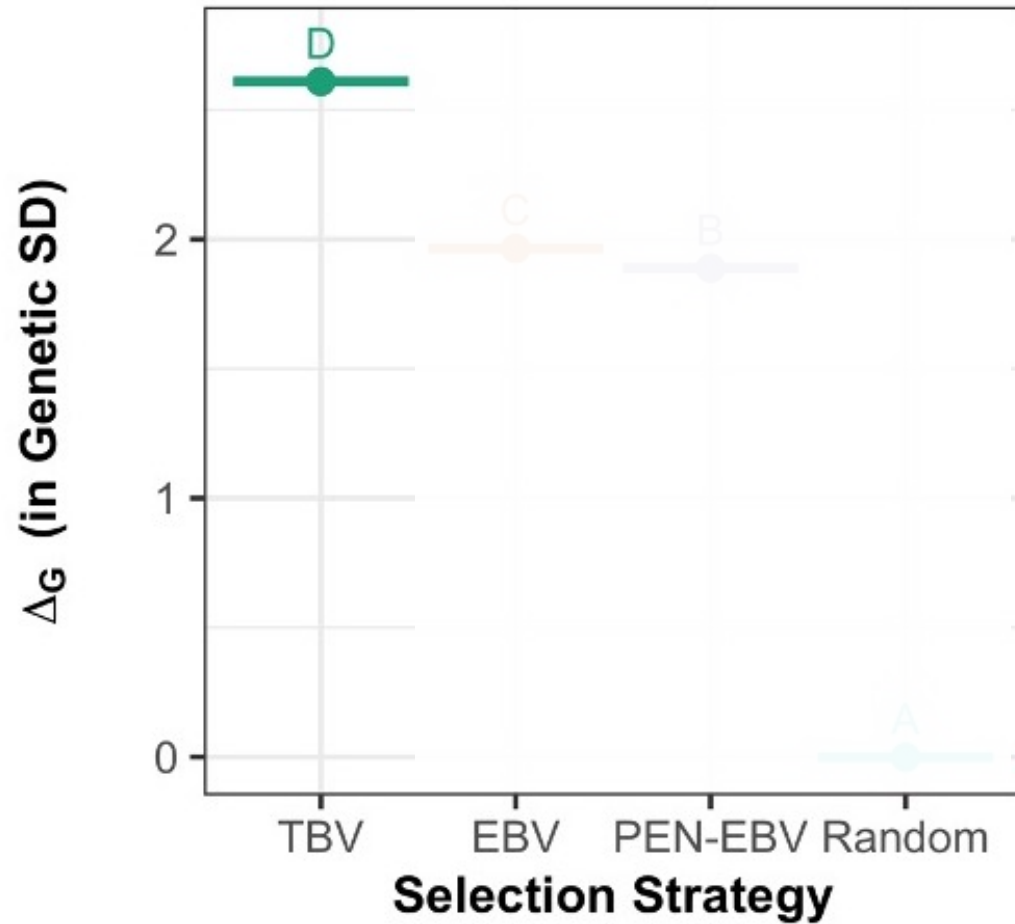
Metodi di selezione entro centro AI:



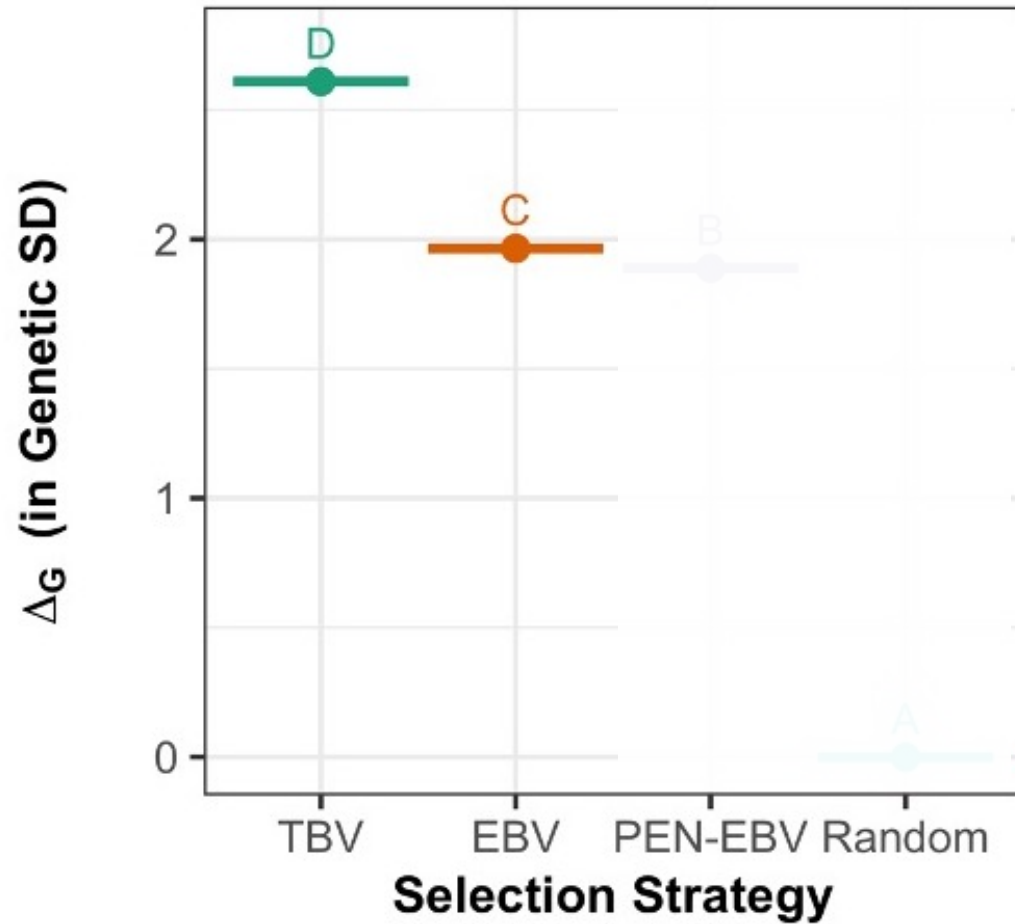
Metodi di selezione entro centro AI:



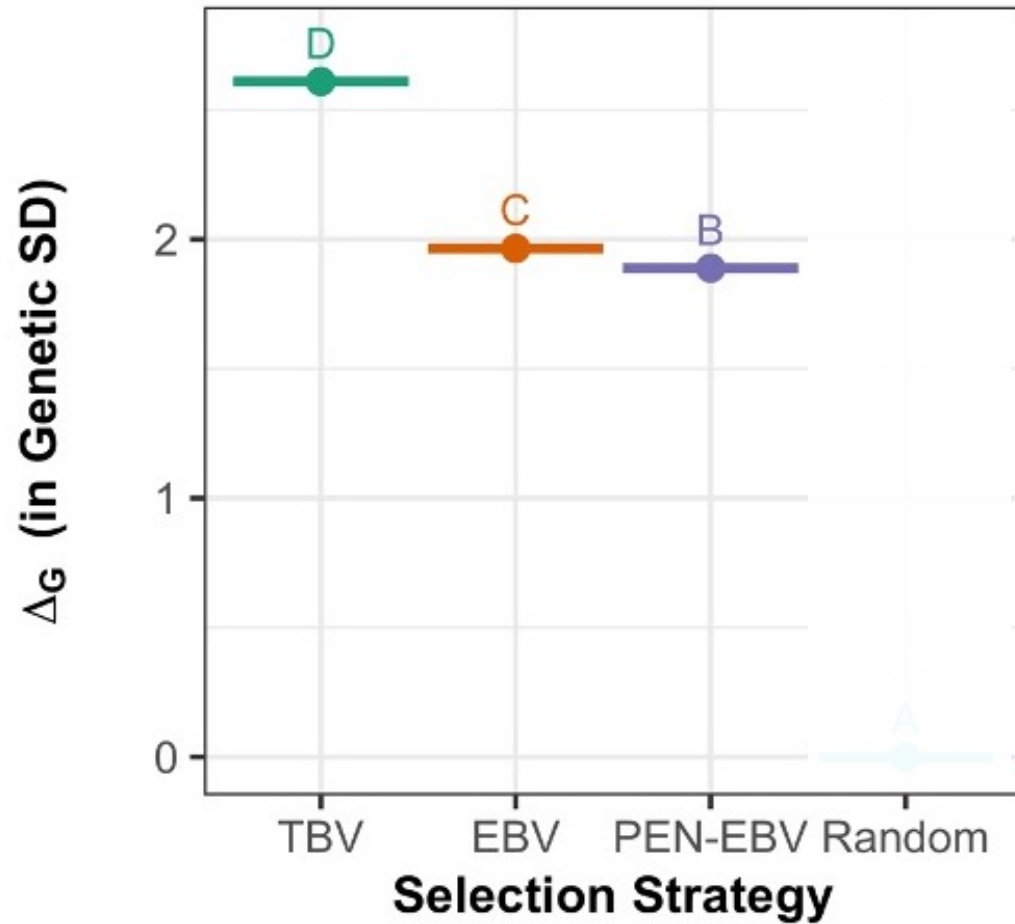
Metodi di selezione entro centro AI:



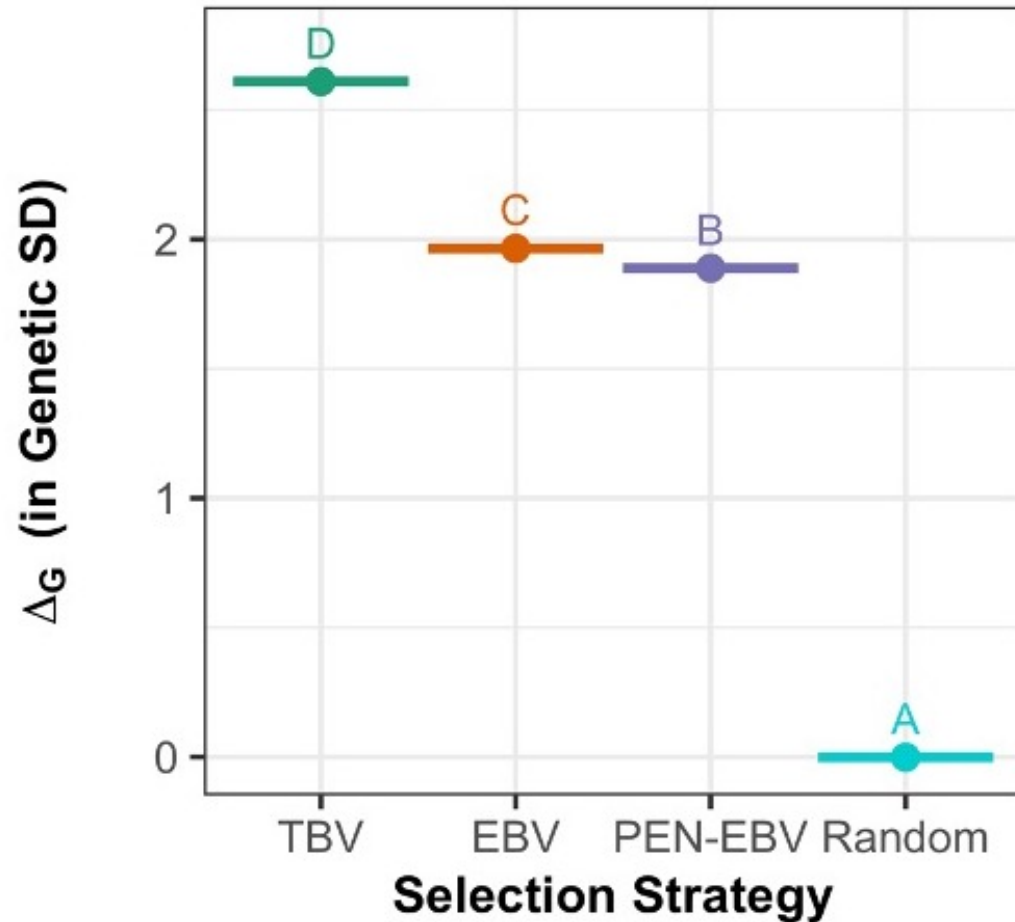
Metodi di selezione entro centro AI:



Metodi di selezione entro centro AI:

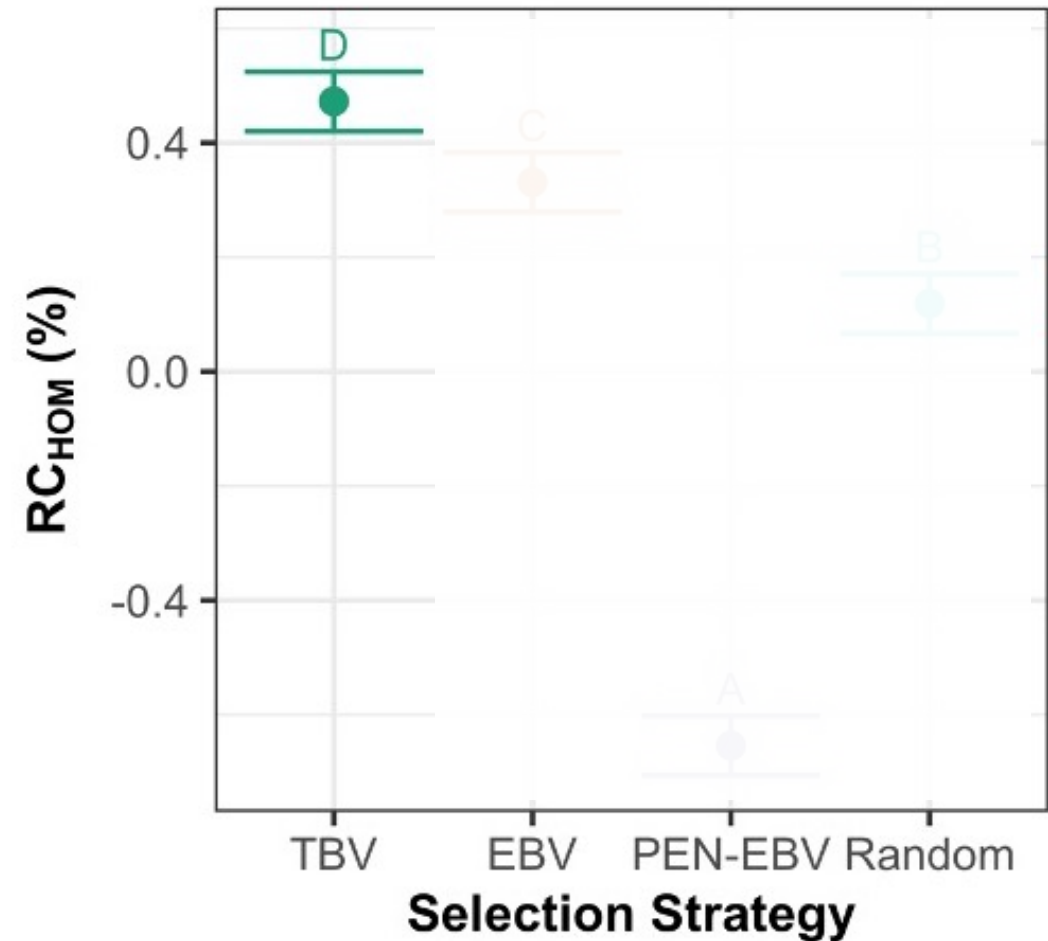
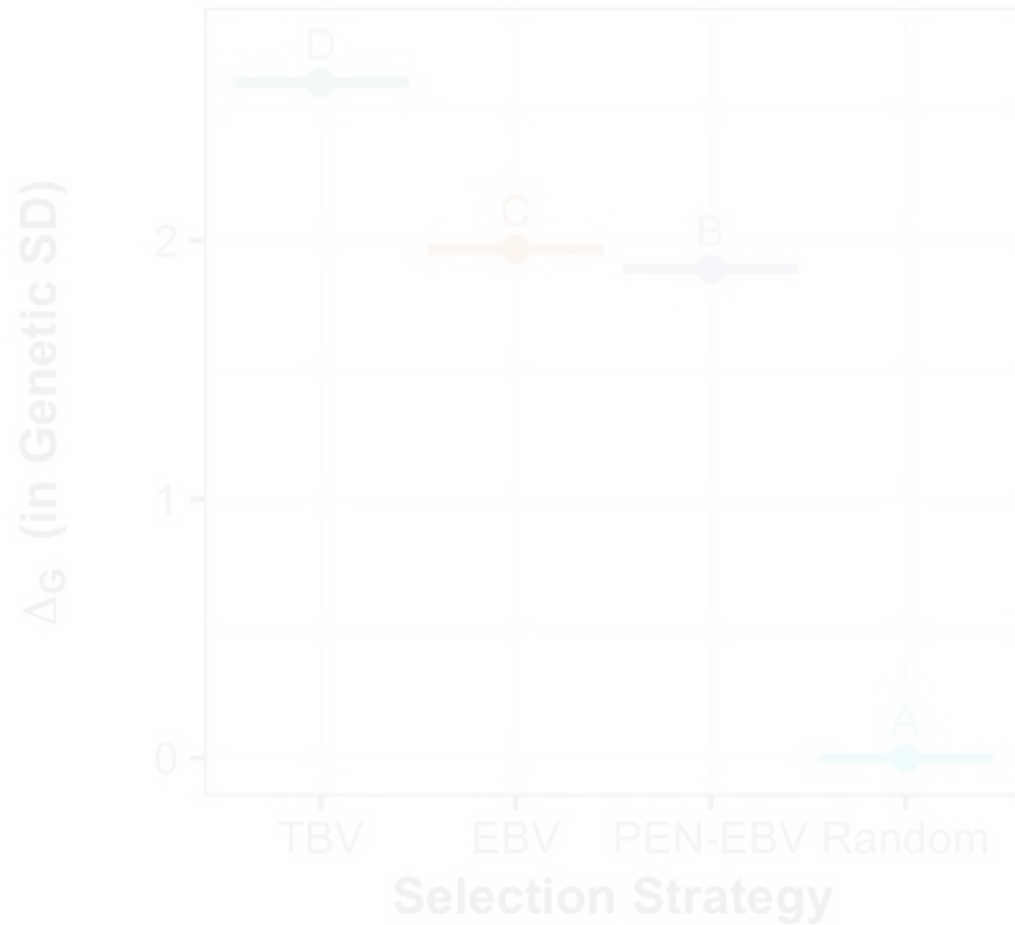


Metodi di selezione entro centro AI:

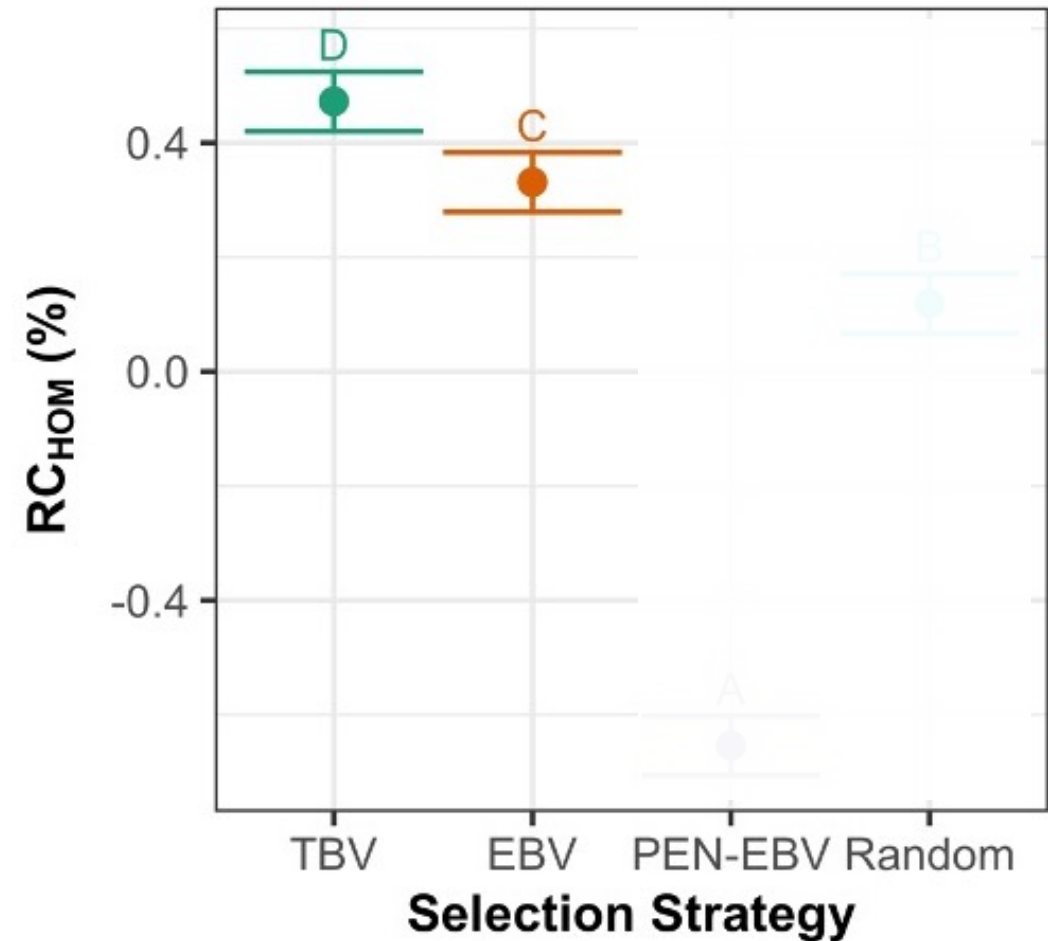
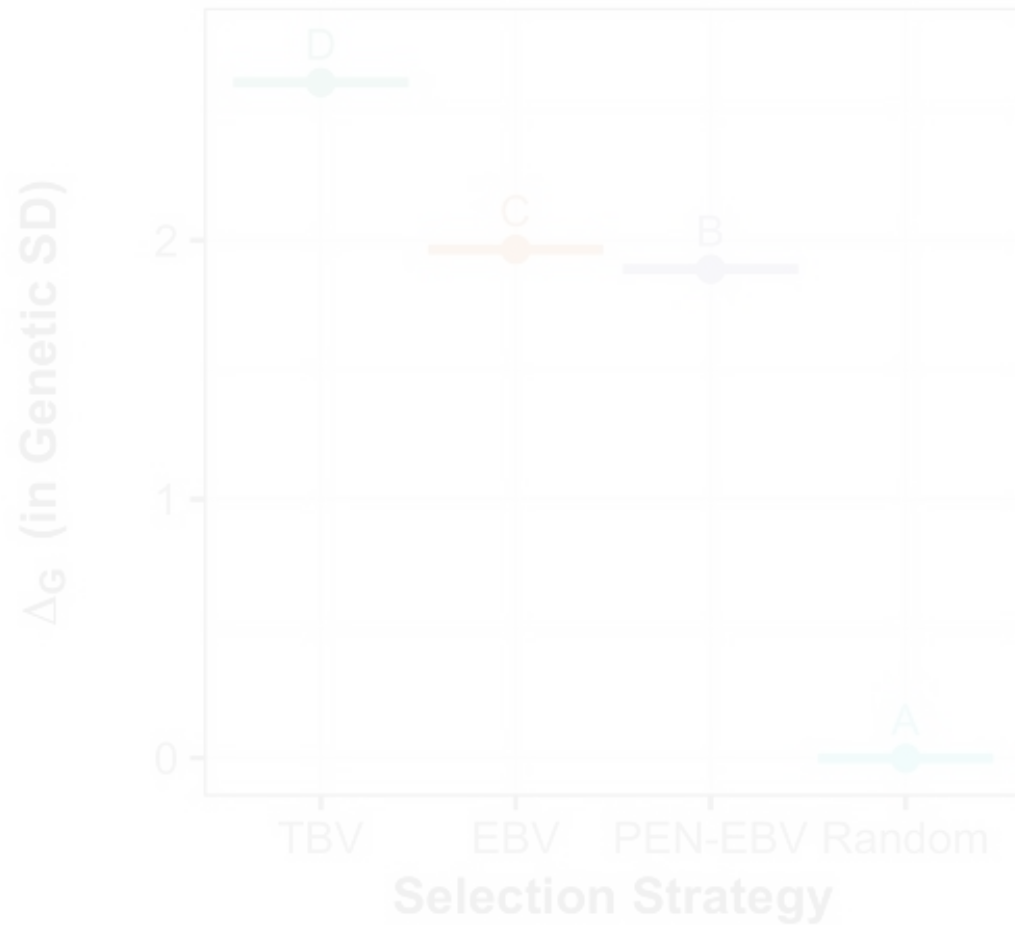


**Il controllo
dell'accumulo di omozigosi
non compromette
il progresso genetico**

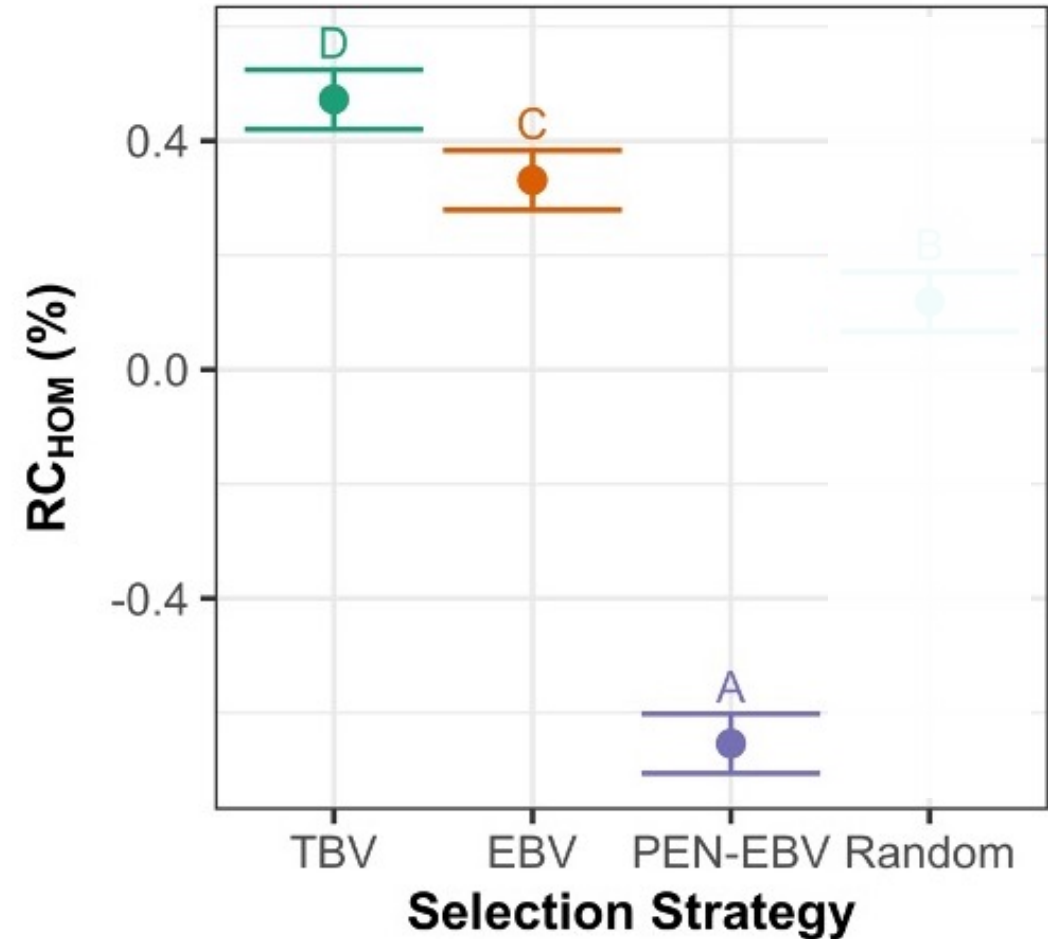
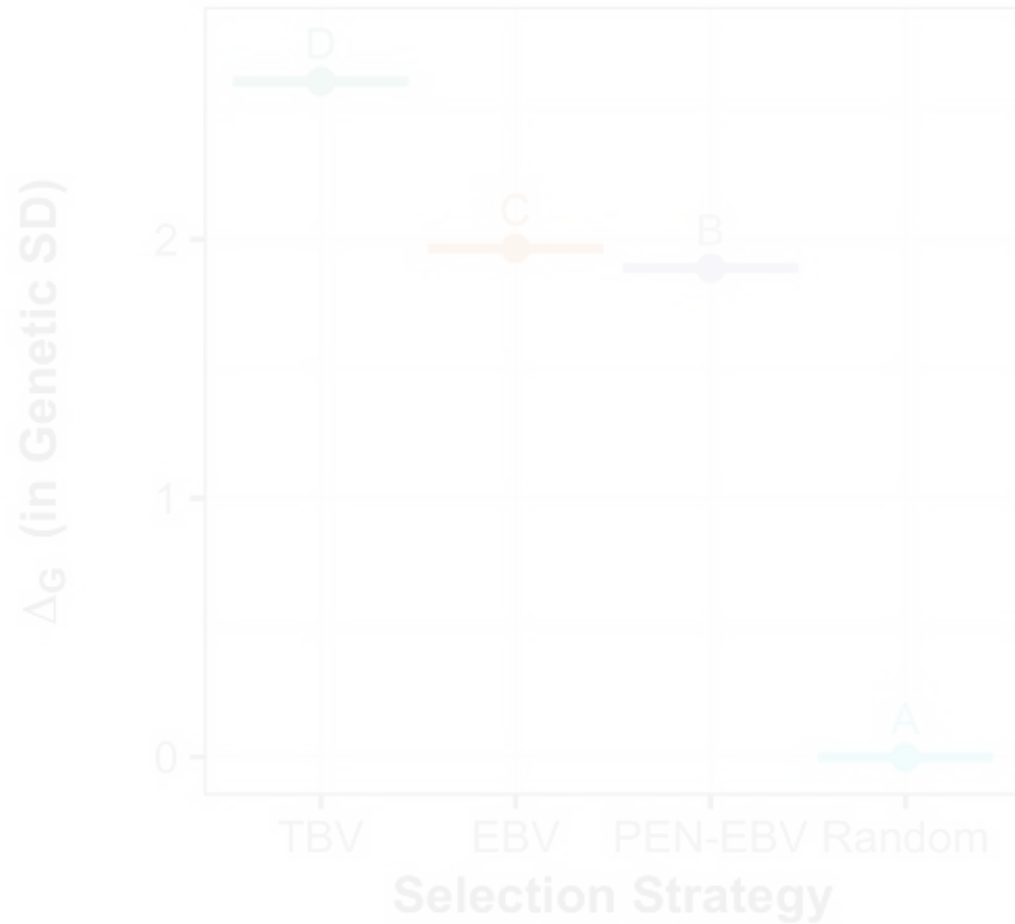
Metodi di selezione entro centro AI:



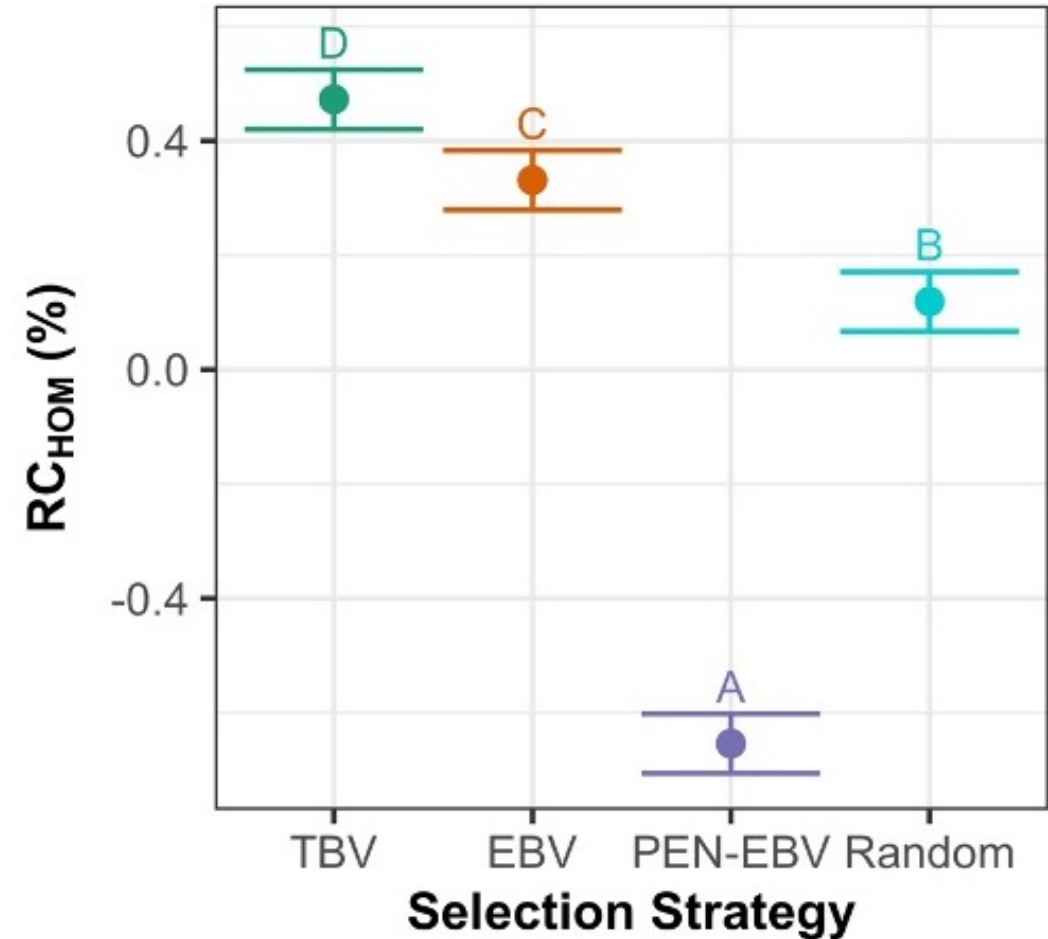
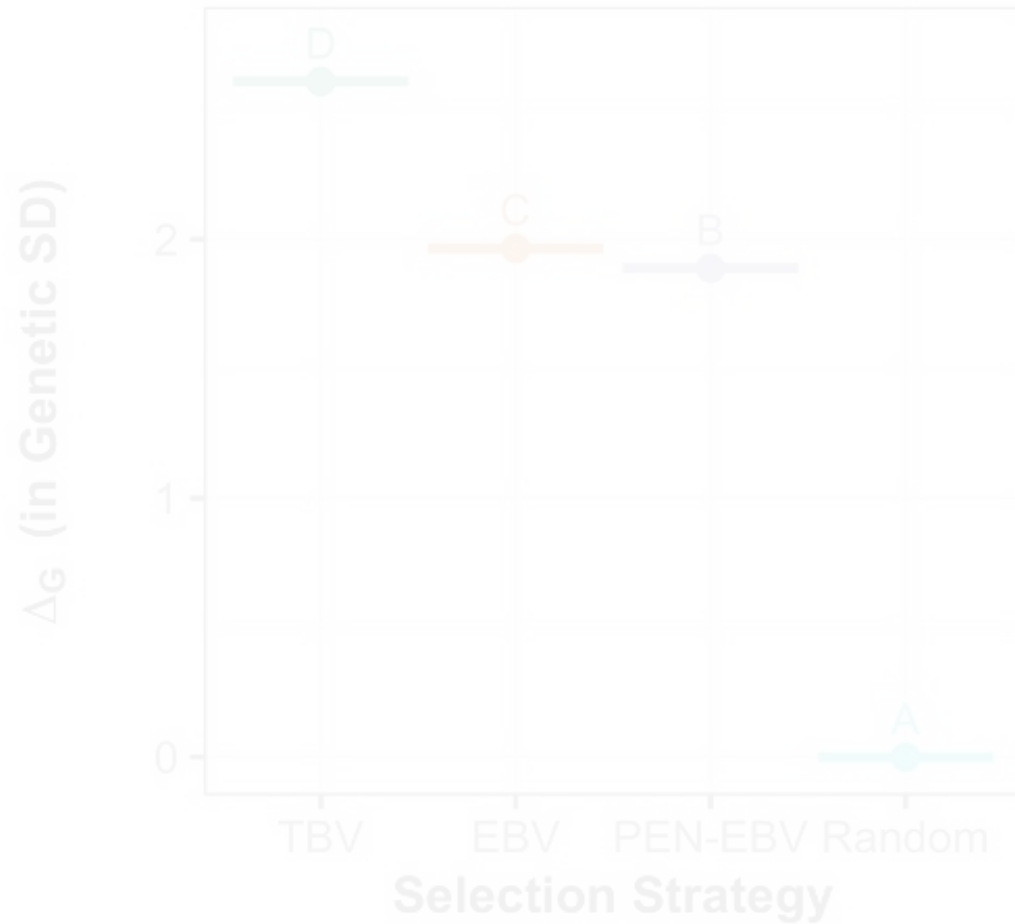
Metodi di selezione entro centro AI:



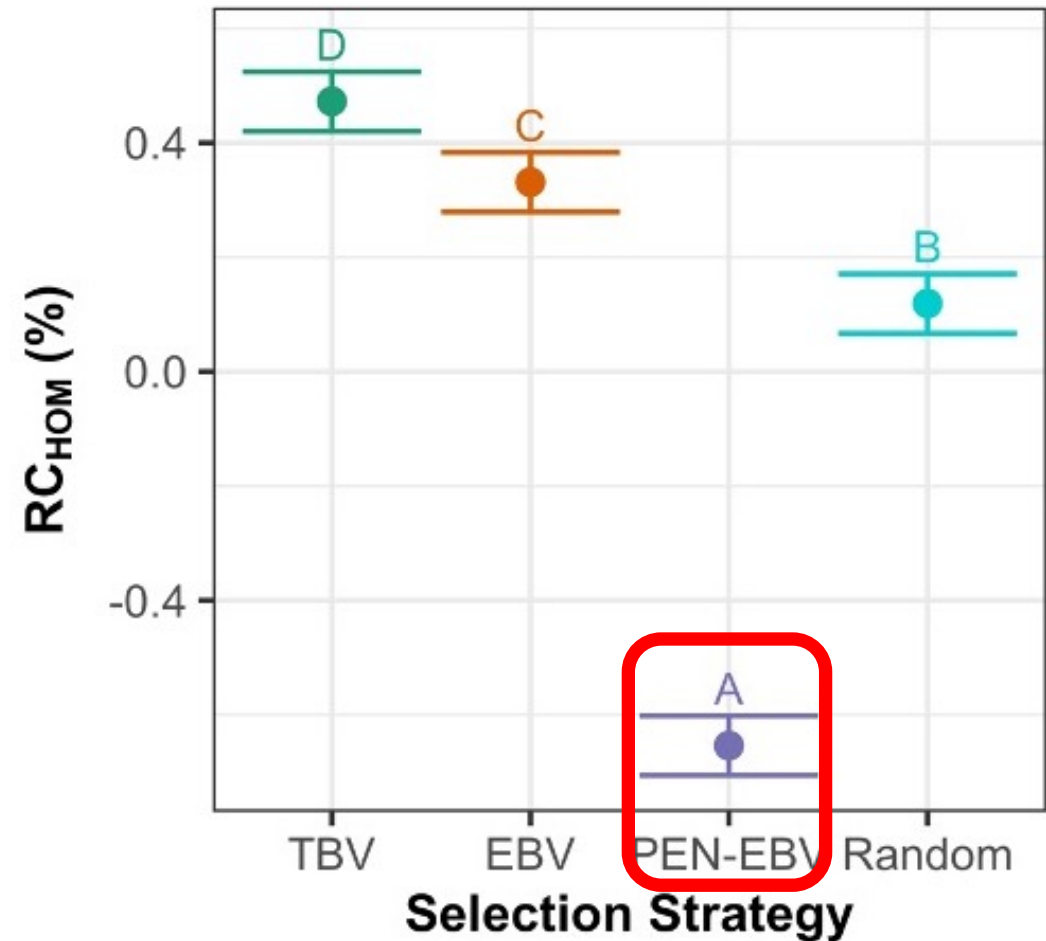
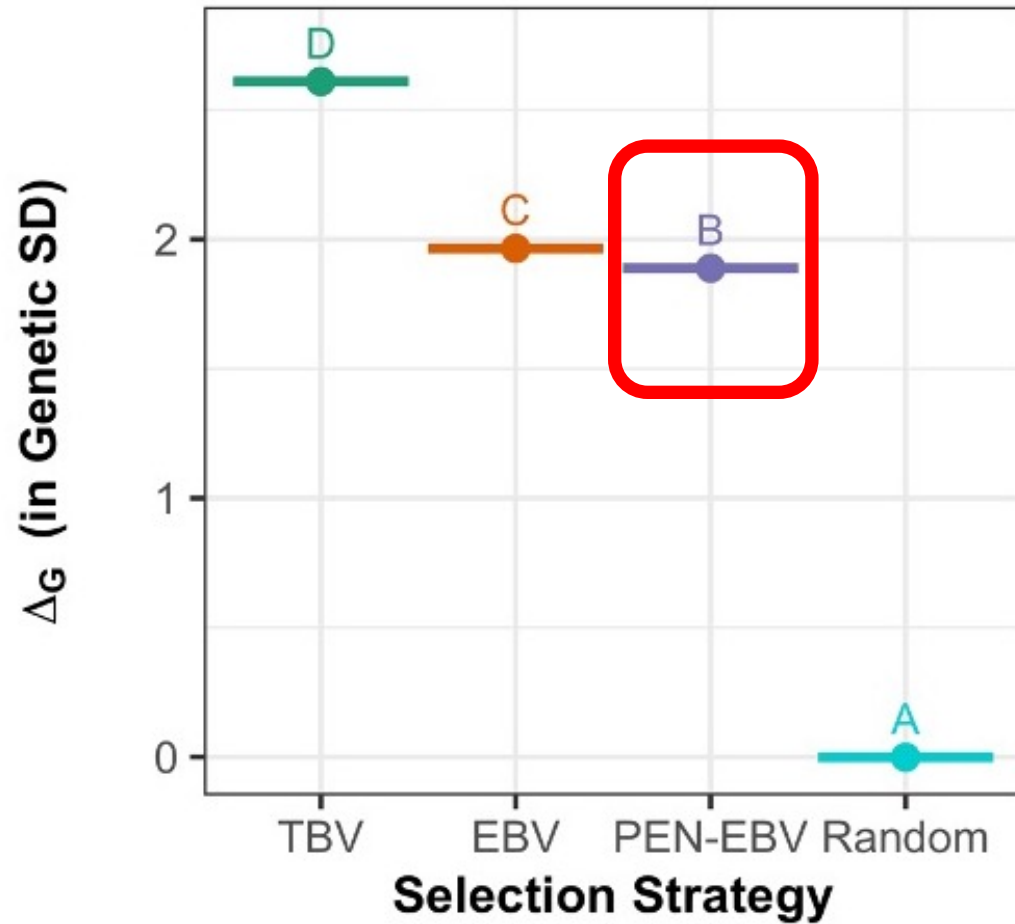
Metodi di selezione entro centro AI:



Metodi di selezione entro centro AI:

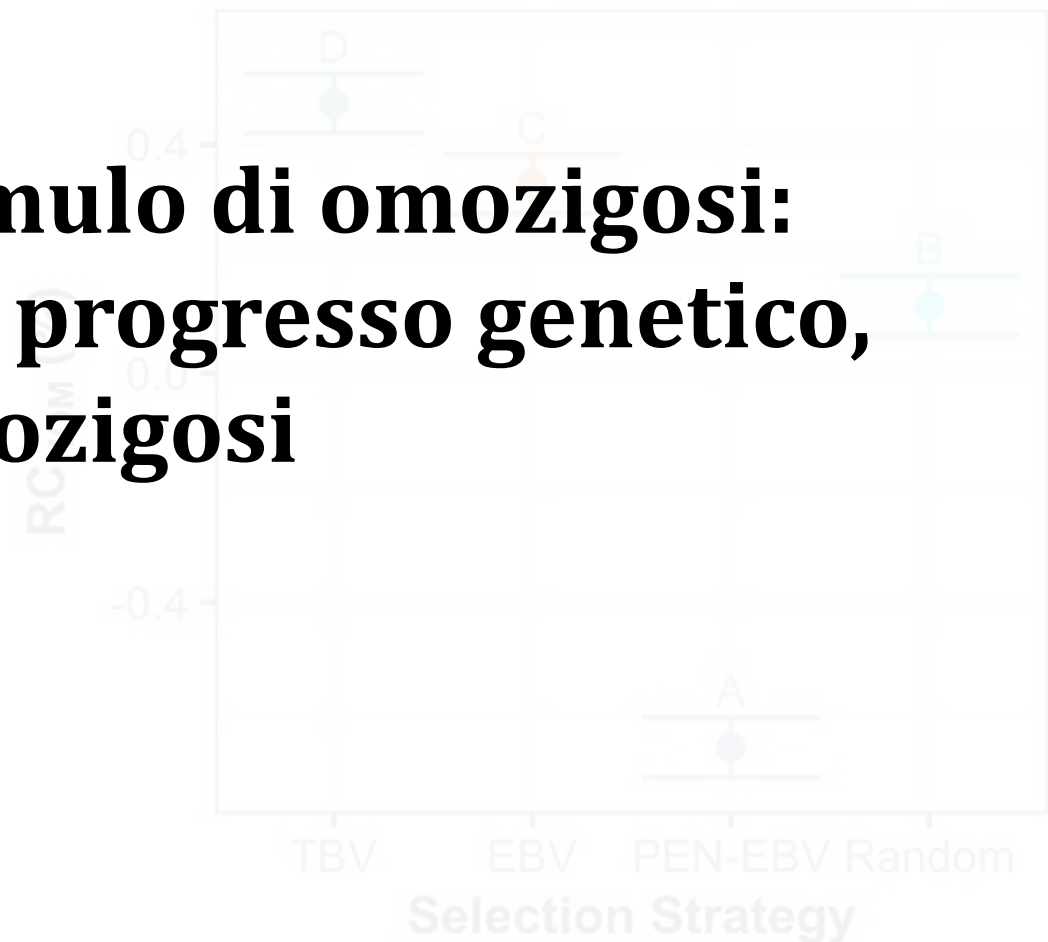
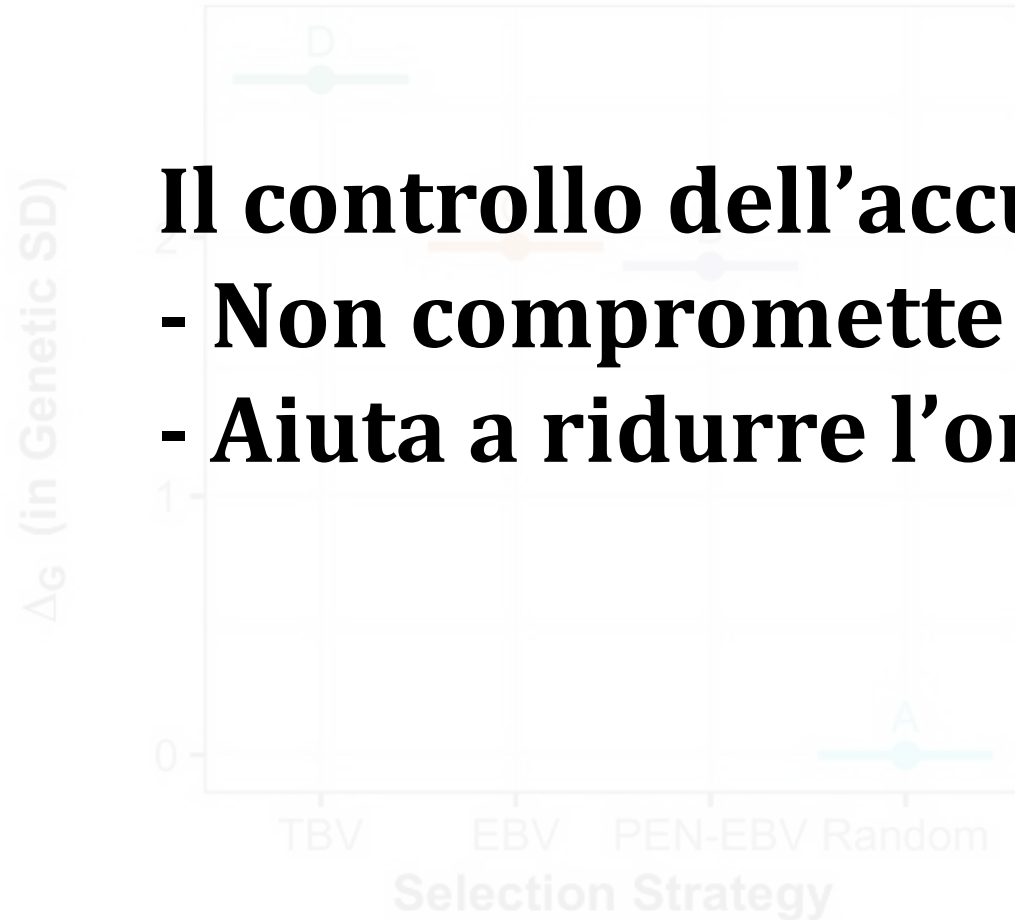


Metodi di selezione entro centro AI:



Metodi di selezione entro centro AI:

- Il controllo dell'accumulo di omozigosi:**
- Non compromette il progresso genetico,
 - Aiuta a ridurre l'omozigosi



Metodi di selezione entro centro AI:

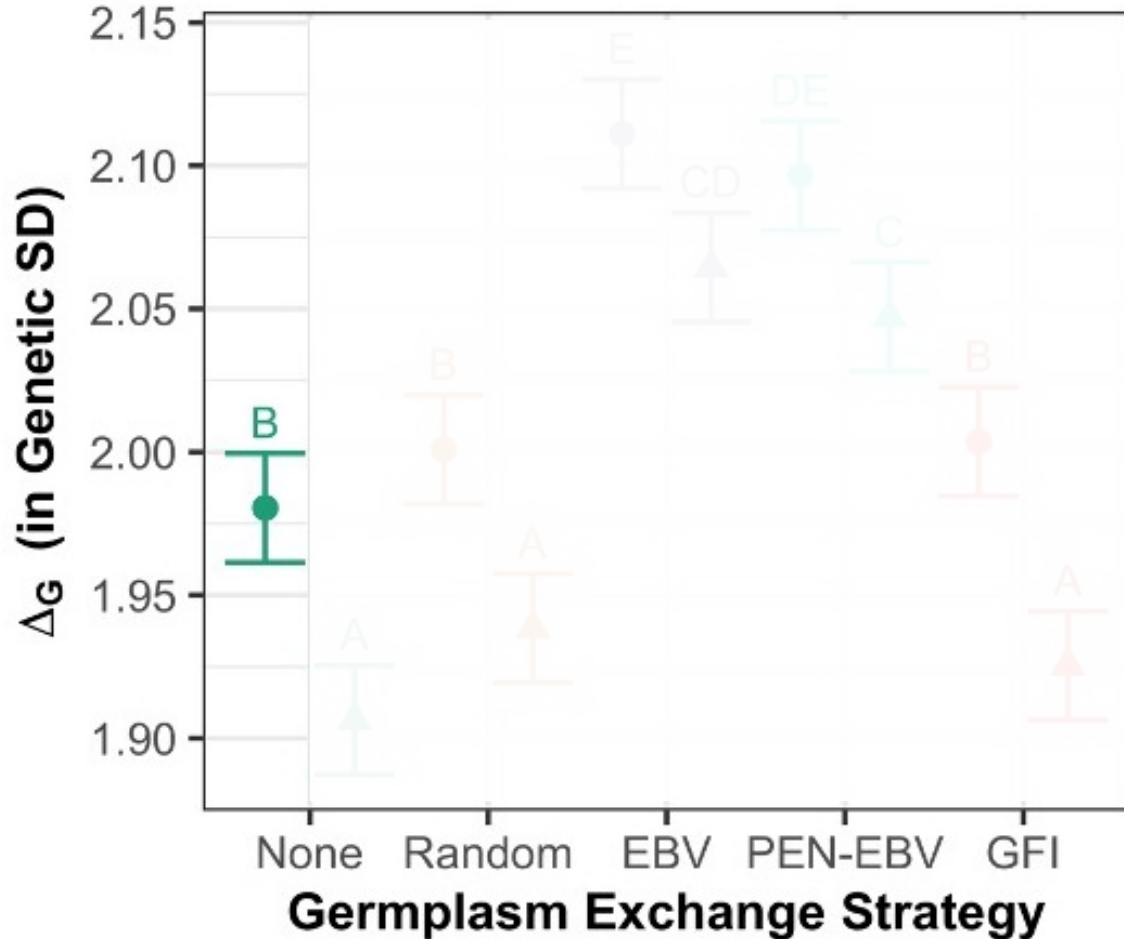
Il controllo dell'accumulo di omozigosi:

- Non compromette il progresso genetico,
- Aiuta a ridurre l'omozigosi

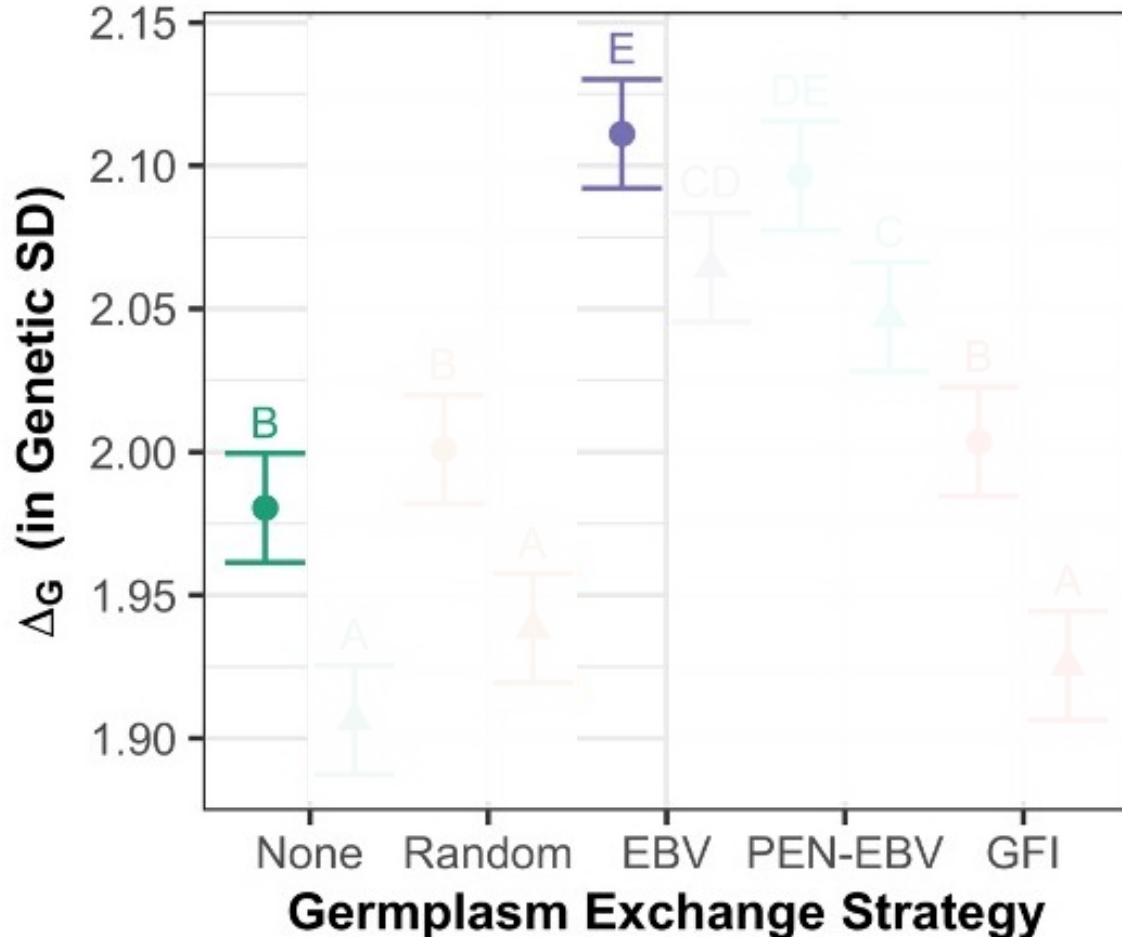
**Questo approccio può essere usato anche per
selezione entro mandria.**

Metodi di scambio tra centri AI:

Metodi di scambio tra centri AI:

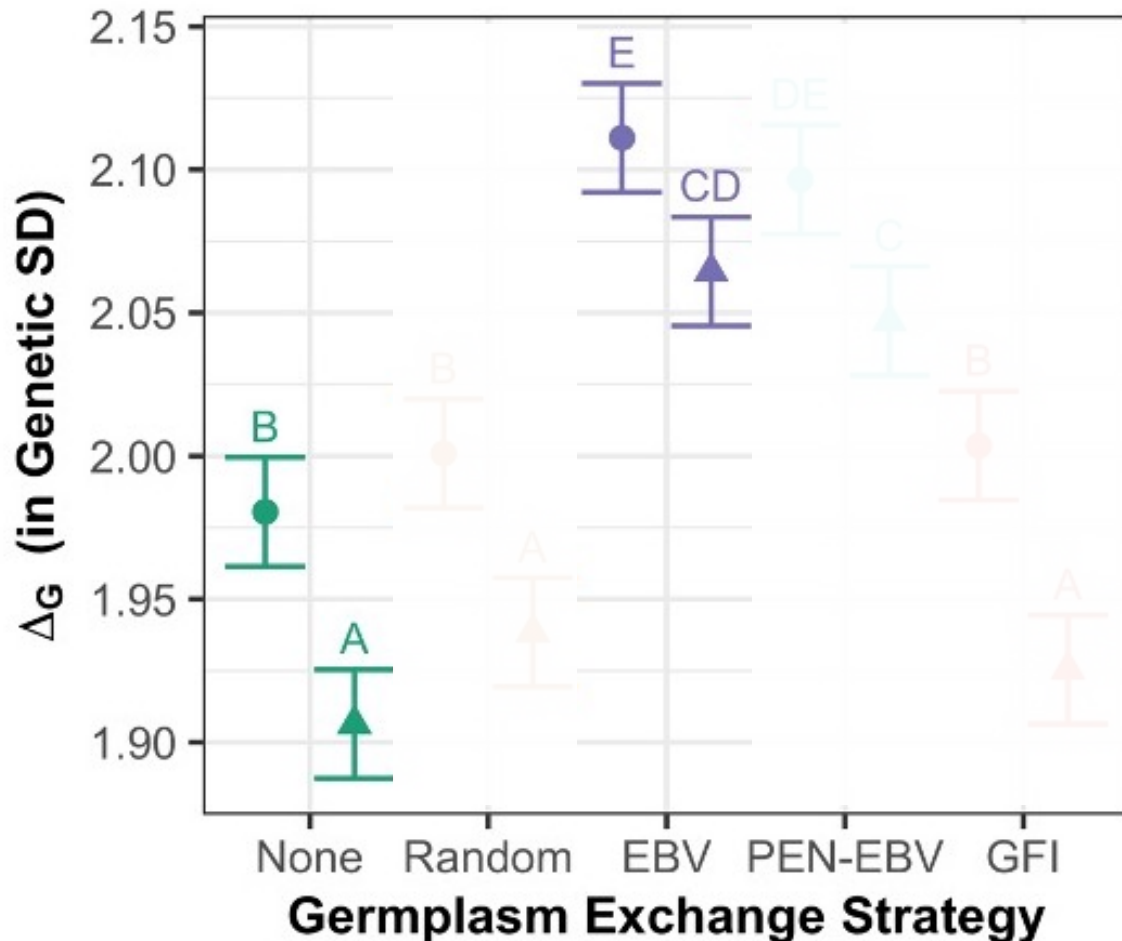


Metodi di scambio tra centri AI:



Lo scambio di tori può **aumentare** il progresso genetico

Metodi di scambio tra centri AI:



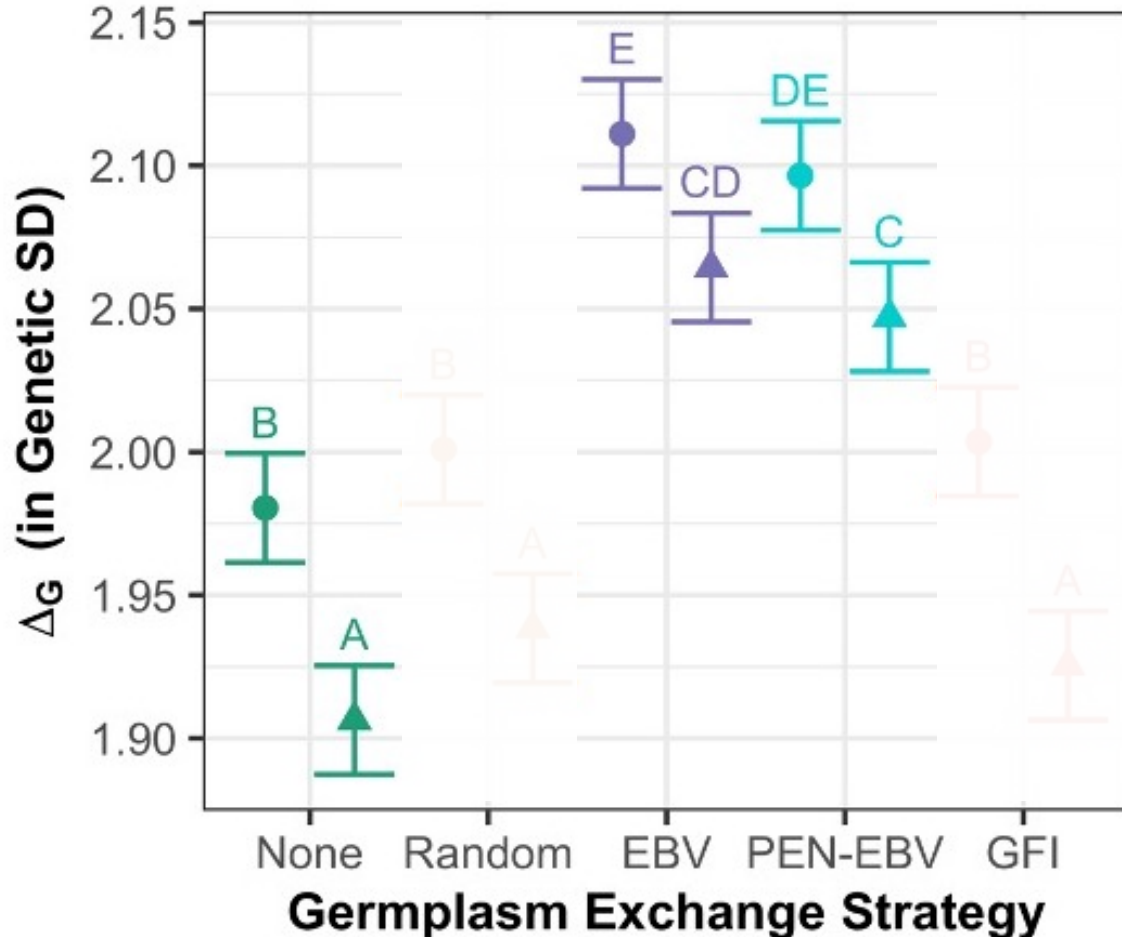
Lo scambio di tori può **aumentare** il progresso genetico.

Anche con il controllo dell'omozigosi entro centro.

Metodi di selezione entro centro AI:

● EBV ▲ PEN-EBV

Metodi di scambio tra centri AI:



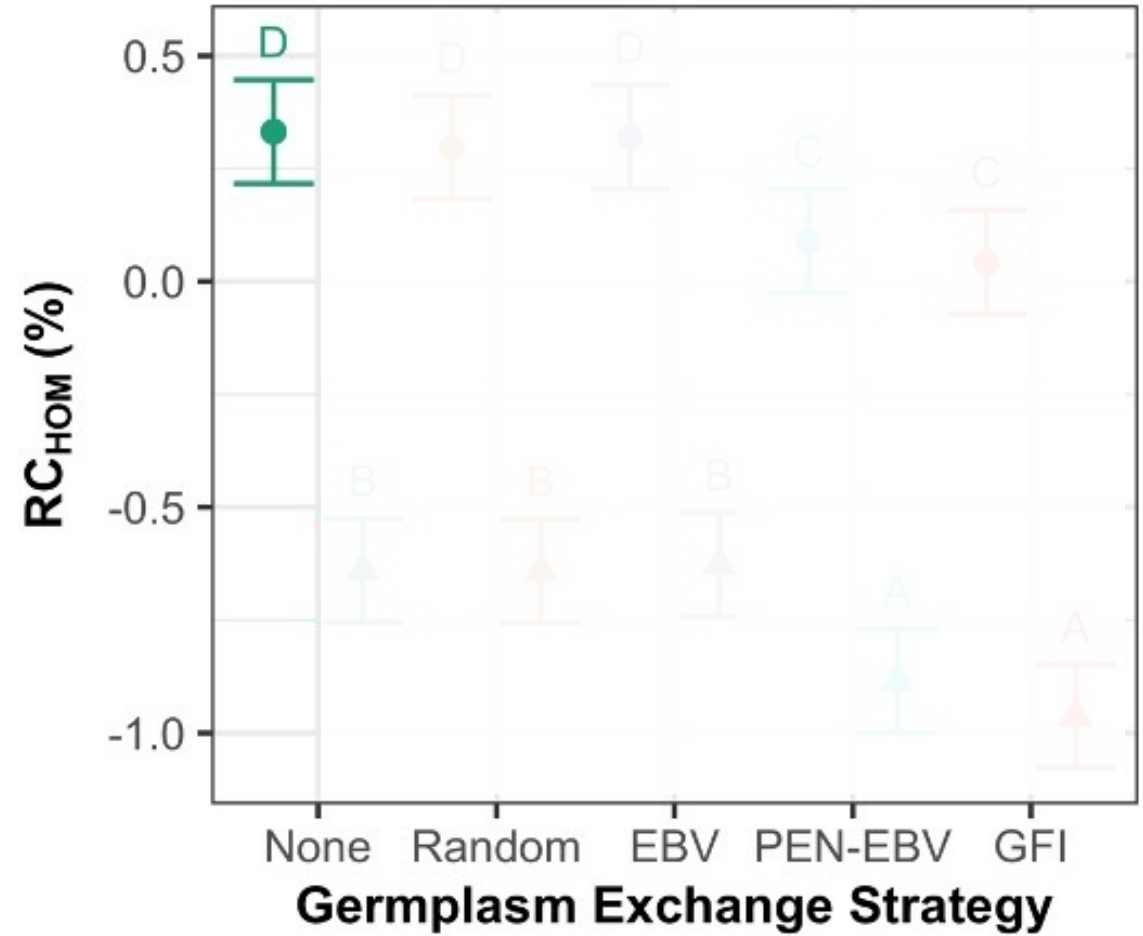
Il controllo dell'accumulo di omozigosi non compromette il progresso genetico

Metodi di selezione entro centro AI:

● EBV ▲ PEN-EBV

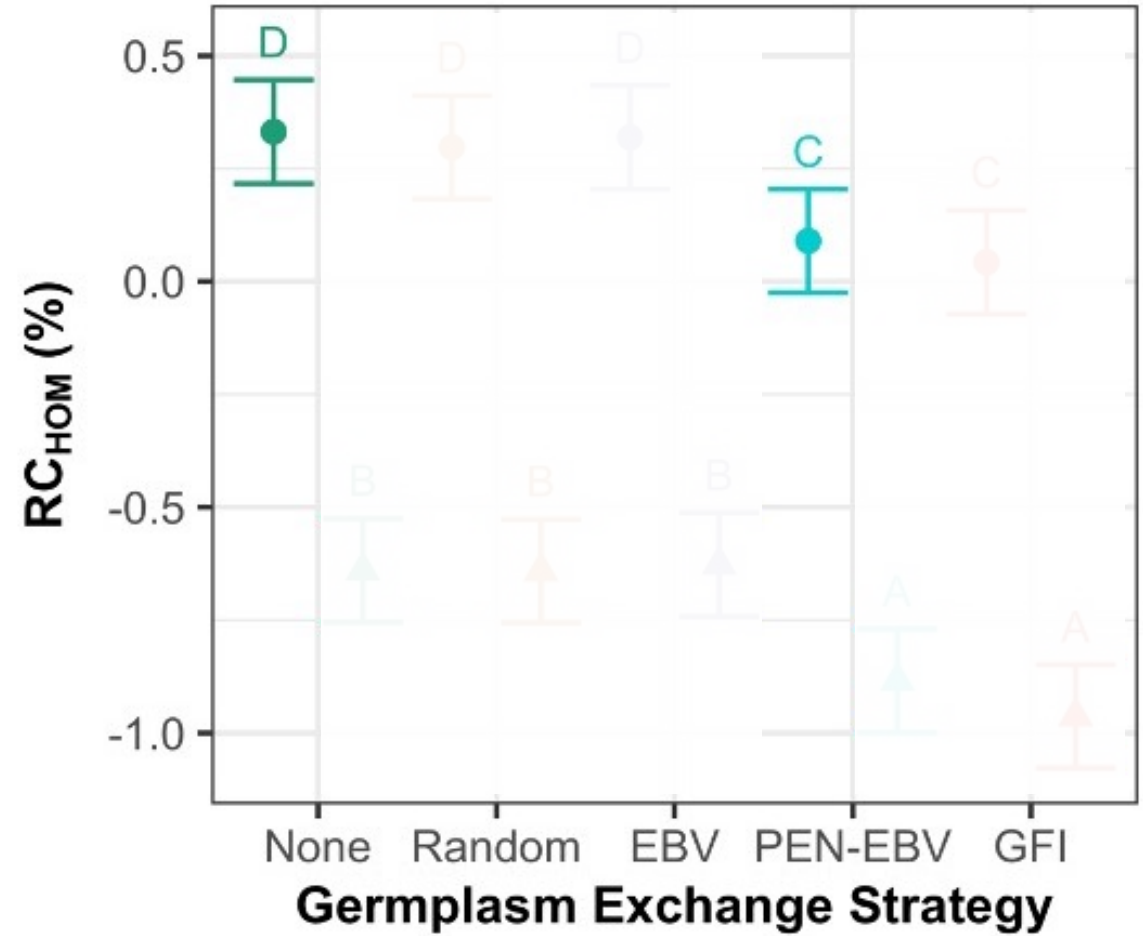
Metodi di selezione entro centro AI:

● EBV ▲ PEN-EBV



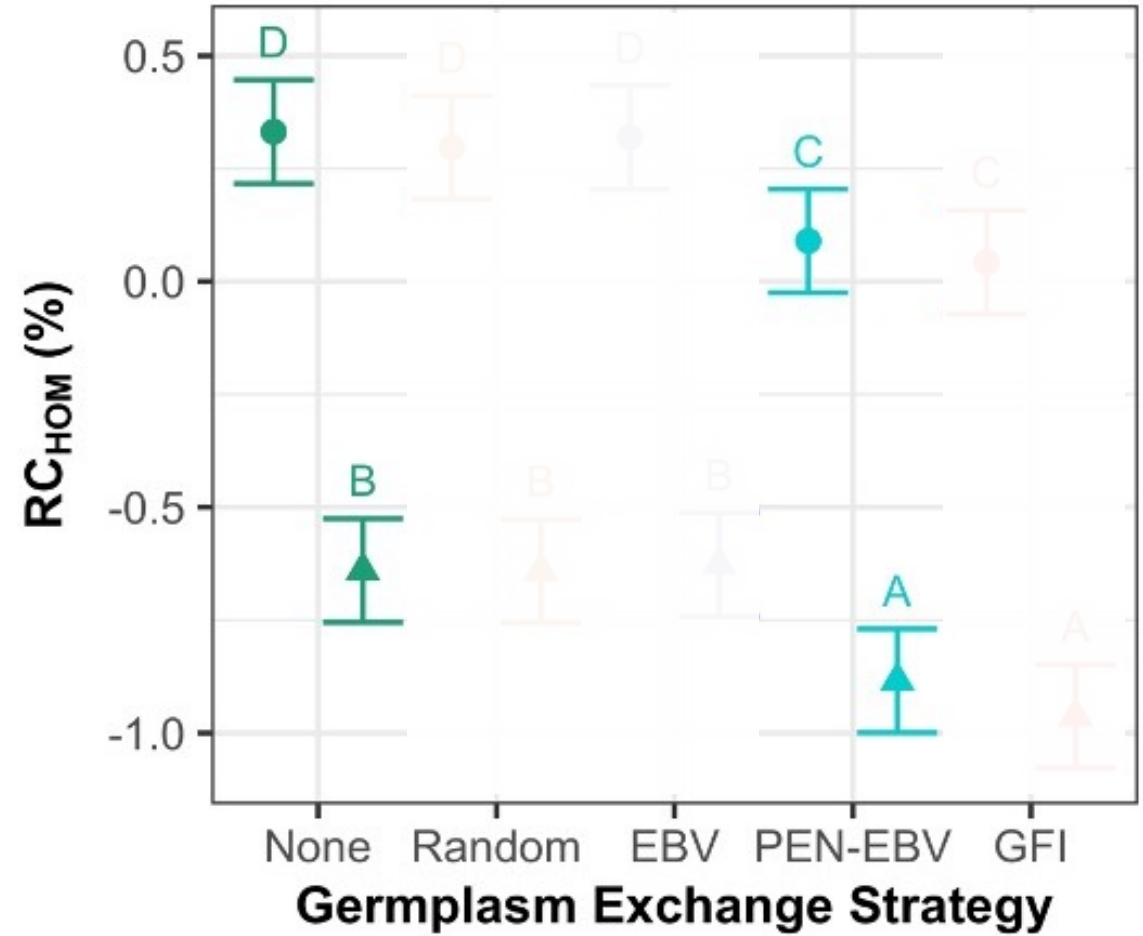
Metodi di selezione entro centro AI:

● EBV ▲ PEN-EBV



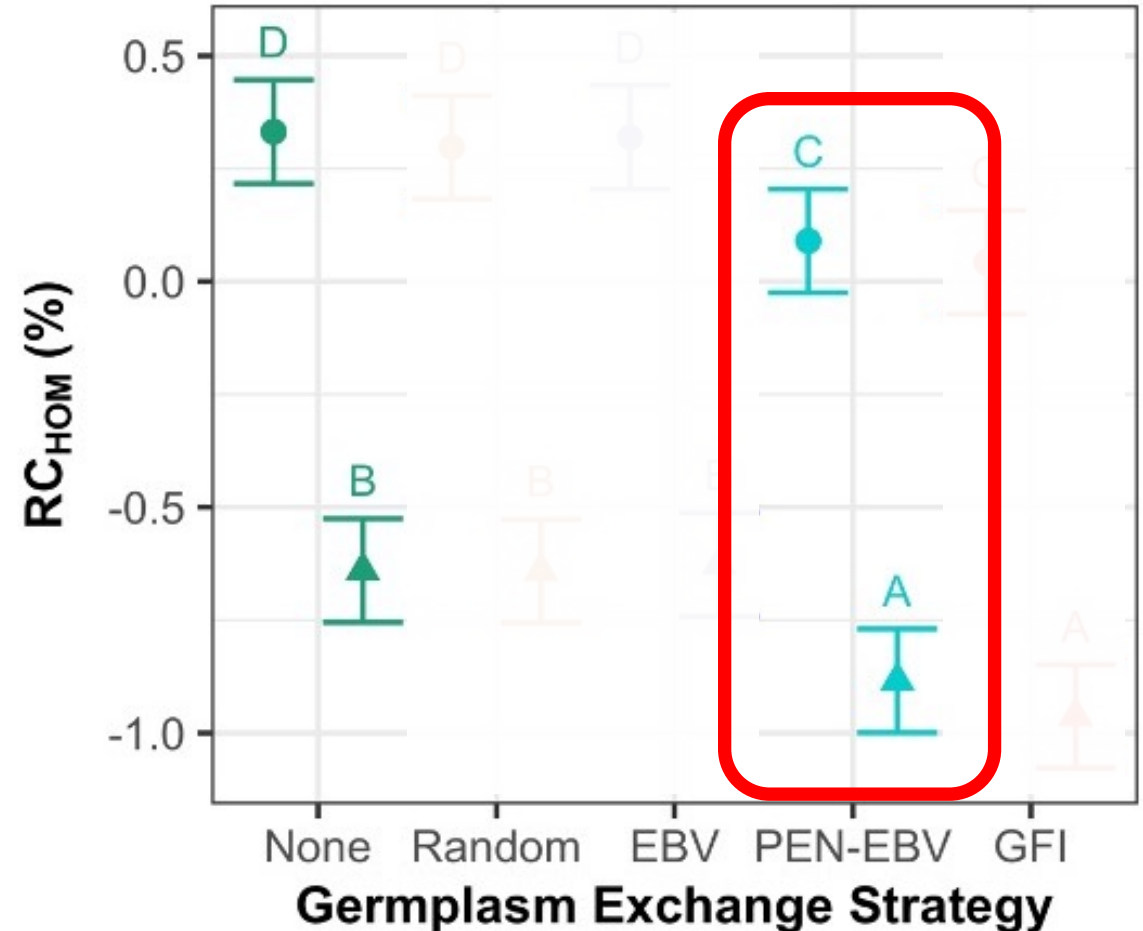
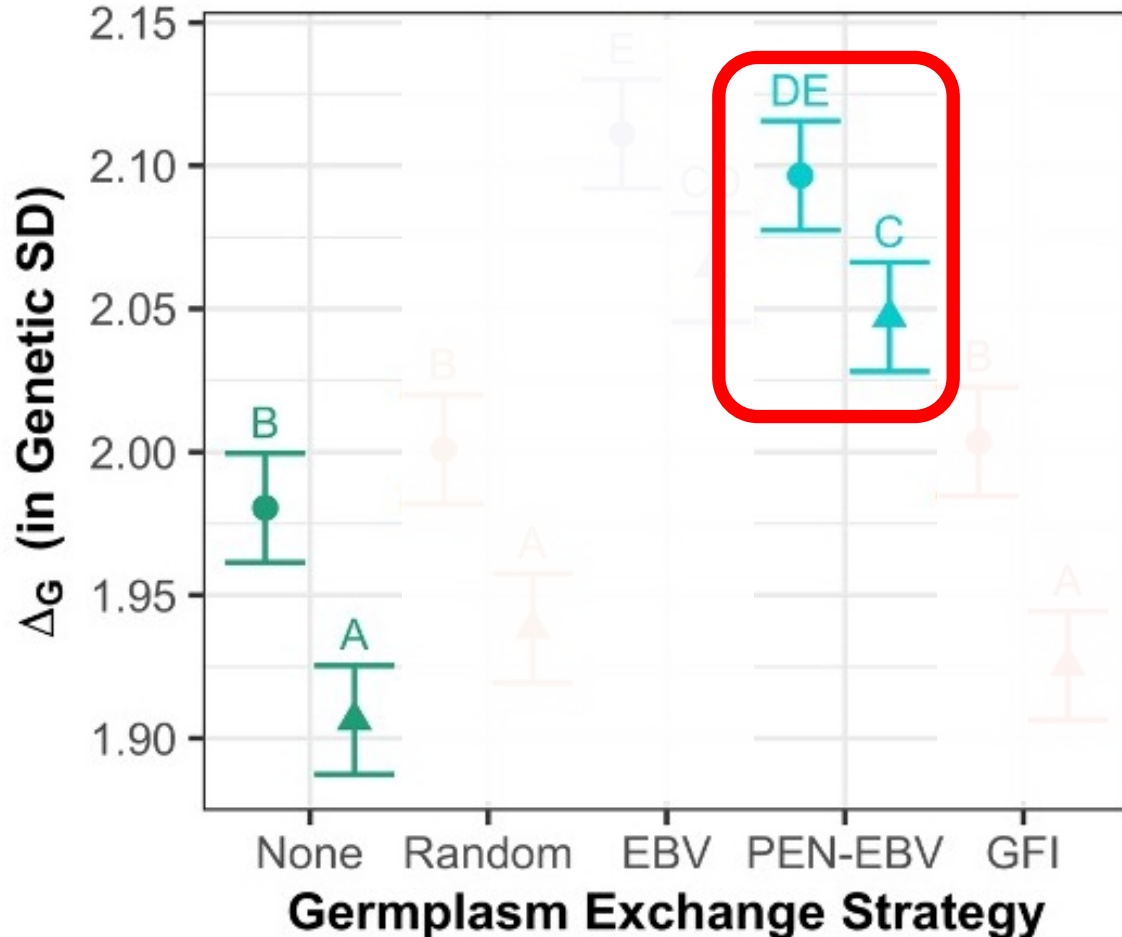
Metodi di selezione entro centro AI:

● EBV ▲ PEN-EBV



Lo scambio di tori tra centri AI:

- Riesce a contenere l'accumulo di omozigosi
- Può accelerare il progresso genetico



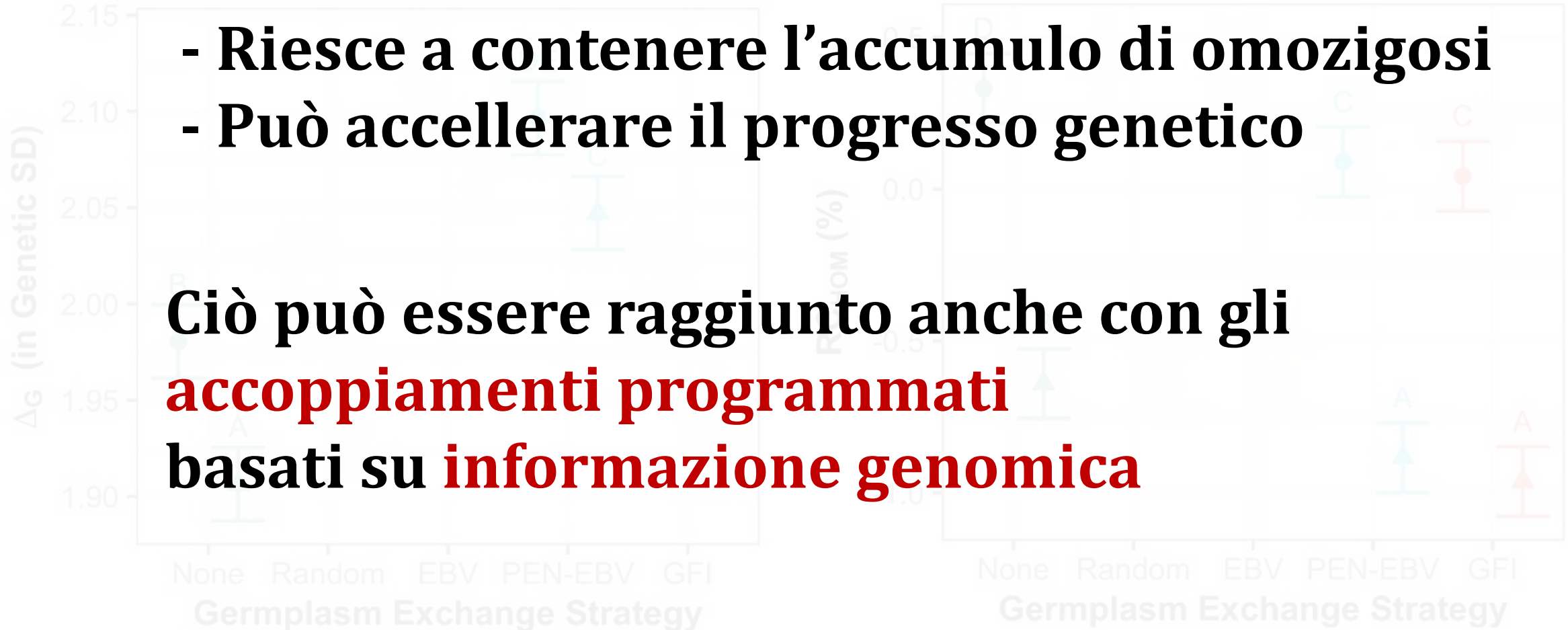
Metodi di selezione entro centro AI:

● EBV ▲ PEN-EBV

Lo scambio di tori tra centri AI:

- Riesce a contenere l'accumulo di omozigosi
- Può accelerare il progresso genetico

Ciò può essere raggiunto anche con gli
accoppiamenti programmati
basati su informazione genomica





Conclusioni



Conclusioni

- 1- Accumulo di **omozigosi** dato dalla selezione.
- 2- Inevitabili **conseguenze** data dall'accumulo di omozigosi.
- 3- Si può contenere tale accumulo:
 - Senza compromettere il **progresso genetico**,
 - Con una **gestione mirata** entro sotto-popolazione e tra sotto-popolazioni.

Conclusioni

- 1- Accumulo di **omozigosi** dato dalla selezione.
- 2- Inevitabili **conseguenze** data dall'accumulo di omozigosi.
- 3- Si può contenere tale accumulo:
 - Senza compromettere il **progresso genetico**,
 - Con una **gestione mirata** entro sotto-popolazione e tra sotto-popolazioni.
- 4- Lo studio di certe dinamiche non è tempo perso:
Le stesse conoscenze si possono usare per l'**incrocio**.



Sponsors

- Select Sires
- 2020-67015-31133 finanziato da USDA
- US Holstein Association



Chi ha lavorato (davvero)

Emmanuel A. Lozada Soto

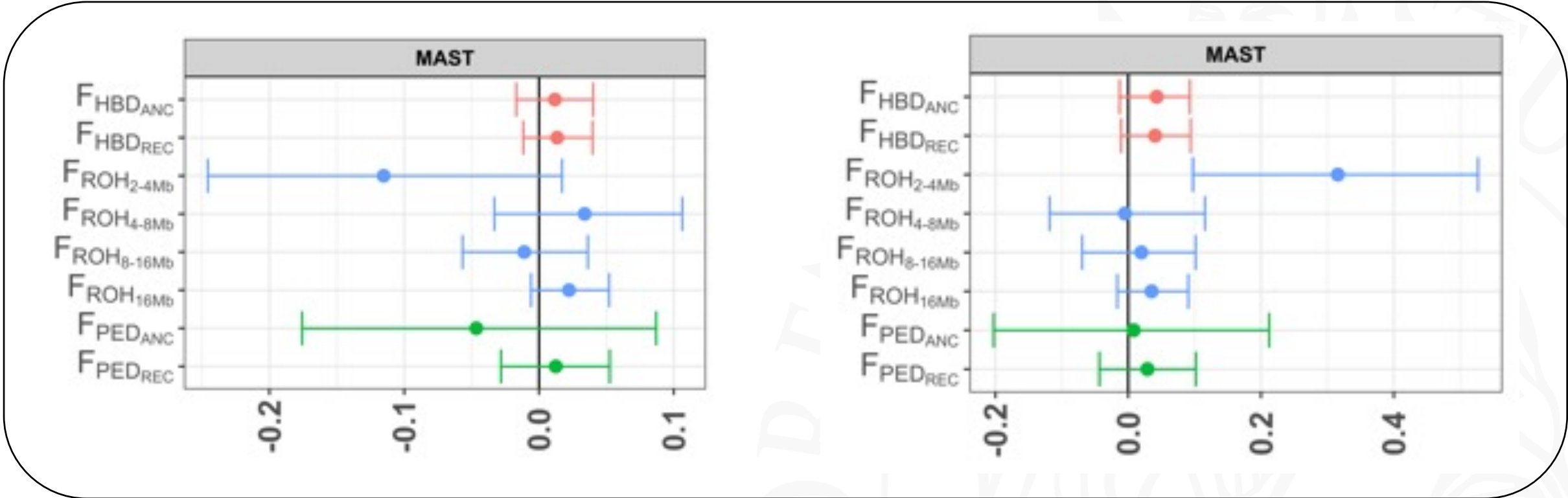
Grazie a tutti
per l'attenzione!





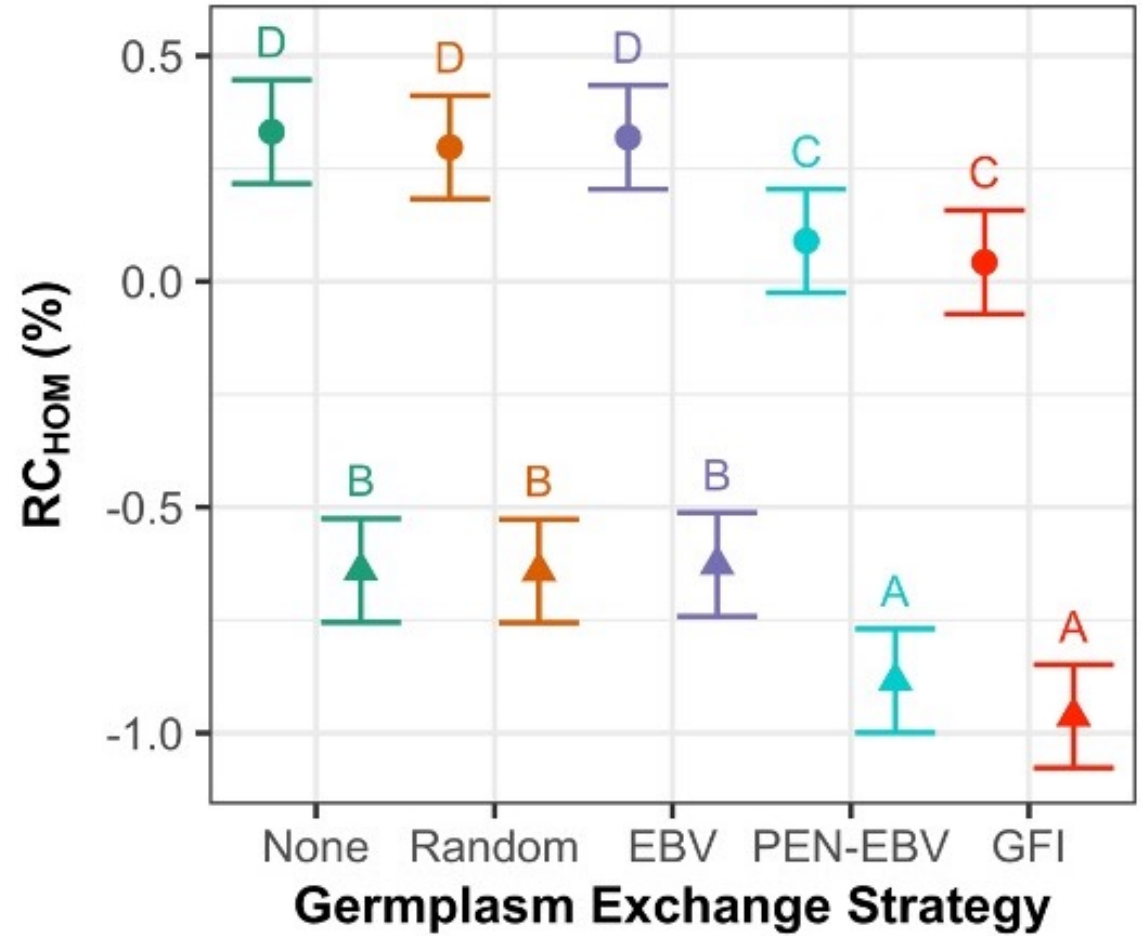
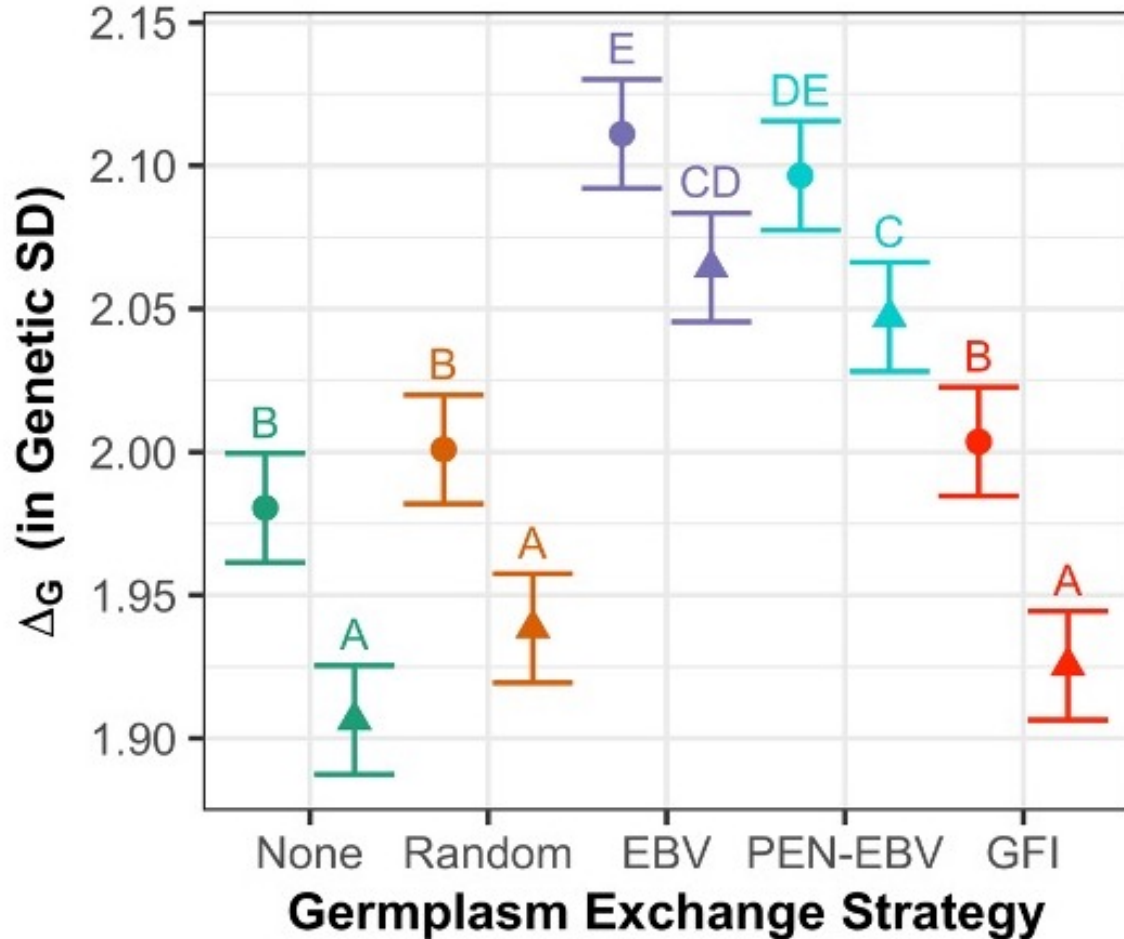


Mastite



Metodi di selezione entro centro AI:

● EBV ▲ PEN-EBV



Incidenza delle patologie

Carattere	N. Animali		Incidenza		Vacche affette	
	HO	JE	HO	JE	HO	JE
Quals. Patol.	354,043	68,292	0.16	0.12	0.25	0.20
Riproduttive	305,424	41,331	0.07	0.04	0.12	0.06
Metaboliche	299,014	56,816	0.05	0.03	0.08	0.05
Mastite	249,516	52,848	0.12	0.11	0.18	0.18
Metrite	213,256	29,631	0.08	0.04	0.12	0.07
Ritenzione della placenta	287,503	32,352	0.03	0.01	0.06	0.02
Chetosi	174,102	26,376	0.07	0.04	0.12	0.07
Febbre da latte	228,692	51,336	0.01	0.01	0.01	0.01
Dislocazione dell'abomaso	221,213	16,631	0.01	0.01	0.02	0.01