



Fondo Europeo Agricolo
per lo Sviluppo Rurale:
l'Europa investe
nelle zone rurali



**Convegno Finale Progetto
DUALBREEDING 2
Trento 5 aprile 2024**

Indici genomici per le
razze Valdostane del
progetto Dualbreeding

Alessandro Bagnato





Fondo Europeo Agricolo
per lo Sviluppo Rurale:
l'Europa investe
nelle zone rurali



Maria G. Strillacci
Francesca Bernini
Raffaella Milanesi
Enrico Mancin
Cristina Sartori
Roberto Mantovani
Mario Vevey
Veruska Blanchet

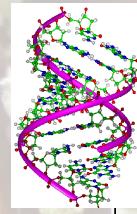


Selezione Fenotipica



1800s
Formation
of herdbooks

1906
“Genetics”



1953
Watson and
Crick



1977
DNA
sequenced

Genetica

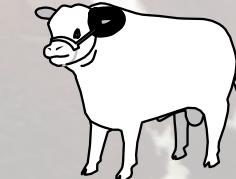


1991
'Halothane'
gene test

2003
Human
Genome
sequenced



2010s +
SNP Chips



2010s +
Male
Genotyping

2020s +
DNA
Sequencing

Genomica



1865/6
Mendel



1920s and 30s
Fisher, Lush and
others
Population
Genetics



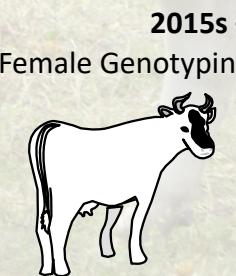
1970s +
Advances in
quantitative
analysis



2004
Chicken
genome
sequenced

2009
Genome
Sequence
T. Cattle

2012
Genome
Sequence
S. Scrofa



2015s +
Female Genotyping



UNIVERSITÀ
DEGLI STUDI
DI MILANO

divas
DIPARTIMENTO DI MEDICINA
VETERINARIA E SCIENZE ANIMALI

La genomica al servizio degli allevatori



- Il dato genomico di ogni soggetto (femmine e maschi) è un asset aziendale
 - E' un nuovo strumento di gestione della mandria → base dati fondamentale per il futuro;
- Utilizzabile per:
 - calcolare il gEBV dei tori e delle femmine per ogni carattere di interesse;
 - ottimizzare le scelte selettive e l'utilizzo del seme;
 - gestire la variabilità genomica e la consanguineità genomica;
 - correggere gli errori in anagrafica;
 - certificare i pedigree nella vendita di animali da vita;
 - gestire in modo ottimale le femmine portatrici di patologie genetiche;
 - selezionare varianti produttive in modo efficace (latte / carne).
- In un futuro prossimo.....
 - associare i dati raccolti dai sensori in azienda ai genotipi e prevedere le produzioni degli animali...
 - e tanto altro.



UNIVERSITÀ
DEGLI STUDI
DI MILANO

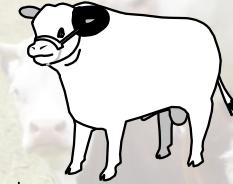


DIPARTIMENTO DI MEDICINA
VETERINARIA E SCIENZE ANIMALI

Genomica



2010s +
SNP Chips



2010s +
Male
Genotyping



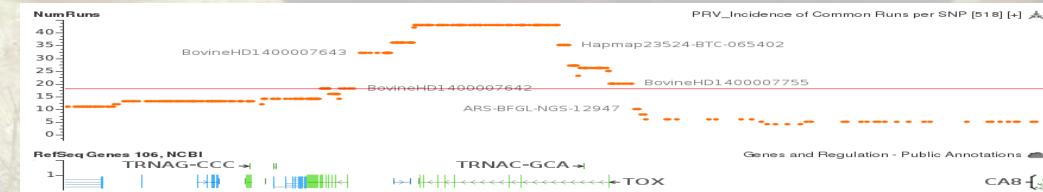
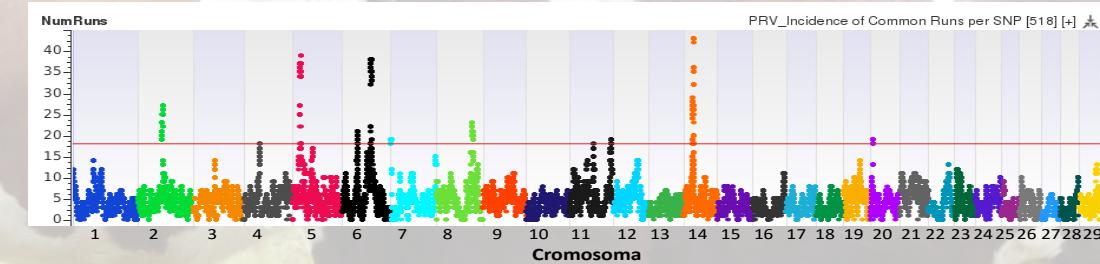
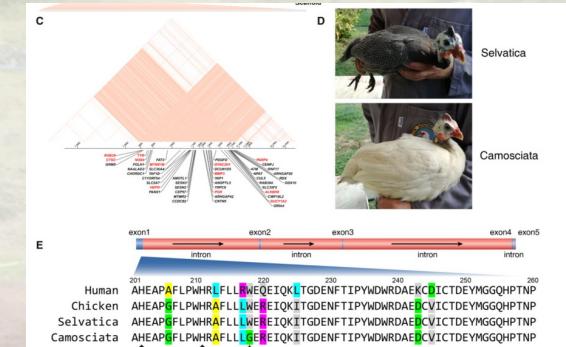
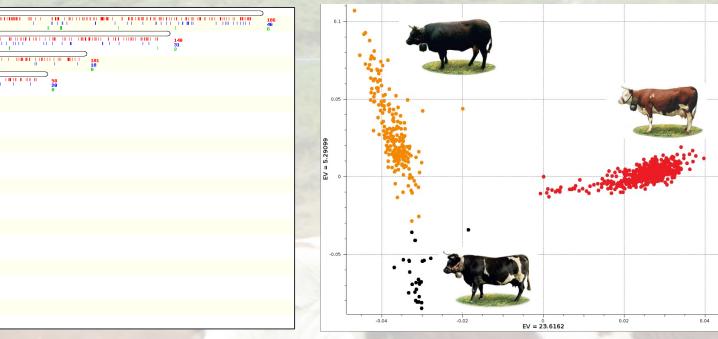
2012
Genome
Sequence
S. Scrofa



2015s +
Female Genotyping



2020s +
DNA
Sequencing



Copyright © 2001 by the Genetics Society of America

Prediction of Total Genetic Value Using Genome-Wide Dense Marker Maps

T. H. E. Meuwissen,* B. J. Hayes† and M. E. Goddard‡,‡

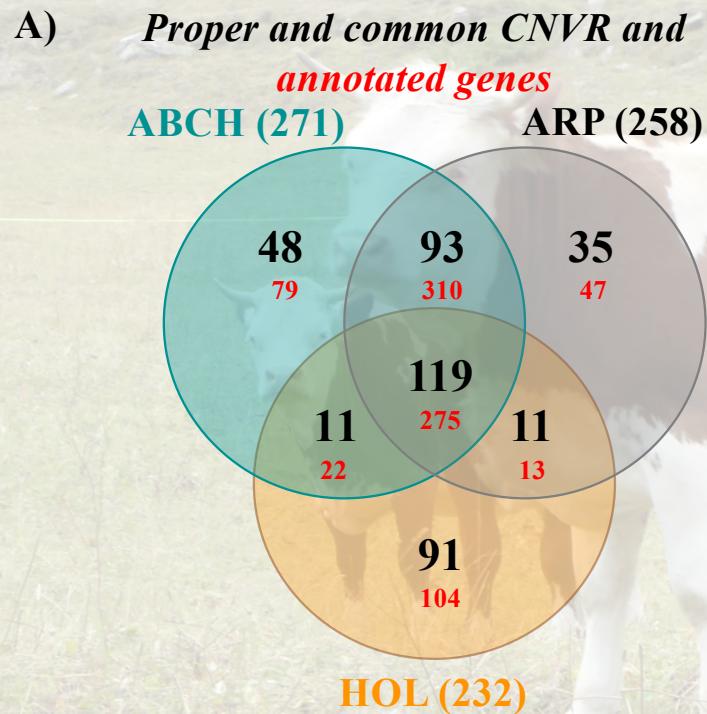
*Research Institute of Animal Science and Health, 8200 AB Lelystad, The Netherlands, †Victorian Institute of Animal Science, Attwood 3049, Victoria, Australia and ‡Institute of Land and Food Resources, University of Melbourne, Parkville 3052, Victoria, Australia



UNIVERSITÀ
DEGLI STUDI
DI MILANO



GENOMICA E BIODIVERSITÀ



B)

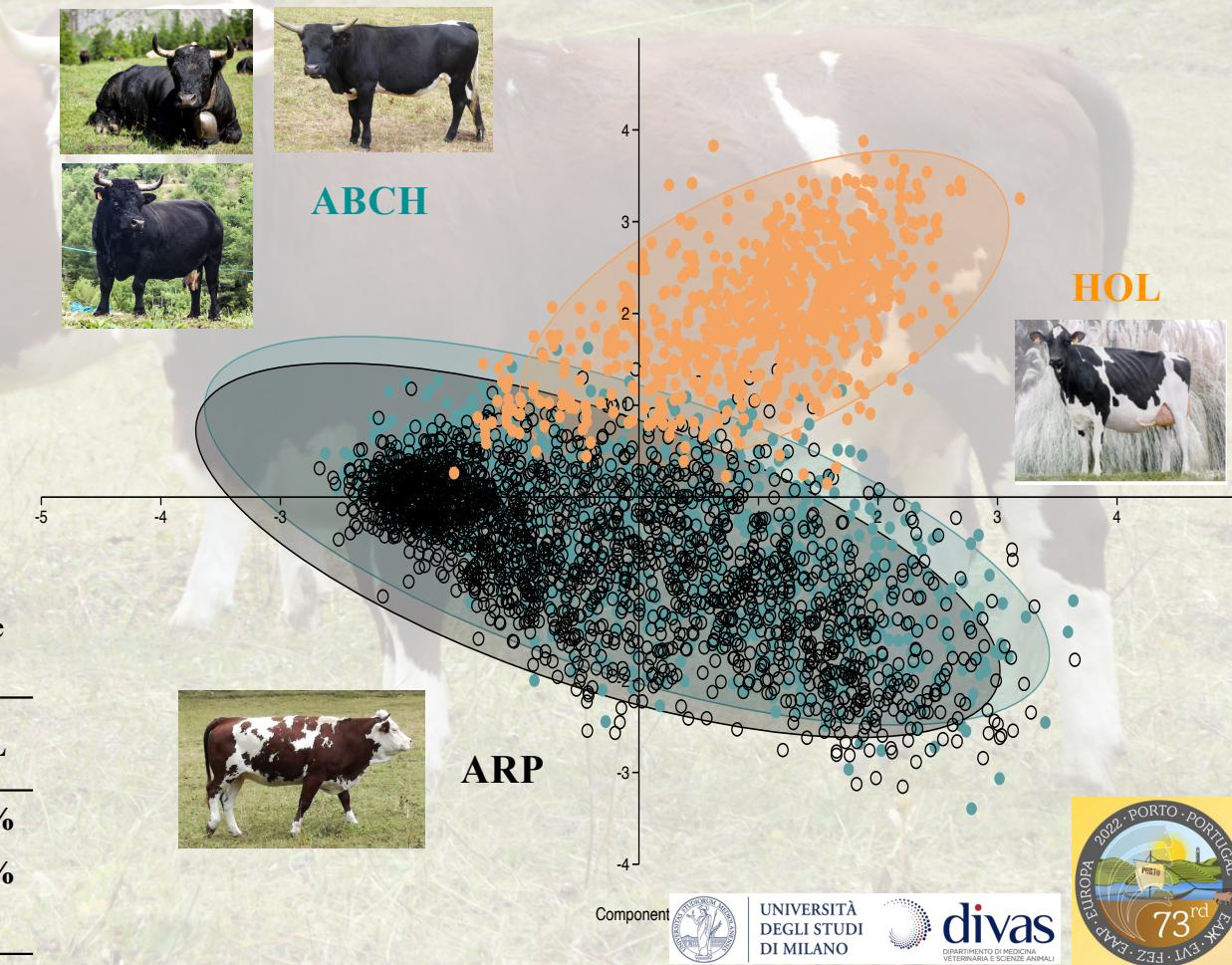


Table 4. Number of CNVR with annotated genes together with the proportions of genes shared among populations.

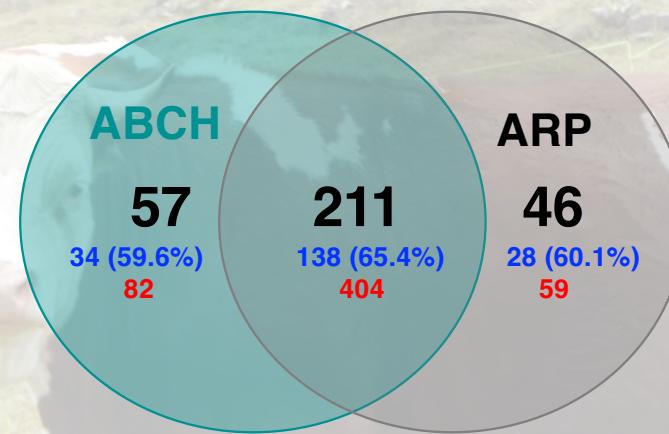
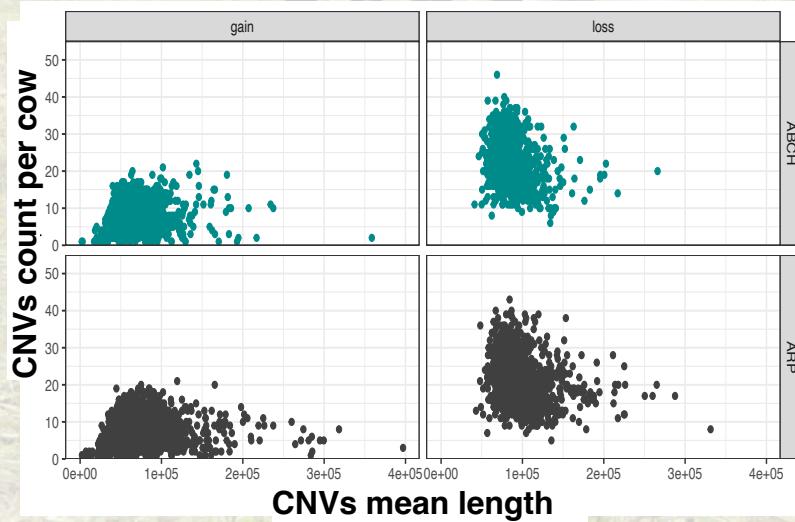
POP	CNVR with genes (% on total n.)	n. genes	ABC	ARP	HOL
ABC	176 (64.9%)	686		85.2%	43.3%
ARP	168 (65.1%)	645	90.6%		44.6%
HOL	154 (66.4%)	414	71.7%	69.5%	

GENOMICA E BIODIVERSITÀ

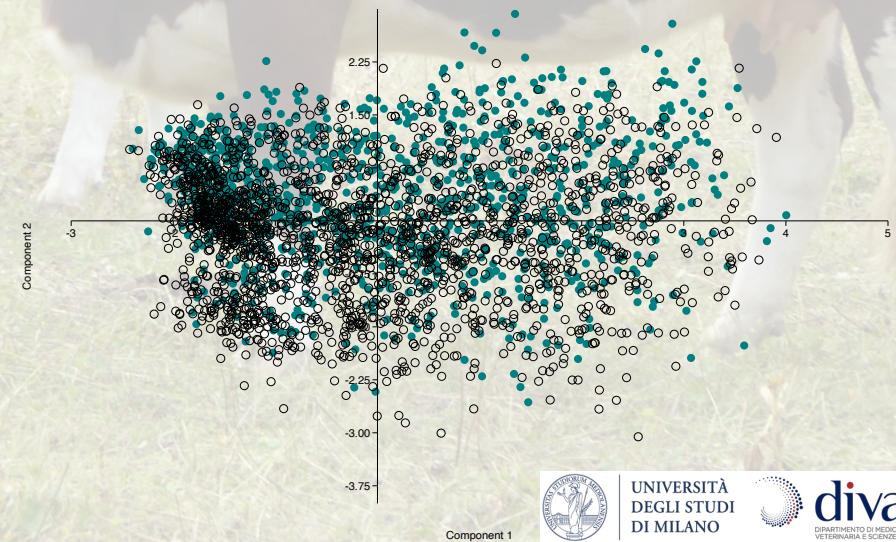


Summary of CNV statistics

Breed	ABCH	ARP
N. of samples	1044	2008
Tot CNVs number	31,565	55,923
Min - max CNVs per sample	10-50	9-50
Mean ± SD	30.23 ± 6.67	27.85 ± 6.71
N. of Loss	23,586	42,034
N. of Gain	7979	13,889
Loss/gain ratio	2.96	3.03
Min CNV length	1005	1005
Max CNV length	1,871,674	1,838,023
Mean CNV length	82,918	90,153



Proper and common CNVR
CNVR with annotated genes
Number of annotated genes

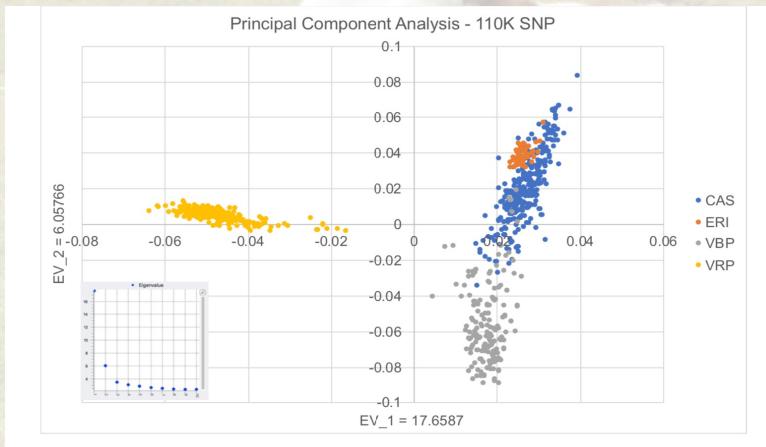


UNIVERSITÀ
DEGLI STUDI
DI MILANO



UN RISULTATO – CASTANA vs HEREN

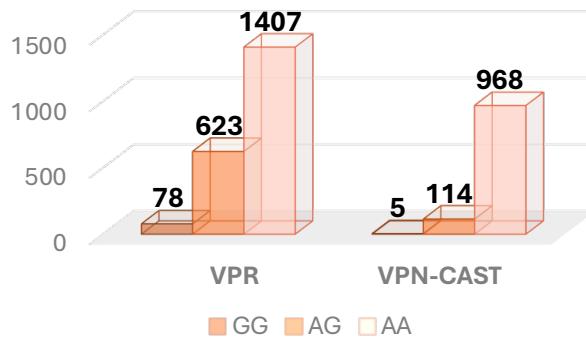
Similarità - differenze tra le popolazioni



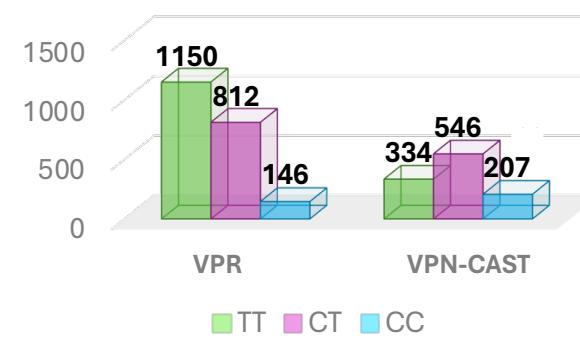
LOCI QUALITÀ CARNE



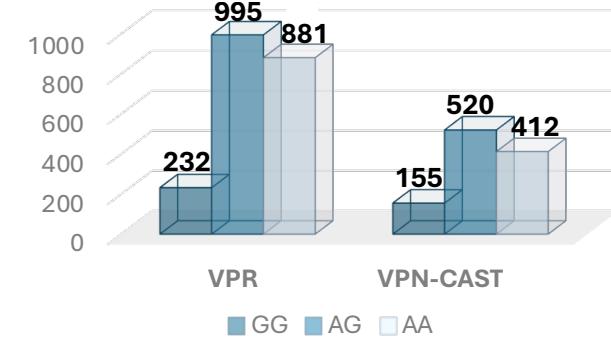
CALPASTATINA_2959



CALPAINA_4751



CALPASTATINA_2870



GENI che determinano le caratteristiche di tenerezza della carne



Con finanziamento → Studio specifico su carne delle carcasse Valdostane



UNIVERSITÀ
DEGLI STUDI
DI MILANO

divas
DIPARTIMENTO DI MEDICINA
VETERINARIA E SCIENZE ANIMALI

Dalla Selezione tradizionale alla Genomica

- **Variazione nei fenotipi (es. Produzione di Latte) determinata da:**
 - Differenze gestionali (ambiente)
 - Differenze genetiche: ogni individuo è geneticamente diverso dagli altri
- **Principio della selezione genomica:**
 - Legare la variabilità genetica a quella fenotipica
 - Usare questa informazione (conoscenza delle differenze genetiche) per selezionare gli individui

Copyright © 2001 by the Genetics Society of America

Prediction of Total Genetic Value Using Genome-Wide Dense Marker Maps

T. H. E. Meuwissen,* B. J. Hayes[†] and M. E. Goddard^{†,‡}

*Research Institute of Animal Science and Health, 8200 AB Lelystad, The Netherlands, [†]Victorian Institute of Animal Science, Attwood 3049, Victoria, Australia and [‡]Institute of Land and Food Resources, University of Melbourne, Parkville 3052, Victoria, Australia

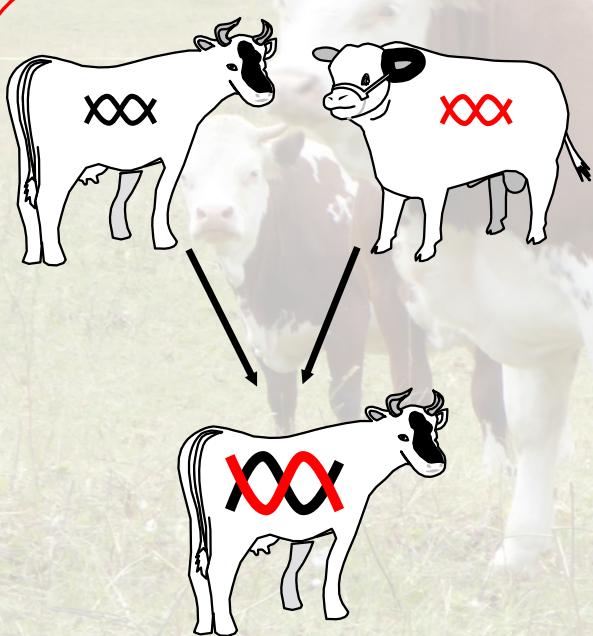


UNIVERSITÀ
DEGLI STUDI
DI MILANO

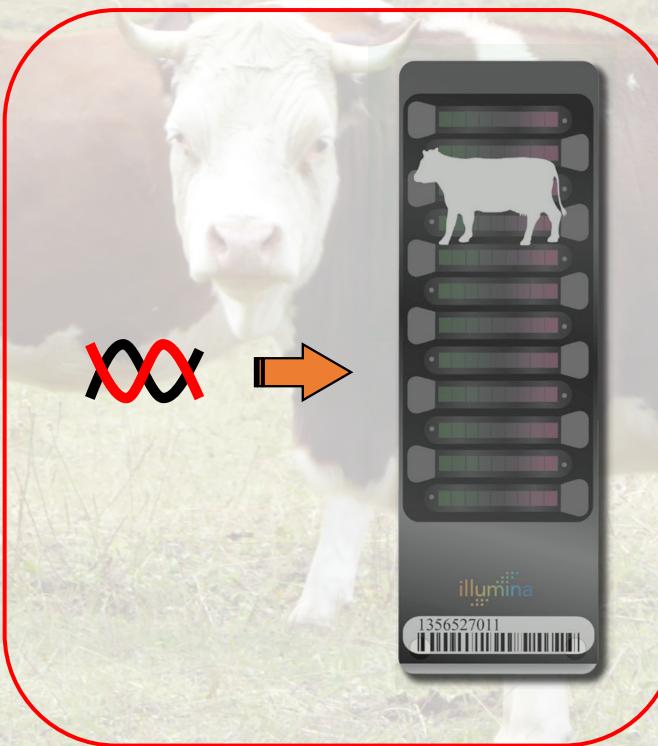
divas
DIPARTIMENTO DI MEDICINA
VETERINARIA E SCIENZE ANIMALI



Dalla Genetica alla Genomica



Genetica



Genomica



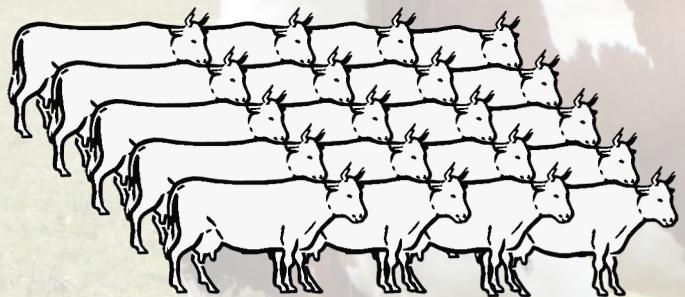
Tecnologia
↓
Innovazione
↓
Rivoluzione



UNIVERSITÀ
DEGLI STUDI
DI MILANO
divas
DIPARTIMENTO DI MEDICINA
VETERINARIA E SCIENZE ANIMALI

Il principio della Selezione Genomica

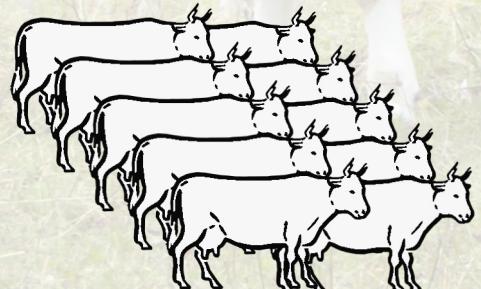
Training population



EBV sul Fenotipo
+
Genotipo a
migliaia di marcatori

Equazioni di
predizione

Application population



Equazioni di predizione
+
Genotipo a
migliaia di marcatori

gEBV

LA GENOMICA PER GLI ALLEVATORI

SELEZIONE GENOMICA

COMBATTIVITÀ



Vincitrici



GENE 1
GENE 2
GENE 3

Training population

Equazioni di predizione

GENE 25
GENE 30
GENE 105

PRODUZIONE



Alta



+

Application population

Equazioni di predizione



gEBV



UNIVERSITÀ
DEGLI STUDI
DI MILANO

divas
DIPARTIMENTO DI MEDICINA
VETERINARIA E SCIENZE ANIMALI

LA GENOMICA PER GLI ALLEVATORI

SELEZIONE GENOMICA



Copyright © 2001 by the Genetics Society of America

J. Anim. Breed. Genet. ISSN 0931-2668

Prediction of Total Genetic Value Using Genome-Wide Dense Marker Maps

T. H. E. Meuwissen,* B. J. Hayes† and M. E. Goddard‡,§

*Research Institute of Animal Science and Health, 8200 AB Lelystad, The Netherlands, †Victorian Institute of Animal Science, Attwood 3049, Victoria, Australia and ‡Institute of Land and Food Resources, University of Melbourne, Parkville 3052, Victoria, Australia

ORIGINAL ARTICLE

Strategy for applying genome-wide selection in dairy cattle

L.R. Schaeffer

Department of Animal and Poultry Science, Centre for Genetic Improvement of Livestock, University of Guelph, Guelph, ON, Canada

Table 4. Yearly unit change in mean genomic predicted breeding values (\overline{PBV}) before and after genomic evaluations for Holstein and Jersey bulls¹

Item	2000	2008	Before genomic selection yearly unit change	2009	2017	After genomic selection yearly unit change	Change (%)
Holstein bulls							
Milk (kg)	-285.00	27.00	34.71	126.07	687.00	62.30	79.49
Fat (kg)	-15.96	1.73	1.97	-0.96	43.52	4.94	151.55
Protein (kg)	-8.80	0.03	0.98	1.90	27.70	2.87	192.25
SCS	6.20	6.00	-0.02	6.00	5.70	-0.03	50.00
Productive life (mo)	-5.00	-0.40	0.51	0.20	7.10	0.77	50.10
Daughter pregnancy rate (%)	-2.40	-1.80	0.07	-1.20	0.10	0.14	114.93

Changes in genetic trends in US dairy cattle since the implementation of genomic selection

F.L. Guinan et al. 2023, JDS



UNIVERSITÀ
DEGLI STUDI
DI MILANO

divas
DIPARTIMENTO DI MEDICINA
VETERINARIA E SCIENZE ANIMALI

VALDOSTANA

- Circa 10.000 genotipi di maschi e femmine
- Ad oggi 48 tori sequenziati



GENOVAL
Stima del valore riproduttivo genomico
nella popolazione bovina Valdostana
autoctona delle Alpi
Ottobre 2023 - Ottobre 2025
Gli obiettivi del progetto sono:

- Identificare le varianti genetiche che caratterizzano in modo univoco la popolazione bovina Valdostana.
- Sviluppare indici genomici per la selezione della popolazione bovina Valdostana.

Finanziato da: MUR-PRIN 2022
Progetto: 2022F43HIVL

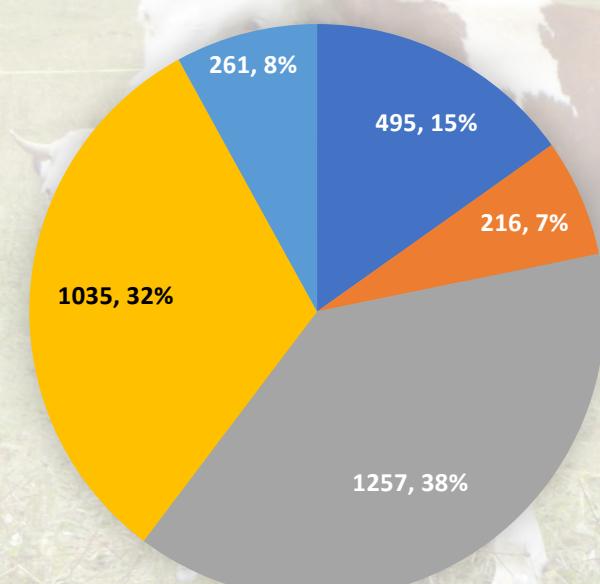


UNIVERSITÀ
DEGLI STUDI
DI MILANO

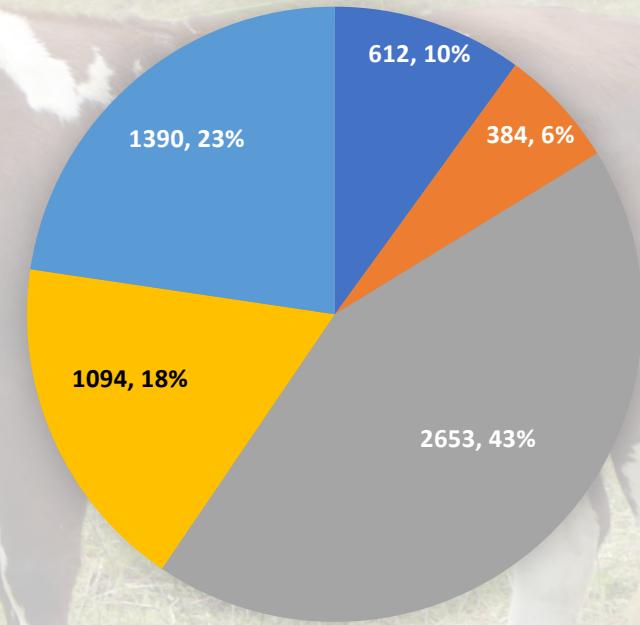


Training Population - Genotipi

VPN - Dati usati: 3264



VPR - Dati usati: 4949



Enrico Mancin - UNIPD

Tori con figlie con record : 495

Tori senza figlie con record o no figlie : 216

Vacche con record di lactation: 1257

Madri non record : 1035

Manze (femmine senza record): 261

Tori con figlie con record : 612

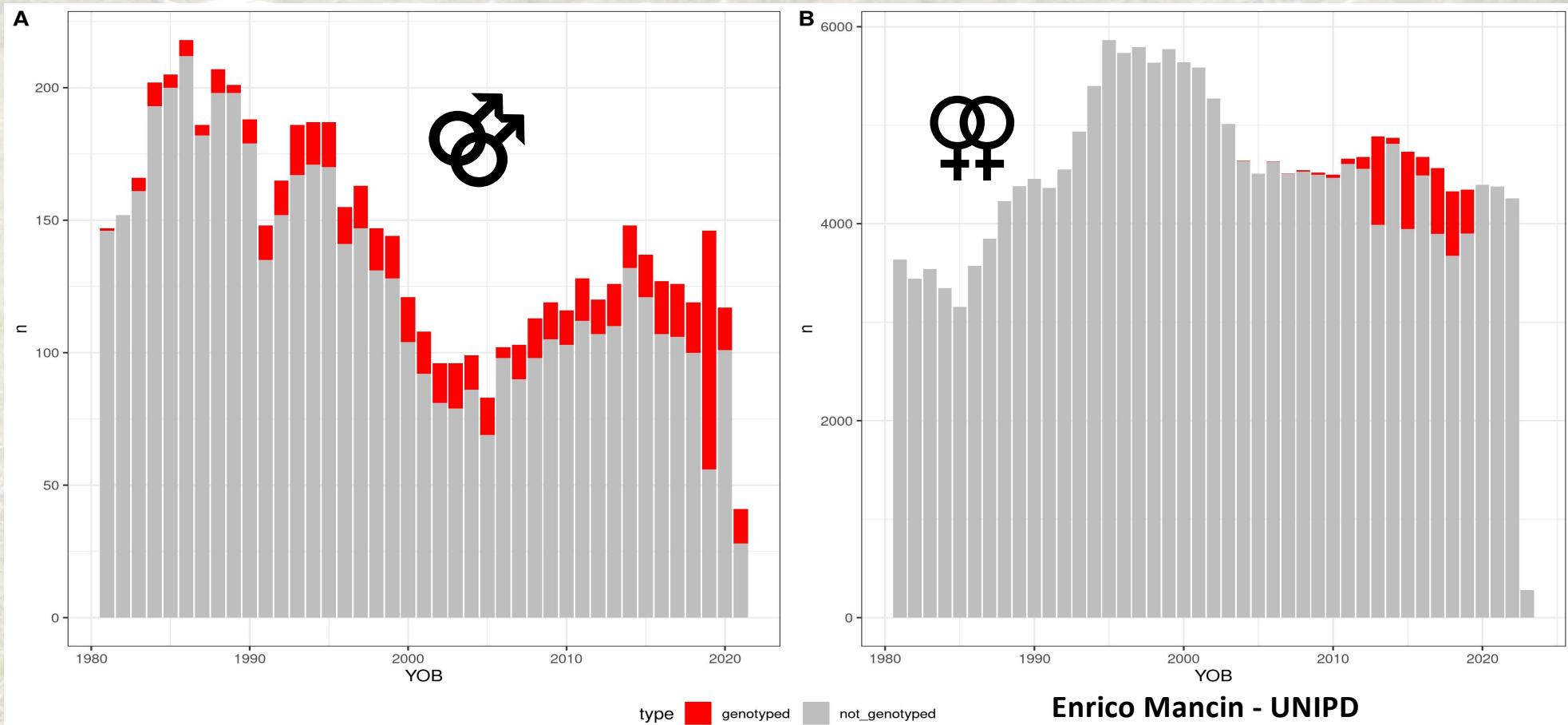
Tori senza figlie con record o no figlie : 384

Vacche con record di lactation: 2653

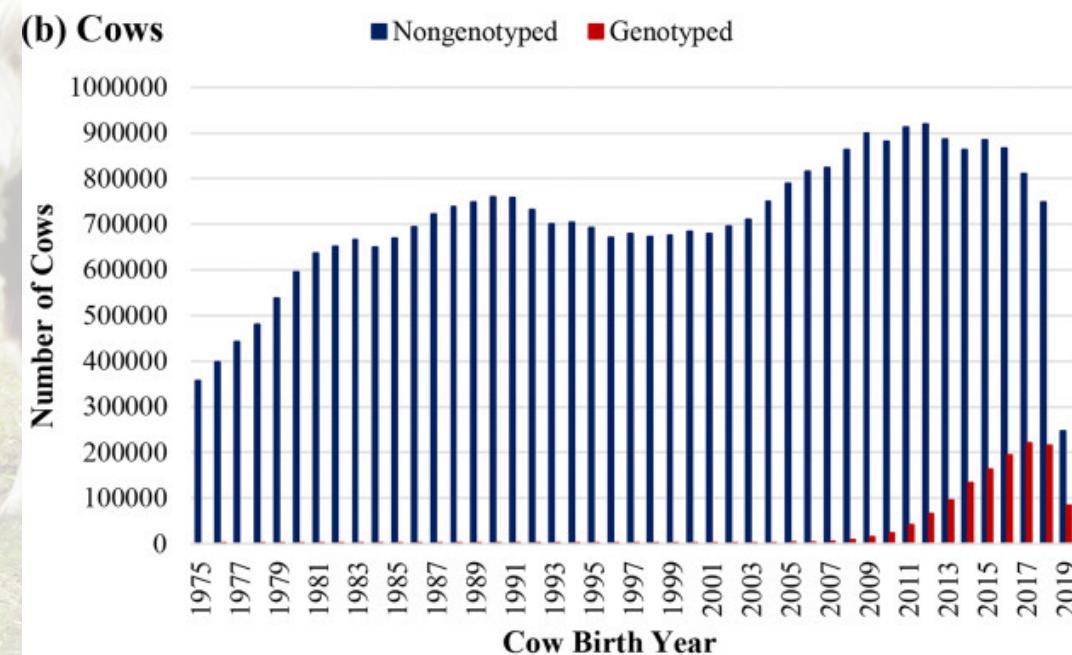
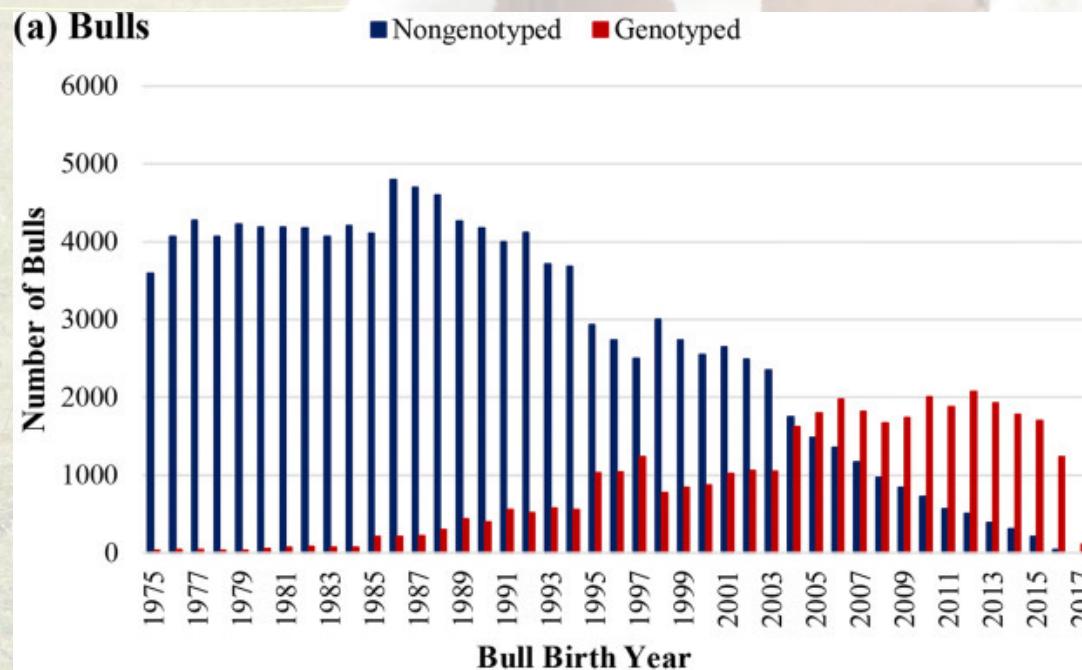
Madri non record :1094

Femmine senza record(Manze): 1390

Popolazione Valdostana - Genotipi



Holstein Population - Genotipi



Changes in genetic trends in US dairy cattle since the implementation of genomic selection

F.L. Guinan et al. 2023, JDS



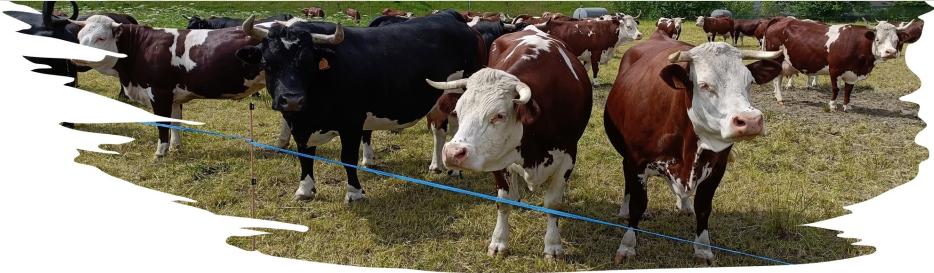
Popolazione Valdostana - Selezione Genomica

Una prima elaborazione sui dati

N Figlie	Acc_g	Sd_g	Acc_p	Sd_p
0	0.523	0.127	0.465	0.142
1	0.751	0.0743	0.725	0.111
2	0.748	0.117	0.704	0.133
3	0.743	0.0603	0.730	0.103
4	0.788	0.0934	0.786	0.103

Enrico Mancin - UNIPD

Valdostana – Sequenze

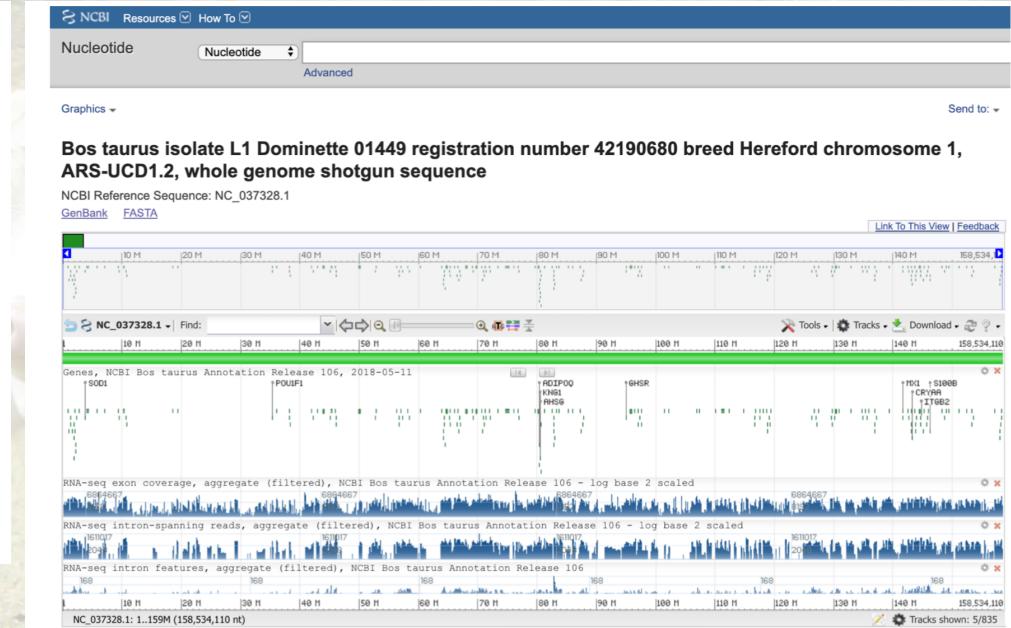


Dissecting the genetic diversity of the Aosta cattle

Francesca Bernini

A.N.A.Bo.Ra.Va.

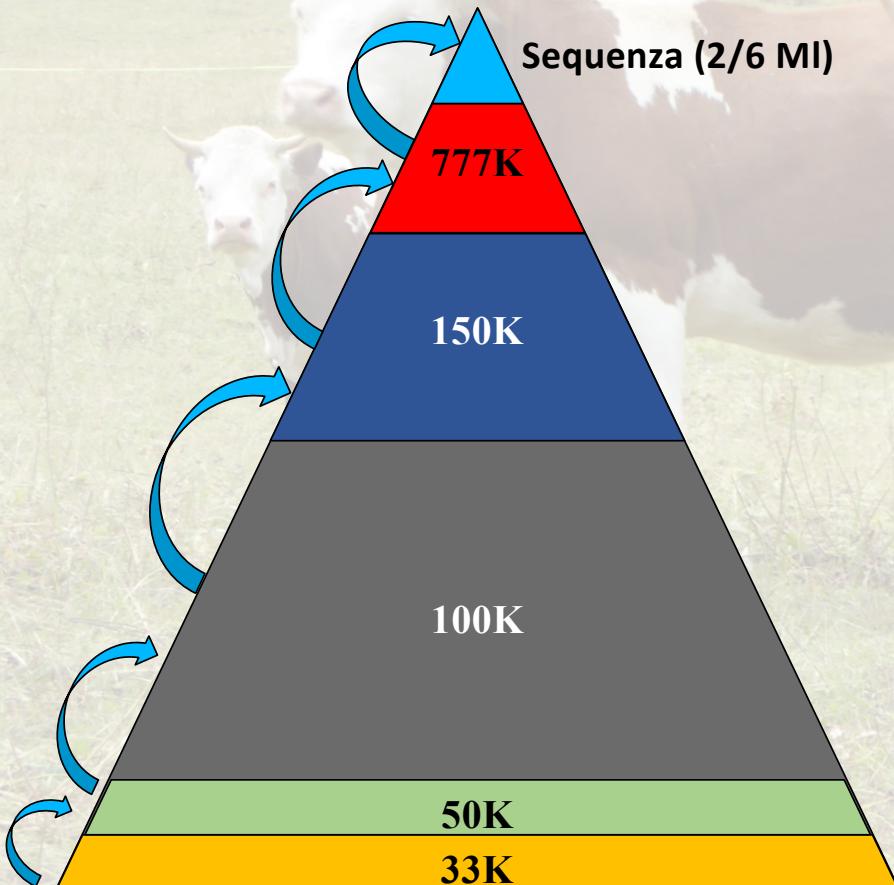
*CBHG Data Club Seminar
February 15th*



Bernini et al. -- EAAP Firenze 2024

	SNP	InDels	SV	CNV
Media	6.085.595	803.381	20.956	8022

Valdostana – Imputazione



Maggiore il numero di SNP che consideriamo sul genoma



Migliore la stima che possiamo fare



UNIVERSITÀ
DEGLI STUDI
DI MILANO

divas
DIPARTIMENTO DI MEDICINA
VETERINARIA E SCIENZE ANIMALI

LA GENOMICA NELLA VALDOSTANA

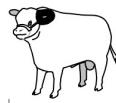
Quantomics → DUALBREEDING → Progetti UNIPD → PNRR → GENOVAL
Un INVESTIMENTO per il futuro della razza



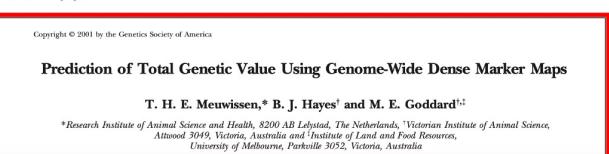
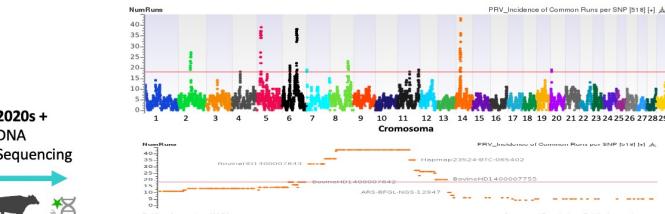
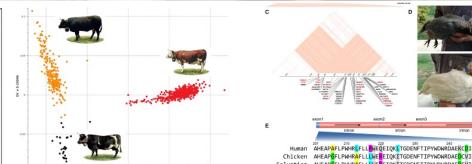
Genomica



2010s +
SNP Chips



2015s +
Female Genotyping



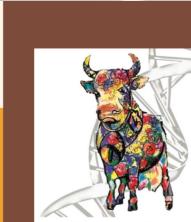
GENOVAL

Stima del valore riproduttivo genomico
nella popolazione bovina Valdostana
autoctona delle Alpi

Ottobre 2023 - Ottobre 2025

Gli obiettivi del progetto sono:

- Identificare le varianti genetiche che caratterizzano in modo univoco la popolazione bovina Valdostana.
- Sviluppare indici genetici per la selezione della popolazione bovina Valdostana.



Finanziato da: MUR-PRIN 2022
Progetto: 2022F43HWL



UNIVERSITÀ
DEGLI STUDI
DI MILANO

divas
DIPARTIMENTO DI MEDICINA
VETERINARIA E SCIENZE ANIMALI



DAFNAE
Dipartimento di Agronomia
Alimenti, Risorse naturali,
Animali e Ambiente