



# L'APPROCCIO ANAFIBJ PER CONTENERE LA CONSANGUINEITÀ IN ITALIA

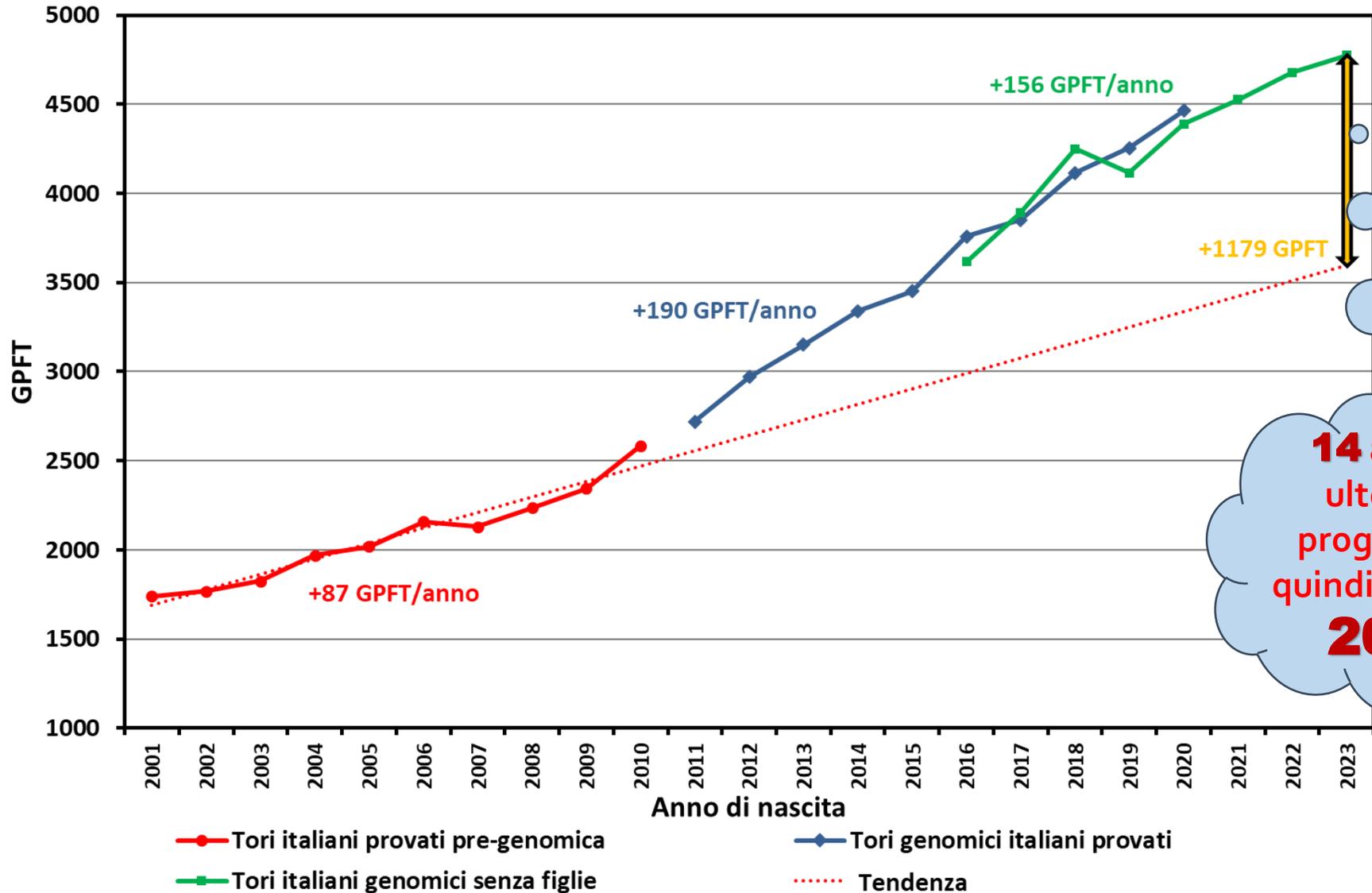
---

Jan-Thijs van Kaam

Uffici Ricerca e Sviluppo & FA



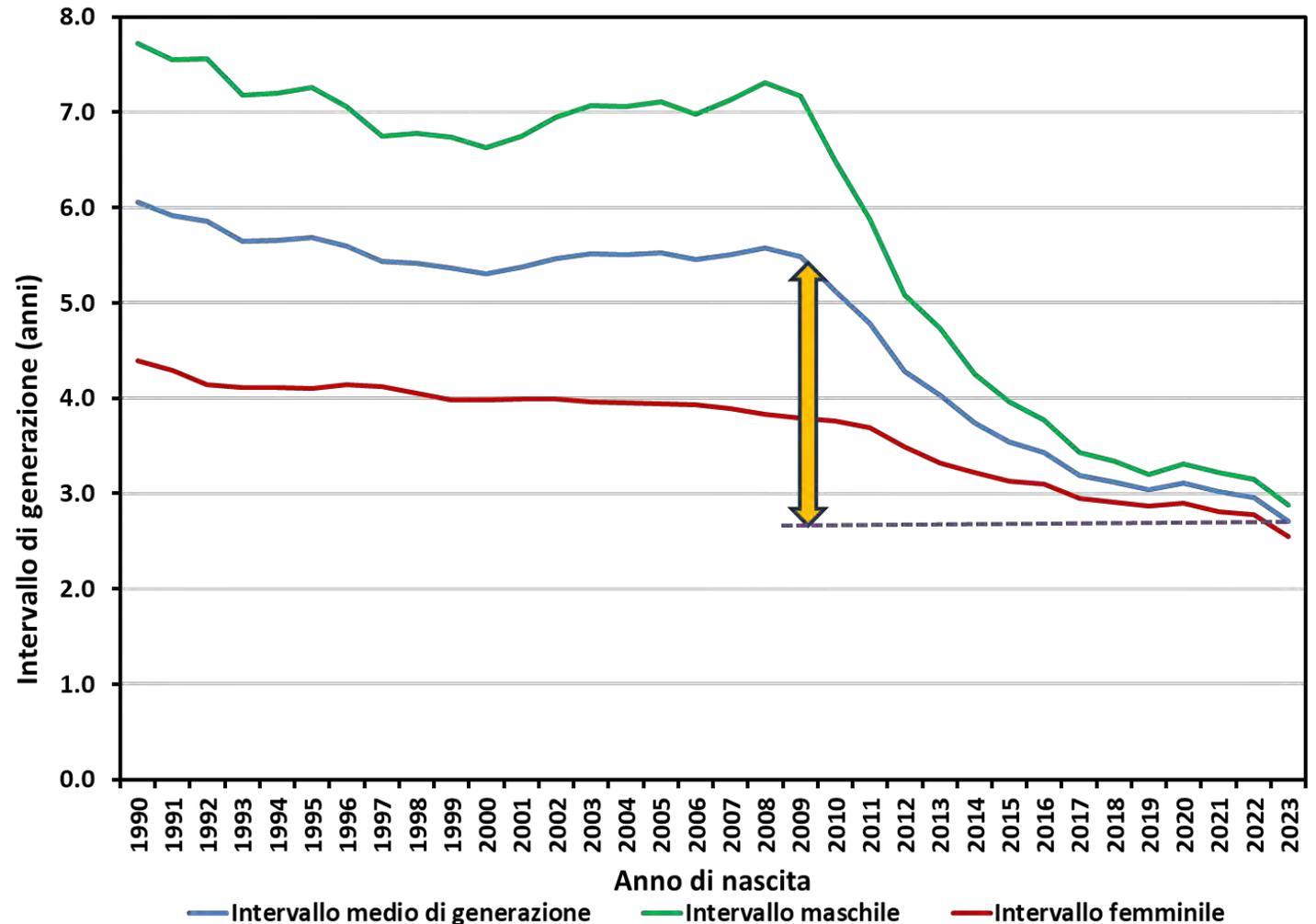
# Progresso genetico annuale



**14 anni di ulteriore progresso... quindi siamo al 2037**

# Impatto della selezione genomica

1. Maggiore intensità di selezione
  2. Intervallo di generazione più breve
- Entrambi aumentano il progresso e la consanguineità ogni anno



# Tendenze internazionali della consanguineità Frisona

## Aumento medio della consanguineità all'anno

Birth Year	1980 to 1990	1990 to 2000	2000 to 2010	2010 to 2019
ITA	0,02	0,18	0,14	0,26
USA	0,19	0,19	0,11	0,26
CAN	0,10	0,26	0,08	0,23
FIN	0,06	0,09	0,19	0,20
POL	0,20	0,10	0,16	0,20
HUN	0,04	0,15	0,13	0,20
ESP	0,13	0,24	0,13	0,20
CHE	0,10	0,13	0,09	0,19
SLO	0,06	0,12	0,11	0,18
NLD	0,24	0,17	0,03	0,16
FRA	0,10	0,20	0,10	0,15
DEU	0,11	0,16	0,08	0,15
IRL	0,10	0,21	0,06	0,15
GBR	-0,02	0,19	0,12	0,14
AUT	0,00	0,09	0,10	0,14
JPN	0,09	0,26	0,13	0,13
SWE	0,06	0,19	0,13	0,12
LUX	0,13	0,13	0,07	0,12
NZL	0,02	0,09	0,03	0,11
DNK	0,11	0,18	0,12	0,10

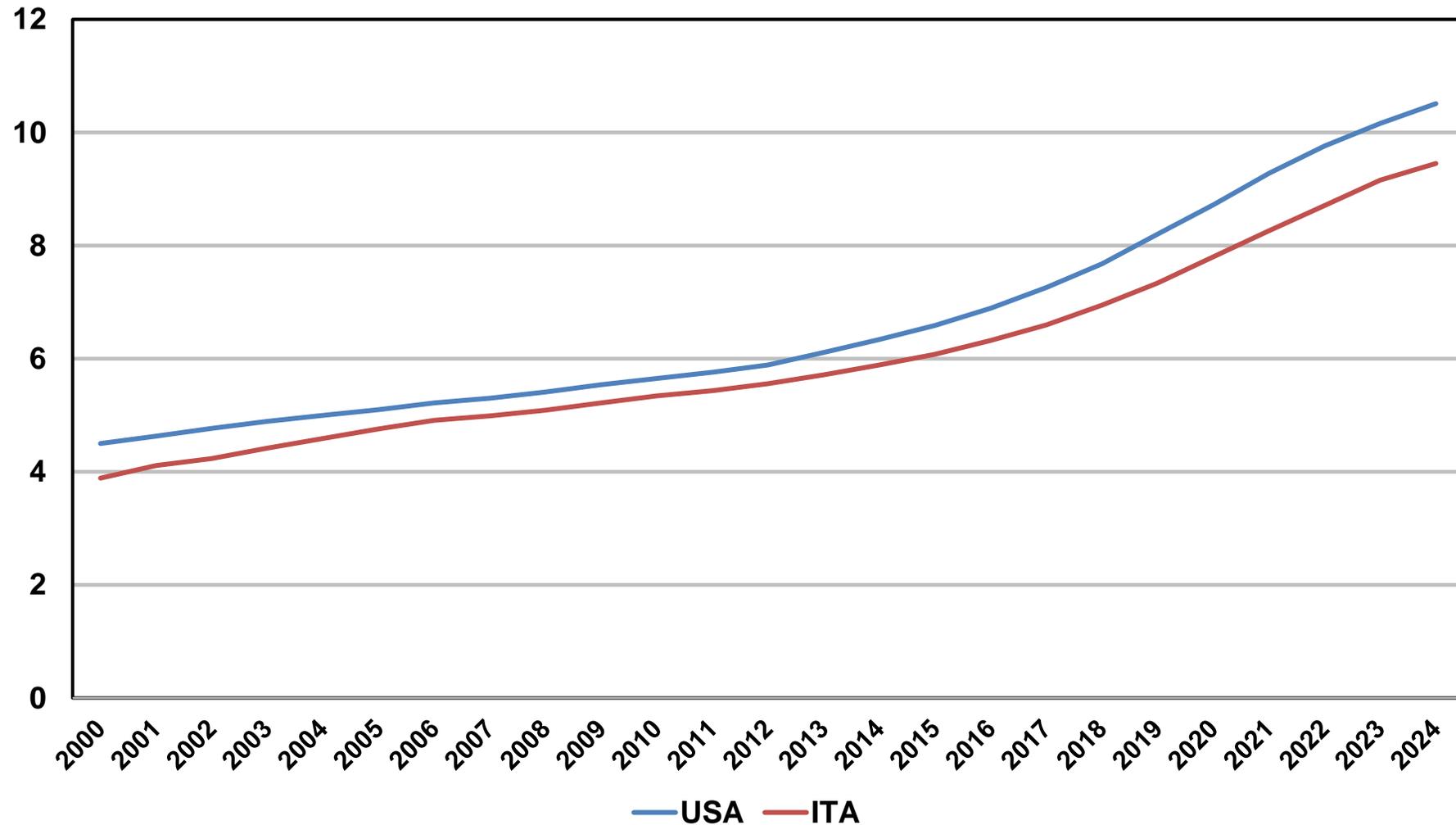
difficult

moderate



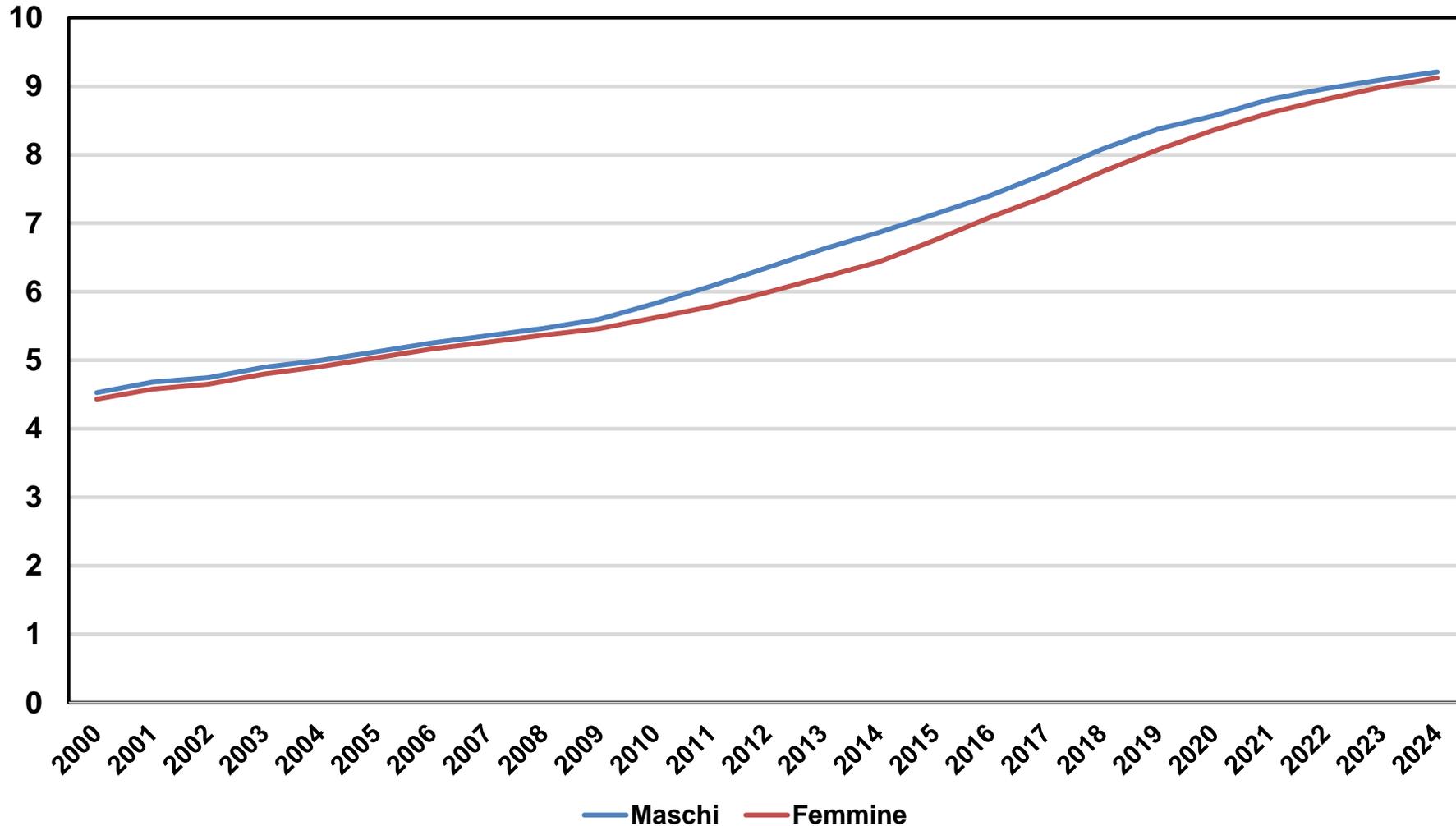
# Trend Inbreeding

## Inbreeding USA vs Italia



# Trend Future Inbreeding

## Trend Future Inbreeding



# Effetti **negativi** della consanguineità

- **Depressione** da consanguineità
- Maggiore rischio di diffusione di malattie genetiche
- Maggiore rischio di accumulo di malattie genetiche
- Maggiore espressione di **caratteri recessivi indesiderati**
  - Forma fisica, fertilità e vitalità ridotte
- **Meno variazione genetica**
  - Meno spazio di selezione
  - Meno capacità di adattamento
- Perdita di eterosi

# Alcune malattie genetiche

CVM



Mulefoot

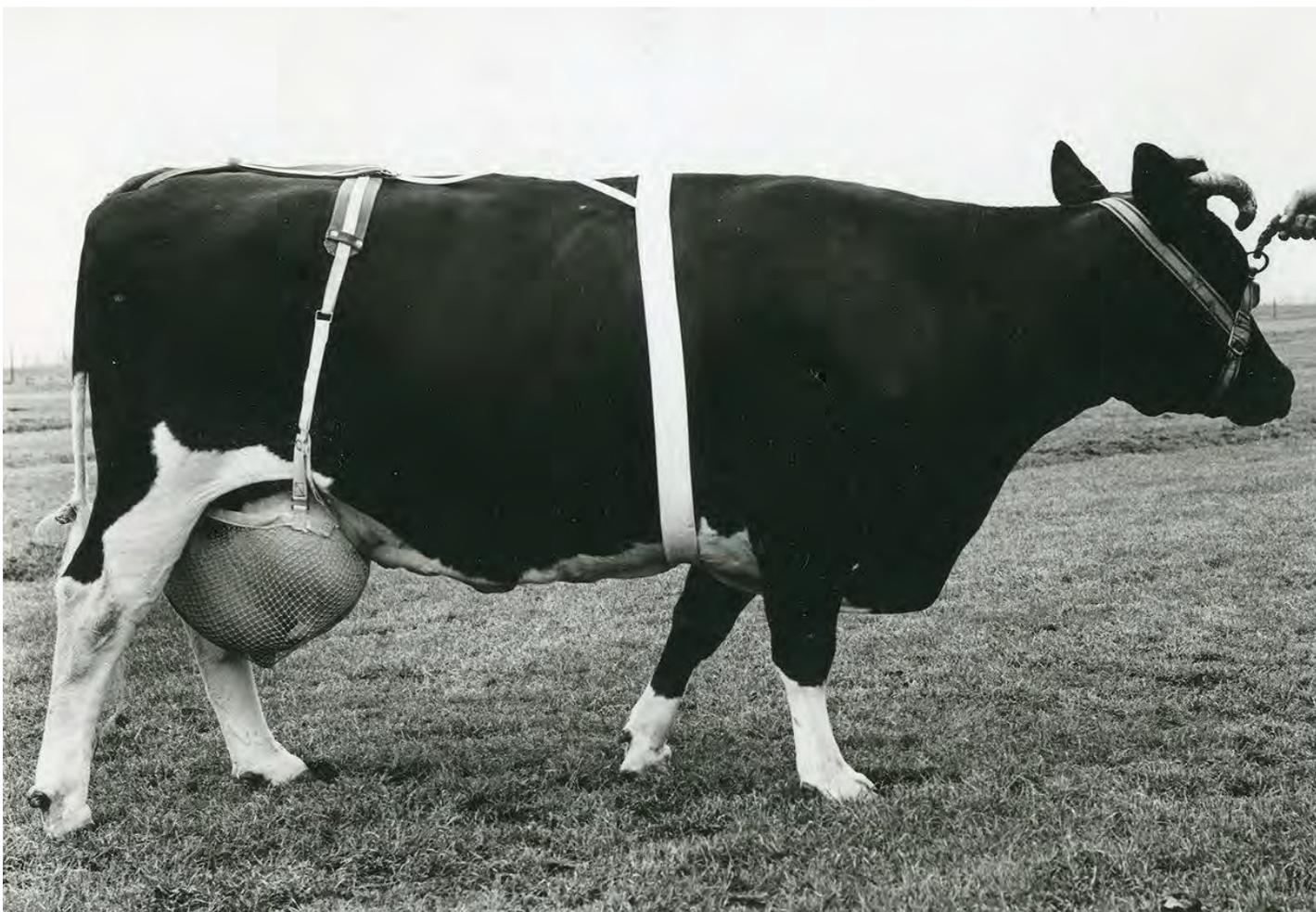


Blird

# Effetti **positivi** della consanguineità

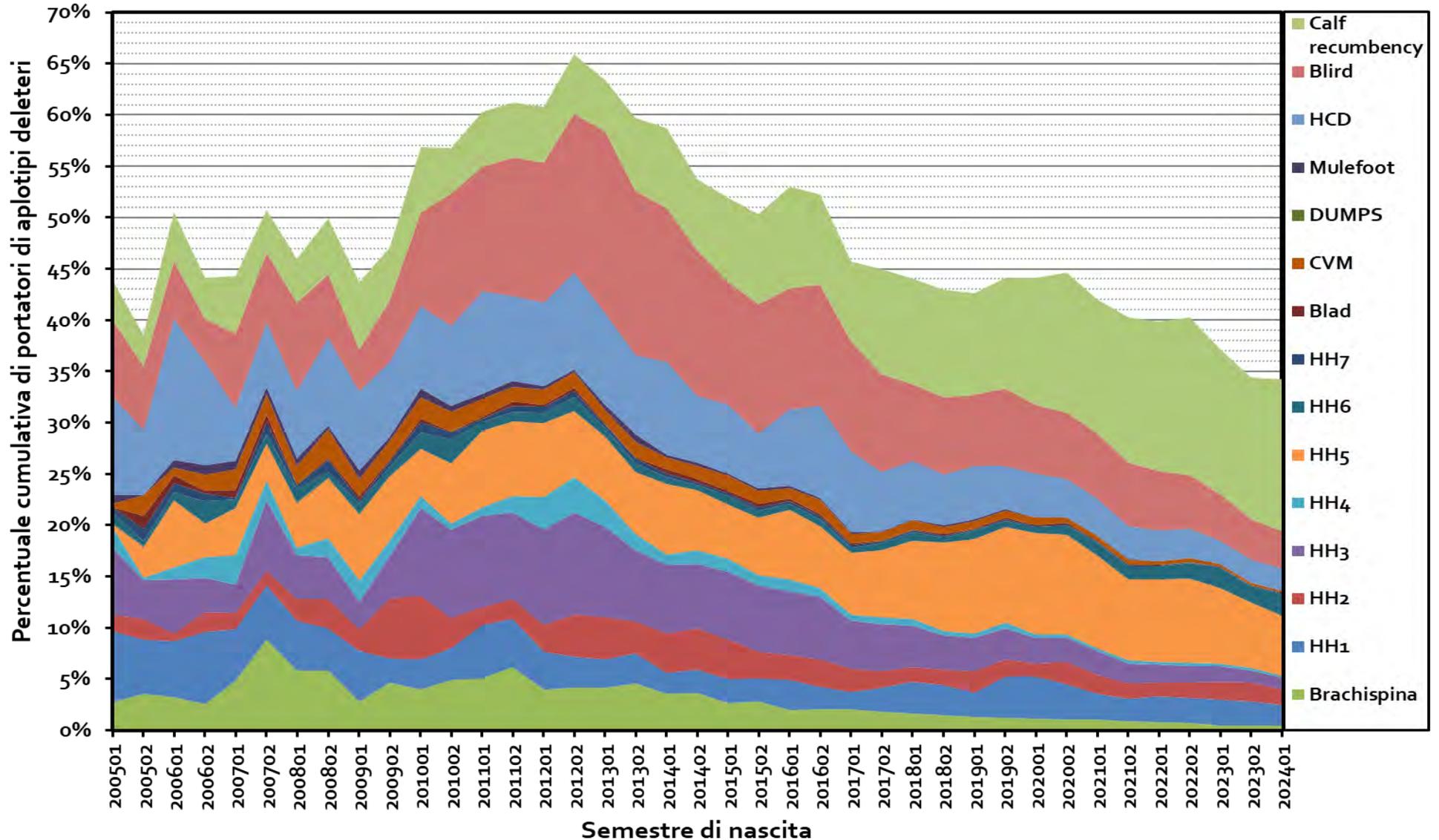
- Rimozione o diminuzione di varianti genetiche **indesiderate**
- Fissazione dei **caratteri** desiderabili e **legati alla redditività dell'azienda**
- Conservazione di genotipi rari o preziosi
- Stabilire linee di razza
- Allevamenti più omogenei

# Ci siamo sbarazzati delle variazioni indesiderate...



"Rete per mammelle" sviluppata dal veterinario Evert J.S. Bron (1963 NL)

# Evitare problemi riducendo i difetti deleteri



# Aplotipi della Fertilità: HH1-HH7

	Portatori 201202	Portatori 202402	Casi 201202	Casi 202402	Aumento intervallo interparto in giorni
HH1	3,00%	1.69%	225	71	0.03
HH2	4,16%	1.19%	433	35	0.04
HH3	9,92%	1.23%	2460	38	0.18
HH4	3,48%	0.18%	303	1	0.02
HH5	6,42%	4.76%	1030	566	0.04
HH6	1,34%	1.77%	45	78	0.00
HH7	0,55%	0.11%	8	0	0.00
<b>Totale</b>					<b>0.30</b>

- Un aumento di 0,30 giorni dell'intervallo tra i parti per un milione di vacche a 5 euro/giorno equivale a **1,5** milioni di euro di costi.

# Quanti e quali risultati derivano da un'analisi genomica?

Indici	DGV	GEBV	Pedigree
Produzione	5	5	Padre
Persistenza	1	1	Madre
Morfologia	20	20	Nonno materno
Efficienza Alimentare	1	1	
Longevità	2	2	
Mastite	2	2	
Fertilità	6	6	
Facilità di parto	6	6	
Mungibilità	1	1	
Tolleranza stress termico	5	5	
Caseificazione	4	4	
Età al primo parto	1	1	
Chetosi	1	1	
Efficienza Azotata	1	1	
Metano	1	1	
<b>Compositi</b>	<b>13</b>	<b>13</b>	

DGV e GEBV  
per 70  
caratteri da  
un'analisi del  
DNA

# Quanti e quali risultati derivano da un'analisi genomica?

Resultati	Fattori	Aplotipi	Entrambi
Latte	16	0	0
Mantello e pelle	7	3	3
Polled	2	1	1
Difetti deleteri	48	15	14
<b>Totale</b>	<b>73</b>	<b>19</b>	<b>18</b>

Fino a  $2 \times 70 + 3 + 73 + 19 = 235$  risultati di un'analisi del DNA!!!

Per evitare gli effetti collaterali di consanguineità e della selezione:

- Un pedigree corretto
- Numerosi caratteri (70)
- Numerosi effetti genetici (74)

# Depressione da consanguineità come dimensione dell'effetto standardizzata per tipo di carattere

Media delle dimensioni dell'effetto standardizzato per carattere basato su FROH:

- Produzione: **-0,072%** (depressione circa **-50 kg/1% F**)
- Contenuto: -0,014%
- SCS: 0,014%
- Fertilità: -0,019% (in direzione indesiderata)
- Tipo: Trascurabile
- Effetto standardizzata:  $b * SD(F) / SD(y)$

## All'anno sulle vacche

Progresso latte: **+109 kg**

Incremento inbreeding: **+0.37**

Depressione latte: **-19 kg**

Perdita: **17%** del progresso

# Expected Future Inbreeding

- Per allevatori... importante la consanguineità delle future femmine, non il livello di consanguineità di un toro.
- Pertanto l'attenzione è rivolta a:
  - Consanguineità attesa in popolazione
- Se un animale è **genotipizzato**: rapporto **più accurato** con la popolazione futura
- Anafibj: consanguineità futura prevista di tutti gli animali:
  - maschio/femmina
  - genotipizzati/non genotipizzati

# Comparison Anafibj – CDCB

- 38.280 animali
- Correlazione Anafibj – CDCB: **0,959**
- Il tipo di misura della consanguineità utilizzata presso il CDCB può fornire valori negativi per gli animali meno consanguinei.

	Anafibj	CDCB
Media	6,9	7,2
Deviazione standard	2,6	2,6
Massimo	15,3	13,5
Minimo	0,1	<b>-3,1</b>

# Aggiustamento Indici Composti Per Inbreeding

- **Approccio Anafibj:**
  - Inserire una % di correzione basata sul livello di EFI per i 3 più importanti indici composti (gPFT, gIES and gICS-PR); il livello di correzione dipenderà da:
    - Risultate depressione da consanguineità da lavori UNIV PARMA (Ablondi)
    - Livello di EFI ogni singolo animale
    - Considerare un approccio «commercialmente» sostenibile

# Aggiustamento Indici Composti Per Inbreeding

- Cosa abbiamo fatto:
  - Calcolata media e deviazione standard di EFI per anno di nascita e quantità di informazioni sul genotipo
  - Calcolo per ogni animale la deviazione rispetto al gruppo per anno di nascita e quantità di informazioni sul genotipo
  - gPFT/IES/ICS PR penalizzati/premiati di **1%** per ogni deviazione dalla media

# Aggiustamento Indici Composti Per Inbreeding

- Effetti calcolati agosto 2024
- DS efi ~ **1,0**
- Il progresso genetico annuale è pressoché lo stesso, mentre l'aumento della consanguineità è ridotto con **-0,2 DS**.

medie dei top 50 x categoria

		gPFT	latte	kgprt	kggrs	tipo	icm	iap	cell	long	fert	efi
UFF	genomici ITA	4724	1184	73,0	80,9	1,04	1,75	0,93	110,0	113,3	108,5	10,0
prova 1.0%	genomici ITA	4734	1197	72,5	78,6	1,05	1,71	1,00	110,2	113,4	108,8	9,8
UFF	genomici EST	4968	1437	85,0	118,6	0,91	1,32	0,63	110,1	115,0	107,3	10,5
prova 1.0%	genomici EST	4958	1431	84,8	116,9	0,93	1,33	0,56	110,2	115,0	107,3	10,3
UFF	provati ITA	4146	884	56,3	66,1	1,30	1,74	1,18	106,7	107,4	104,6	9,7
prova 1.0%	provati ITA	4149	879	55,8	65,6	1,29	1,74	1,21	107,0	107,5	104,7	9,6
UFF	provati EST	4369	1209	65,6	72,9	1,07	1,58	0,65	108,5	110,3	106,1	10,3
prova 1.0%	provati EST	4359	1216	65,2	72,8	1,12	1,62	0,68	108,3	110,2	106,1	10,0

# Messaggi chiave (1)

---

- La consanguineità in una popolazione chiusa aumenta sempre, anche in assenza di selezione.
- A livello di popolazione: la selezione è fondamentale.
- A livello individuale: l'accoppiamento è fondamentale, a livello di popolazione gli accoppiamenti individuali sono irrilevanti.
- La maggior parte della selezione viene effettuata dai centri di intelligenza artificiale... non dagli agricoltori.
- I centri di fecondazione assistita DEVONO utilizzare un'ampia varietà di tori e madri di figli.
- Dobbiamo utilizzare l'intera popolazione Holstein, anziché solo una parte.

## Messaggi chiave (2)

---

- I programmi di selezione devono essere “riprogettati” per evitare colli di bottiglia genetici.
- È importante selezionare gli alleli indesiderati ed evitare l'accoppiamento dei portatori.
- Anafibj aggiungerà un premio/penalità sugli indici compositi (PFT, IES, ICS-PR)

# Grazie alle persone coinvolte nel lavoro di Consanguineità

Gruppo di lavoro:

- Prof. Christian Maltecca (Univ. North Carolina)
- Prof. Martino Cassandro (Anafibj/Univ. Padova)
- Dr. Jan-Thijs van Kaam (Anafibj)
- Dr. Michela Ablondi (Univ. Parma)
- Dr. Claudio Cipolat-Godet (Univ. Parma)
- Dr. Francesco Tiezzi (Univ. Firenze)

Collaboratori:

- Dr. Gerald Jansen (Consulente)
- Dr. Christos Dadousis (Univ. Parma)
- Dr. Emmanuel Lazodo-Sota (Univ. North Carolina)
- Gian Damai (Anafibj)

# Grazie per l'attenzione



Knickers:  
1400 kg, 194 cm

A volte il  
risultato è  
insolito!

Mozaico