

La genetica e le sfide future della zootecnia

9 settembre 2021

Programma

9.30 - *Saluti istituzionali*

Coordina: Bruno Ronchi

9.45 - Relazioni

FILIPPO MIGLIOR

Il miglioramento genetico nel contesto agro-zootecnico: problemi e prospettive

GIUSEPPE CAMPANILE

Il ruolo delle nuove tecnologie per la selezione di animali resistenti e resilienti: dalla zootecnia di precisione alla genomica

NICOLA MACCIOTTA

Quali obiettivi di selezione per fronteggiare i cambiamenti climatici

LUCA FONTANESI

Il contributo del miglioramento genetico alla sostenibilità delle produzioni zootecniche

ANDREA SUMMER

Qualità e valore nutrizionale delle produzioni zootecniche: dove e come può incidere il miglioramento genetico

PAOLO AJMONE

Potenzialità e possibile ruolo delle risorse genetiche: la rilettura della biodiversità, le basi genetiche della resilienza, il ruolo dell'epigenetica

12.30 - *Conclusione dei lavori*

BRUNO RONCHI¹

La genetica e le sfide future della zootecnia. Introduzione

¹ Coordinatore Comitato Consultivo “Allevamenti e prodotti animali” Accademia dei Georgofili

Molti dei progressi realizzati in campo zootecnico nel corso del tempo sono il risultato di forze evolutive, sia naturali che antropiche, che hanno plasmato il genoma degli animali, per adattarli ai diversi ambienti e consentire la vita delle popolazioni umane. La disponibilità di biotecnologie riproduttive e le tecniche di selezione genomica hanno impresso una forte accelerazione ai progressi del miglioramento genetico negli ultimi decenni. Ulteriori contributi possono essere forniti dalla genetica, sia in campo vegetale, che animale, per sostenere le grandi sfide che la zootecnia dovrà affrontare negli anni futuri. Si tratta di sfide che riguardano un ulteriore miglioramento della capacità produttiva, ispirate a criteri di intensificazione sostenibile, per soddisfare le esigenze di una popolazione mondiale in forte espansione, così come quelle che sono indirizzate al miglioramento della qualità dei prodotti di origine animale, per renderli sempre più vicini alle esigenze del consumatore. Ma ancora più evidenti e complesse appaiono le sfide per rendere gli animali adattabili o resilienti a un ambiente che sta cambiando, agli scenari di cambiamenti climatici che stanno interessando e sempre più interesseranno molte aree del pianeta e condizioneranno direttamente e indirettamente la possibilità di fare agricoltura e allevamento. Particolare attenzione dovrà essere rivolta allo studio della biodiversità zootecnica, alla ricerca dei geni responsabili dell'adattamento dell'animale ai contrasti ambientali. Dalla ricerca genetica ci si aspettano anche contributi per migliorare, unitamente ad altri interventi sulle diverse componenti del sistema di produzione, trasformazione e commercializzazione, la sostenibilità ambientale degli alimenti di origine animale. Per il raggiungimento di tali obiettivi, che investono i pilastri sociali, economici e ambientali della sostenibilità, occorre stabilire un raccordo più stretto tra i diversi settori della ricerca e rafforzare la capacità di trasferimento tecnologico, puntando anche su una adeguata formazione professionale di tecnici e imprenditori.

FILIPPO MIGLIOR¹, RICCARDO NEGRINI², MARTINO CASSANDRO³

Il miglioramento genetico nel contesto agro-zootecnico: problemi e prospettive

¹ Università di Guelph, Ontario, Canada

² Università di Piacenza

³ Università di Padova

INTRODUZIONE

Il dato oggettivo di una performance osservata di un animale, fenotipo, è dato dalla somma degli effetti del genotipo dell'animale, cioè dai geni che controllano l'espressione di quel carattere, e dell'ambiente, cioè quell'insieme di componenti che dipendono dal luogo e dal periodo in cui l'animale ha prodotto la sua performance (gestione dell'allevamento, clima, stagione, anno, età). La componente genetica è ereditaria e si trasmette di generazione in generazione; quella ambientale può invece cambiare nel momento stesso in cui cambia la gestione dell'allevamento, o il clima, o l'età e così via. Il miglioramento genetico è quindi il progresso in termini genetici di una performance di una data popolazione da una generazione all'altra. Sono vari i passi necessari per ottenere il miglioramento genetico in una popolazione animale:

- definizione dell'obiettivo di selezione;
- identificazione dei caratteri che vogliamo selezionare;
- raccolta dati dalla popolazione che vogliamo migliorare;
- accurato sistema di valutazioni genetiche/genomiche;
- indice di selezione che incorpora i caratteri valutati;
- efficiente schema di selezione;
- un sistema per disseminare la genetica migliore per gli utenti finali.

I programmi di miglioramento genetico sono stati applicati con diverso successo in tutte le principali specie zootecniche: bovino da latte, carne e duplice attitudine, bufalino, suino, avicolo e cunicolo, ovino e caprino, equino e asinino nonché in acquacoltura, in apicoltura e nei camelidi. In questa

relazione ci focalizzeremo sul bovino da latte sia a livello internazionale che nazionale.

OBIETTIVO DI SELEZIONE

Selezionare significa scegliere gli animali migliori di una popolazione, rispetto all'obiettivo prefissato, con i quali produrre la rimonta, ossia la futura generazione. Obiettivo della selezione è, nel mondo del settore produttivo zootecnico, massimizzare il reddito dell'allevatore. Prima di definire gli obiettivi di selezione è quindi importante analizzare il reddito netto dell'allevatore che sarà dovuto in parte dalla vendita del prodotto (aumento dei ricavi) e in parte dal risparmio che l'allevatore può realizzare allevando animali che, per morfologia, capacità riproduttive e resistenza alle malattie, garantiscano una lunga durata in stalla e minor tempo nelle attività professionali e lavorative del personale impiegato (diminuzione dei costi di produzione). Definire un corretto obiettivo di selezione è quindi un'operazione difficile, in quanto vi è la necessità di effettuare approfondite analisi economiche dei diversi aspetti del sistema di produzione. È necessario tenere in considerazione i differenti sistemi di pagamento del latte e quantificare i costi di produzione, senza dimenticare l'eventuale presenza di un regime di quota produttiva (oggi in Italia non più presente, eccetto specifiche realtà cooperative che hanno adottato quote di produzione per sostenere i prezzi del prodotto finale). Infine, bisogna tenere presente il lungo intervallo generazionale nel bovino da latte: dovuto al ciclo riproduttivo, le decisioni selettive non danno come risultato un immediato cambiamento nell'allevamento, bensì necessitano di anni di tempo per vedersi realizzate. Per esempio, una dose di seme di un toro scelto, seguendo gli obiettivi di selezione attuali, anche se darà seguito a una gravidanza, e quindi nella nascita della vitella, non darà alcun utile fino a quando la manza non inizierà la prima lattazione, a circa 24-28 mesi di età. La stessa manza, se sana, potrà stare in azienda per quattro o cinque anni. Le decisioni che oggi riguardano la selezione influenzeranno il reddito dell'allevatore solo fra tre-otto anni. È quindi evidente che nel definire un obiettivo di selezione bisogna cercare di prevedere la situazione economica futura e non basarsi esclusivamente su quella presente.

A livello mondiale, negli ultimi cento anni, la gamma di caratteri considerati per la selezione genetica nelle popolazioni di bovini da latte è progredita per soddisfare le esigenze sia dell'industria che della società (Miglior et al., 2005; Cassandro et al., 2013; Cassandro et al., 2016; Miglior et al., 2017; Heringstad et al., 2018; Cassandro, 2019; Fleming et al., 2019; Martin et al. 2019; Cassandro, 2020; Malchiodi et al., 2020; Brito et al., 2021). All'inizio

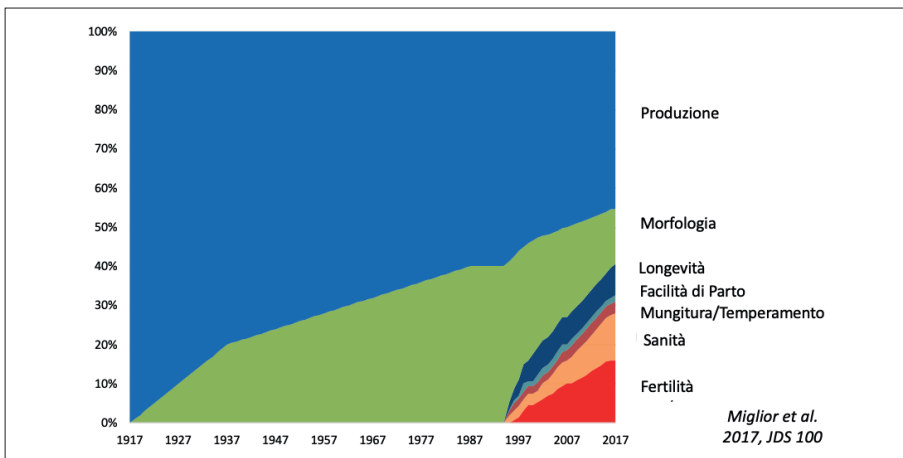


Fig. 1 *Obiettivi di selezione nel mondo negli ultimi 100 anni*

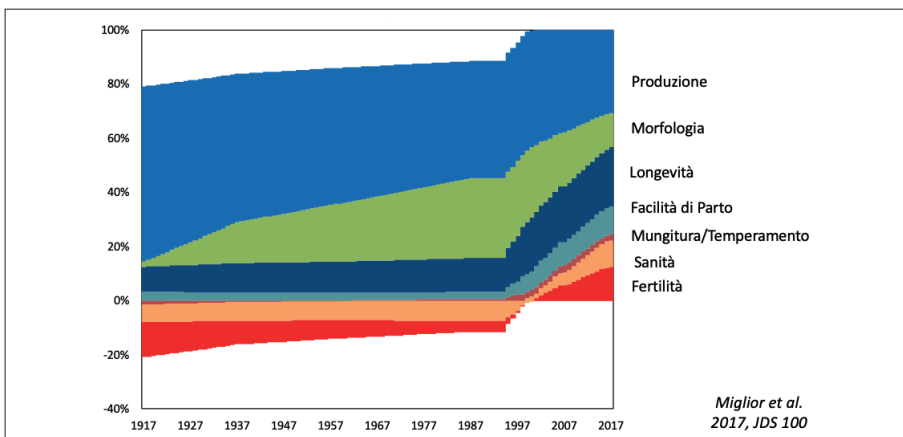


Fig. 2 *Risposta alla selezione nel mondo negli ultimi 100 anni*

del XX secolo, i produttori di latte erano interessati ad aumentare la produzione di latte; tuttavia, non era disponibile una strategia sistematica per la selezione. La registrazione organizzata delle prestazioni del latte ha preso forma, seguita rapidamente dal punteggio di conformazione. I progressi metodologici sia nella teoria della selezione genetica che nella statistica intorno alla metà del secolo, insieme alle innovazioni tecnologiche nell'informatica, hanno aperto la strada a potenti analisi a caratteri multipli. Man mano che tecniche analitiche più sofisticate venivano sviluppate e incorporate nei programmi di selezione, la produzione iniziò ad aumentare rapidamente e i programmi di miglioramento genetico iniziarono ad avere un forte impatto (figg. 1 e 2).

Negli anni '20, la produzione di latte a 305 giorni di una vacca Holstein nordamericana media era di circa 2.000 kg. Un secolo dopo, la vacca Holstein media produce più di 10.000 kg di latte, con percentuali di grasso e proteine simili a quelle di 100 anni fa. Questo aumento di cinque volte, attribuibile a una migliore gestione, alimentazione e soprattutto selezione genetica, è una delle storie di maggior successo di miglioramento della produzione animale. Il drammatico aumento, tuttavia, ha avuto un costo in termini di fertilità e salute. Per contrastare questo declino, alla fine degli anni '90, il focus della selezione si è spostato dall'essere puramente orientato alla produzione verso un obiettivo di selezione più equilibrato. Questo cambiamento si è verificato in parte a causa dell'aumento dei problemi di salute e fertilità e in parte a causa della pressione sociale e delle preoccupazioni sul benessere animale. I caratteri che comprendono la longevità, la fertilità, il parto, la salute e la lavorabilità sono stati quindi integrati via via negli indici di selezione e trend negativi per fertilità e sanità sono stati invertiti e sono ora positivi.

L'obiettivo di selezione della Frisone italiana è molteplice: migliorare la qualità del latte, ossia il tenore in proteine e grasso adeguato al consumo fresco e adatto alla trasformazione casearia, aumentare la quantità di latte, intesa come chili di proteina, e migliorare la longevità funzionale e fertilità dell'animale. Nella Frisone italiana la produzione di latte è giunta oramai a quasi 10.000 kg di latte per lattazione in 305 giorni, con una percentuale di grasso pari al 3,80% e una percentuale di proteina pari al 3,35%. L'incremento dal 2001 ad oggi corrisponde per il latte a un +18,6%, per il grasso percentuale a un + 6,1% e alla proteina a un +3,4%. Gran parte di questo risultato è dovuto al miglioramento genetico, e in particolar modo alla genomica applicata nell'ultimo decennio (Cassandro, 2020b). Considerando la selezione svolta nella Frisone italiana nell'ultimo quinquennio (dal 2015 al 2019), Cassandro (2020b) ha stimato che il 66% dell'incremento medio annuo registrato nella produzione di latte, in 305 giorni, è dovuto al miglioramento genetico realizzato, mentre per i contenuti di grasso e proteina i contributi si attestano rispettivamente sul 35% e 46% (fig. 3). Pertanto, nella razza Frisone italiana, da un terzo a due terzi degli incrementi produttivi realizzati a livello fenotipico negli ultimi cinque anni sono da attribuire all'attività di selezione e miglioramento genetico.

AVVENTO DELLA GENOMICA

La selezione tradizionale è basata sull'applicazione di metodi statistici complessi per predire il valore genetico individuale, utilizzando informazioni da

Carattere	Trend medio annuo dal 2015-2019		Contributo della genetica sull'incremento medio fenotipico annuo
	Fenotipico	Genetico	
Latte, kg	+150	+98	66 %
Grasso, %	+0,029	+0,010	35 %
Proteina, %	+0,019	+0,009	46 %

Elaborazioni dal servizio PGA, dati ufficiali ANAFU, 2020

Carattere	Trend medio annuo dal 2011-2020		Contributo della genetica sull'incremento medio fenotipico annuo
	Fenotipico	Genetico	
Tasso di gravidanza (PR), %	+0,30	+0,036	12 %
Longevità totale, giorni di vita (dalla nascita alla eliminazione)	-0,39	+0,16	42 %
Longevità funzionale, kg di latte per giorno di vita (dalla nascita alla eliminazione)	+0,27	+0,18	64 %
Cellule somatiche, n/ml	-9.264	-2.594	28 %

Elaborazioni su dati ufficiali ANAFU, 2020

Fig. 3 *Storico progresso fenotipico e genetico nella frisona italiana (Cassandro, 2020)*

progenie, genitori e altri parenti e separando accuratamente gli effetti genetici da quelli ambientali. La loro applicazione ha avuto molto successo per il miglioramento di caratteri facilmente misurabili, e il successo di questo approccio è dovuto alla possibilità di raccogliere dati in migliaia di allevamenti in tutto il Paese. Questa strategia non è però applicabile a caratteri più difficili da misurare, come sanità, benessere, efficienza alimentare ed emissione di metano. L'avvento della genomica ha offerto un'eccezionale opportunità per il miglioramento genetico di questi caratteri costosi da misurare su larga scala. La selezione genomica è stata implementata a livello internazionale nel 2009 e ha avuto un enorme successo su tutta l'industria del latte. Il tasso di miglioramento genetico è più che raddoppiato, soprattutto grazie a un significativo accorciamento dell'intervallo di generazione e a una più alta accuratezza degli indici genetici (grazie a un'ampia popolazione di riferimento utilizzata per produzione, morfologia e fertilità, con oltre 40.000 tori della popolazione genomica di riferimento per la razza Holstein). Ciò è stato possibile per i caratteri tradizionali di produzione e morfologia. Per i nuovi caratteri è però necessaria una popolazione genomica di riferimento basata principalmente sulle vacche, che vengono fenotipizzate e genotipizzate. Per quanto riguarda i caratteri produttivi, il guadagno in accuratezza dell'indice pedigree tra un animale genotipizzato e uno non-genotipizzato è di 35 punti percentuali. Se si considera che una bovina matura in terza lattazione ha un'accuratezza del suo

indice genetico di circa 60 punti percentuali, inferiore a 73, che è l'accuratezza media di una vitella genotipizzata appena nata.

Riassumendo, ci sono molti vantaggi dall'uso della genomica:

- accurata assegnazione e verifica della parentela;
- maggior accuratezza della selezione dei giovani animali;
- intervallo generazionale ridotto (sia per le manze in allevamento che per i torrelli in FA);
- identificazione e gestione dei geni recessivi;
- possibilità di migliorare anche nuovi caratteri economicamente importanti come salute ed efficienza alimentare;
- progresso genetico ora anche nelle mani dell'allevatore.

CONSIDERAZIONI FINALI

L'applicazione della genomica nella selezione del bovino da latte, l'attenzione ai caratteri relativi alla funzionalità e alla longevità degli animali e piani di accoppiamento ottimizzati per azienda rendono oggi possibile migliorare il livello genetico della mandria con una velocità ed efficacia impensabile fino a pochi anni fa. Bisogna però anche considerare i potenziali rischi connessi al miglioramento genetico tra cui l'aumento incontrollato della consanguineità, alcune minacce che si prospettano nel prossimo futuro, legate ad esempio al cambiamento climatico, e una crescente attenzione dell'opinione pubblica a tutta la filiera zootecnica e in particolar modo al benessere degli animali e all'impatto ambientale delle produzioni.

L'intensa attività selettiva avvenuta negli ultimi anni ha portato a un incremento continuo e costante della consanguineità nella popolazione. L'intervallo generazionale abbreviato accelera la diffusione nella popolazione dei geni che nella maggior parte dei casi sono miglioratori, ma che in certi casi possono essere letali o deleteri (Baes et al., 2019).

Come detto, è sempre più pressante l'attenzione dell'opinione pubblica sull'impatto ambientale della zootecnia e sugli aspetti di benessere animale e adattabilità ai sistemi produttivi. È necessario quindi focalizzare il miglioramento genetico su nuovi caratteri che rispondono alle mutate esigenze, sociali, ambientali ed economiche. Nel settore zootecnico da latte, bisogna quindi lavorare sulla riduzione dell'impatto ambientale, introducendo caratteri come l'efficienza alimentare connessa alla riduzione delle emissioni di metano (Brito et al., 2020; Richardson et al., 2021) e sul miglioramento del benessere ani-

male potenziando la resistenza alle malattie, la resilienza agli stress biotici ed abiotici, e l'adattabilità a diversi ambienti produttivi.

Un programma di miglioramento genetico ha successo se:

- vi è una chiara definizione dell'obiettivo di selezione a livello nazionale;
- l'obiettivo di selezione è condivisione con tutti gli attori della filiera;
- vi è accuratezza nel rilevamento del dato e registrazione dell'animale e dei suoi ascendenti;
- viene applicata una corretta valutazione genetica/genomica e una corretta strategia selettiva, pratica e condivisa in un chiaro e definito schema di selezione.

In futuro, sensori in azienda, registratori di dati, tecnologie di misurazione di precisione e altri ausili tecnici forniranno ancora più dati da utilizzare nella selezione e la difficoltà non risiederà nella misurazione dei fenotipi, ma piuttosto nella scelta dei tratti per cui selezionare.

RIASSUNTO

Il progresso genetico si realizza migliorando, in maniera stabile, le prestazioni di una razza da una generazione alla successiva. Per ottenere il miglioramento genetico è necessario innanzitutto identificare uno o più caratteri d'interesse che costituiscono gli obiettivi della selezione, misurare sistematicamente questi caratteri in un numero adeguato di animali, e stimare – quanto più accuratamente possibile – il contributo della componente genetica sull'espressione del fenotipo, separandola dagli effetti ambientali. Una volta ottenuti gli indici genetici per i singoli caratteri, questi possono essere aggregati in un indice di selezione complessivo che tenga conto sia delle correlazioni genetiche sia del peso economico di ciascuno carattere. L'indice complessivo è da utilizzarsi poi per la scelta dei migliori soggetti da avviare alla riproduzione. Il passaggio finale è il trasferimento del progresso genetico agli allevamenti attraverso la diffusione dei riproduttori geneticamente superiori. Il miglioramento genetico classico, basato su modelli cosiddetti "quantitativi", ha rivoluzionato negli ultimi 50 anni la zootecnia, raddoppiando e in alcuni casi triplicando le performance produttive delle razze e specie animali selezionate. Il recente passaggio alla selezione genomica, oramai trasversale tutte le specie allevate, anche se con livelli di applicazione e diffusione differenti, ha accelerato il progresso genetico in maniera significativa. Nel futuro prossimo, le produzioni zootecniche saranno chiamate ad affrontare nuove e complesse sfide per adattare gli animali ai cambiamenti climatici, per migliorare il benessere e la salute delle mandrie, per mitigare l'impatto ambientale dei sistemi di allevamento, per conservare il patrimonio di biodiversità e infine per conquistare la fiducia del consumatore. Il superamento di queste sfide richiede necessariamente investimenti in ricerca scientifica, sempre più interdisciplinare, e nuove strategie di selezione accoppiate a una assistenza tecnica e formazione continua all'avanguardia, diffusa capillarmente negli allevamenti. Nella presente analisi, utilizzando il bovino da latte come caso studio, verranno identificati e brevemente descritti alcuni rischi e le principali opportunità offerte

dall'applicazione di schemi di selezione di nuova generazione, e verranno discussi i recenti sviluppi nella selezione genomica, nella epigenetica, nelle tecniche di editing del DNA ed infine, nei sistemi di intelligenza artificiale applicabili in zootecnia.

ABSTRACT

Genetic improvement relies on the genetic progress of a population performance from one generation to the next. Few steps are necessary to achieve genetic improvement: identification of a group of traits we want to improve (selection objective), animal data recording, accurate separation of environmental effects from the genetic contribution of a given performance (genetic evaluation), the inclusion of the estimated breeding values in one selection criterion that accounts for all correlations among the traits of interest and for the relative economic weights (selection index), and eventually the selection of the best breeders according to the selection index to obtain the next generation (selection scheme). Finally, genetic improvements should flow from proven genetically superior animals to improved production systems. Traditional quantitative genetic improvement programs have been highly successful across all species in the last 50 years, doubling or tripling production performances. The advent of genomic selection accelerated genetic progress in some species. New issues and opportunities are emerging for the near future that will impact the livestock sector and mainly dairy cattle worldwide. Climate change, environmental mitigation, animal adaptation and health, social acceptability and genetic diversity preservation are emerging topics in animal productions that impose new breeding strategies and new research with a holistic approach. We will briefly identify the principal risks and opportunities from the implementation of breeding programs, including the recent developments of genomic selection, genome editing, epigenomics, and artificial intelligence applied to livestock populations.

BIBLIOGRAFIA

- BAES, C.F., MAKANJUOLA B., MIGLIOR F., MARRAS G., HOWARD J.T., FLEMING A., AND MALTECCA C. (2019): *Symposium review: The genomic architecture of inbreeding: How homozygosity affects health and performance*, «J. Dairy Sci.», 102, pp. 2807-2817.
- BRITO L.F., OLIVEIRA H.R., HOULAHAN K., FONSECA P.A.S., LAM S., BUTTY A.M., SEYMOUR D.J., VARGAS G., CHUD T.C.S., SILVA F.F., BAES C.F., CÁNOVAS Á., MIGLIOR F., SCHENKEL F.S. (2020): INVITED REVIEW: *Genetic mechanisms underlying feed utilization and implementation of genomic selection for improved feed efficiency in dairy cattle*, «Can J Anim Sci», 100, pp. 587-60.
- BRITO L.F., BEDERE N., DOUHARD F., OLIVEIRA H., ARNAL M., PEÑAGARICANO F., SCHENKEL A., BAES C., MIGLIOR F. (2021): REVIEW: *Genetic selection of high-yielding dairy cattle towards sustainable farming systems in a rapidly-changing world*, «Animal» <https://doi.org/10.1016/j.animal.2021.100292>
- CASSANDRO M., MELE M., STEFANON B. (2013): *Genetic aspects of enteric methane emission in ruminants livestock*, «Ital. J. Anim. Sci.», 12, pp. 450-458.

- CASSANDRO M., PRETTO D., LOPEZ-VILLALOBOS N., DE MARCHI M. AND PENASA M. (2016): *Estimation of economic values for milk coagulation properties in Italian Holstein-Friesian cattle*, «J. Dairy Science», 99, pp. 6619-6626.
- CASSANDRO M. (2019): *Emerging topics in livestock breeding and production*, Book of Abstract, Aspa 23 rd Congress, Sorrento, June 11-14, 2019, ISO11:7-8.
- CASSANDRO M. (2020a): *Animal breeding and climate change, mitigation and adaptation*, «J. Anim. Breed. Genet.», 137, pp. 121-122. <https://doi.org/10.1111/jbg.12469>.
- CASSANDRO M. (2020b): *Miglioramento genetico – nuove vie per la qualità*, «Informatore zootecnico», n. 21, pp. 50-54.
- FLEMING A., BAES C.F., MARTIN A.A.A., CHUD T.C.S., MALCHIODI F., BRITO L.F. AND MIGLIOR F. (2019): Symposium review: *The choice and collection of new relevant phenotypes for fertility selection*, «J. Dairy Sci.», 102, pp. 3722-3734.
- HERINGSTAD B., EGGER-DANNER C., CHARFEDDINE N., PRYCE J.E., STOCK K.F., KOFLER J., SOGSTAD A.M., HOLZHAUER M., FIEDLER A., MÜLLER K., NIELSEN P., THOMAS G., GENGLER N., DE JONG G., ØDEGÅRD C., MALCHIODI F., MIGLIOR F., ALSAOD M. AND COLE J.B. (2018): Invited review: *Genetics and claw health: Opportunities to enhance claw health by genetic selection*, «J. Dairy Sci.», 101, pp. 4801-4821.
- MALCHIODI F., JAMROZIK J., CHRISTEN A.-M., FLEMING A., KISTEMAKER G.J., RICHARDSON C., DANIEL V., KELTON D. F., SCHENKEL F.S. AND MIGLIOR F. (2020): Symposium Review: *Multiple trait single-step genomic evaluation for hoof health*, «J Dairy Sci», 103, pp. 5346-5353.
- MARTIN P., BARKEMA H.W., BRITO L.F., NARAYANA S.G., MIGLIOR F. (2018): *Novel strategies to genetically improve mastitis resistance in dairy cattle*, «J. Dairy Sci.», 101, pp. 2724-27364.
- MIGLIOR F., MUIR B. AND VANDOORMAAL B.G. (2005): *Selection indexes in Holstein cattle of various countries*, «J. Dairy Science», 88, pp. 1255-1263.
- MIGLIOR F., FLEMING A., MALCHIODI F., BRITO L., MARTIN P., BAES C.F. (2017): *A 100-Year Review: Identification and genetic selection of economically important traits in dairy cattle*, «J. Dairy Sci», 100, pp. 10251-10271.
- RICHARDSON C.M., BAES C.F., AMER P.R., QUINTON C., HELY F., OSBORNE V.R., PRYCE J.E., HAILEMARIAM D. AND MIGLIOR F. (2021): *Investigating the environmental impact of current and future breeding programs through emission intensity*, «Animal», 15, 100005.

GIUSEPPE CAMPANILE¹, STEFANIA CHESSA², STEFANO BIFFANI³,
GIANLUCA NEGLIA¹, ALESSIO CECCHINATO⁴

Il ruolo delle nuove tecnologie per la selezione di animali resistenti e resilienti: dalla zootecnia di precisione alla genomica

¹ Dipartimento di Medicina Veterinaria e Produzioni Animali, Università degli Studi di Napoli «Federico II»

² Dipartimento di Scienze Veterinarie, Università di Torino

³ Istituto di Biologia e Biotecnologia Agraria, Consiglio Nazionale delle Ricerche – Milano

⁴ Dipartimento di Agronomia, Animali, Alimenti, Risorse naturali e Ambiente, Università di Padova

I profondi cambiamenti cui è andata incontro la zootecnia negli ultimi anni stanno minando in misura sempre maggiore la fiducia dei consumatori verso gli alimenti di origine animale, ritenuti spesso poco salubri e pericolosi per la salute dell'uomo. Ciò è per buona parte legato alla distorta visione degli allevamenti intensivi, spesso considerati irrispettosi dell'ambiente e mere "industrie" per la produzione di alimenti, che non tengono in considerazione il benessere degli animali. In realtà l'evoluzione delle pratiche zootecniche non è stata altro che una conseguenza della crescita della popolazione e della trasformazione della società. Infatti, dai poco più di due miliardi e mezzo di persone registrate nell'immediato dopoguerra, la popolazione mondiale è passata a oltre 7 miliardi e mezzo nel 2017 e si stima crescerà fino a oltre 9 miliardi nel 2050. Tale incremento è stato molto più marcato nei Paesi in via di sviluppo piuttosto che in quelli industrializzati, determinando una maggiore richiesta di proteine di origine animale. Ecco, quindi, che la zootecnia è andata incontro alla sua "rivoluzione": alcune branche delle scienze animali, quali la genetica e le tecniche di allevamento e di alimentazione si sono notevolmente sviluppate, al fine di implementare sempre più la quantità dei prodotti di origine animale. Ciò è stato possibile attraverso la selezione di animali sempre più specializzati e produttivi, ma sempre più incapaci a soddisfare le maggiori esigenze metaboliche, portando quindi a una riduzione del benessere e incrementando l'incidenza di tecnopatie, con conseguente maggior uso di farmaci.

Come rispondere alla crescente richiesta di proteine di origine animale? Fino a che livello produttivo sarà possibile spingere gli animali per andare incontro alla domanda? Molti tecnici e ricercatori del settore sono concordi

nel ritenere che, a fronte di un aumento dell'efficienza di produzione che sarà possibile raggiungere attraverso il miglioramento genetico e delle tecniche di allevamento e alimentazione, vie più semplici potrebbero essere rappresentate dall'allevamento di insetti, o addirittura dalla carne prodotta in laboratorio. L'allevamento di insetti a scopo alimentare è una delle strade più recenti e promettenti per la ricerca di fonti proteiche alternative (Meyer-Rochow et al., 2021). Gli insetti rappresentano una valida alternativa sostenibile, sia per la produzione di cibo per l'uomo che di mangime per gli animali d'allevamento, tanto che a tal riguardo anche la Commissione Europea si è recentemente espressa in maniera favorevole. I vantaggi legati all'allevamento degli insetti a scopo alimentare sono diversi: dalla maggiore efficienza di conversione alimentare, alla possibilità di essere allevati su scarti e sottoprodotti organici che vengono così riciclati e convertiti, al ridotto fabbisogno di acqua e impatto ambientale.

La produzione di carne in laboratorio rappresenta una delle soluzioni proposte negli ultimi anni per cercare nuove soluzioni all'alimentazione tradizionale (Fernandes et al., 2020). Mediante la carne artificiale si punta sia a soddisfare le esigenze dei consumatori di carne, sia quelle dei vegetariani, particolarmente attenti alle questioni etiche legate a produzione della carne, sostenibilità e benessere degli animali. Esistono già ristoranti che servono carne sintetica, sebbene i principali ostacoli alla commercializzazione siano rappresentati dagli elevati costi di produzione e dagli sconosciuti effetti a lungo termine sulla salute umana.

Dopo questa dovuta premessa, è lecito chiedersi quale sarà il futuro degli allevamenti zootecnici, legato indissolubilmente a 3 aspetti: sostenibilità, benessere animale e qualità dei prodotti. Se in passato la sostenibilità ambientale era trascurata a vantaggio di quella economica, è ormai universalmente riconosciuto che queste rappresentano un binomio imprescindibile. Il contributo dell'agricoltura *in toto* alle emissioni mondiali di GHG nel 2017 è stato di circa il 16% (15,8%) e di questo il 5,8% era legato alle attività zootecniche (Van Eenennaam & Werth, 2021). In particolare, queste emissioni sono dovute essenzialmente al CH_4 (64%) e al N_2O (34,6%), mentre la CO_2 incide in misura inferiore (1,4%). Il metano, un gas serra con un effetto termico 25 volte superiore a quello della CO_2 , si origina dalle fermentazioni ruminali e da quelle a carico della sostanza organica non digerita ed escreta nelle deiezioni in anaerobiosi. Le maggiori perdite di CH_4 si hanno nei ruminanti, che ospitano larghe popolazioni di batteri e protozoi nel rumine. Nel caso dei suini e avicoli, tali perdite sono assai più contenute. Il protossido di azoto è considerato uno dei gas più impattanti sull'ambiente: 1 solo kg equivale a circa 300 kg di CO_2 equivalente. Deriva principalmente dalla degradazione aerobica delle

deiezioni e dalle lavorazioni dei terreni agricoli. Va comunque sottolineato che, come dimostrato da un recente studio, a fronte dei circa 5,7 milioni di GHG emessi in atmosfera dal settore zootecnico, le foraggere e gli altri alimenti utilizzati per l'alimentazione degli animali sono in grado di sottrarne quasi 5 volte tanto, ridimensionando il ruolo impattante della zootecnia (De Vivo & Zicarelli, 2021).

Il tema del benessere degli animali da reddito ha suscitato negli ultimi anni grande interesse sia da parte degli addetti ai lavori che dei consumatori, sempre più attenti alle modalità con le quali vengono trattati gli animali in allevamento (Silva et al., 2021). Questo ha spinto i tecnici del settore a ricercare forme più precise e moderne di valutazione del benessere, anche se allo stato attuale un'univoca e reale valutazione risulta ancora complicata. Hughes nel 1976 definì il benessere animale come «uno stato di completa salute mentale e fisica nel quale l'animale è in armonia con il proprio ambiente di vita» e più nello specifico Broom nel 1986 affermò: «Il benessere di un individuo corrisponde al suo stato di adattamento rispetto al suo ambiente». Ma perché è così importante il rispetto del benessere animale? È ormai ampiamente riconosciuto che un animale in benessere presenta un sistema immunitario più forte, è in grado di adattarsi meglio all'ambiente in cui vive, migliora la quantità e la qualità delle sue produzioni e va incontro molto meno a problematiche di tipo sanitario, determinando quindi una riduzione dell'utilizzo di antibiotici e una maggiore salubrità dei prodotti. L'efficienza riproduttiva di animali in ridotte condizioni di benessere risulta inevitabilmente compromessa, inficiando anche la sostenibilità economica dell'azienda. Attualmente, quindi, il benessere animale è un concetto multifattoriale e uno dei parametri principali da tenere in considerazione per la gestione dei moderni allevamenti zootecnici, per garantire il legame tra sanità animale e salubrità degli alimenti.

Al benessere sono legati due temi particolarmente importanti: l'antimicrobico-resistenza (AMR) e la qualità funzionale dei prodotti. L'AMR è un fenomeno per il quale un batterio risulta resistente all'attività di un farmaco antimicrobico ed è in grado di replicarsi a concentrazioni di quel farmaco che risulterebbero inibenti per la massima parte degli stipiti della stessa specie. In accordo con la Decisione UE n. 1082 del 2013 del Parlamento e del Consiglio Europeo l'AMR è considerata «tra le più gravi minacce transfrontaliere del terzo millennio insieme ai cambiamenti climatici e al terrorismo», tanto da essere considerato la peste del futuro: si stima che nel 2050 l'AMR provocherà un maggior numero di decessi dei tumori. Proprio quando l'AMR si sviluppa in batteri responsabili di zoonosi, tali germi possono compromettere l'efficacia delle terapie antibiotiche nell'uomo. Sebbene l'EFSA, l'EMA e l'ECDC abbiano certificato il sorpasso virtuoso della veterinaria, per cui i consumi di

antibiotici negli animali da produzione alimentare si sono attestati su livelli inferiori a quelli del settore umano, il problema dell'AMR è allo stato odierno sotto l'occhio attento dell'opinione pubblica, sia per il problema zoonotico cui si accennava in precedenza, che per la possibilità di residui negli alimenti, quando non siano rispettati i tempi di sospensione. La riduzione dell'utilizzo di antibiotici è strettamente legata al miglioramento delle condizioni di allevamento e benessere degli animali: animali più "resilienti" alle condizioni di allevamento e quindi in maggiori condizioni di benessere, presenteranno un sistema immunitario più forte e quindi avranno meno necessità di utilizzo di antimicrobici.

L'altro grande capitolo legato al benessere animale riguarda la qualità dei prodotti, intesa non solo come qualità nutrizionale, ma legata alla presenza di metaboliti funzionali. Nel 1862 Ludwig Feuerbach asseriva: «L'uomo è ciò che mangia». Il capitolo degli alimenti funzionali detti anche nutraceutici (nutrizione + farmaceutica = nutraceutica) riguarda quei prodotti che non hanno solo la funzione di mero nutrimento ma mostrano effetti benefici sulla salute umana (Rani & Yadav, 2018). Studi precedenti hanno evidenziato come svariate molecole derivanti da prodotti naturali possano essere implicate nel trattamento (curativo o preventivo) di innumerevoli patologie, alla base delle quali vi è spesso un processo flogistico protratto nel tempo correlato a sua volta a stress ossidativo, che si può riscontrare a carico di qualsiasi tipo cellulare (*Antioxidant / Redox Signaling*, ARS). Queste ultime sono sostanze riscontrabili normalmente nell'organismo (perossido d'idrogeno, diossido d'idrogeno, ossigeno molecolare), ma se presenti in quantità massive possono indurre danno cellulare, mutazioni del DNA e denaturazione proteica: disequilibri nella presenza di suddette molecole, quando tali processi infiammatori sono in corso, possono, se protratti, divenire patologici. Tra queste molecole annoveriamo, ad esempio, le sirtuine (*silent regulator information transcript*, SIRT), una famiglia di proteine coinvolte nella regolazione dell'espressione genica. Ma gli alimenti di origine animale contengono diverse sostanze che consentono di definirli "alimenti funzionali". Ad esempio, la significativa presenza di biomolecole funzionali come le betaine (γ -butirrobetaina, acetilcarnitina, propionilcarnitina, glicina-betaina e soprattutto δ -valerobetaina) nelle produzioni di ruminanti piuttosto che di non ruminanti, è ben documentata in letteratura (Servillo et al., 2018a). In particolare, la δ -valerobetaina, presente in estratti acquosi di latte di bufala, è in grado di ridurre il danno di natura infiammatoria causato da alte concentrazioni di glucosio su cellule endoteliali, regolando la via metabolica SIRT1/SIRT6-NF κ B (Servillo et al., 2018b). Studi recenti hanno anche messo in evidenza l'attività citotossica delle betaine su alcune cellule tumorali, quali quelle del carcinoma della mammella, della

lingua, della laringe e del colon-retto (D'Onofrio et al., 2020) e come la concentrazione di tali molecole possa essere implementata con il miglioramento del benessere animale (Salzano et al., 2019). Quanto esposto, quindi, mette in evidenza l'importanza delle produzioni animali nell'ottica del principio di One-health, per cui la salute dell'uomo, dell'ambiente e degli animali sono indissolubilmente legate tra loro.

Come riuscire quindi a migliorare contemporaneamente l'efficienza e la qualità delle produzioni animali, senza trascurare il benessere in allevamento? Come individuare le linee genetiche più resistenti e resilienti alle nuove forme di allevamento? Non potendo aumentare troppo il numero di animali allevati, per evitare il rischio del progressivo esaurimento delle risorse naturali, risulta indispensabile trovare il modo di produrre di più consumando meno risorse. D'altro canto, l'aumento del numero di animali per allevamento, ha reso difficile l'osservazione dei singoli animali. Per questo si è reso necessario lo sviluppo della zootecnia di precisione o Precision Livestock Farming (PLF), che consiste in tecnologie e strumenti per il monitoraggio continuo, automatizzato ed in tempo reale degli animali (Silva et al., 2021). Un sistema PLF, quindi, richiede la presenza di diverse tipologie di strumenti: sensori per la rilevazione di indicatori produttivi, riproduttivi, fisiologici e comportamentali; data loggers per memorizzare i dati provenienti dai sensori; elaboratori dei dati in cui funzionano specifici algoritmi e modelli matematici per ciascuno dei dati presi in esame; software di interpretazione con un'interfaccia utente semplice, che si traduce in un segnale facilmente comprensibile all'allevatore.

Gran parte degli strumenti tecnologici attualmente in funzione nelle aziende zootecniche (sistemi di identificazione elettronica, alimentatori automatici, sistemi di mungitura automatici, software gestionali) sono finalizzati a ottimizzare/automatizzare i processi produttivi per ridurre il lavoro manuale piuttosto che focalizzarsi sui fabbisogni dell'animale. Altri come i sensori automatici per la rilevazione degli estri, la determinazione del peso degli animali, sistemi precoci di rilevazione delle mastiti, sono meno diffusi (Gargiulo et al., 2018). Tuttavia la ricerca si sta sempre più orientando a utilizzare questi strumenti per obiettivi ben più ampi, come migliorare la salute animale (diagnosi precoce di patologie, monitoraggio della qualità dell'ambiente d'allevamento e del benessere animale), diminuire i costi di allevamento (ridurre l'impatto ambientale, ridurre l'uso di farmaci, rilevare automaticamente fenotipi d'interesse), aumentare le produzioni (aumentare il numero di informazioni utilizzabili, migliorare l'efficienza delle produzioni).

Le tecnologie PLF sono particolarmente utili anche per fini selettivi in quanto consentono il rilievo di un numero sempre maggiore di fenotipi che possono essere inclusi negli obiettivi di selezione. L'efficacia di questi nuovi

strumenti è stata inoltre favorita dalla cosiddetta “Rivoluzione Genomica”. Questo “nuovo” approccio selettivo, detto anche *genomic selection* (Hayes et al., 2009), è stato possibile grazie alle innovazioni tecnologiche che hanno permesso di “leggere” alcune mutazioni puntiformi del genoma degli animali da reddito (i.e. single-nucleotide polymorphism, SNP) e di associare ciò che veniva letto alle loro performance. I vantaggi sono enormi: maggiore accuratezza e minor intervallo di generazione che si concretizza in maggior progresso genetico (García-Ruiz et al., 2016).

Nonostante i progressi ottenuti spostando l’obiettivo di selezione verso caratteri maggiormente legati alla funzionalità e introducendo allo stesso tempo metodi di selezione più efficienti e accurati, il miglioramento genetico del benessere e resilienza degli animali da reddito – che ricordiamo dovrebbe essere permanente e additivo – dovrebbe passare anche attraverso la definizione e utilizzo di un’informazione fenotipica *diversa*, intendendo con questo un fenotipo 2I: Informativo ed Innovativo. Diversi autori (Berghof et al., 2019) hanno infatti sottolineato come un approccio efficace per la valutazione e il miglioramento della resilienza possa essere quello di utilizzare indicatori fenotipici che siano in grado di cogliere le deviazioni delle performance di un individuo rispetto all’atteso lungo un certo periodo di tempo.

Un altro approccio che si sta dimostrando estremamente efficiente nel predire fenotipi 2I è l’impiego della spettrometria all’infrarosso del latte (Cecchinato et al., 2020). Vista l’importanza e la centralità metabolica della mammella non stupisce che il latte prodotto possa fornire informazioni sul suo funzionamento metabolico e su quello di altri organi e apparati. È intuibile quindi che la spettrometria all’infrarosso del latte possa essere impiegata per monitorare non solo la produzione, ma anche il benessere, la fertilità e l’impatto ambientale. Relativamente al benessere animale, lo spettro all’infrarosso ci può inoltre fornire indicazioni sui processi di dimagrimento eccessivo in atto attraverso la predizione del profilo in acidi grassi del latte e in particolare di quelli a lunga catena (stearico, oleico), più frequenti nei depositi di grasso corporeo, che aumentano nel latte quando la bovina sta dimagrendo.

Altri indicatori del dimagrimento eccessivo sono i corpi chetonici presente nel sangue (non solo BHB, beta-idrossi-butirato), perché anch’essi possono essere predetti dallo spettro all’infrarosso del latte. La utilità della loro predizione non riguarda solo gli aspetti patologici, la chetosi, ma, nell’ambito dei valori fisiologici, danno indicazioni anche sul bilancio energetico di un individuo. Il bilancio energetico negativo ritarda la ripresa del ciclo ovarico e la piena funzionalità dell’apparato riproduttore condizionando negativamente la fertilità. Recentemente è stato evidenziato come lo spettro all’infrarosso del latte possa essere impiegato per avere qualche predizione sulla fertilità delle

bovine da latte, sul loro stato di calore e sulla sua probabilità di rimanere gravide.

Infine, un altro elemento da considerare oltre alla genomica ed ai fenotipi 2I riguarda gli aspetti più prettamente *computazionali*, intendendo con questo gli algoritmi utilizzati per analizzare i dati raccolti e produrre le predizioni necessarie (i.e. indici genetici, probabilità di patologie od eventi specifici). In questo senso l'applicazione di metodi di *machine learning e deep learning*, sta prendendo sempre più piede sia nell'ambito dell'utilizzo delle informazioni genomiche per la predizione di patologie legate a caratteri recessivi (Biffani et al., 2015;), per la stima dei valori genomici (Montesinos-López et al., 2021) o per prevedere lo stato di salute della mammella (Bobbo et al., 2021).

In conclusione, è evidente che il futuro della zootecnia passa inevitabilmente attraverso l'applicazione di nuove tecnologie, quali PLF e genomica, che consentano l'individuazione di soggetti più resistenti e resilienti, al fine di migliorare la sostenibilità e l'efficienza degli allevamenti.

BIBLIOGRAFIA

- BERGHOF T.V.L., POPPE M., MULDER H.A. (2019): *Opportunities to Improve Resilience in Animal Breeding Programs*, «Front Genet», 9, pp. 692.
- BIFFANI S., DIMAURO C., MACCIOTTA N., ROSSONI A., STELLA A., BISCARINI F. (2015): *Predicting haplotype carriers from SNP genotypes in Bos taurus through linear discriminant analysis*, «Gen Sel Evol», 47, pp. 1-11.
- BOBBO T., BIFFANI S., TACCIOLI C., PENASA M. CASSANDRO M. (2021): *Comparison of machine learning methods to predict udder health status based on somatic cell counts in dairy cows*, «Sci Rep», 11, pp. 1-10.
- CECCHINATO A., TOLEDO-ALVARADO H., PEGOLO S., ROSSONI A., SANTUS E., MALTECCA C., BITTANTE G. TIEZZI F. (2020): *Integration of wet-lab measures, milk infrared spectra, and genomics to improve difficult-to-measure traits in dairy cattle populations*, «Front Gen», 11, p. 1131.
- D'ONOFRIO N., CACCIOLA N., MARTINO E., BORRELLI F., FIORINO F., LOMBARDI A., NEGLIA G., BALESTRIERI M.L., CAMPANILE G. (2020): *ROS-Mediated Apoptotic Cell Death of Human Colon Cancer Cells by Buffalo Milk δ -Valerobetaine*, «Sci Rep», 10, p. 8978.
- DE VIVO R., ZICARELLI L. (2021): *Influence of carbon fixation on the mitigation of greenhouse gas emissions from livestock activities in Italy and the achievement of carbon neutrality*, «Transl Anim Sci», 5, p. txab042.
- RANI V., YADAV U.C.S. (2018): *Functional Food and Human Health*, Springer, Singapore.
- FERNANDES A.M., DE SOUZA TEIXEIRA O., PALMA REVILLION J.P., DE SOUZA Á.R.L. (2020): *Conceptual evolution and scientific approaches about synthetic meat*. «J Food Sci Tech», 57, pp. 1991-1999.
- GARCÍA-RUIZ Á., COLE J.B., VANRADEN P.M., WIGGANS G.R., RUIZ-LÓPEZ F.J., VAN TASSELL C.P. (2016): *Changes in genetic selection differentials and generation intervals in US Holstein dairy cattle as a result of genomic selection*, «PNAS», 113, pp. E3995-E4004.

- GARGIULO J.I., EASTWOOD C.R., GARCIA S.C., LYONS N.A. (2018): *Dairy farmers with larger herd sizes adopt more precision dairy technologies*. «J Dairy Sci», 101, pp. 5466-5473.
- HAYES B. J., BOWMAN P. J., CHAMBERLAIN A. J., GODDARD M.E. (2009): *Invited review: Genomic selection in dairy cattle: Progress and challenges*, «J Dairy Sci», 92, pp. 433-443.
- MEYER-ROCHOW V.B., GAHUKAR R.T., GHOSH S., JUNG C. (2021). *Chemical Composition, Nutrient Quality and Acceptability of Edible Insects Are Affected by Species, Developmental Stage, Gender, Diet, and Processing Method*. «Foods», 10, p. 1036.
- MONTESINOS-LÓPEZ O.A., MONTESINOS-LÓPEZ A., PÉREZ-RODRÍGUEZ P., BARRÓN-LÓPEZ J.A., MARTINI J.W.R., FAJARDO-FLORES S.B., GAYTAN-LUGO L.S., SANTANA-MANCILLA P.C., CROSSA J. (2021): *A review of deep learning applications for genomic selection*, «BMC Genomics», 22, p. 19.
- SALZANO A., LICITRA F, D'ONOFRIO N., BALESTRIERI M.L., LIMONE A., CAMPANILE G., D'OCCHIO M.J., NEGLIA G. (2019): *Space allocation in intensive Mediterranean Buffalo production influences the profile of functional biomolecules in milk and dairy products*, «J Dairy Sci», 102, pp. 7717-7722.
- SERVILLO L., D'ONOFRIO N., GIOVANE A., CASALE R., CAUTELA D., CASTALDO D., IANACCONE F, NEGLIA G., CAMPANILE G., BALESTRIERI M.L. (2018a): *Ruminant meat and milk contain δ -Valerobetaine, another precursor of trimethylamine N-oxide (TMAO) like γ -butyrobetaine*. «Food Chem», 260, pp. 193-199.
- SERVILLO L., D'ONOFRIO N., NEGLIA G., CASALE R., CAUTELA D., MARRELLI M., LIMONE A., CAMPANILE G., BALESTRIERI ML. (2018b): *Carnitine precursors and short-chain acylcarnitines in water buffalo milk*, «J Agric Food Chem», 66, pp. 8142-8149.
- SILVA S.R., ARAUJO J.P., GUEDES C., SILVA F., ALMEIDA M., CERQUEIRA J.L. (2021): *Precision Technologies to Address Dairy Cattle Welfare: Focus on Lameness, Mastitis and Body Condition*. «Animals», 11, p. 2253.
- VAN EENENNAAM A.L., WERTH S.J. (2021): *Animal board invited review: Animal agriculture and alternative meats - learning from past science communication failures*. «Animal», 15, p. 100360.

NICOLÒ PIETRO PAOLO MACCIOTTA¹, MARIANGELA CAROPRESE²,
ROBERTA CIAMPOLINI³, UMBERTO BERNABUCCI⁴, ALESSANDRO NARDONE⁴

Quali obiettivi di selezione per fronteggiare i cambiamenti climatici

¹ Università degli Studi di Sassari

² Università degli Studi di Foggia

³ Università degli Studi di Pisa

⁴ Università degli Studi della Tuscia, Viterbo

INTRODUZIONE

L'andamento del clima negli ultimi decenni e le previsioni future delineano un quadro estremamente preoccupante, caratterizzato da costante aumento delle temperature medie, riduzione delle precipitazioni e aumento degli eventi meteorologici estremi. Le caratteristiche dell'area mediterranea, determinate da un mare semi-chiuso di modesta estensione, la rendono particolarmente sensibile al cambiamento climatico (CC). A tale contesto di criticità si sovrappone la necessità di aumentare le produzioni agricole per soddisfare le esigenze dovute all'incremento demografico e dei consumi medi pro capite della popolazione mondiale.

L'impatto dei CC sulle produzioni zootecniche è stato oggetto di numerosi studi. È noto come l'effetto dei CC sia differente a seconda dei sistemi di allevamento, con quelli totalmente dipendenti dalle risorse foraggere spontanee come i più vulnerabili (Nardone et al., 2010). Il clima esercita un effetto diretto sull'animale, influenzando il comportamento e lo stadio fisiologico, e uno indiretto sull'ambiente di allevamento, che riguarda la disponibilità idrica e alimentare, lo sviluppo degli agenti patogeni. Esistono rilevanti differenze fra le specie di interesse zootecnico: studi di simulazione mostrano come gli ovini abbiano la maggiore capacità di adattamento a scenari di CC (Niggol Seo et al., 2010). Esiste anche una variabilità tra razze della stessa specie (autoctone vs cosmopolite) e tra individui della stessa razza. Per tale motivo, la selezione genetica può rappresentare un interessante strumento per la mitigazione degli effetti del CC sulle produzioni zootecniche. La maggior parte degli studi con-

dotti in questo campo riguarda la resistenza allo stress da caldo dei ruminanti, che verrà quindi trattato come esempio nella presente relazione.

LO STRESS DA CALDO NEI RUMINANTI

Gli animali omeotermi hanno una zona termo-neutrale in cui il dispendio energetico per il mantenimento della normale temperatura corporea è minimo, costante e indipendente dalla temperatura ambientale. Quando le variabili ambientali, come temperatura, umidità, ventilazione e radiazione solare raggiungono valori che superano il limite superiore di tale zona, gli animali entrano in una condizione nota come stress da caldo: la temperatura corporea interna supera il suo intervallo per l'attività normale a causa di un carico termico totale (produzione interna e ambiente) superiore alla capacità di dissipazione del calore stesso.

Nei ruminanti lo stress termico determina una perturbazione dell'equilibrio omeostatico a cui segue una complessa risposta. L'attivazione del sistema nervoso simpatico, con liberazione di catecolamine, e dell'asse ipotalamo-ipofisi-surrene, con rilascio di glucocorticoidi, hanno un'influenza rilevante sul sistema immunitario. Lo stress termico induce un aumento dello stress ossidativo (Bernabucci et al., 2002; Flanagan et al., 1998), possibile fattore che può indurre l'attivazione della biosintesi delle HSP (heat shock proteins) (Szyller e Bil-Lula, 2021). I glucocorticoidi e le HSP intervengono nella regolazione dei processi immunologici, con riduzione della proliferazione dei linfomonociti periferici e della secrezione di citochine pro-infiammatorie (Caroprese et al., 2018). In vacche Frisone è stata anche osservata una riduzione dell'attività fagocitaria dei neutrofili periferici, che lascia supporre una ridotta competenza del sistema immunitario innato (Lecchi et al., 2016) e che potrebbe spiegare la maggiore incidenza di patologie quali mastiti e metriti osservate durante condizioni di stress da caldo (Collier et al., 2017). Inoltre, l'ipertermia e il conseguente aumento della secrezione dei glucocorticoidi possono avere un ruolo di depressione delle risposte immunitarie di tipo cellulomediato influenzando il rapporto tra le popolazioni linfocitarie T-helper (Th)1/Th2. Alcuni autori durante l'ipertermia hanno infatti verificato una riduzione della secrezione delle citochine Th1 in favore della secrezione delle citochine Th2 (Elenkov e Chrousos, 1999; Murzenok et al., 1997; Webster et al., 2002). La comunicazione tra i glucocorticoidi e sistema immunitario sarebbe di tipo bidirezionale con un'azione non solo di tipo soppressivo ma anche di tipo permissivo e di stimolo a seconda dei casi (Sapolsky et al., 2000; Ciliberti et al., 2017).

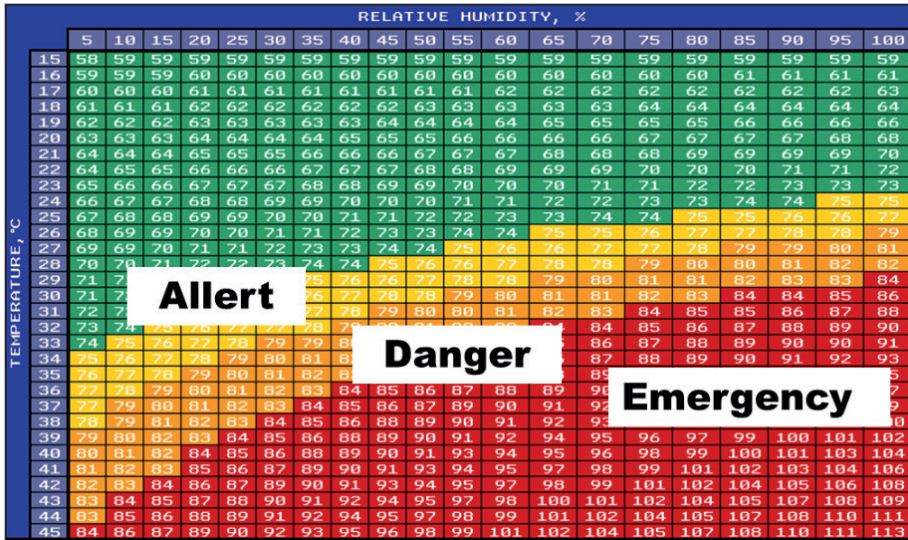


Fig. 1 *Indice bioclimatico THI*

La stima di quanto siano “confortevoli” o “stressanti” le condizioni ambientali è complessa, in quanto esse sono il risultato delle combinazioni di vari fattori quali temperatura, umidità, vento e radiazioni dirette e indirette. A tale scopo sono stati sviluppati numerosi indici bioclimatici. L'indice di temperatura-umidità (THI) è una combinazione di temperatura e umidità relativa (fig. 1), due variabili facilmente misurabili e spesso rese pubbliche dai servizi meteorologici. Esistono diverse equazioni per il calcolo del THI, la maggior parte delle quali si differenzia per il peso dato all'umidità relativa; quindi, diverse equazioni si adatteranno a diverse zone geografiche.

La radiazione solare, sebbene possa contribuire fortemente al carico termico, è di difficile misurazione ed il suo effetto dipende in parte dalle caratteristiche del mantello animale. Pertanto, le equazioni THI che non incorporano variabili quali velocità del vento e radiazione solare oltre a temperatura umidità, hanno limitazioni per i sistemi produttivi basati sui pascoli e *feedlot*.

EFFETTI DELLO STRESS TERMICO SULLA PRODUZIONE E COMPOSIZIONE DEL LATTE

Lo stress da caldo influenza negativamente la produzione di latte (fig. 2).

La produzione diminuisce con l'aumento del THI, in particolar modo nelle vacche più produttive. Il calo produttivo può essere calcolato in funzione del THI medio giornaliero e del livello normale di produzione di latte regi-

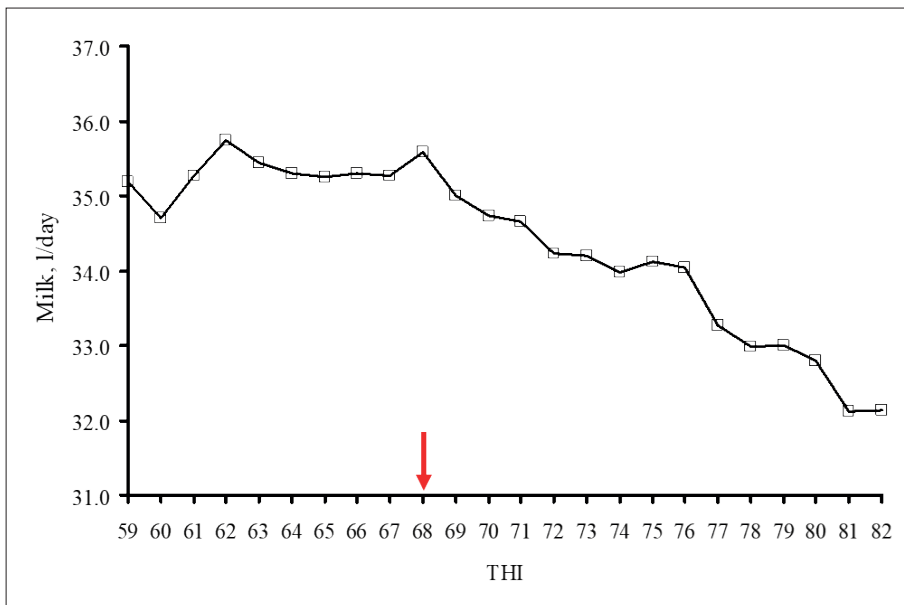


Fig. 2 *Variazioni della produzione di latte in funzione del THI*

strato nell'intervallo di temperatura di 10-18°C (NL) con la seguente relazione (Berry et al., 1964):

$$\text{Calo della produzione di latte (kg/giorno)} = -1,075 - 1,736 * \text{NL} + 0,02474 * \text{NL} * \text{THI}$$

Diversi studi hanno riportato una riduzione dei contenuti in proteine e grasso del latte e un aumento delle cellule somatiche e della carica batterica totale all'aumentare del THI. Bertocchi et al. (2014) hanno osservato punti di rottura rispettivamente di 50,2 THI per il contenuto in grasso, 65,2 THI per quello in proteine, 57,3 THI per le cellule somatiche e 72,8 THI per la carica batterica totale ((fig. 3).

Il latte prodotto in estate presenta un contenuto inferiore di α_s -caseina ($\alpha_{s1} + \alpha_{s2}$) e superiore di κ -caseina rispetto alle altre stagioni (Bernabucci et al., 2015). Tali variazioni influenzano l'attitudine alla caseificazione del latte: il latte prodotto nel periodo estivo presenta valori più alti del tempo di coagulazione (r) e di rassodamento della cagliata (k_{20}), e un peggioramento (riduzione) della compattezza della cagliata (a_{30}) (Bernabucci et al., 2014). Tali modifiche possono spiegare il calo di resa del formaggio Grana Padano durante l'estate in particolare nella Pianura Padana (fig. 4).

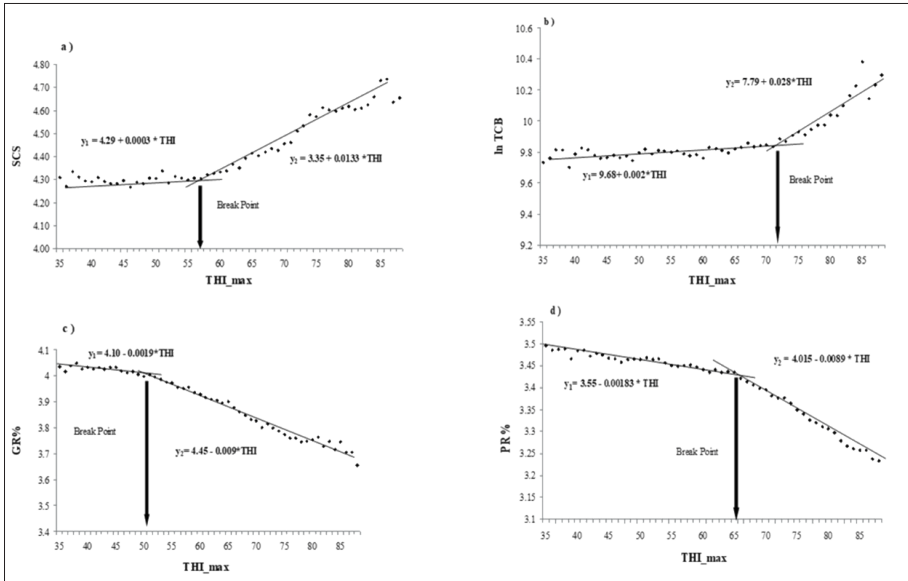


Fig. 3 *Variazione di alcune componenti del latte latte vaccino in relazione all'indice massimo di THI registrato due giorni prima del giorno di campionamento: (a) le cellule somatiche (SCS); (b) la carica batterica totale (LnTBC); (c) la percentuale di grasso (GR%); (d) la percentuale di proteine (PR%)*

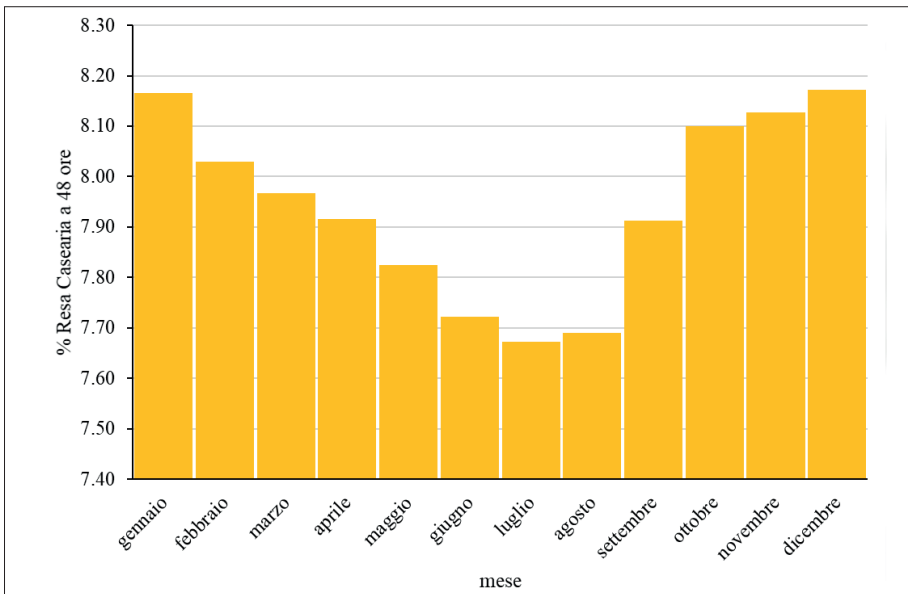


Fig. 4 *Relazione fra mese di produzione e resa in Grana Padano (%)*

GENETICA DELLO STRESS DA CALDO NEI BOVINI

Uno dei principali problemi del miglioramento genetico della resistenza allo stress da caldo è rappresentato dalla definizione di fenotipi misurabili in grado di rappresentare adeguatamente questo carattere. Alcune variabili fisiologiche sono direttamente legate alle reazioni dell'organismo alle temperature esterne. Un esempio è dato dalla temperatura rettale, che presenta una ereditabilità moderata (0.17) (Dikmen et al., 2012). Di particolare interesse sono le sue correlazioni genetiche con i caratteri di interesse zootecnico (tab. 1): seppure di modesta entità, esse sono favorevoli (negative) con le cellule somatiche e con la fertilità mentre sono sfavorevoli (positive) con i caratteri produttivi. Quindi una selezione mirata alla riduzione della temperatura rettale, e quindi al miglioramento della termotolleranza, avrebbe come risultato anche la riduzione del livello produttivo degli animali.

CARATTERE	CORRELAZIONE GENETICA (\pm SE)
Produzione latte 305 giorni	0.090 \pm 0.006
Produzione grasso 305 giorni	0.096 \pm 0.006
Produzione proteina 305 giorni	0.102 \pm 0.006
Somatic Cell Score	-0.010 \pm 0.007
Fertilità figlie	-0.013 \pm 0.007

Tab. 1 *Correlazione genetica fra temperatura rettale e caratteri produttivi e riproduttivi nei bovini da latte (da Dikmen et al., 2012)*

Come altre variabili fisiologiche quali il ritmo respiratorio o il tasso di sudorazione, la temperatura rettale si presenta di difficile misurazione con le metodiche standard, fatto che ne limita fortemente l'utilizzo su larga scala in programmi di selezione. Una possibile soluzione a queste limitazioni potrebbe essere offerta dalla zootecnia di precisione. La possibilità di utilizzare la sensoristica applicata direttamente sull'animale o sul latte prodotto individualmente per misurare variabili produttive e metaboliche permette di rilevare fenotipi a costi contenuti, su grandi numeri con frequenza molto elevata. A titolo di esempio, il monitoraggio digitale attraverso sensori può permettere il rilevamento dell'ingestione, della ruminazione, del peso delle bovine, del *body condition score*, della temperatura corporea della frequenza respiratoria, che potrebbero essere convenientemente utilizzati come fenotipi ai fini della selezione a favore della termoresistenza.

L'approccio più comunemente utilizzato per studiare gli aspetti genetici della termoresistenza si basa sulla valutazione della risposta produttiva degli animali al variare della temperatura dell'aria o dell'indice bioclimatico THI. In questo modo la termoresistenza, che avrà un valore differente a seconda del carattere produttivo considerato, è valutata utilizzando dati comunemente raccolti nei programmi di selezione. Secondo il concetto del modello *broken-line*, si assume che oltre un valore soglia di THI, che costituisce il limite superiore della zona di termo-neutralità, l'animale cominci a risentire degli effetti dello stress termico. Dal punto di vista statistico, l'approccio è quello del *norm reaction model*, che assume una relazione lineare fra il carattere di interesse e la variabile ambientale (THI). In particolare, l'effetto individuale viene modellizzato con un'intercetta, che rappresenta il livello produttivo, ed una pendenza che rappresenta la risposta allo stress termico.

Bernabucci et al. (2014) hanno stimato i parametri genetici della esistenza allo stress da caldo in bovini di razza Frisona italiana utilizzando alcuni caratteri produttivi come variabile di risposta e includendo il THI tra le variabili esplicative del modello.

CARATTERE	EREDITABILITÀ	CORRELAZIONI GENETICHE
Produzione latte kg	0.14	-0.40
Produzione grasso kg	0.09	-0.46
Produzione proteina kg	0.12	-0.50
Contenuto in proteine %	0.28	-0.42

Tab. 2 *Ereditabilità della resistenza al caldo e sue correlazioni genetiche con caratteri produttivi in bovine di razza Frisona italiana (da Bernabucci et al., 2014)*

I valori riportati in tabella 2 confermano la ereditabilità moderata-bassa della resistenza al caldo e, analogamente a quanto visto per la temperatura rettale, la relazione sfavorevole con il livello produttivo. Questo aspetto deve essere tenuto in particolare considerazione in un programma di selezione e la termotolleranza dovrebbe essere inserita in un indice di selezione aggregato che tenga conto della sua correlazione con i caratteri produttivi.

In effetti gli animali mostrano reazioni diverse al variare delle condizioni climatiche. La figura 5a riporta le medie corrette della produzione di latte delle figlie di tre tori di razza Frisona italiana per diversi valori di THI (Macciotta et al., 2017). Si può notare come le figlie del toro 1 tendano a ridurre la produzione all'aumentare del THI, quelle del toro 2 mantengano un livello

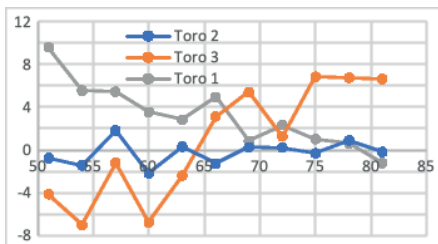


Fig. 5a *Medie corrette della produzione di latte delle figlie di tre tori di razza Frisone italiana per diversi valori di THI*

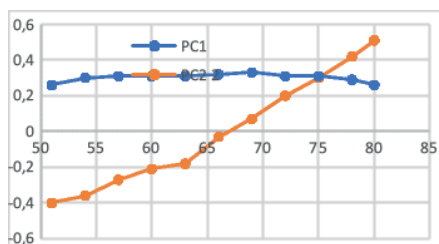


Fig. 5b *Autovettori delle componenti principali che esprimono il livello produttivo (PC1) e la pendenza (PC2) attraverso diversi livelli di THI*

produttivo costante e quelle del toro 3 addirittura tendano ad aumentarlo. Occorrerebbe quindi un fenotipo in grado di descrivere questi pattern ma che fosse non correlato con il livello produttivo.

Una possibile risposta a questo problema è stata suggerita con l'utilizzo della tecnica dell'analisi multivariata delle componenti principali (Macciotta et al., 2017) che consente di derivare dai dati riportati in figura 5a. due nuove variabili (PC1 e PC2) che esprimono rispettivamente il livello produttivo (PC1) e la pendenza del pattern (PC2) attraverso diversi livelli di THI (fig. 5b). La tabella 3 riporta le ereditabilità delle due nuove variabili e la loro correlazione genetica.

	h^2 PC1	h^2 PC2	$rg_{PC1,PC2}$
Produzione latte	0,39	0,07	0,01
Produzione grasso	0,44	0,07	0,01
Produzione proteina 305 giorni	0,41	0,05	0,00
Somatic Cell Score	0,37	0,06	0,04

Tab. 3 *Parametri genetici delle due componenti principali (da Macciotta et al., 2017)*

Il valore dell'ereditabilità della seconda componente è abbastanza in linea con quelli per altre misure di termotolleranza. Si nota, inoltre, come la correlazione genetica tra le due componenti sia praticamente pari a zero, confermando il fatto che si può selezionare a favore della PC2 (termotolleranza) senza modificare la PC1 (livello produttivo).

La capacità di adattamento alle condizioni climatiche è un carattere complesso, alla cui regolazione concorrono numerosi geni, una forte interazione genotipo ambiente e, non da ultimo, meccanismi di natura

epigenetica. Un recente studio condotto su bovine Frisone israeliane ha dimostrato che le prestazioni produttive e riproduttive delle bovine risultano influenzate dalla stagione di gravidanza della bisnonna (Weller et al., 2021). In particolare, l'effetto negativo è stato rilevato nel caso di gravidanze svolte nel periodo estivo, mentre quello positivo per le stagioni invernale e primaverile. Durante la gravidanza estiva delle bisnonne (F_0), lo stress da caldo ha determinato un effetto epigenetico sulla formazione dei gameti delle nonne (F_1) che è stato poi trasmesso alle mamme (F_2) e alle nipoti (F_3).

Una delle forme di allevamento che maggiormente risente degli effetti del CC è probabilmente quello delle api. Inverni troppo miti, primavere anticipate con aprile piovoso, maggio freddo e secco, ed estati torride causano una diapausa (sospensione invernale della deposizione) troppo breve, delle fioriture troppo precoci, quando le colonie non sono ancora sviluppate, e spesso con poco nettare per il clima secco o disturbate dalla pioggia. La selezione può intervenire per aiutare le api a fronteggiare questi problemi attraverso la modifica di alcuni parametri della loro biologia. Ad esempio, un aumento della longevità delle api permetterebbe uno stesso volume di bottinatrici con covate più ridotte, quindi con una riduzione delle esigenze alimentari. Api più longeve svernano inoltre più facilmente e una diapausa più lunga aiuta nella lotta alla Varroa.

GENOMICA E CAMBIAMENTI CLIMATICI

Nell'arco di poco più di un decennio, l'adozione dei programmi di selezione genomica ha comportato dei profondi cambiamenti nella struttura del miglioramento genetico di diverse specie di interesse zootecnico. Nei bovini da latte si è registrata una notevole accelerazione del progresso genetico a causa della forte riduzione dell'intervallo di generazione, dovuta alla possibilità di valutare con una buona attendibilità anche gli animali giovani che non hanno ancora progenie in produzione.

Alcune delle caratteristiche della selezione genomica, come la possibilità di selezionare caratteri difficili da misurare nella popolazione e la sua efficienza per caratteri a bassa ereditabilità, la rendono di grande interesse ai fini del miglioramento genetico della termotolleranza. I primi risultati sono incoraggianti, con accuratezze dei valori genetici genomici (GEBV) di media grandezza (tab. 4).

RAZZA	CARATTERE	ACCURATEZZA
Holstein	Produzione latte kg	0.43
	Produzione grasso kg	0.46
	Produzione proteina kg	0.51
Jersey	Produzione latte kg	0.49
	Produzione grasso kg	0.55
	Produzione proteina kg	0.52

Tab. 4 Accuratezza dei GEBV per la resistenza al caldo calcolati per diversi caratteri produttivi su due razze bovine allevate in Australia (Nguyen et al., 2016)

Un contributo importante della genomica riguarda la comprensione dell'architettura genetica dei caratteri di adattabilità alle condizioni climatiche. Di particolare interesse a questo riguardo sono le razze locali, che rappresentano interessanti modelli biologici per caratterizzare la base genetica dell'evoluzione a breve termine determinatasi in risposta alla pressione indotta dal clima durante la loro storia di post-domesticazione. Gli studi di *Genome Wide Association* hanno consentito di identificare i geni che regolano le caratteristiche fenotipiche delle popolazioni locali. Ad esempio, i risultati del progetto GALIMED che ha valutato la struttura genetica di 21 razze bovine autoctone dell'area mediterranea, ha individuato oltre 50 geni associati a variabili di tipo climatico in grado di discriminare i diversi sottotipi di clima mediterraneo (Flori et al., 2018). Le funzioni biologiche di tali geni rientravano in vie metaboliche coinvolte nell'adattamento al clima mediterraneo: la termo-tolleranza, la protezione all'esposizione ai raggi UV, la resistenza agli agenti patogeni.

CONCLUSIONI

La tolleranza alle condizioni climatiche avverse ha una base genetica e può essere oggetto di selezione. Alcune variabili legate alla fisiologia dell'animale potrebbero essere utilizzate come fenotipi in programmi di selezione per la termotolleranza, anche se una loro misurazione a livello di popolazione appare allo stato attuale piuttosto problematica. Soluzioni in questo senso potranno essere offerte dagli sviluppi e dalla diffusione delle tecnologie della zootecnia di precisione. L'approccio attualmente proponibile è quello basato sulla valutazione della termo-tolleranza mediante l'uso combinato dei dati relativi alle performances produttive e riproduttive degli animali e le variabili climatiche. Un grosso problema della selezione a favore della termotolleranza è rappresentato dalle correlazioni genetiche sfavorevoli con i caratteri produttivi. Ciò

richiede una particolare attenzione nei confronti dei modelli genetici utilizzati e l'inserimento della termotolleranza in un indice di selezione aggregato che tenga conto delle correlazioni con i caratteri produttivi. La genomica potrà sicuramente contribuire in termini di velocizzazione del progresso genetico e di comprensione delle basi genetiche dei caratteri di adattabilità alle condizioni climatiche. L'analisi delle sequenze del genoma delle razze locali potrà fornire ulteriori informazioni su varianti causative che influenzano tali caratteri. Va infine ricordato il ruolo che possono assumere gli studi di epigenetica per la comprensione dei complessi meccanismi che sono alla base dell'adattabilità alle condizioni ambientali e che potrebbero fornire utili indicazioni anche per la gestione degli animali.

RIASSUNTO

Il cambiamento climatico (CC) rappresenta uno dei problemi di maggiore rilevanza mondiale. L'aumento delle temperature medie, la diminuzione delle precipitazioni, l'aumento degli eventi meteorologici estremi influenzeranno in maniera crescente le produzioni agricole, incluse quelle zootecniche, in molte aree del mondo. La selezione a favore della tolleranza alle condizioni meteorologiche avverse è uno degli strumenti di mitigazione degli effetti dei CC sulle produzioni zootecniche.

Un elemento essenziale è la scelta dei fenotipi. Le variabili fisiologiche sono di difficile misurazione su larga scala, ma la zootecnia di precisione può fornire un grosso aiuto in tal senso, mentre l'uso dei dati produttivi abbinati a variabili ambientali risulta di più facile applicazione anche se i risultati sono fortemente condizionati dai modelli matematico-statistici utilizzati. Data la complessità delle relazioni con altri fenotipi è opportuno che la resistenza alle condizioni climatiche avverse sia inserita in un indice di selezione aggregato con altri caratteri di interesse zootecnico.

La genomica potrà fornire un apporto fondamentale per la comprensione del determinismo genetico della capacità di adattamento ai cambiamenti climatici. In quest'ottica rivestono una grande importanza le razze locali, la cui evoluzione genetica è stata guidata in massima parte dall'adattamento alle condizioni ambientali. L'utilizzo della selezione genomica potrà consentire una velocizzazione del progresso genetico nella selezione a favore della tolleranza delle condizioni climatiche avverse.

ABSTRACT

Climate change (CC) is one of the world's major concerns. The rise of average temperatures, decrease of rainfalls, and increase of extreme weather events will affect agriculture, including livestock productions, in many areas of the world. Selection for tolerance to adverse weather conditions is one of the tools to mitigate the effects of CC on livestock production.

An essential element is the choice of phenotypes. Physiological variables are difficult to measure on a large scale, but precision livestock farming can be of great help in this respect. The use of performance data combined with environmental variables is easier to apply, even if the results are strongly influenced by the mathematical-statistical models used. Given the complexity of the relationships with other phenotypes, resistance to adverse climatic conditions should be included in a selection index aggregated with other productive and functional traits.

Genomics will provide a fundamental contribution to the understanding of the genetic determinism of the ability to adapt to climate change. In this context, local breeds are of great importance, as their genetic evolution has been largely driven by adaptation to environmental conditions. The use of genomic selection could speed up genetic progress in selection for tolerance to adverse climatic conditions.

BIBLIOGRAFIA

- BERNABUCCI U., RONCHI B., LACETERA N., NARDONE A. (2002): *Markers of oxidative status in plasma and erythrocytes of transition dairy cows during hot season*, «Journal of Dairy Science», 85, pp. 2173-2179.
- BERNABUCCI U., BASIRICÒ L., MORERA P., DIPASQUALE D., VITALI A., PICCIOLI CAPPELLI F., CALAMARI, L. (2015): *Effects of summer season on milk protein fractions in Holstein cows*, «Journal of Dairy Science», 98, pp. 1815-1827.
- BERNABUCCI U., BIFFANI S., BUGGIOTTI L., VITALI A., LACETERA N., NARDONE A. (2014): *The effect of heat stress in Italian Holstein dairy cattle*, «Journal of Dairy Science», 97, pp. 471-486.
- BERRY I.L., SHANKLIN M.D., JOHNSON H.D. (1964): *Dairy shelter design based on milk production decline as affected by temperature and humidity*, «Trans. Am. Soc. Agr. Eng.», 7, pp. 329-331.
- BERTOCCHI L., VITALI A., LACETERA N., VARISCO G., NARDONE A., BERNABUCCI U. (2014): *Seasonal variation in the composition of Holstein cow's milk and temperature-humidity index relationships*, «Animal», 8, pp. 667-674.
- CAROPRESE M., CILIBERTI M.G., DE PALO P., SANTILLO A., SEVI A., ALBENZIO M. (2018): *Glucocorticoid effects on sheep peripheral blood mononuclear cell proliferation and cytokine production under in vitro hyperthermia*, «Journal of Dairy Science», 101, pp. 8544-8551.
- CILIBERTI M.G., ALBENZIO M., INGHESE C., SANTILLO A., MARINO R., SEVI A., CAROPRESE M. (2017): *Peripheral blood mononuclear cell proliferation and cytokine production in sheep as affected by cortisol level and duration of stress*, «Journal of Dairy Science», 100, pp. 750-756.
- COLLIER R.J., RENQUIST B.J., XIAO Y. (2017): *A 100-Year Review: Stress physiology including heat stress*, «Journal of Dairy Science», 100, pp. 10367-10380.
- DIKMEN S., COLE J.B., NULL D.J., HANSEN P.J. (2012): *Heritability of rectal temperature and genetic correlations with production and reproduction traits in dairy cattle*, «Journal of Dairy Science», 95, pp. 3401-3405.
- ELENKOV I.J., CHROUSOS G.P. (1999): *Stress hormones, Th1/Th2 patterns, pro/anti-inflammatory cytokines and susceptibility to disease*, «Trends Endocrinol. Metab.», 10, pp. 359-368.

- FLANAGAN S.W., MOSELEY P.L., BUETTNER G.R. (1998): *Increased flux of free radicals in cells subjected to hyperthermia detection by electron paramagnetic resonance spin trapping*, «FEBS Lett.», 431, pp. 285-286.
- FLORI L., MOAZAMI-GOUDARZI K., ALARY V. ET AL. (2019): *A genomic map of climate adaptation in Mediterranean cattle breeds*, «Molecular Ecology», 28, pp. 1009-1029.
- LECCHI C., ROTA N., VITALI A., CECILIANI F., LACETERA N. (2016): *In vitro assessment of the effects of temperature on phagocytosis, reactive oxygen species production and apoptosis in bovine polymorphonuclear cells*, «Veterinary immunology and immunopathology», 182, pp. 89-94.
- MACCIOTTA N.P.P., BIFFANI S., BERNABUCCI U., LACETERA N., VITALI A., AJMONE-MAR-SAN P., NARDONE A. (2017): *Derivation and genome-wide association study of a principal component-based measure of heat tolerance in dairy cattle*, «Journal of Dairy Science», 100, pp. 4683-4697.
- MURZENOK P.P., NETUKOVA N.I., ZHYTKEVITCH T.I. (1997): *Ultrastructure and functional state of rabbit lymphoid cells after repeated exposure to lipopolysaccharide and external heating*, «Arch. Immunol. Ther. Exp.», 45, pp. 301-305.
- WELLER J.I., EZRA E., GERSHONI M. (2021): *Broad phenotypic impact of the effects of trans-generational heat stress in dairy cattle: a study of four consecutive generations*, «Genetics Selection Evolution», 53, p. 69.
- NARDONE A., RONCHI B., BERNABUCCI U. (2010): *Effects of climate change on animal production and sustainability of livestock systems*, «Livestock Science», 130, pp. 57-69.
- NGUYEN T.T.T., BOWMAN P.J., HAILE-MARIAM M., PRYCE J.E., HAYES B.J. (2016): *Genomic selection for tolerance to heat stress in Australian dairy cattle*, «Journal of Dairy Science», 99, pp. 2849-2862.
- NIGGOL SEO S., MCCARL B.A., MENDELSON R. (2010): *From beef cattle to sheep under global Warming? An analysis of adaptation by livestock species choice in South America*, «Ecological Economics», 69, pp. 2486-2494.
- SAPOLSKY R.M., ROMERO M., MUNCK A.U. (2000): *How do glucocorticoids influence stress responses? Integrating permissive, suppressive, stimulatory, and preparative actions*, «Endocr. Rev.», 21, pp. 55-89.
- SZYLLER J., BIL-LULA I. (2021): *Heat shock proteins and oxidative stress and ischemia/re-perfusion injury and benefits from physical exercises: a review to the current knowledge*, «Oxidative medicine and cellular longevity», Article ID 6678457, pp. 12.
- WEBSTER J.I., TONELLI L., STERNBERG E.M. (2002): *Neuroendocrine regulation of immunity*, «Annu. Rev. Immunol.», 20, pp. 125-163.

LUCA FONTANESI¹, BRUNO STEFANON², ALESSANDRO BAGNATO³,
EMILIANO LASAGNA⁴, GIUSEPPE PULINA⁵

Il contributo del miglioramento genetico alla sostenibilità delle produzioni zootecniche

¹ Dipartimento di Scienze e Tecnologie Agro-alimentari, Alma Mater Studiorum Università di Bologna

² Dipartimento di Scienze Agroalimentari, Ambientali e Animali, Università degli Studi di Udine

³ Dipartimento di Medicina Veterinaria, Università degli Studi di Milano

⁴ Dipartimento di Scienze Agrarie, Alimentari ed Ambientali, Università degli Studi di Perugia

⁵ Dipartimento di Agraria, Università degli Studi di Sassari

INTRODUZIONE

Secondo la concezione oggi maggiormente condivisa, gli aspetti i) economici, ii) ambientali e iii) sociali rappresentano i tre pilastri della sostenibilità, ciascuno dei quali interdependente dall'altro. Questi tre ambiti si applicano a vari contesti, incluso il sistema delle produzioni animali.

Il miglioramento genetico, partendo dai classici schemi sviluppati da Lush e altri pionieri in questo campo verso la metà del secolo scorso, ha rivoluzionato il settore delle produzioni animali raggiungendo importanti traguardi (Weigel et al., 2017). Ad esempio, la produzione di latte per lattazione di una bovina è più che raddoppiata nell'arco degli ultimi 50-60 anni. Il processo di miglioramento genetico inoltre è il primo anello della catena di produzione degli alimenti e ne influenza in modo importante tutto il processo di filiera. Si può infatti anche sottolineare che la maggior parte delle caratteristiche possedute dagli alimenti di origine animale sono una diretta conseguenza delle caratteristiche biologiche dell'animale. Questi elementi ne determinano la loro composizione organolettica e diverse proprietà intrinseche.

Nella scelta degli animali da utilizzare come riproduttori per ottenere la generazione successiva, il processo di miglioramento genetico permette di identificare e scegliere animali che possiedono le migliori combinazioni per le caratteristiche desiderate. Orienta quindi le caratteristiche biologiche e funzionali che gli animali devono possedere per garantire la sostenibilità delle produzioni. In questo contesto, l'efficienza di trasformazione delle risorse da parte degli animali è uno degli elementi più importanti che definiscono l'im-

patto delle loro produzioni sui tre pilastri della sostenibilità. In modo particolare essa ha un impatto diretto sull'impronta ecologica dell'allevamento zootecnico. Infatti, per produrre latte, carne, uova e altri prodotti, l'efficienza di trasformazione degli alimenti e di utilizzo delle risorse in generale è direttamente legata all'impatto ambientale per unità di prodotto realizzato. A questo concetto che definisce uno degli obiettivi della selezione dei riproduttori, si associano altri aspetti legati alla quantità e qualità delle produzioni. Quest'ultimo elemento è particolarmente rilevante nel contesto italiano in cui molti prodotti di origine animale sono trasformati in prodotti DOP. Infine, oggetto di miglioramento genetico sono le caratteristiche legate agli aspetti funzionali degli animali e al loro benessere in allevamento.

Il progresso che si ottiene nelle popolazioni attraverso il processo di miglioramento genetico è permanente, cumulativo nelle generazioni e diffuso nella popolazione. Il miglioramento genetico può quindi essere considerato il "motore green" delle produzioni animali, in quanto, di per sé, non consuma risorse ma ottimizza il processo di produzione, che avverrebbe comunque, rendendole più efficaci in rapporto ai tre aspetti della sostenibilità. La selezione degli animali è inoltre uno strumento per la salvaguardia della biodiversità delle razze in produzione zootecnica. L'Italia è particolarmente ricca di razze autoctone nelle diverse specie zootecniche, ciascuna delle quali caratterizzata da specifiche combinazioni e frequenze geniche, uniche e irripetibili e capaci di produzioni peculiari in ambienti e sistemi produttivi in cui le varie razze si sono costituite.

La genomica ha permesso di ottimizzare tutto il processo di gestione e miglioramento genetico degli animali in produzione zootecnica e di aprire nuove possibilità selettive. La maggiore efficienza che deriva dalla selezione genomica permette infatti di considerare obiettivi di selezione più difficili da raggiungere come l'efficienza di trasformazione degli alimenti, la resilienza degli animali a insulti ambientali, il benessere animale, la diminuzione dell'impatto ambientale delle produzioni.

GENOMICA E MIGLIORAMENTO GENETICO: INNOVAZIONI PER LA SOSTENIBILITÀ

La genomica si occupa dello studio dei genomi di tutti gli organismi viventi, sia per decifrarne la struttura che per definirne la funzione. L'esplosione della genomica si è avuta con l'avvento delle nuove tecnologie di sequenziamento del DNA, le così dette tecnologie di *next generation sequencing* (NGS). La genomica ha rivoluzionato le basi su cui si fonda il processo di miglioramento genetico animale e la gestione della variabilità genetica, ossia la biodiversità, delle diverse razze allevate.

Sequenziare il genoma di una specie significa costruire un genoma di riferimento attraverso un processo di assemblaggio delle sequenze (in genere piccole) ottenute con le tecnologie di sequenziamento a disposizione. Il genoma di riferimento può essere definito come una bozza che dovrà poi essere rifinita e migliorata. Anche per le diverse specie di animali di interesse zootecnico sono state ottenute più versioni del genoma di riferimento, ciascuna delle quali migliora la precedente versione. In tabella 1 sono riportate le caratteristiche dell'ultima versione attualmente disponibile del genoma di riferimento nelle principali specie di interesse zootecnico. Queste risorse sono pubbliche e disponibili sia sul portale NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) che su quello di EBI (<https://www.ensembl.org/index.html>). Disporre di un genoma di riferimento accurato è fondamentale perché tutte le interpretazioni e applicazioni che ne derivano sono funzione della sua accuratezza.

SPECIE	NOME DELLA VERSIONE	DATA DI RILASCIO	NUMERO DI CONTIGS	CONTIG N50 (MB)	TOTALE (GB)	NUMERO DI GENI
Suino (<i>Sus scrofa</i>)	Sscrofa1.1.1	Febbraio 2017	1.118	48,2	2,5	21.303
Capra (<i>Capra hircus</i>)	ARS1	Agosto 2016	30.399	26,2	2,9	21.361
Bovino (<i>Bos taurus</i>)	ARS-UCD1.2	Aprile 2018	2.597	25,9	2,7	21.800
Pollo (<i>Gallus gallus</i>)	GRCg6a	Marzo 2018	1.402	17,6	1,1	16.878
Pecora (<i>Ovis aries</i>)	Oar_rambouillet_V1.0	Novembre 2017	7.485	2,6	2,9	20.506
Coniglio (<i>Oryctolagus cuniculus</i>)	OryCun2.0	Novembre 2009	84.024	0,065	2,7	20.612
Cavallo (<i>Equus caballus</i>)	EquCab3.0	Dicembre 2018	10.987	1,5	2,5	20.955

Tab. 1 Le caratteristiche dell'ultima versione del genoma di riferimento di alcune specie

La genomica fa uso degli strumenti di *high throughput genotyping* che permettono di ottenere il genotipo di un animale in decine di migliaia di posizioni polimorfiche distribuite sul genoma, e a costi oggi molto contenuti (circa 20-25 Euro per 50/100 mila marcatori). La conoscenza del genotipo su un numero così grande di polimorfismi sparsi sul genoma permette di analizzare le differenze nel DNA di soggetti diversi entro la stessa specie e di associarle a differenze fenotipiche. Questi strumenti di genotipizzazione genomica, i chip SNP, sono stati sviluppati sulla base delle informazioni derivate dal sequenzia-

mento del genoma delle diverse specie di interesse zootecnico. Ad oggi sono stati sviluppati diversi pannelli commerciali di SNP in diverse specie. Come esempio, la tabella 2 riporta alcuni di questi pannelli disegnati per l'analisi del genoma suino e bovino. Considerando il costo relativamente basso di questi strumenti utilizzabili per la genotipizzazione, è stato possibile sviluppare varie applicazioni per ottenere informazioni utili non solo dal punto di vista scientifico ma anche dal punto di vista pratico.

NOME DEL PANNELLO	NUMERO DI SNPS	FORNITORE	TECNOLOGIA
PorcineSNP60 BeadChip v2 array	61.565	Illumina	Illumina Infinium chemistry
GeneSeek Genomic Profiler for Porcine LD (GGP-Porcine LD)	10.241	GeneSeek/Neogen ¹	Illumina Infinium chemistry
GeneSeek Genomic Profiler for Porcine HD (GGP-Porcine HD)	68.528	GeneSeek/Neogen ¹	Illumina Infinium chemistry
Axiom® Genome-Wide Pig genotyping Array (High Density panel)	~650.000	Affymetrix	Axiom assay
GeneSeek Genomic Profiler Bovine 100K	~100.000	Illumina/Neogen	Illumina Infinium chemistry
Weatherbys Scientific Bovine VersaSNP 50K	49,629	Illumina/Weatherbys Scientific	Illumina Infinium chemistry
BovineHD Genotyping BeadChip	~777.000	Illumina	Illumina Infinium chemistry

Tab. 2 Alcuni pannelli commerciali di SNP utilizzabili per la genotipizzazione dei suini e dei bovini

Varie metodologie di elaborazione dei dati che utilizzano la variabilità a livello del DNA (sia dati di sequenziamento che dati di genotyping) permettono di estrarre specifiche informazioni su particolari regioni genomiche. Ad esempio, il confronto, su tutto il genoma, fra il livello di variabilità presente in una popolazione rispetto a un'altra popolazione permette di identificare regioni sottoposte a selezione divergente (Strillacci et al., 2018, 2020; Bovo et al., 2020). L'approccio F_{ST} -outlier e l'identificazione delle regioni in omozigosi mediante l'analisi dei così detti *Run Of Homozygosity* (ROH) sono le metodologie utilizzate più frequentemente in questo contesto per confrontare il genoma di diverse razze e identificare le regioni che contengono varianti che permettono di distinguerle. Queste regioni descrivono le caratteristiche

genetiche, spesso uniche, che legano le razze ai sistemi produttivi in cui hanno avuto origine e che ne definiscono gli aspetti di sostenibilità.

Per riuscire però ad associare una particolare funzione a una specifica regione genomica e quindi poi a un gene e alla variabilità in quel gene è necessario avere a disposizione fenotipi misurati sugli animali. Per rispondere alle sfide del cambiamento climatico è necessario registrare nuovi fenotipi legati a due aspetti principali: a) la capacità di adattamento degli animali alle nuove condizioni climatiche; b) la mitigazione mediante la riduzione delle emissioni di gas clima-alteranti (Fontanesi, 2016). Gli approcci di *genome wide association*, che uniscono questi due elementi, cioè fenotipi e genotipi, hanno permesso di descrivere dal punto di vista genetico molte caratteristiche che definiscono la sostenibilità delle produzioni animali. L'elenco delle mutazioni identificate in molte specie e che determinano maggiore resistenza alle malattie, adattamento all'ambiente produttivo, qualità dei prodotti ed efficienza produttiva è già particolarmente lungo e, altri studi in futuro, aggiungeranno sicuramente altri elementi a questa lista. Alcuni esempi sono riportati in tabella 3.

SPECIE	GENE/MARCATORE	MALATTIA	AGENTE INFETTIVO/
Suino	<i>MUC4</i>	Diarrea neonatale	<i>Escherichia coli</i> enterotossigeno (ETEC) con fimbria F4 (K88)
Suino	<i>GBP5/WUR10000125</i>	PRRS	Porcine reproductive respiratory syndrome virus (PRRSV)
Pecora	PrP	Scrapie	Prione
Capra	PrP	Scrapie	Prione

Tab. 3 Alcuni esempi dell'utilizzo delle informazioni genomiche per il miglioramento della resistenza a malattie negli animali di interesse zootecnico o a patologie ereditarie

Alcuni geni maggiori sono oggi utilizzati in piani di selezione assistita da marcatori, in particolare dove altri approcci sono meno efficaci o non praticabili. L'inserimento di queste informazioni in piani di selezione genomica, inoltre, può permettere di raggiungere prima gli obiettivi della selezione per molti aspetti legati alla sostenibilità.

La selezione genomica rappresenta la nuova frontiera del miglioramento genetico ormai da una decina d'anni. Teorizzata molto prima dell'avvento delle tecnologie avanzate di sequenze e dei chip SNP (Meuwissen et al., 2001), si basa sul principio di poter analizzare con un chip SNP cosa è stato trasmesso a livello genetico dai genitori a un nuovo nato, assegnandogli inoltre un valore genetico per i diversi caratteri sotto selezione in base a questa informazione. Analizzando il genoma di un vitello maschio di una razza da latte, ad esempio,

è possibile prevedere il suo valore genetico a un mese di età potendo quindi identificare immediatamente quali animali destinare alla riproduzione. Si evita quindi il lungo processo di valutazione genetica legato al progeny-test che richiedeva più di 5 anni di tempo e un grosso investimento economico. Il vantaggio è evidente in quanto si riescono a ottenere valutazioni attendibili dei torelli ancora prima che possano essere utilizzabili come riproduttori. I vantaggi che la selezione genomica apporta sono evidenti per la maggior parte dei caratteri, inclusi quelli a bassa ereditabilità, di difficile misurazione o non rilevabili su molti animali quali la resistenza alle malattie, l'efficienza riproduttiva, il comportamento e molti altri (Samorè e Fontanesi, 2016; Weigel et al., 2018). La selezione genomica rappresenta quindi un importante strumento che abbiamo a disposizione per la selezione indirizzata all'aumento della sostenibilità delle produzioni animali. Ad oggi, ad esempio, la selezione per l'efficienza di trasformazione alimentare è diventata una realtà anche nei bovini da latte dove è difficoltoso e costoso misurare il fenotipo e associarlo alla variabilità genetica (De Haas et al., 2015).

L'applicazione della genomica permette anche di migliorare la gestione e conservazione delle popolazioni zootecniche. La consanguineità è un indicatore molto importante della variabilità genetica della popolazione. Un aumento eccessivo della consanguineità può avere effetti indesiderati sia perché fa emergere patologie ereditarie recessive sia perché può avere un impatto negativo sull'efficienza delle produzioni (depressione da consanguineità). I piani di miglioramento genetico, selezionando preferenzialmente i riproduttori entro famiglia, generano inevitabilmente un incremento di consanguineità, che è necessario gestire sia a livello aziendale sia sull'intera popolazione. Le analisi genomiche permettono di calcolare indicatori di consanguineità molto più accurati e utili rispetto a quelli stimati con i soli dati genealogici. Lo strumento genomico fotografa, infatti, la reale consanguineità presente nella popolazione ed è in grado di distinguere se i tratti genomici in omozigosi (ROH) sono di recente formazione (ultime 3/5 generazioni) o derivano da regioni sotto selezione da molte generazioni nella popolazione (Schiavo et al., 2021).

Un altro aspetto della sostenibilità delle produzioni animali riguarda la possibilità di difenderle da eventuali frodi commerciali (Fontanesi, 2009). L'analisi del genoma degli animali di alcune razze ha permesso di identificare polimorfismi del DNA utilizzabili per l'autenticazione e per la tracciabilità delle produzioni monorazza che rappresentano un importante volano per la sostenibilità economica di filiere produttive basate su razze autoctone, in genere meno produttive rispetto a razze cosmopolite.

SCENARI FUTURI E OBIETTIVI DELLA SELEZIONE

I nuovi obiettivi di selezione che emergono nel contesto della sostenibilità delle produzioni sono principalmente rivolti ad aumentare l'efficienza produttiva e la resilienza degli animali in produzione zootecnica. Le misure fenotipiche oggi considerate per la selezione verso questi obiettivi sono principalmente l'efficienza di trasformazione alimentare e l'incidenza di patologie in allevamento (DeHaas et al., 2015; Freebern et al., 2020).

L'aumento dell'efficienza di produzione per capo allevato è sicuramente il più importante fattore di riduzione dell'impatto ambientale degli allevamenti. Ciò è dovuto a due componenti: i) la maggiore efficienza nella trasformazione dei fattori della produzione, alimenti *in primis*, che ripartisce le emissioni "fisse" (dovute al mantenimento dei capi in produzione, della rimonta e dei maschi in riproduzione) su una maggiore quantità di prodotto riducendone di conseguenza l'*ecological footprint* per unità; ii) a parità di produzione complessiva, la maggiore produzione per capo, che determina la riduzione degli impatti complessivi delle filiere grazie alla sommatoria di minori impatti unitari. Vi è inoltre un'altra componente indiretta rappresentata, sempre a parità di produzione, dalla riduzione dei capi allevati e del conseguente consumo di alimenti che comporta la "liberazione" di aree che possono essere destinate alla rinaturalizzazione e, pertanto, all'erogazione di servizi ecosistemici, fra i quali il sequestro di carbonio, il ciclo dell'acqua e la protezione della biodiversità (Balmoford et al., 2018).

Nel caso della produzione di latte nella specie bovina, il progresso ottenuto in Italia dal 1990 al 2018 ha consentito di ridurre le emissioni complessive di CO₂eq del 31%, quelle di azoto del 25% e di fosforo del 24% (Pulina et al., 2020). In un campione di 282 allevamenti Atzori et al. (2013) hanno stimato una *Carbonfootprint* (CFP) unitaria di oltre 5 kg di CO₂eq per allevamenti con produzioni inferiori ai 2000 litri per capo a circa 1 kg di CO₂eq per aziende con livelli produttivi medi intorno a 11000 litri per capo. Per i suini del tipo pesante italiano, Bava et al. (2017) hanno calcolato una riduzione della CFP e di altri parametri di impatto legato all'aumento del peso vivo macellato per scrofa (parametro legato alla prolificità e alla sopravvivenza peri e neonatale). Per i bovini da carne, Capper (2011) ha stimato una riduzione di tutti i parametri di impatto dell'allevamento USA in 40 anni. Nel caso degli ovini da latte, invece, il livello produttivo sembra influenzare meno la CFP per la nota interferenza con il sistema di allevamento (bassa produttività, al brado; alta produttività, confinato), ma per le emissioni azotate il trend registrato nelle altre specie zootecniche sembra confermato (Sabia et al., 2020).

Date queste importanti premesse ne consegue che un programma di miglioramento genetico che ha come obiettivo di aumentare l'efficienza produt-

tiva coglie due importanti aspetti della sostenibilità: l'aspetto economico che necessariamente deve considerare la redditività degli allevamenti e al contempo anche l'aspetto ambientale con la riduzione delle emissioni gas-alteranti pur aumentando il livello produttivo. Si parla di intensificazione responsabile quando gli aspetti economici si uniscono agli altri due aspetti della sostenibilità. L'aspetto sociale della sostenibilità può comprendere il concetto di One Health, che pone enfasi sulla salute degli animali in un contesto di salute umana e ambientale. Il miglioramento genetico si pone come obiettivo il miglioramento della salute degli animali, per quanto concerne gli aspetti genetici degli animali stessi. Da una parte la salute degli animali consente di ridurre le loro perdite in allevamento e aumentare l'efficienza, dall'altra il controllo delle malattie infettive riduce i rischi per la salute umana e il ricorso a farmaci, responsabili della resistenza agli antimicrobici (AMR). Indubbiamente, la gestione e le tecniche di allevamento contribuiscono in larga misura alla riduzione delle malattie degli animali da reddito. Tuttavia, in questo ambito la componente genetica gioca un ruolo fondamentale. L'interesse per la selezione di caratteri funzionali ha assunto un interesse oramai quasi prevalente rispetto a quelli produttivi e lo studio dell'ereditabilità della resistenza alle malattie e dell'adattamento ai cambiamenti climatici e della resilienza più in generale costituisce un ambito di ricerca molto florido per le specie di interesse zootecnico.

La criticità per la selezione di questi caratteri risiede nella raccolta dei dati fenotipici, non sempre di semplice rilevazione e per i quali, a volte, non sono ancora disponibili protocolli univoci. Lo stress da caldo, ad esempio, comporta un'alterazione della risposta immunitaria e delle funzioni cellulari e le proteine di fase acuta nel sangue sono utilizzate come biomarcatori di questa condizione (Wottlin et al., 2020). Anche i tempi di riposo e altri parametri correlati sono utilizzati come indicatori di stress da caldo nei ruminanti in quanto sono correlati all'indice temperatura umidità (Temperature Humidity Index, THI) (Leliveld e Provolo 2020). Altri indicatori di stress da caldo sono la temperatura rettale, la frequenza respiratoria e l'ingestione di sostanza secca (Galan et al., 2018).

L'implementazione e la diffusione di tecniche di allevamento di precisione (*livestock precision farming*) consente di raccogliere molti dati utili anche per scopi selettivi e rappresenta uno degli obiettivi da perseguire (Silva et al., 2021).

Nuovi biomarcatori includono quindi caratteri misurabili come indicatori di infezioni in corso o di risposta dell'animale agli stressori ambientali. Fra questi, la composizione del microbioma ruminale viene considerato un marcatore per lo studio delle interazioni fra il genotipo dell'ospite e gli effetti ambientali (Koning e May, 2019).

CONCLUSIONI

Il miglioramento genetico è il principale strumento di sostenibilità delle produzioni zootecniche. È il motore a “zero emissioni” che garantisce un progresso permanente, cumulativo nelle generazioni e diffuso nella popolazione che, grazie alle innovazioni introdotte dalla genomica ha migliorato ulteriormente la sua efficienza. L'applicazione della genomica, combinata a nuovi fenotipi, avrà sempre più un impatto decisivo sull'implementazione del miglioramento genetico al fine di raggiungere gli obiettivi che i cambiamenti ambientali, climatici, economici e sociali impongono al settore delle produzioni animali.

RIASSUNTO

Il concetto di sostenibilità, nella sua visione più generale e dinamica, comprende la dimensione ambientale, economica e sociale e, se applicato alle produzioni zootecniche, trova le basi fondamentali nel miglioramento genetico animale. Il processo di miglioramento genetico è lo strumento che permette di incidere direttamente sulla biologia degli animali delle generazioni future attraverso la riproduzione: il pool genetico dei nuovi nati è infatti determinato dalla scelta dei genitori come riproduttori. Gli animali scelti come riproduttori rispondono infatti in modo appropriato agli obiettivi di selezione di una razza per un suo sviluppo sostenibile nei diversi ambienti e sistemi produttivi. Massimizzare e ottimizzare la capacità produttiva degli animali in produzione zootecnica sono già, e continueranno a essere, gli obiettivi principali dei programmi di selezione in tutte le principali specie di interesse zootecnico: l'aumento dell'efficienza produttiva è infatti il più importante fattore di riduzione dell'impatto ambientale degli allevamenti. Inoltre, insieme ai diversi aspetti qualitativi delle produzioni, esso è alla base della sostenibilità economica della produzione di alimenti di origine animale. La genomica in campo agro-zootecnico rappresenta una innovazione tecnologica di precisione che ha determinato un cambio di paradigma nel processo di miglioramento genetico: ha infatti permesso un importante aumento nell'efficienza della selezione dei riproduttori e nel mantenimento della biodiversità nelle specie animali permettendo di rispondere in modo adeguato ai mutevoli scenari ambientali, economici e sociali.

ABSTRACT

The role of animal breeding and selection in sustainability of livestock farming. The concept of sustainability, in its general and dynamic vision, includes the environmental, economic and social dimensions and, if applied to livestock production, finds its fundamental basis in animal genetic improvement. Genetic improvement represents the tool for managing populations directly, affecting the biology of animals of future generations: the gene pool of the newborn individuals is in fact determined by the choice of the sire and dam. The parental animals are chosen as reproducers to appropriately meet the requirements for a

sustainable development. Maximizing the production capacity of livestock will be, also in the future, the main objective of genetic improvement in all the main animal species involved in food production. Indeed, increasing production efficiency is the most important factor in reducing the environmental impact of farms. Furthermore, together with the various qualitative aspects of food production, this aspect is fundamental for the economic sustainability of animal farming. Agro-Genomics represents nowadays a technological innovation that has led to a paradigm change in the process of genetic improvement: it has, in fact, determined an important increase in the efficiency of animal selection and in the maintenance of biodiversity in animal species, allowing as such to respond to changing environmental, economic and social scenarios.

BIBLIOGRAFIA

- ATZORI A.S., TEDESCHI L.O., CANNAS A. (2013): *A multivariate and stochastic approach to identify key variables to rank dairy farms on profitability*, «Journal of Dairy Science», 96, pp. 3378-3387.
- BALMFORD A., AMANO T. ET AL. (2018): *The environmental costs and benefits of high-yielding farms*, «Nature Sustainability», 1, pp. 477-485.
- BAVA L., ZUCALI M., SANDRUCCI A., TAMBURINI A. (2017): *Environmental impact of the typical heavy pig production in Italy*, «Journal of Cleaner Production», 140, pp. 685-691.
- BOVO S., RIBANI A., MUÑOZ M., ALVES E., ARAUJO J.P., BOZZI R., CANDEK-POTOKAR M., CHARNECA R., DI PALMA F., ETHERINGTON G., FERNANDEZ A.I., GARCÍA F., GARCÍA-CASCO J., KAROLYI D., GALLO M., MARGETA V., MARTINS J.M., MERCAT M.J., MOSCATELLI G., NÚÑEZ Y., QUINTANILLA R., RADOVIĆ Č., RAZMAITE V., RIQUET J., SAVIĆ R., SCHIAVO G., USAI G., UTZERI V.J., ZIMMER C., OVILO C., FONTANESI L. (2020): *Whole-genome sequencing of European autochthonous and commercial pig breeds allows the detection of signatures of selection for adaptation of genetic resources to different breeding and production systems*, «Genetics Selection Evolution», 52, p. 33.
- CAPPER J.L. (2011): *The environmental impact of beef production in the United States: 1977 compared with 2007*, «Journal of Animal Science», 89, pp. 4249-4261.
- DE HAAS Y., PRYCE J.E., CALUS M.P.L., WALL E., BERRY D.P., LØVENDAHL P., KRATTENMACHER N., MIGLIOR F., WEIGEL K., SPURLOCK D. (2015): *Genomic prediction of dry matter intake in dairy cattle from an international data set consisting of re- search herds in Europe, North America, and Australasia*, «Journal of Dairy Science», 98, pp. 6522-6534.
- FONTANESI L. (2009): *Genetic authentication and traceability of food products of animal origin: new developments and perspectives*, «Italian Journal of Animal Science», 8 (suppl. 2), pp. 9-18.
- FONTANESI L. (2016): *Metabolomics and livestock genomics: Insights into a phenotyping frontier and its applications in animal breeding*, «Animal Frontiers», 6, pp. 73-79.
- FREEBERN E., SANTOS D.J.A., FANG L., JIANG J., GADDIS K.L.P., LIU G.E., VAN-RADEN P.M., MALTECCA C., COLE J.B., MA L. (2020): *GWAS and fine-mapping of livability and six disease traits in Holstein cattle*, «BMC Genomics», 21, pp. 1-11.
- GALAN E., LLONCH P., VILLAGRÁ A., LEVIT H., PINTO S., DEL PRADO A. (2018): *A systematic review of non-productivity-related animal-based indicators of heat stress resilience in dairy cattle*, «PLoS One», 13, e0206520.

- KÖNIG S.K., MAY K. (2019): *Invited review: Phenotyping strategies and quantitative-genetic background of resistance, tolerance and resilience associated traits in dairy cattle*, «Animal» 13, pp. 897-908.
- LELIVELD L., PROVOLO G. (2020): *A review of welfare indicators of indoor-housed dairy cow as a basis for integrated automatic welfare assessment systems*, «Animals», 10, 1430.
- MEUWISSEN T.H.E., HAYES B.J., GODDARD M.E. (2001): *Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps*, «Genetics», 157, pp. 1819-1829.
- PULINA G., TONDO A., DANIELI P.P., PRIMI R., CROVETTO G.M., FANTINI A., MACCIOTTA N.P.P., ATZORI A.S. (2020): *How to manage cows yielding 20,000 kg of milk: Technical challenges and environmental implications*, «Italian Journal of Animal Science», 19, pp. 865-879.
- SABIA E., GAULY M., NAPOLITANO F., SERRAPICA F., CIFUNI G.F., CLAPS S. (2020): *Dairy sheep carbon footprint and ReCiPe end-point study*, «Small Ruminant Research», 185, 106085.
- SAMORÈ A.B., FONTANESI L. (2016): *Genomic selection in pigs: state of the art and perspectives*, «Italian Journal of Animal Science», 15, pp. 211-232.
- SCHIAVO G., BOVO S., MUÑOZ M., RIBANI A., ALVES E., ARAÚJO J.P., BOZZI R., ČANDEK-POTOKAR M., CHARNECA R., FERNANDEZ A.I., GALLO M., GARCÍA F., KAROLYI D., KUŠEC G., MARTINS J.M., MERCAT M.J., NÚÑEZ Y., QUINTANILLA R., RADOVIĆ Č., RAZMAITE V., RIQUET J., SAVIĆ R., USAI G., UTZERI V.J., ZIMMER C., OVILO C., FONTANESI L. (2021): *Runs of homozygosity provide a genome landscape picture of inbreeding and genetic history of European autochthonous and commercial pig breeds*, «Animal Genetics», 52, pp. 155-170.
- SILVA F.F., MOROTA G., ROSA G.J.M. (2021): *Editorial: High-Throughput Phenotyping in the Genomic Improvement of Livestock*, «Frontiers in Genetics», 12, 707343.
- STRILLACCI M.G., GORLA E., COZZI M.C., VEVEY M., GENOVA F., SCIENSK, K., LONGERI M., BAGNATO A. (2018): *A copy number variant scan in the autochthonous Valdostana Red Pied cattle breed and comparison with specialized dairy populations*, «PLoS One, 13, 0204669.
- STRILLACCI M.G., VEVEY M., BLANCHET V., MANTOVANI R., SARTORI C., BAGNATO A. (2020): *The genomic variation in the Aosta cattle breeds raised in an extensive Alpine farming system*, «Animals», 10, 2385.
- WEIGEL K.A., VANRADEN P.M., NORMAN H.D., GROSU H. (2017): *A 100-Year Review: Methods and impact of genetic selection in dairy cattle-From daughter-dam comparisons to deep learning algorithms*, «Journal of Dairy Science», 100, pp. 10234-10250.
- WEIGEL K.A., SHOOK G. (2018): *Genetic selection for mastitis resistance*, «Vet Clin Food Anim.», 34, pp. 457-472.
- WOTTLIN L.R., CARSTENS G.E., KAYSER W.C., PINCHAK W.E., THOMSON J.M., COPIÉ V., O'SHEA-STONE G.P. (2021): *Differential haptoglobin responsiveness to a Mannheimia haemolytica challenge altered immunologic, physiologic, and behavior responses in beef steers*, «Journal of Animal Science», 99, skaa404.

ANDREA SUMMER¹, PAOLA DI GREGORIO², DONATA MARLETTA³,
MARCELLO MELE⁴

Qualità e valore nutrizionale delle produzioni zootecniche: dove e come può incidere il miglioramento genetico

¹ Dipartimento di Scienze Medico-Veterinarie, Università di Parma

² Scuola di Scienze Agrarie, Forestali, Ambientali ed Alimentari, Università della Basilicata

³ Dipartimento di Agricoltura, Alimentazione e Ambiente, Università di Catania

⁴ Dipartimento Scienze Agrarie, Alimentari, Agro-ambientali, Università di Pisa

Il mercato dei prodotti alimentari deve fare i conti con una platea di consumatori sempre più consapevole ed esigente che richiede prodotti di qualità per quanto riguarda sia la sicurezza sanitaria che le qualità nutrizionali e organolettiche. Negli ultimi 50 anni, il sequenziamento di interi genomi e l'individuazione di marcatori associati e/o mutazioni in geni responsabili di caratteri di interesse zootecnico hanno permesso di ottenere notevoli miglioramenti nella produzione sia quantitativa che qualitativa di prodotti quali latte, carne, uova. Di seguito si prenderanno in considerazione alcuni esempi di mutazioni (polimorfismi = differenze a livello di DNA che, in alcuni casi, determinano la presenza di due o più forme alleliche della proteina codificata dal gene) in geni a effetto maggiore che incidono in modo apprezzabile sulla manifestazione di un carattere e di conseguenza sulla qualità e sul valore nutrizionale delle produzioni zootecniche.

LA PRODUZIONE DELLA CARNE

Le qualità tecnologiche e sensoriali della carne dipendono dalla composizione chimica dei muscoli alla macellazione (valore nutrizionale di grasso, carboidrati e proteine) e da cambiamenti metabolici e biochimici che si verificano durante la macellazione e il successivo periodo di frollatura.

Il gene RYR1 è coinvolto nella regolazione del canale di rilascio del Ca⁺ del reticolo sarcoplasmatico del muscolo scheletrico. È un gene autosomico recessivo a penetranza incompleta e presenta influenza diretta sulle qualità organolettiche e tecnologiche della carne suina. Tra le altre mutazioni una

(C>T al 49° nucleotide del 17° esone) (Fujii et al., 1991) è associata a una maggiore resa alla macellazione e alla maggiore percentuale di tagli magri, ma questi caratteri desiderabili sono controbilanciati da effetti negativi sul colore e sul WHC (Water Holding Capacity) della carne e dalla alta suscettibilità di questi soggetti allo stress (PSS = Porcine Stress Syndrome), con conseguente insorgenza dell'ipertemia maligna (MH = Malignant Hyperthermia, contrazione prolungata dei muscoli scheletri, ipermetabolismo, aumento della temperatura corporea e, se non si interviene, morte dell'animale). In questo caso alla macellazione si ha un aumento della glicolisi post-mortem che determina un abbassamento del pH, associato a una maggiore riflettanza (carne pallida) e alla degradazione delle proteine sarcoplasmatiche (carne soffice ed essudativa), miopatia che va sotto il nome di carne PSE (Pale Soft Exudative). Questa miopatia risulta avere effetti negativi sia sulla qualità della carne fresca (aspetto non gradevole, maggiori perdite di sgocciolamento e di cottura, carne più stopposa) sia sulle caratteristiche dei prodotti trasformati (minor resa in prosciutto cotto, maggior calo di stagionatura, sapore più salato, difetti di colore): Nel complesso, la carne è meno attraente per il consumatore e non idonea alla trasformazione (Monin 1985; Fernandez et al., 2002). L'identificazione della mutazione causativa di queste caratteristiche e la messa a punto di un test diagnostico veloce ed economico hanno permesso di eliminare o diminuire la frequenza dell'insorgenza dei difetti sopra descritti in razze cosmopolite in cui la selezione per tagli magri aveva visto la diffusione dell'allele T e quindi di PSS, PSE e MH. Un esempio: nella razza Pietrain si è passati dal 70% (O'Brien et al., 1998) al 2.9% (Ilie et al., 2014).

La tenerezza della carne ha un notevole peso nei criteri di scelta dei consumatori. Anche in questo caso l'individuazione di marcatori genetici può assistere nella selezione di riproduttori con la migliore performance del carattere tenerezza. Marcatori per la tenerezza sono stati evidenziati nel complesso enzimatico calpaina-calpastatina (Koohmaraie et al., 2002). Il sistema calpaina comprende un certo numero di proteine, le più studiate nei bovini sono tre proteasi calcio-dipendenti, μ -calpaina (gene CAPN1), m-calpaina (gene CAPN2) e l'isoforma p94 (gene CAPN3), e la calpastatina (gene CAST) il cui unico ruolo a oggi conosciuto è l'inibizione delle calpaine. Questo sistema enzimatico svolge un ruolo essenziale nella proteolisi post-mortem delle proteine dei muscoli scheletrici influenzando la tenerezza della carne.

Ai loci CAPN1, CAPN3 e CAST sono stati individuati polimorfismi associati con una maggiore tenerezza. Questi polimorfismi determinerebbero un'alterazione dell'attività enzimatica che si riflette sul tasso o sul livello di proteolisi post-mortem nei muscoli scheletrici (Natras et al., 2014). Combinazioni di alleli favorevoli ai loci CAPN1, CAPN3 e CAST hanno mostrato

effetti additivi sul miglioramento della tenerezza in bovini Brahman (Robinson et al., 2012) e potranno essere sfruttati a fini selettivi.

LA PRODUZIONE DEL LATTE

Il latte è fonte di proteine, grassi, carboidrati, sali minerali.

Le proteine del latte sono solitamente divise in due grandi gruppi, a seconda del loro comportamento dopo acidificazione a pH 4,6. La frazione insolubile, denominata caseina (Cn), rappresenta circa l'80% delle proteine del latte bovino e comprende quattro frazioni principali: α_{s1} -Cn, α_{s2} -Cn, β -Cn e k-Cn; la frazione solubile a pH 4,6, invece, è denominata sieroproteina ed è costituita da diverse proteine, le più importanti delle quali sono la α -lattalbumina (α -La) e la β -lattoglobulina (β -Lg). Ogni frazione caseinica e ogni sieroproteina presenta diverse varianti, dovute al polimorfismo genetico, con diverso effetto sulle proprietà tecnologiche e nutrizionali del latte. La selezione per una specifica variante di una proteina ha quindi una valida applicazione pratica per migliorare le caratteristiche del latte.

Influenza delle varianti della k-caseina sulla qualità casearia del latte

La k-caseina rappresenta circa il 13% delle caseine ed è costituita da una catena polipeptidica di 169 aminoacidi. Sono state individuate almeno 11 varianti di cui le più frequenti sono A e B. La k-caseina di tipo B contiene una maggiore quantità di k-caseina, rispetto al tipo A. Ciò comporta la presenza di micelle di dimensioni più piccole e uniformi (Walsh et al., 1998a) che hanno effetto positivo sui parametri di coagulazione del latte dal quale si ottengono cagliate più consistenti, che spurgano meglio, e presentano una maggiore resa per minori perdite di grasso e proteina nel siero.

In termini di rendimento della caseificazione, le differenze sono sostanziali e sono state riscontrate nella produzione di vari tipi di formaggi. Vacche con genotipo BB al locus della k-caseina producono latte che ha una maggiore resa in formaggio Parmigiano-Reggiano (7,07 BB vs 6,47% AA; +6 kg di formaggio per 1.000 kg di latte) (Mariani et al., 1976), una maggiore resa in formaggio Cheddar (9,91 BB vs 9,36% AA; +5,5 kg di formaggio per 1000 kg di latte) (FitzGerald et al., 1998), una maggiore resa in Mozzarella (10,05 BB vs 9,23% AA; +8,2 kg di formaggio per 1000 kg di latte) (Walsh et al., 1998b). Inoltre il tipo di k-caseina influenza anche la qualità del formaggio, con una resa commerciale più alta in presenza dell'allele B (Mariani e Summer, 1999).

Negli ultimi 15 anni nella razza Frisona italiana è stata effettuata una selezione spinta per la k-caseina B che ha visto un forte aumento dei tori di genotipo BB. Infatti, se nel 2005 tra i tori TOP 50 per PFT c'erano solo 1 omozigote BB e 17 eterozigoti AB, nel 2020 i tori omozigoti BB erano ben 6 e gli eterozigoti AB 25. Inoltre, il nuovo indice di selezione ICS PR, Indice Caseificazione Sostenibilità Parmigiano Reggiano, che si basa sulla stima dei costi e dei ricavi medi per lattazione nell'intera carriera produttiva della bovina, prevede un'importante premialità per la presenza dell'allele B di k-caseina (0,10 € / giorno e 0,05 € / giorno di vita per figlie di toro k-caseina BB e AB, rispettivamente).

Influenza delle varianti della β -caseina sulla salute umana

La β -caseina, costituita da 209 residui amminoacidici, è la caseina più idrofobica e rappresenta il 35% delle caseine totali (Holt et al., 2013). La β -caseina presenta un alto grado di polimorfismo: ad oggi sono state scoperte 12 varianti genetiche di cui le varianti A1 e A2 sono le più diffuse nella popolazione bovina mondiale e la loro frequenza, e quindi la loro quantità relativa nel latte di massa, dipende dalla razza. Per esempio, gli alleli A1 e A2 sono presenti all'incirca con la stessa frequenza nella razza Holstein-Friesian. Questi due alleli si differenziano per una transversione C>A nel secondo nucleotide del codone CCT (A2) *vs* CAT (A1) cui corrisponde la sostituzione di un residuo di prolina (Pro) (variante A2) con un residuo di istidina (His) (variante A1) in posizione 67 della sequenza proteica matura (Parashar e Saini, 2015). In base alla sequenza amminoacidica della β -Cn, il latte bovino può essere classificato di tipo A1 "like", contenente varianti genetiche della β -Cn con His in posizione 67, e latte di tipo A2 "like", contenente varianti con la Pro nella stessa posizione.

Nella variante A2 il legame peptidico Ile66-Pro67 risulta più resistente alla scissione enzimatica rispetto al legame Ile66-His67 presente nella variante A1. In quest'ultimo caso, la reazione enzimatica determina il rilascio del peptide β -Cn f(60-66), denominato β -casomorfina 7 (BCM7). È stato dimostrato che BCM7 svolge il ruolo di oppioide-agonista per i recettori μ . Alcuni studi hanno fornito risultati sul potenziale impatto della β -Cn A1 e del peptide BCM7 sulla salute. Questi studi hanno evidenziato una relazione tra il consumo di β -Cn A1 (e del suo derivato BCM7) e l'aumento della risposta infiammatoria nonché di disturbi a livello gastrointestinale (Summer et al., 2020; EFSA, 2009). Al contrario, gli effetti dell'ingestione di β -Cn A1 e il potenziale ruolo del peptide BCM7 sull'insorgenza e/o sul peggioramento di malattie non trasmissibili necessitano di ulteriori evidenze sperimentali (Summer et al., 2020;

EFSA, 2009). Nel complesso, il “problema β -Cn A1/BCM7” rimane una tematica di grande attualità, sulla quale la ricerca scientifica non ha fatto ancora sufficiente chiarezza.

Influenza delle varianti della β -lattoglobulina sulla qualità casearia del latte

La β -lattoglobulina è la principale proteina del siero del latte vaccino; si tratta di una proteina globulare formata da una catena peptidica di 162 amminoacidi. Finora sono note almeno 12 varianti della β -Lg, ma le più comuni sono A e B.

Il latte di vacche β -Lg B presenta un livello inferiore di sieroproteine (-12%) e una maggiore quantità di caseina totale, da +0,08% a +0,13%. Queste differenze sono associate a un notevole effetto positivo della variante B sui parametri di caseificazione (Di Stasio & Mariani, 2000; Heck et al., 2009).

La componente lipidica del latte

Il latte è fonte di acidi grassi saturi (SFA) quali gli acidi laurico (C12:0), miristico (C14:0) e palmitico (C16:0), che sono stati associati a un aumento del rischio di malattie cardiovascolari (Kris-Eiherton & Fleming, 2015). Di contro gli acidi grassi monoinsaturi (MUFA), polinsaturi (PUFA) e l'acido linoleico coniugato (CLA), un mix di isomeri dell'acido linoleico (cis9, cis12 C18:2), svolgono un ruolo importante per la salute umana e hanno dimostrato proprietà antitumorali, antinfiammatorie, antidiabetiche e di prevenzione delle malattie cardiache (Bassaganya-Riera et al., 2010; Gebauer et al., 2011). Quantità e qualità della frazione grassa dei prodotti di origine animale, sono fortemente influenzate dall'alimentazione, ma diversi geni sono in grado di influenzare la produzione e la composizione della frazione lipidica del latte in diverse specie. L'enzima DGAT1 catalizza l'ultima fase della sintesi dei trigliceridi, l'esterificazione dei digliceridi con gli acil-CoA in terza posizione. Il polimorfismo più ampiamente studiato e convalidato nel gene bovino si trova nell'ottavo esone e consiste in una sostituzione dinucleotidica AA>GC che determina la corrispondente sostituzione amminoacidica K232A nella proteina; in diverse razze l'allele K è risultato associato a un maggior contenuto di grasso (Anton et al., 2008) e a una maggiore percentuale di acidi grassi saturi (Conte et al., 2010) nel latte. Gli effetti del polimorfismo DGAT1, attribuiti a una maggiore espressione dell'allele K nella ghiandola mammaria (Fink et al., 2020), sono di notevole importanza poiché influenzano la lipolisi spontanea

(Vanbergue et al., 2016) e le proprietà fisiche e funzionali del latte e dei derivati ricchi in grasso (Hawke e Taylor, 1995; Mensink et al., 2003).

Il gene SCD codifica per l'enzima responsabile della desaturazione in posizione *cis*- $\Delta 9$ che converte gli acidi grassi saturi (SFA) in monoinsaturi (MUFA) e l'acido vaccenico in acido linoleico coniugato, pertanto è un candidato particolarmente interessante per il miglioramento genetico della qualità nutrizionale dei grassi del latte. Tra le varie mutazioni identificate, un sito polimorfo del 5° esone causa la sostituzione amminoacidica A293V. L'allele A è stato associato a una maggiore attività dell'enzima e a un più alto contenuto di CLA e MUFA, quindi a migliori caratteristiche nutrizionali del latte (Mele et al., 2007; Conte et al., 2010).

Sebbene il numero di geni implicati nel metabolismo lipidico sia molto elevato e le reti metaboliche coinvolte siano piuttosto complesse, i risultati ottenuti per questi due geni candidati evidenziano che in futuro sarà possibile selezionare per una maggiore percentuale di grasso nel latte ponendo l'obiettivo sulle frazioni di acidi grassi insaturi.

LA PRODUZIONE DELLE UOVA

Nel corso della seconda metà del ventesimo secolo, l'opera di selezione e di miglioramento genetico ha portato le galline ovaiole a raggiungere livelli di produttività molto elevati, superando le 300 uova deposte per anno, a fronte di produzioni di poco superiori alle 200 uova prima degli anni '70. Allo stesso tempo è incrementata notevolmente anche l'efficienza produttiva, come testimonia la variazione significativa dell'indice di conversione alimentare, attualmente prossimo al valore di 2 (Leenstra et al., 2016). Anche il concetto di qualità dell'uovo ha subito un'evoluzione che ha interessato diversi aspetti: organolettici, tecnologici e nutrizionali. Il consumatore sceglie le uova non solo rispetto alla taglia e al colore del guscio, ma anche rispetto al colore del tuorlo, all'aspetto dell'albume e, sempre più frequentemente negli ultimi anni, rispetto alle caratteristiche del sistema di allevamento, data l'accresciuta sensibilità per gli aspetti etici che coinvolgono le attività di allevamento degli animali.

Oltre la produttività e il peso delle uova, numerosi altri caratteri possono essere influenzati con il miglioramento genetico e possono essere oggetto di selezione all'interno delle razze di galline ovaiole (Beaumont et al., 2010):

- La proporzione relativa tra guscio, tuorlo e albume;
- la qualità dell'albume (misurata in unità Haugh per indicarne la freschezza)
- il colore del guscio

- lo spessore e la resistenza meccanica del guscio
- la qualità nutrizionale (in particolare il contenuto in colesterolo e in acidi grassi insaturi)
- la qualità organolettica (eliminazione del rischio di uova con il caratteristico odore di pesce)
- la qualità igienico-sanitaria (ad esempio la resistenza alla salmonella).

Il genoma del pollo è stato tra i primi a essere sequenziato e a essere oggetto di studi di associazione alla ricerca di QTL o altri marcatori molecolari per caratteri di interesse zootecnico, inclusi quelli relativi alla qualità delle uova. In particolare, numerosi QTL sono stati identificati nel genoma del pollo in grado di influenzare i caratteri qualitativi: 13 regioni QTL localizzate su 10 cromosomi per i caratteri di qualità del guscio e 15 regioni QTL localizzate su 12 cromosomi per i caratteri di qualità relativi a tuorlo e albume (Goto e Tsudzuki, 2017).

Le conoscenze acquisite in merito all'architettura genetica dei caratteri qualitativi delle uova hanno consentito di sviluppare interessanti applicazioni nell'ambito della selezione. Un esempio tipico è quello del difetto riconducibile all'odore di pesce del tuorlo d'uovo. All'inizio degli anni 2000 è stato svelato il motivo per cui alcune tipologie di uova, in particolare quelle a guscio marrone, sviluppano frequentemente il difetto organolettico definito «odore di pesce», soprattutto se gli animali sono alimentati con alimenti ricchi di colina, carnitina e lecitina, il cui metabolismo origina trimetilammina. L'accumulo di trimetilammina deriva da un difetto dell'enzima trimetilammina ossidasi, a sua volta connesso a una specifica variante del gene «flavin containing monooxygenase 3» (FMO3). Tale gene è polimorfico, ma dei 17 punti di mutazione individuati, solo uno (T329S) comporta una sostituzione amminoacidica in una regione funzionale del gene. La selezione per i soggetti portatori dell'allele T ha consentito di ridurre notevolmente l'incidenza di questo difetto nella popolazione commerciale di galline ovaiole (Honkatukia et al., 2005).

Più recentemente sono stati individuati alcuni interessanti marker genetici che potrebbero essere utilizzati in futuri programmi di selezione assistita dai marcatori.

Il gene trasduttore di segnale e attivatore del fattore di trascrizione 5B (STAT5B) è un importante regolatore della traduzione di segnale dei meccanismi metabolici mediati dall'ormone della crescita. Nei polli sono state osservate interessanti associazioni tra i polimorfismi di tale gene e la crescita, il peso del pulcino al primo giorno di vita e il peso delle uova (Zhao et al., 2012; Sadeghi et al., 2012).

Più recentemente è stata dimostrato un effetto significativo dell'allele G relativo allo SNP g.4533815G>A del gene STAT5B anche per alcuni caratteri qualitativi delle uova di gallina: peso e dimensioni dell'uovo, spessore del guscio, peso dell'albume e colore del tuorlo. Tali risultati hanno portato a considerare l'allele G dello SNP g.4533815G>A del gene STAT5B come uno dei più importanti marcatori genetici per il miglioramento della qualità delle uova attraverso programmi di selezione assistita dai marcatori (Charoensook et al., 2016).

In conclusione negli ultimi decenni il miglioramento genetico ha portato a un netto miglioramento della qualità e della quantità dei prodotti di origine animale, grazie anche al miglioramento dell'efficienza di produzione. Tutto questo va nella direzione di una maggiore sostenibilità delle produzioni zootecniche, sia in termini ambientali che socio-economici, portando nel contempo alla produzione di latte, carne, uova più rispondenti alle richieste tecnologiche e nutrizionali del consumatore odierno che chiede maggiore attenzione alla qualità anche salutistica degli alimenti.

In futuro la genetica in campo zootecnico sarà sempre più chiamata a interfacciarsi ad altre figure professionali, quali i tecnologici alimentari e i nutrizionisti, per rispondere alla sfida di una produzione sempre più efficiente e sostenibile di alimenti che siano disponibili per tutti e di elevata qualità dal punto di vista tecnologico e nutrizionale.

RIASSUNTO

Negli ultimi 50 anni, l'avanzamento delle conoscenze in merito al genoma e alle interazioni dei geni con l'ambiente di allevamento ha consentito di affinare sempre più i metodi di selezione, ottenendo un notevole progresso genetico nell'ambito degli animali di interesse zootecnico e risultati molto significativi dal punto di vista dell'efficienza produttiva degli animali e della disponibilità di prodotti di origine animale. I progressi ottenuti dal punto di vista della produzione quantitativa di latte, carne e uova sono stati spesso accompagnati da risultati altrettanto evidenti in merito agli aspetti qualitativi di tali prodotti. Il miglioramento della qualità chimica, tecnologica e nutrizionale è stato ottenuto principalmente attraverso i metodi tradizionali di selezione, tuttavia un ruolo importante ha rivestito, e ancora rivestirà nel prossimo futuro, la selezione guidata dalla conoscenza approfondita della struttura del genoma e dell'effetto di singole mutazioni del DNA su specifici caratteri qualitativi delle produzioni.

La relazione prenderà in considerazione, per le principali produzioni zootecniche, alcuni esempi di come le conoscenze acquisite in merito all'architettura genetica del carattere abbiano influenzato il processo di selezione o lo possano influenzare nel prossimo futuro, contribuendo al miglioramento della qualità dei prodotti di origine animale.

ABSTRACT

In the last 50 years, the progress of knowledge about the genome and the interactions gene-environment improved selection methods more and more, obtaining significant genetic progress in the field of livestock and very significant results for production efficiency and availability of products of animal origin. The progress of quantitative production of milk, meat and eggs has often been accompanied by the enhancement of the quality of these products. The improvement of chemical, technological and nutritional quality has been obtained mainly through traditional selection methods; however, an important role has played, and will continue to play in the near future, the selection driven by in-depth knowledge of the genome structure and of individual DNA mutation effect on specific qualitative characters of the productions.

This report will consider, for the main livestock productions, some examples of how the knowledge of the genetic components of the trait affected and will affect the selection process of the quality of livestock products.

BIBLIOGRAFIA

- ANTON I., KOVÁCS K., FÉSÜS L., VÁRHEGYI J., LEHEL L., HAJDA Z., POLGÁR J.P., SZABÓ F., ZSOLNAI A. (2008): *Effect of DGAT1 and TG gene polymorphisms on intramuscular fat and on milk production traits in different cattle breeds in Hungary*, «Acta Veterinaria Hungarica», 56, pp. 181-186.
- BASSAGANYA-RIERA J., HONTECILLAS R. (2010): *Dietary conjugated linoleic acid and n-3 polyunsaturated fatty acids in inflammatory bowel disease*, «Current Opinion in Clinical Nutrition and Metabolic Care», 13, pp. 569-573.
- BEAUMONT C., CALENGE F., CHAPUIS H., FABLET J., MINVIELLE F., TIXIER-BOICHARD M. (2010): *Génétique de la qualité de l'oeuf*, «INRA Productions Animales», 23, pp. 123-132.
- CHAROENSOOK R., WICHASIT N., PECHKONG T., INCHAROEN T., NUMTHUAM S. (2016): *STAT5B gene polymorphisms are associated with egg production and egg quality traits in laying hens*, «Asian Journal of Animal and Veterinary Advances», 11, pp. 847-853.
- CONTE G., MELE M., CHESSA S., CASTIGLIONI B., SERRA A., PAGNACCO G., SECCHIARI P. (2010): *Diacylglycerol acyltransferase 1, stearoyl-CoA desaturase 1, and sterol regulatory element binding protein 1 gene polymorphisms and milk fatty acid composition in Italian Brown cattle*, «Journal of Dairy Science», 93, pp. 753-763.
- DI STASIO L., MARIANI P. (2000): *The role of protein polymorphism in the genetic improvement of milk production*, «Zootecnica e Nutrizione Animale», 26, pp. 69-90.
- EFSA (European Food Safety Authority) (2009): *Review of the potential health impact of b-casomorphins and related peptides*, «EFSA Scientific Report», 231, pp. 1-107.
- FERNANDEZ X., GILBERT B. S., VENDEUVREC J.-L. (2002): *Effects of halothane genotype and pre-slaughter treatment on pig meat quality. Part 2. Physico-chemical traits of cured-cooked ham and sensory traits of cured-cooked and dry-cured hams*, «Meat Science», 62, pp. 439-446.
- FINK T., LOPDELL T.J., TIPLADY K., HANDLEY R., JOHNSON T.J.J., SPELMAN R.J., DAVIS S.R., SNELL R.G., LITTLEJOHN M.D. (2020): *A new mechanism for a familiar mutation*

- *Bovine DGAT1 K232A modulates gene expression through multi-junction exon splice enhancement*, «BMC Genomics», 21, pp. 591.
- FITZGERALD R.J., WALSH D., GUINEE T.P., MURPHY J.J., MEHRA R., HARRINGTON D., CONNOLLY J.F. (1998): *Genetic variants of milk proteins and their association with milk production and processing properties*, in *Genetic Variants of Milk Proteins - Relevance to Milk Composition and Cheese Production*, a cura di R.J. FitzGerald, Dairy Products Research Centre, Report n. 19, pp. 2-11.
- FUJII J., OTSU K., ZORZATO F., DE LEON S., KHANNA S., WEILER V.K., O'BRIEN P.J., MACLENNAN D.H. (1991): *Identification of a mutation in porcine ryanodin receptor associated with malignant hyperthermia*, «Science», 253, pp. 448-451.
- GEBAUER S.K., CHARDIGNY J.-M., JAKOBSEN M.U., LAMARCHE B., LOCK A.L., PROCTOR S.D., BAER D.J. (2011): *Effects of ruminant trans fatty acids on cardiovascular disease and cancer: a comprehensive review of epidemiological, clinical, and mechanistic studies*, «Advances in Nutrition», 2, pp. 332-354.
- GOTO T., TSUDZUKI M. (2017): *Genetic mapping of Quantitative Trait Loci for egg production and egg quality traits in chickens: a Review*, «The journal of Poultry Science», 54, pp. 1-12.
- HAWKE J.C., TAYLOR M.W. (1995): *Influence of nutritional factors on yield, composition and physical properties of milk fat*, Advanced Dairy Chemistry. Vol. 2. Lipids (2nd), Chapman and Hall, UK, pp. 37-88.
- HECK J.M., SCHENNINK A., VAN VALENBERG H.J., BOVENHUIS H., VISKER M.H., VAN ARENDONK J.A., VAN HOOIJDONK A.C.M. (2009): *Effects of milk protein variants on the protein composition of bovine milk*, «Journal of Dairy Science», 92, pp. 1192-1202.
- HOLT C., CARVER J.A., ECROYD H., THORN D.C. (2013): *Invited review: Caseins and the casein micelle: their biological functions, structures, and behavior in foods*, «J. Dairy Sci.», 96 (10), pp. 6127-6146.
- HONKATUKIA M., REESE K., PREISINGER R., TUISKULA-HAAVISTO M., WEIGEND S., MÄKI-TANILA R.A., VILKKI J. (2005): *Fishy taint in chicken eggs is associated with a substitution within a conserved motif of the FMO3 gene*, «Genomics», 86, pp. 225-232.
- ILIE D.E., BACILA V., CEAN A., CZISZTER L.T., NEO S. (2014): *Screening of RYR1 genotypes in swine population by a rapid and sensitive method*, «Romanian Biotechnological Letters», 19, pp. 9170-9178.
- KOOHARAIE M., KENT M.P., SHACKELFORD S.D., VEISETH E., WHEELER T.L. (2002): *Meat tenderness and muscle growth: is there any relationship?*, «Meat Science», 62, pp. 345-352.
- KRIS-ETHERTON P.M., FLEMING J.A. (2015): *Emerging nutrition science on fatty acids and cardiovascular disease: nutritionists' perspectives*, «Advances in Nutrition», 6, pp. 326S-337S.
- LEENSTRA F., TEN NAPEL J., VISSCHER J., VAN SAMBEEK F. (2016): *Layer breeding programmes in changing production environments: a historic perspective*, «World's Poultry Science Journal», 72, pp. 21-36.
- MARIANI P., LOSI G., RUSSO V., CASTAGNETTI G.B., GRAZIA L., MORINI D., FOSSA E. (1976): *Prove di caseificazione con latte caratterizzato dalle varianti A e B della k-caseina nella produzione del formaggio Parmigiano-Reggiano*, «Sci. Tecn. Latt.-cas.», 27, pp. 208-227.
- MARIANI P., SUMMER A. (1999): *Polimorfismo delle proteine e attitudine tecnologico-casearia del latte*, «Sci. Tecn. Latt.-cas.», 50, pp. 197-230.
- MELE M., CONTE G., CASTIGLIONI B., CHESSA S., MACCIOTTA N.P.P., SERRA A., BUCCIO-

- NI A., PAGNACCO G., SECCHIARI P. (2007): *Stearoyl-coenzyme a desaturase gene polymorphism and milk fatty acid composition in Italian Holsteins*, «Journal of Dairy Science», 90, pp. 4458-4465.
- MENSINK R.P., ZOCK P.L., KESTER A.D., KATAN M.B. (2003): *Effects of dietary fatty acids and carbohydrates on the ratio of serum total to HDL cholesterol and on serum lipids and apolipoproteins: a meta-analysis of 60 controlled trials*, «The American Journal of Clinical Nutrition», 77, pp. 1146-1155.
- MONIN G. (1985): *Pork of low technological quality with a normal rate of muscle pH fall in the immediate post-mortem period: the case of Hampshire breed*, «Meat Science», 13, pp. 49-63.
- NATRASS G.S., CAFE L.M., MCINTYRE B. L., GARDNER G.E., MCGILCHRIST P., ROBINSON D.L., WANG Y.H., PETHICK D.W., GREENWOOD P.L. (2014): *A post-transcriptional mechanism regulates calpastatin expression in bovine skeletal muscle*, «Journal of Animal Science», 92, pp. 443-455.
- O'BRIEN P.J. (1998): *La mutazione responsabile della sindrome da stress del suino*, «Large Animals Review», 3, pp. 53-63.
- ROBINSON D.L., CAFE L.M., MCINTYRE B.L., GEESINK G.H., BARENDSE W., PETHICK D.W., THOMPSON J.M., POLKINGHORNE R., GREENWOOD P.L. (2012): *Production and processing studies on calpain-system gene markers for beef tenderness: Consumer assessments of eating quality*, «Journal of Animal Science», 90, pp. 2850-2860.
- SADEGHI, M., NIKNAFS S., SHAHRBABAK H.M., FATEMI S.A. (2012): *Two SNP in STAT5B gene and their association with breeding value of growth and egg production traits in Mazandaran indigenous chicken*, «Livestock Science», 147, pp. 198-202.
- SUMMER A., DI FRANGIA F., AJMONE MARSAN P., DE NONI I., MALACARNE M. (2020): *Occurrence, biological properties and potential effects on human health of β -casomorphin 7: Current knowledge and concerns*, «Critical Rev. Food Sci. Nutr.», 60, pp. 3705-3723.
- VANBERGUE E., PEYRAUD J.L., GUINARD-FLAMENT J., CHARTON C., BARBEY S., LEFEBVRE R., GALLARD Y., HURTAUD C. (2016): *Effects of DGAT1 K232A polymorphism and milking frequency on milk composition and spontaneous lipolysis in dairy cows*, «Journal of Dairy Science», 99, pp. 5739-5749.
- WALSH C.D., GUINEE T.P., HARRINGTON D., MEHRA R., MURPHY J., FITZGERALD R.J. (1998b): *Cheesemaking, compositional and functional characteristics of low-moisture part-skim Mozzarella cheese from bovine milks containing k-casein AA, AB, or BB genetic variants*, «J. Dairy Res.», 65, pp. 307-315.
- WALSH C.D., GUINEE T.P., REVILLE W.D., HARRINGTON D., MURPHY J.J., O'KENNEDY B.T., FITZGERALD R.J. (1998a): *Influence of k-casein genetic variant on rennet gel microstructure, Cheddar cheesemaking properties and casein micelle size*, «Int. Dairy J.», 8, pp. 707-714.
- ZHAO X.H., WANG J.Y., ZHANG G.X., WEI Y., GU Y.P., YU Y.B. (2012): *Single nucleotide polymorphism in the STAT5b gene is associated with body weight and reproductive traits of the Jinghai Yellow chicken*, «Molecular Biology Reports», 39, pp. 4177-4183.

PAOLO AJMONE MARSAN¹, RICCARDO BOZZI², ELENA CIANI³,
PAOLA CREPALDI⁴, FABIO PILLA⁵, BALDASSARE PORTOLANO⁶ E ALESSANDRA STELLA⁷

Adattamento ambientale e genetica: la rilettura della biodiversità, le basi genetiche della resilienza, il ruolo dell'epigenetica

¹ Dipartimento di Scienze Animali, della Nutrizione e degli Alimenti – DIANA e Centro di Ricerca Nutrigenomica e Proteomica – PRONUTRIGEN, Università Cattolica del Sacro Cuore, Piacenza/Cremona

² Dipartimento di Scienze e Tecnologie Agrarie, Alimentari, Ambientali e Forestali – DAGRI, Università degli Studi, Firenze

³ Dipartimento di Bioscienze, Biotecnologie e Biofarmaceutica, Università degli Studi Aldo Moro, Bari

⁴ Dipartimento di Scienze Agrarie e Ambientali - Produzione, Territorio, Agroenergia, Università degli Studi di Milano Statale, Milano

⁵ Dipartimento Agricoltura, Ambiente e Alimenti, Università del Molise, Campobasso

⁶ Dipartimento Scienze Agrarie e Forestali - Zootecnica, Università degli Studi, Palermo

⁷ Istituto di Biologia e Biotecnologia Agraria CNR-IBBA, Milano

La domesticazione di piante e animali ha modificato radicalmente le abitudini degli antichi cacciatori-raccoglitori, rendendo stanziali le popolazioni e accompagnando la crescita demografica, lo sviluppo di società complesse, della cultura e della scienza. In uno dei più importanti centri di domesticazione, situato nei dintorni della Mezzaluna Fertile, 10.000 anni fa i progenitori selvatici di capre, pecore, bovini e suini hanno instaurato un legame indissolubile con l'uomo.

La diffusione degli animali domestici è poi dipesa interamente dalle vicende umane. La prima espansione è avvenuta nel Neolitico, a seguito dello sviluppo dell'agricoltura. Successivamente gli animali hanno seguito l'uomo in migrazioni, conquiste e commerci (Ajmone Marsan et al., 2010). Nel corso dei millenni gli animali addomesticati si sono suddivisi in popolazioni locali, adattate a vivere e produrre in condizioni ambientali molto diverse, a volte estreme, dai climi torridi dei deserti, ai climi freddi del Nord Europa e della Russia, ai climi tropicali del Sud dell'Asia e dell'Africa equatoriale. In questo periodo il genoma delle diverse popolazioni è stato plasmato dalla selezione antropica e ambientale (clima, altitudine, alimenti a disposizione, malattie) e soggetto a modificazioni dovute a eventi demografici, deriva genetica, incroci con specie selvatiche, nuove mutazioni.

Nella seconda metà del 1700 è iniziata in Europa la standardizzazione delle popolazioni locali, processo che ha portato alla formazione di razze omogenee e con caratteristiche fenotipiche e produttive ben differenziate. A partire dagli anni '50, il ricorso a sistemi di produzione intensivi e le nuove tecniche di miglioramento genetico basate su modelli statistici, registrazione delle parentele e misure dei fenotipi e delle produzioni, hanno favorito la diffusione di un numero limitato di razze altamente produttive che si sono affermate in numerosi paesi. Per motivi economici e sociali, queste razze hanno progressivamente sostituito le razze locali, contribuendo all'erosione della biodiversità delle specie zootecniche. Le razze locali sopravvissute sono oggi allevate per la loro capacità di adattamento a territori specifici, quali quelli montani, sistemi di allevamento prevalentemente estensivi e al forte legame con le produzioni tipiche, le tradizioni e la cultura di questi territori. Queste razze sono oggi una riserva preziosa di varianti geniche spesso assenti nelle razze industriali e che sono il risultato della loro storia evolutiva. Inoltre, spesso svolgono importanti funzioni eco-sistemiche e di conservazione del territorio.

In Italia è presente una grande variabilità genetica per tutte le principali specie allevate. Nel 2021 risultano registrate nella banca dati dell'Associazione Italiana Allevatori (AIA) 29 razze bovine, 39 razze caprine, 34 razze ovine, 1 bufalina, 33 cunicole e 7 suine, la maggior parte delle quali locali (per informazioni Progetto Leo - Livestock Environment Opendata <https://www.leo-italy.eu/>).

Questa biodiversità è fondamentale per far fronte alle nuove sfide del settore delle produzioni animali quali la mitigazione dell'impatto ambientale, l'adattamento ai cambiamenti climatici, la resilienza a stress e malattie, la garanzia del benessere animale, e la qualità, sicurezza e disponibilità delle produzioni alimentari (Rovelli et al., 2020). Grazie allo sviluppo di strumenti per lo studio del genoma e dell'epigenoma, è ora possibile caratterizzare la variabilità genetica di popolazioni adattate ad ambienti diversi e la variabilità epigenetica sviluppata nel corso del loro adattamento.

L'utilizzo dei dati provenienti dall'analisi dell'intero genoma, provenienti da sequenziamento completo o dalla genotipizzazione con migliaia di marcatori SNP (Polimorfismi di Singoli Nucleotidi), permette di conoscere la variabilità, l'architettura genomica e il controllo genetico delle differenze fenotipiche entro e tra razze, e contribuisce alla ricostruzione della storia e delle relazioni tra razze locali e cosmopolite (es. Ciani et al., 2014; Nicoloso et al., 2015; Mastrangelo et al., 2018; Colli et al., 2018; Muñoz et al., 2019; Bovo et al., 2020; Cendron et al., 2020; Denoyelle et al., 2021). Inoltre, lo studio dell'interazione genotipo-ambiente e dei cambiamenti nei profili epigenomici che si sono evoluti in razze e ambienti diversi forniscono ulteriori informazioni

sui meccanismi legati agli aspetti produttivi (Dong et al., 2021), riproduttivi (Frattini et al., 2017) e di adattamento (Del Corvo et al., 2021) delle razze allevate. I profili epigenomici complementano le informazioni fenotipiche e genomiche e contribuiscono alla comprensione e valorizzazione della biodiversità al fine di pianificare schemi di conservazione, valorizzazione e selezione sempre più efficienti per il raggiungimento dei nuovi obiettivi del miglioramento genetico.

Gli studi sulla biodiversità delle risorse genetiche nazionali, iniziate negli anni '80 con gli strumenti dell'epoca, si sono sviluppati recentemente con metodi genomici grazie a diversi progetti nazionali e internazionali che hanno visto la collaborazione di numerose università ed enti di ricerca italiani. I risultati di questi progetti hanno prodotti numerose pubblicazioni sulle migliori riviste del settore su caprini (Nicoloso et al., 2015), bovini (Mastrangelo et al., 2018), ovini (Ciani et al., 2014), avicoli (Cendron et al., 2020), suini (Muñoz et al., 2019). Sono stati condotti studi relativi anche su specie zootecniche non convenzionali come le api (Minozzi et al., 2021), per la loro importanza per l'agricoltura, e il Dromedario (Lado et al., 2020), come modello di adattamento a ambienti aridi e semi-aridi che sempre più interesseranno il Mediterraneo a causa dei cambiamenti climatici.

Questi studi hanno confermato, attraverso un confronto con la biodiversità del resto del mondo, l'unicità genetica di molte popolazioni allevate in Italia e ne hanno ricostruito la storia demografica ed evolutiva, i flussi genici e le reciproche relazioni genetiche.

Il previsto incremento di temperature e di eventi estremi (tempeste, inondazioni, siccità estrema, periodi molto caldi e molto freddi, ecc.) dovuto ai cambiamenti climatici in atto, ha orientato la ricerca del settore zootecnico verso lo studio dei meccanismi biologici e genetici dell'adattamento. L'aumento delle temperature previsto avrà effetti diretti e indiretti sugli animali. Lo stress da calore influenzerà direttamente le specie allevate, compromettendone benessere, produttività, e fertilità mentre fra gli effetti indiretti si assisterà ad una modificata e limitata disponibilità di alimenti per il bestiame e ad un aumento del carico di parassiti e di patologie.

Nuovi metodi di analisi di dati genomici raccolti su razze appartenenti a differenti cluster geografici, fenotipici e climatici permettono l'identificazione di geni associati all'adattamento a particolari condizioni climatiche (per una rassegna si veda Passamonti et al., 2021).

In un recente lavoro Barbato et al. (2020) hanno analizzato 23 razze bovine comprese tre razze dell'Italia centrale note per avere nel genoma tracce di genoma proveniente da *Bos indicus*. In queste razze hanno identificato alcune regioni genomiche di origine indicina in tutti gli animali analizzati. Queste

regioni ospitano geni con funzioni relative a dimensioni ed efficienza alimentare, e suggeriscono che i geni derivati dai bovini indicini abbiano contribuito a migliorare i bovini dell'Italia centrale attraverso un evento di introgressione adattativa.

In un altro studio nei bovini (Ben-Jemaa et al., 2021), sono state identificate regioni genomiche legate a condizioni di adattamento all'allevamento semibrado della razza. In queste regioni sono presenti geni associati alla risposta immunitaria innata e adattativa, alle infezioni intracellulari da parassiti e altri geni che giocano ruoli chiave nelle malattie polmonari e associati alla resistenza/suscettibilità alla malaria, un tempo endemica nell'area di allevamento della razza Maremmana nell'Italia centro-occidentale.

Nel lavoro di Bertolini et al. (2018) sono stati analizzati i genotipi di più di 3000 capre provenienti da tutto il mondo. Da queste analisi sono emersi segnali di selezione legati a geni implicati nei processi di produzione (latte, carne e fibra), nel colore del mantello, nella risposta allo stress ossidativo, nelle dimensioni corporee e nel ritmo circadiano. In un lavoro più recente (Cortellari et al., 2021), sono state studiate 33 popolazioni caprine italiane georeferenziate. Gli autori hanno identificato SNP legati a variabili climatiche (variazione media della temperatura, umidità) che intercettano regioni genomiche legate alla crescita, al ritmo circadiano, alla fertilità e alla risposta infiammatoria. Di queste, 22 verranno allevate in condizioni climatiche con temperature più elevate e minori precipitazioni nei prossimi 70 anni. Queste indicazioni possono contribuire alla definizione di nuovi piani strategici di conservazione in funzione del cambiamento climatico in atto.

Studi sulle pecore hanno identificato segnali di selezione legate all'adattamento a condizioni climatiche differenti in termini di temperatura e umidità (Lv et al., 2014) e alle elevate altitudini Zhang et al., (2021). In quest'ultimo lavoro gli autori, utilizzando un sequenziamento completo delle pecore White Tibetan, Oula e Poll Dorset, hanno identificato segnali di selezione in diversi geni candidati correlati alle risposte all'ipossia, a caratteristiche legate alla produzione di carne e alla resistenza alle malattie oltre che alla pigmentazione del mantello.

Nei suini un recente lavoro (Bovo et al., 2020) ha studiato segnali di selezione per l'adattamento a diversi ambienti e sistemi di produzione, confrontando l'intero genoma di 19 razze suine autoctone europee, tre razze cosmopolite commerciali e i cinghiali europei. Gli autori hanno identificato più di 300 regioni cromosomiche sotto selezione. Queste regioni ospitano geni rilevanti per il processo di addomesticamento, e che influiscono su diversi caratteri morfologici e fisiologici.

Anche negli avicoli, un recente lavoro (Gheyas et al., 2021) ha cercato segnali genomici di adattamento nei polli africani, integrando un modello di caratterizzazione della nicchia ecologica di allevamento con le analisi dei segnali di selezione a livello genomico e di associazione genotipo-ambiente. Questi autori hanno studiato 34 variabili agro-climatiche di allevamento di 25 popolazioni di polli etiopi. Le analisi basate sul sequenziamento dell'intero genoma hanno identificato alcune regioni genomiche sotto selezione legate all'altitudine, alla temperatura, alla scarsità di acqua e alla disponibilità di cibo.

L'epigenoma, al quale viene attribuita una parte della variabilità fenotipica osservata, comprende diversi processi determinanti nel controllo dell'espressione genica (Bird, 2007). I sistemi molecolari coinvolti in questa regolazione comprendono la metilazione, la modificazione degli istoni, il rimodellamento della cromatina, gli RNA non codificanti, e trasmettono l'informazione epigenetica, rispondendo a stimoli ambientali esterni ed interni all'organismo. Negli ultimi anni, il sequenziamento di genomi o regioni genomiche sottoposte a pressione epigenetica ha permesso di osservare la distribuzione della metilazione lungo il genoma in diverse specie.

Negli animali domestici, la conoscenza delle relazioni tra fenotipi di interesse e variazione epigenetica è ancora limitata ma è interessante osservare che la rappresentazione delle regioni differenzialmente metilate nel confronto tra selvatici e domestici corrisponde alle regioni associate alla domesticazione. Nei bovini, è stata dimostrata la relazione tra fisiologia della lattazione e pattern di metilazione e nel suino è stato possibile valutarne l'influenza sulla struttura del tessuto adiposo. La mappatura e caratterizzazione delle modificazioni epigenetiche nei diversi tessuti, fondamentale per le analisi successive, è stata descritta da ricercatori italiani nella capra (Frattini et al., 2017) e nella pecora (Capra et al., 2017).

Le relazioni tra risposta allo stress e adattamento e regolazione epigenetica sono state evidenziate in studi sulle cavie (Weyrich et al., 2016). In questo ambito, l'Italia si è posizionata all'avanguardia con ricerche sul ruolo dell'epigenoma sull'adattamento a agenti stressanti nelle specie d'allevamento. Nel cavallo, il ruolo dei miRNA è stato valutato in risposta all'esercizio prolungato (Cappelli et al., 2018), identificando putativi marcatori per il monitoraggio dell'adattamento metabolico. Nei bovini l'effetto della metilazione in aree cromosomiche specifiche è stato correlato alla motilità degli spermatozoi (Toschi et al., 2020). Lo stress da caldo ha un impatto indiscusso sulle produzioni e, in vista degli eventi estremi dovuti ai cambiamenti climatici, l'adattamento alle temperature estreme rappresenta un meccanismo molecolare di essenziale importanza in tutte le specie. Del Corvo et al. (2021) hanno identificato

delle modificazioni dei pattern di metilazione in alcuni loci in risposta allo stress climatico, grazie a un esperimento di challenge con esposizione a elevate temperature. I risultati sono incoraggianti nell'identificazione di meccanismi molecolari epigenetici che, presentando un buon livello di ereditabilità e correlazione con fenotipi misurabili, potrebbero essere sfruttati nella selezione e nella gestione delle mandrie.

In conclusione, le regioni genomiche e i geni identificati nei vari studi descritti in precedenza dimostrano l'importanza della conservazione delle razze locali come riserva di varianti geniche ed epigenetiche associate all'adattamento ad ambienti diversi. Queste varianti, una volta validate, rappresentano una risorsa preziosa sia per le razze locali che per le razze commerciali. Infatti non è chiaro se queste ultime possiedano variabilità genetica sufficiente al rapido adattamento a condizioni ambientali molto diverse dalle attuali. Le varianti adattative potrebbero quindi essere utili per migliorare la resilienza produttiva anche delle popolazioni animali che attualmente sfamano il pianeta. La loro introgressione nelle razze industriali non sarà semplice, potrà avvenire attraverso opportuni schemi di incrocio e selezione genomica, in tempi medio-lunghi, oppure utilizzando le nuove tecniche di editing del genoma, quando e se queste saranno applicabili alle specie animali da reddito.

RIASSUNTO

Dopo la domesticazione le popolazioni zootecniche hanno colonizzato il pianeta a seguito dell'espansione dell'agricoltura e si sono adattate a vivere e produrre in condizioni agro-ambientali molto diverse. Le nuove tecnologie di analisi del DNA permettono lo studio dettagliato del genoma e dell'epigenoma di queste popolazioni, per la caratterizzazione e la conservazione della biodiversità e la ricerca di varianti geniche utili per far fronte ai cambiamenti climatici in atto. La comunità scientifica italiana è fortemente impegnata su questo fronte. In questa breve rassegna vengono riportati alcuni dei risultati ottenuti recentemente.

ABSTRACT

After domestication, livestock populations colonized the planet with the expansion of agriculture and adapted to live and produce in very different agro-environmental conditions. The new DNA analysis technologies allow the detailed investigation of the genome and epigenome of these populations, for the characterization and conservation of biodiversity and the search for gene variants useful to cope with the on-going climate change. The Italian scientific community is strongly committed to this front. In this brief review are reported some of the results recently obtained.

BIBLIOGRAFIA

- AJMONE-MARSAN P, GARCIA J.F, LENSTRA J.A. (2010): *On the Origin of Cattle: how Aurochs became Cattle and Colonized the World*, «Evolutionary Anthropology», 19, pp. 148-157.
- BARBATO M., HAILER F, UPADHYAY M., DEL CORVO M., COLLI L., NEGRINI R., KIM E., CROOIJMANS R.P.M.A., SONSTEGARD T., AJMONE-MARSAN P. (2020): *Adaptive introgression from indicine cattle into white cattle breeds from Central Italy*, «Scientific Reports», 10, 1279.
- BEN-JEMAA S., SENCZUK G., CIANI E., CIAMPOLINI R., CATILLO G., BOUSSAHA M., PILLA F., PORTOLANO B., MASTRANGELO S. (2021): *Genome-Wide Analysis Reveals Selection Signatures Involved in Meat Traits and Local Adaptation in Semi-Feral Maremmana Cattle*, «Front Genet», 12, 675569.
- BERTOLINI F., SERVIN B., TALENTI A., ROCHAT E., KIM E.S., COGET C., PALHIÈRE I., CRISÀ A., CATILLO G., STERI R., AMILLS M., COLLI L., MARRAS G., MILANESI M., NICOLAZZI E., ROSEN B.D., VAN TASSELL C.P., GULDBRANDTSEN B., SONSTEGARD T.S., TOSSER-KLOPP G., STELLA A., ROTHSCHILD M.F., JOOST S., CREPALDI P., THE ADAPTMAP CONSORTIUM (2018): *Signatures of selection and environmental adaptation across the goat genome post-domestication*, «Genet Sel Evol», 50, 57.
- BIRD A. (2007), *Perceptions of epigenetics*, «Nature», 447, pp. 396-398.
- BOVO S., RIBANI A., MUÑOZ M., ALVES E., ARAUJO J.P., BOZZI R., ČANDEK-POTOKAR M., CHARNECA R., DI PALMA F., ETHERINGTON G., FERNANDEZ A.I., GARCÍA F., GARCÍA-CASCO J., KAROLYI D., GALLO M., MARGETA V., MARTINS J.M., MERCAT M.J., MOSCATELLI G., NÚÑEZ Y., QUINTANILLA R., RADOVIĆ Č., RAZMAITE V., RIQUET J., SAVIĆ R., SCHIAVO G., USAI G., UTZERI V.J., ZIMMER C., OVILO C., FONTANESI L. (2020): *Whole-genome sequencing of European autochthonous and commercial pig breeds allows the detection of signatures for adaptation of genetic resources to different breeding and production systems*, «Genet Sel Evol», 52, 33.
- CAPPELLI K., CAPOMACCIO S., VIGLINO A., SILVESTRELLI M., BECCATI F., MOSCATI L., CHIARADIA E. (2018): *Circulating miRNAs as Putative Biomarkers of Exercise Adaptation in Endurance Horses*, «Front Physiol», 9, 429.
- CAPRA E., TOSCHI P., DEL CORVO M., LAZZARI B., SCAPOLO P.A., LOI P., WILLIAMS J.L., STELLA A., AJMONE-MARSAN P. (2017): *Genome-Wide Epigenetic Characterization of Tissues from Three Germ Layers Isolated from Sheep Fetuses*, «Front Genet», 8, 115.
- CENDRON F., PERINI F., MASTRANGELO S., TOLONE M., CRISCIONE A., BORDONARO S., IAFFALDANO N., CASTELLINI C., MARZONI M., BUCCIONI A., SOGLIA D., SCHIAVONE A., CEROLINI S., LASAGNA E., CASSANDRO M. (2020): *Genome-Wide SNP Analysis Reveals the Population Structure and the Conservation Status of 23 Italian Chicken Breeds*. «Animals» 10, 1441.
- CIANI E., CREPALDI P., NICOLOSO L., LASAGNA E., SARTI F.M., MOIOLI B., NAPOLITANO F., CARTA A., USAI G., D'ANDREA M., MARLETTA D., CIAMPOLINI R., RIGGIO V., OCCIDENTE M., MATASSINO D., KOMPAN D., MODESTO P., MACCIOTTA N., AJMONE-MARSAN P., PILLA F. (2014): *Genome-wide analysis of Italian sheep diversity reveals a strong geographic pattern and cryptic relationships between breeds*, «Animal Genetic», 45, pp. 256-266.
- COLLI L., MILANESI M., TALENTI A., BERTOLINI F., CHEN M., CRISÀ A., DALY K.G., DEL CORVO M., GULDBRANDTSEN B., LENSTRA J.A., ROSEN B.D., VAJANA E., CATILLO G.,

- JOOST S., NICOLAZZI E.L., ROCHAT E., ROTHSCHILD M.F., SERVIN B., SONSTEGARD T.S., STERI R., VAN TASSELL C.P., AJMONE-MARSAN P., CREPALDI P., STELLA A., ADAPT-MAP CONSORTIUM (2018): *Genome-wide SNP profiling of worldwide goat populations reveals strong partitioning of diversity and highlights post-domestication migration routes*, «Genet Sel Evol», 50, 58.
- CORTELLARI M., BARBATO M., TALENTI A., BIONDA A., CARTA A., CIAMPOLINI R., CIANI E., CRISÀ A., FRATTINI S., LASAGNA E., MARLETTA D., MASTRANGELO S., NEGRO A., RANDI E., SARTI F.M., SARTORE S., SOGLIA D., LIOTTA L., STELLA A., AJMONE-MARSAN P., PILLA F., COLLI L., CREPALDI P. (2021): *The climatic and genetic heritage of Italian goat breeds with genomic SNP data*, «Scientific Reports», 11, 10986.
- DEL CORVO M., LAZZARI B., CAPRA E., ZAVAREZ L., MILANESI M., UTSUNOMIYA Y.T., UTSUNOMIYA A.T.H., STELLA A., DE PAULA NOGUEIRA G., GARCIA J.F., AJMONE-MARSAN P. (2021): *Methylome Patterns of Cattle Adaptation to Heat Stress*, «Front Genet», 28:12, 633132.
- DONG W., YANG J., ZHANG Y., LIU S., NING C., DING X., WANG W., ZHANG Y., ZHANG Q., JIANG L. (2021): *Integrative analysis of genome-wide DNA methylation and gene expression profiles reveals important epigenetic genes related to milk production traits in dairy cattle*. «J Anim Breed Genet», 138, pp. 562-573.
- FRATTINI S., CAPRA E., LAZZARI B., MCKAY S.D., COIZET B., TALENTI A., GROPPETTI D., RICCABONI P., PECILE A., CHESSA S., CASTIGLIONI B., WILLIAMS J.L., PAGNACCO G., STELLA A., CREPALDI P. (2017): *Genome-wide analysis of DNA methylation in hypothalamus and ovary of Capra hircus*, «BMC Genomics», 18, 476.
- GHEYAS A.A., VALLEJO-TRUJILLO A., KEBEDE A., LOZANO-JARAMILLO M., DESSIE T., SMITH J., HANOTTE O. (2021): *Integrated Environmental and Genomic Analysis Reveals the Drivers of Local Adaptation in African Indigenous Chickens*, «Mol Biol Evol», 38, pp. 4268-4285.
- LADO, S., ELBERS, J.P., DOSKOCIL, A., SCAGLIONE, D., TRUCCHI, E., HOSSEIN BANABAZI, M., ALMATHEN, F., SAITOU, N., CAINI, E., BURGER, P. (2020); *Genome-wide diversity and global migration patterns in dromedaries follow ancient caravan routes*, «Commun Biol», 3, 387.
- DENOYELLE L., TALOUARN E., BARDOU P., COLLI L., ALBERTI A., DANCHIN C., DEL CORVO M., ENGELN S., ORVAIN C., PALHIÈRE I., RUPP R., SARRY J., SALAVATI M., AMILLS M., CLARK E., CREPALDI P., FARAUT T., MASIGA C.W., POMPANON F., ROSEN B.D., STELLA A., VAN TASSELL C.P., TOSSER-KLOPP G. (2021): *The VarGoats Consortium VarGoats project: a dataset of 1159 whole-genome sequences to dissect Capra hircus global diversity*, In stampa.
- LV F.H., AGHA S., KANTANEN J., COLLI L., STUCKI S., KIJAS J.W., JOOST S., LI M.H., AJMONE MARSAN P. (2014): *Adaptations to climate-mediated selective pressures in sheep*, «Mol Biol Evol», 31, pp. 3324-3343.
- MASTRANGELO S., CIANI E., AJMONE MARSAN P., BAGNATO A., BATTAGLINI L., BOZZI R., CARTA A., CATILLO G., CASSANDRO M., CASU S., CIAMPOLINI R., CREPALDI P., D'ANDREA M., DI GERLANDO R., FONTANESI L., LONGERI M., MACCIOTTA N.P., MANTOVANI R., MARLETTA D., MATASSINO D., MELE M., PAGNACCO G., PIERAMATI C., PORTOLANO B., SARTI F.M., TOLONE M., PILLA F. (2018): *Conservation status and historical relatedness of Italian cattle breeds*, «Genet Sel Evol», 50, 35.
- MINOZZI, G., LAZZARI, B., DE IORIO, M.G., COSTA, C., CARPANA, E., CREPALDI, P., RIZZI, R., FACCHINI, E., GANDINI, G., STELLA, A. & PAGNACCO, G. (2021): *Whole-Genome Sequence Analysis of Italian Honeybees (Apis mellifera)*, «Animals», 11, 5.

- MUÑOZ, M., BOZZI, R., GARCÍA-CASCO, J., NÚÑEZ, Y., RIBANI, A., FRANCI, O., GARCÍA, F., ŠKRLEP, M., SCHIAVO, G., BOVO, S., UTZERI, V.J., CHARNECA, R., MARTINS, J.M., QUINTANILLA, R., TIBAU, J., MARGETA, V., DJURKIN-KUŠEC, I., MERCAT, M.J., RIQUET, J., ESTELLÉ, J., ZIMMER, C., RAZMAITE, V., ARAUJO, J.P., RADOVIĆ, Č., SAVIĆ, R., KAROLYI, D., GALLO, M., ČANDEK-POTOKAR, M., FERNÁNDEZ, A.I., FONTANESI, L. ÓVILO, C. (2019): *Genomic diversity, linkage disequilibrium and selection signatures in European local pig breeds assessed with a high density SNP chip*, «Scient Reports», 9:1, 13546.
- NICOLOSO L., BOMBA L., COLLI L., NEGRINI R., MILANESI M., MAZZA R., SECHI T., FRATTINI S., TALENTI A., COIZET B., CHESSA S., MARLETTA D., D'ANDREA M., BORDONARO S., PTAK G., CARTA A., PAGNACCO G., VALENTINI A., PILLA F., AJMONE-MARSAN P., CREPALDI P. (2015): *Genetic diversity of Italian goat breeds assessed with a medium-density SNP chip*, «Genet Sel Evol», 47, 62.
- PASSAMONTI M.M., ELISA SOMENZI, MARIO BARBATO, GIOVANNI CHILLEMI, LICIA COLLI, STÉPHANE JOOST, MARCO MILANESI, RICCARDO NEGRINI, MONIA SANTINI, ELIA VAJANA, JOHN LEWIS WILLIAMS AND PAOLO AJMONE-MARSAN (2021): *The Quest for Genes Involved in Adaptation to Climate Change in Ruminant Livestock*, «Animals», 11, 2833.
- ROVELLI G., CECCOBELLI S., PERINI F., DEMIRA E., MASTRANGELO S., CONTE G., ABENI F., MARLETTA D., CIAMPOLINI R., CASSANDRO M., BERNABUCCI U., LASAGNA E. (2020): *The genetics of phenotypic plasticity in livestock in the era of climate change: a review*, «Italian Journal of Animal Science», 19:1, pp. 997-1014.
- TOSCHI P., CAPRA E., ANZALONE D.A., LAZZARI B., TURRI F., PIZZI F., SCAPOLO P.A., STELLA A., WILLIAMS J.L., AJMONE MARSAN P., LOI P. (2020): *Maternal peri-conceptual undernourishment perturbs offspring sperm methylome*, «Reproduction», 159, pp. 513-523.
- WEYRICH A., LENZ D., JESCHEK M., CHUNG T.H., RÜBENSAM K., GÖRITZ F., JEWGENOW K., FICKEL J. (2016), *Paternal intergenerational epigenetic response to heat exposure in male Wild guinea pigs*, «Mol Ecol», 25, pp.1729-1740.
- ZHANG Y., XUE X., LIU Y., ABIED A., DING Y., ZHAO S., WANG W., MA L., GUO J., GUAN W., PU Y., MWACHARO J. M., HAN J., MA Y., ZHAO Q. (2021): *Genome-wide comparative analyses reveal selection signatures underlying adaptation and production in Tibetan and Poll Dorset sheep*, «Scientific Reports», 11, 2466.