



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 Milanese  
Enrico Mancin  
Cristina Sartori  
Roberto Mantovani  
Mario Vevey  
Veruska Blanchet



# Selezione Fenotipica

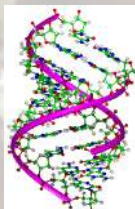
# Genetica

# Genomica



**1800s**  
Formation of herdbooks

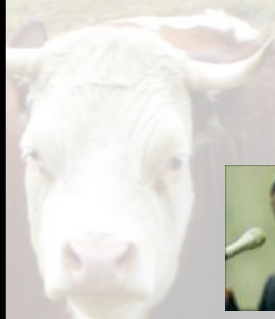
**1906**  
"Genetics"



**1953**  
Watson and Crick



**1977**  
DNA sequenced



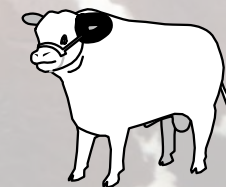
**1991**  
'Halothane' gene test



**2003**  
Human Genome sequenced



**2010s +**  
SNP Chips



**2010s +**  
Male Genotyping

**2020s +**  
DNA Sequencing

**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



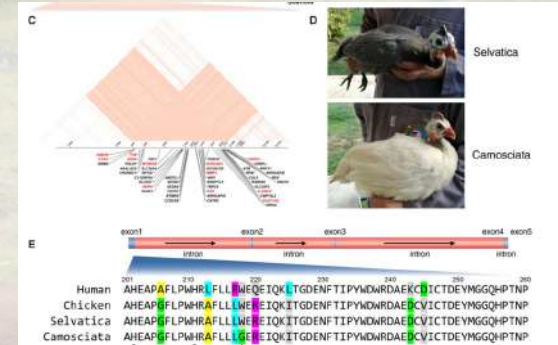
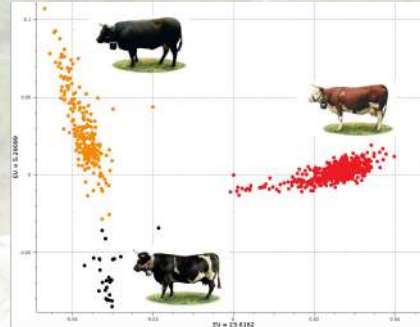
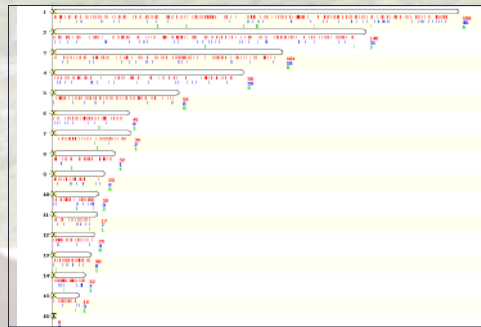
# La genomica al servizio degli allevatori



- **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.



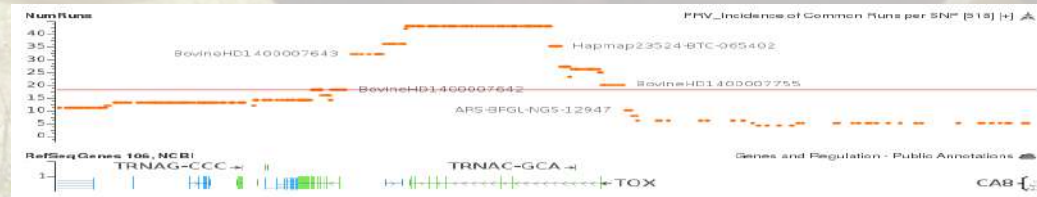
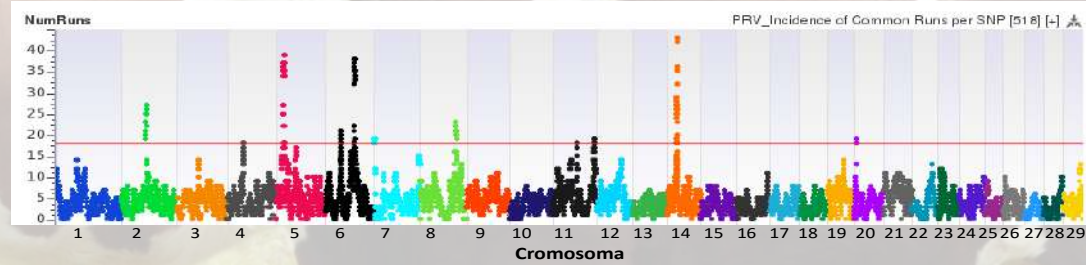
# Genomica



2010s +  
SNP Chips

2010s +  
Male  
Genotyping

2020s +  
DNA  
Sequencing



2012  
Genome  
Sequence  
S. Scrofa

2015s +  
Female Genotyping



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<sup>†</sup> and M. E. Goddard<sup>†,‡</sup>

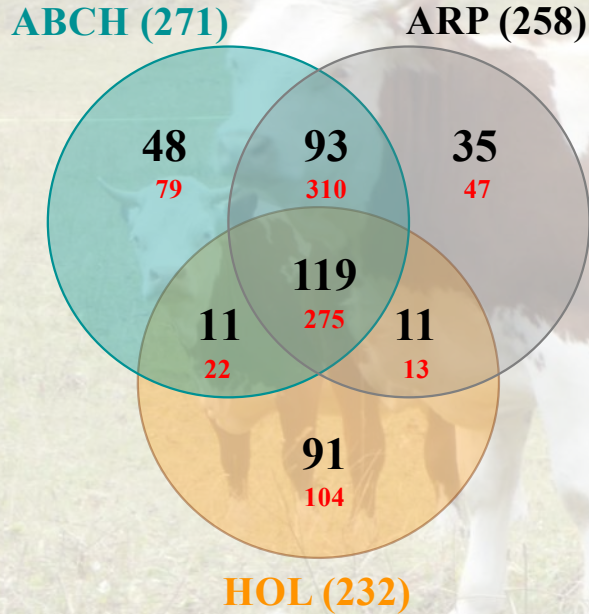
\*Research Institute of Animal Science and Health, 8200 AB Lelystad, The Netherlands, <sup>†</sup>Victorian Institute of Animal Science, Attwood 3049, Victoria, Australia and <sup>‡</sup>Institute of Land and Food Resources, University of Melbourne, Parkville 3052, Victoria, Australia



# GENOMICA E BIODIVERSITÀ



A) Proper and common CNVR and annotated genes



B)

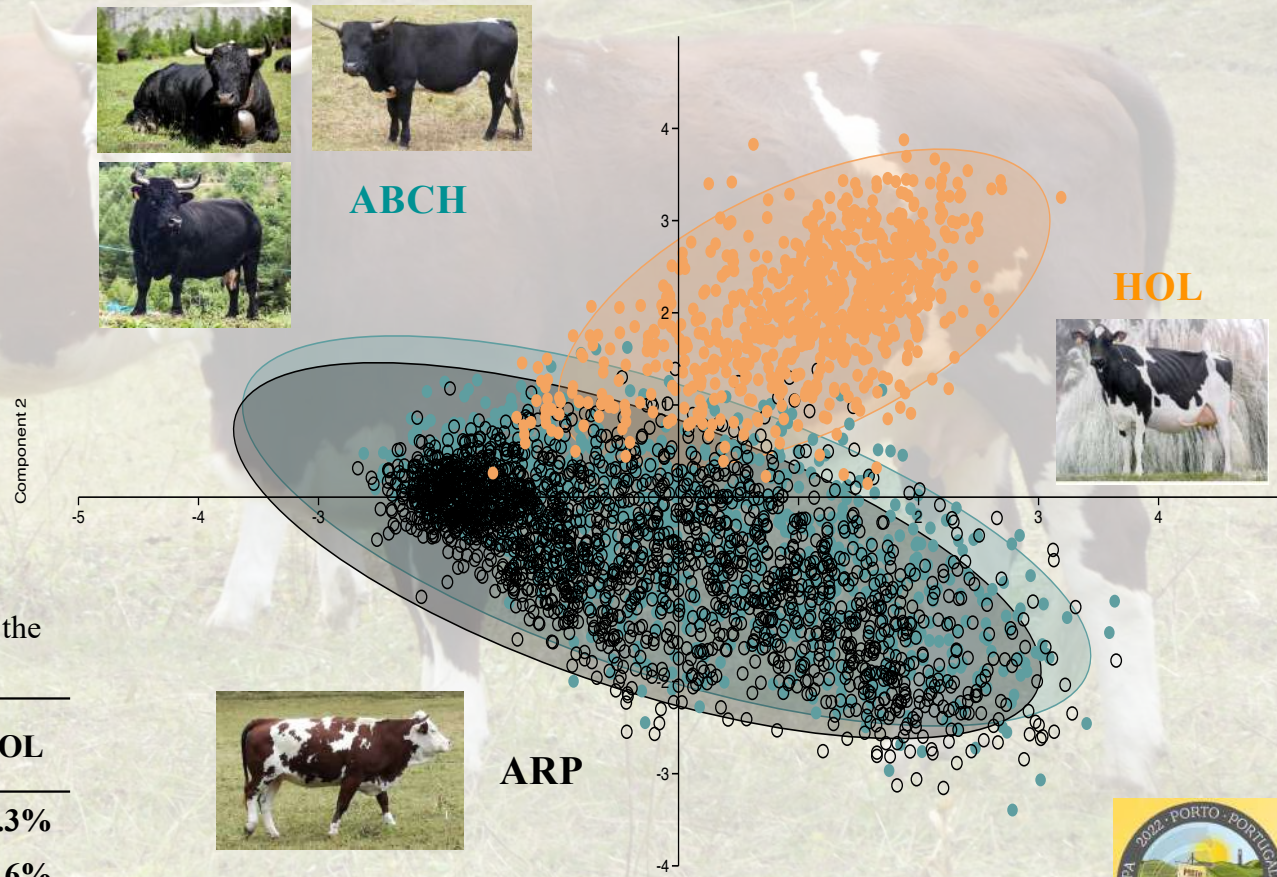


Table 4. Number of CNVR with annotated genes together with the proportions of genes shared among populations.

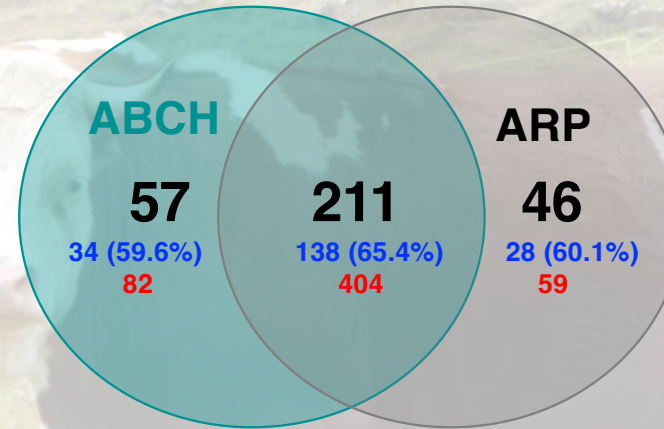
POP	CNVR with genes (% on total n.)	n. genes	ABCH	ARP	HOL
ABCH	176 (64.9%)	686		85.2%	43.3%
ARP	168 (65.1%)	645	90.6%		44.6%
HOL	154 (66.4%)	414	71.7%	69.5%	

# GENOMICA E BIODIVERSITÀ

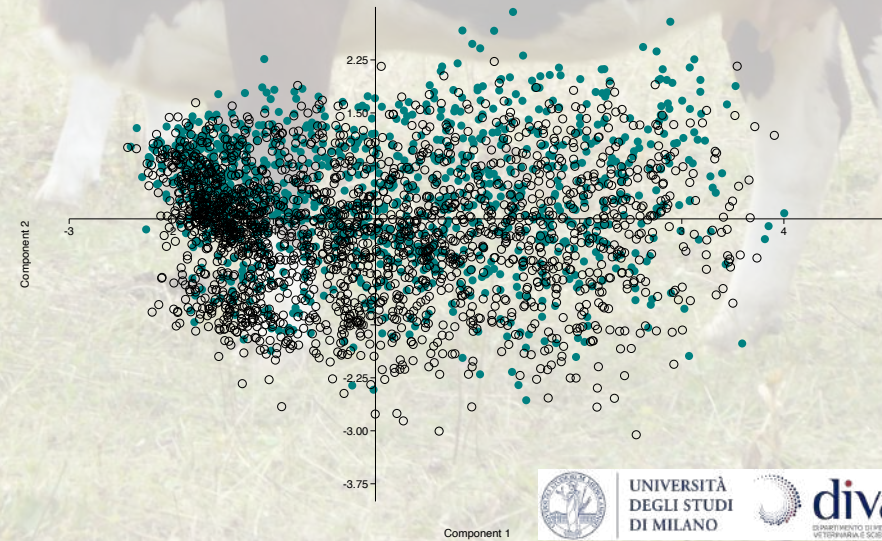
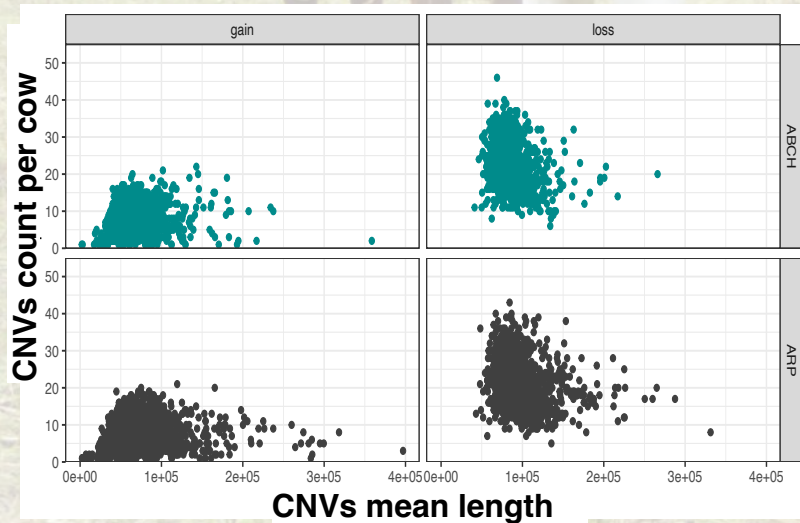


## Summary of CNV statistics

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 $\pm$ SD	30.23 $\pm$ 6.67	27.85 $\pm$ 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

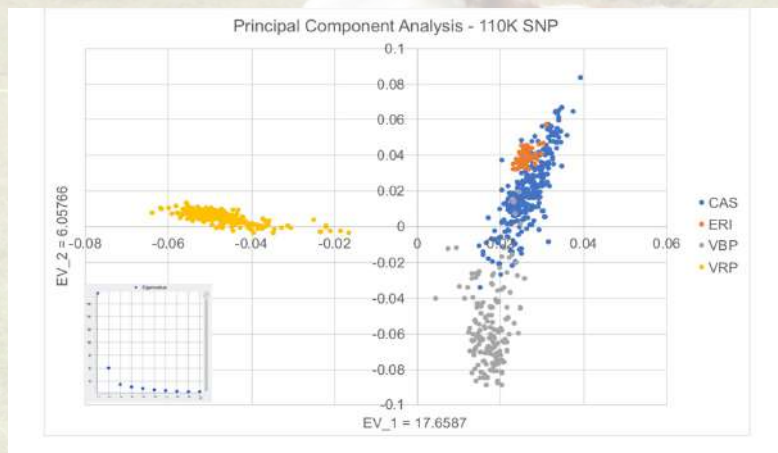


divas  
DIPARTIMENTO DI SCIENZE  
VETERINARIE E SCIENZE ANIMALI

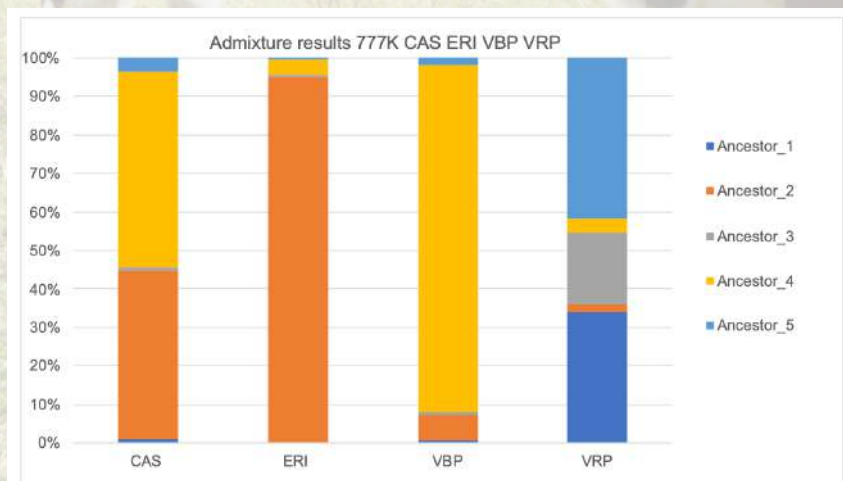


# UN RISULTATO – CASTANA vs HEREN

Similarità - differenze tra le popolazioni



Reciprocità tra Libro genealogico  
Heren / Castana



UNIVERSITÀ  
DEGLI STUDI  
DI MILANO

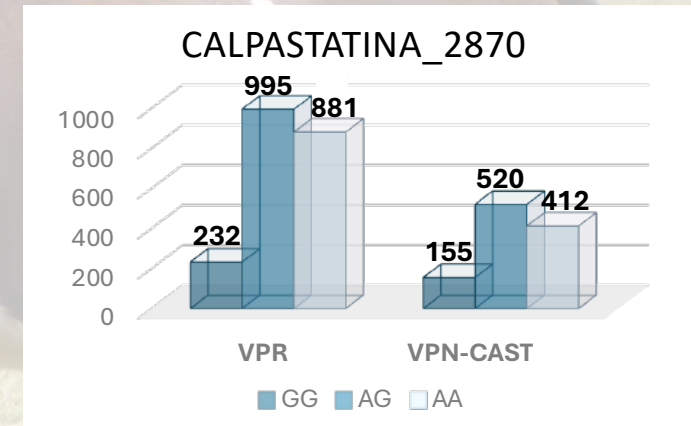
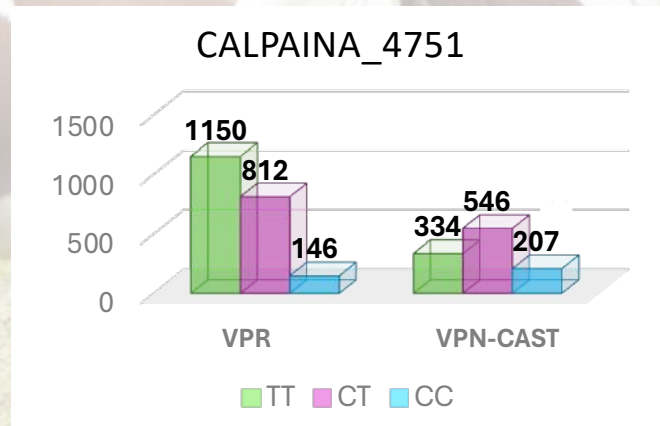
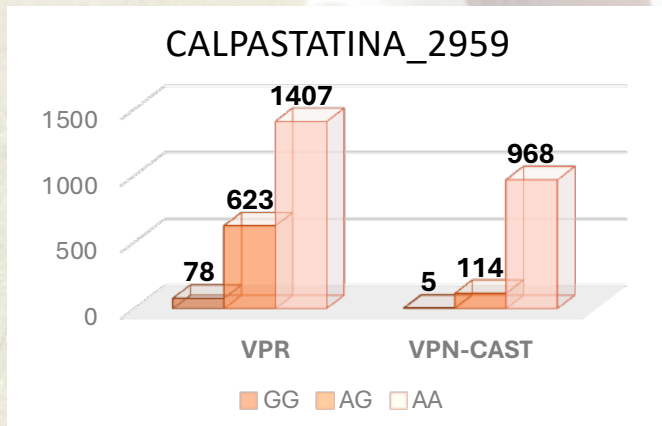


divas  
DIPARTIMENTO DI MEDICINA  
VETERINARIA E SCIENZE ANIMALI





# LOCI QUALITÀ CARNE



GENI che determinano le caratteristiche di tenerezza della carne



Con finanziamento → Studio specifico su carne delle carcasse Valdostane



UNIVERSITÀ  
DEGLI STUDI  
DI MILANO



# 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<sup>†</sup> and M. E. Goddard<sup>†,‡</sup>

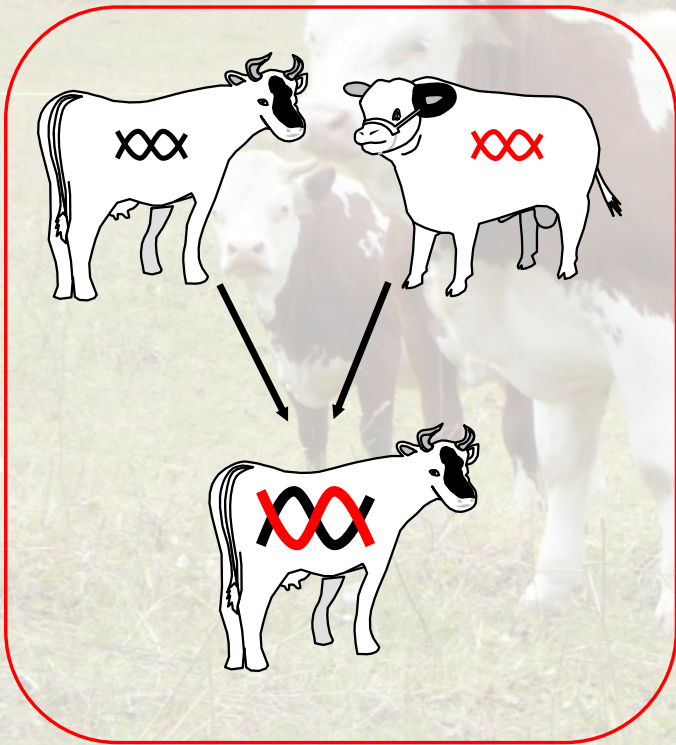
\*Research Institute of Animal Science and Health, 8200 AB Lelystad, The Netherlands, <sup>†</sup>Victorian Institute of Animal Science, Attwood 3049, Victoria, Australia and <sup>‡</sup>Institute of Land and Food Resources, University of Melbourne, Parkville 3052, Victoria, Australia



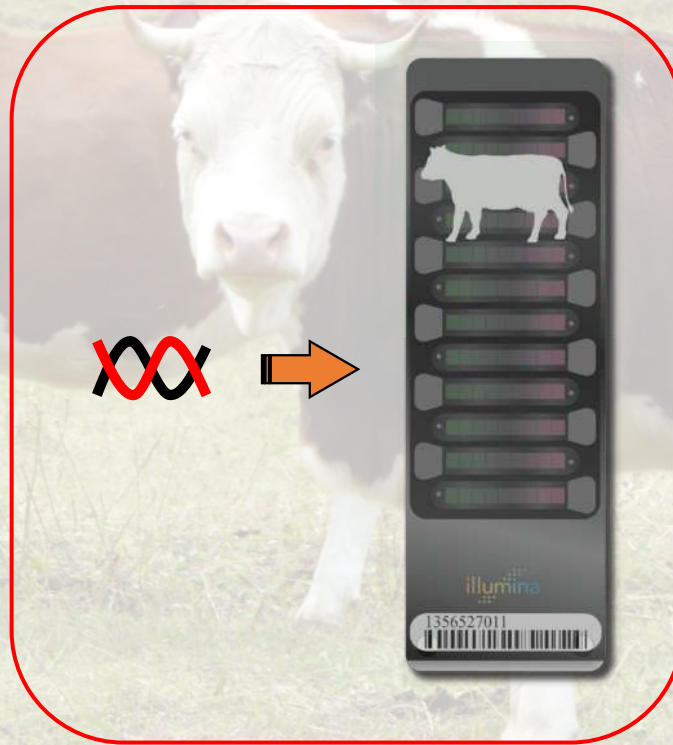
UNIVERSITÀ  
DEGLI STUDI  
DI MILANO



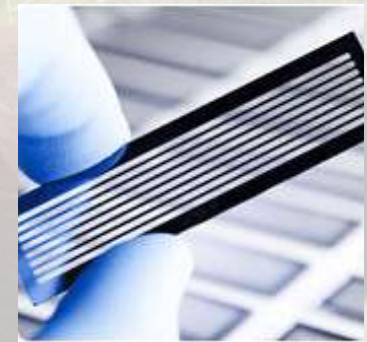
# Dalla Genetica alla Genomica



**Genetica**



**Genomica**



**Tecnologia**



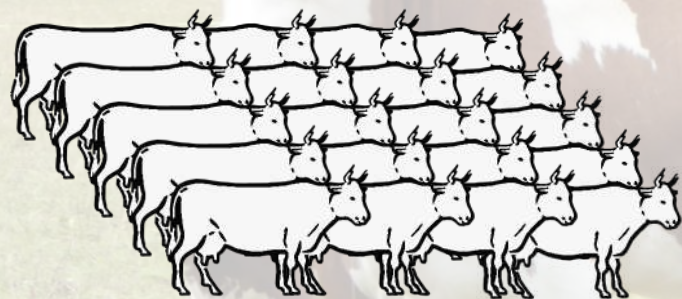
**Innovazione**



**Rivoluzione**

# Il principio della Selezione Genomica

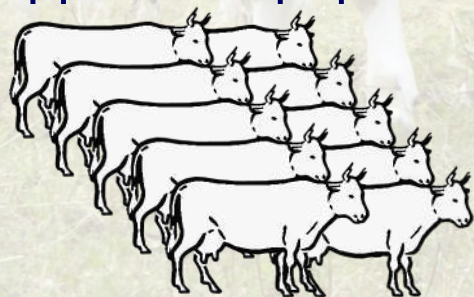
Training population



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**

# 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<sup>†</sup> and M. E. Goddard<sup>†‡</sup>

\*Research Institute of Animal Science and Health, 8200 AB Leystad, The Netherlands, <sup>†</sup>Victorian Institute of Animal Science, Attwood 3049, Victoria, Australia and <sup>‡</sup>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 bulls<sup>1</sup>

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

# VALDOSTANA

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



UNIPD



**GENOVAL**

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

Ottobre 2023 - Ottobre 2025

Gli obiettivi del progetto sono:

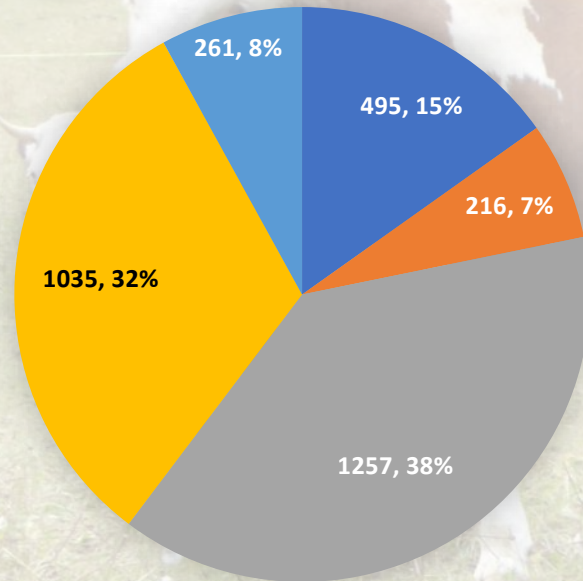
- Identificare le varianti genetiche che caratterizzano in modo univoco la popolazione bovina Valdostana.
- Sviluppare indici genomici per la selezione della popolazione bovina Valdostana.

Finanziato da: MUR-PRIN 2022  
Progetto: 2022F43HWL



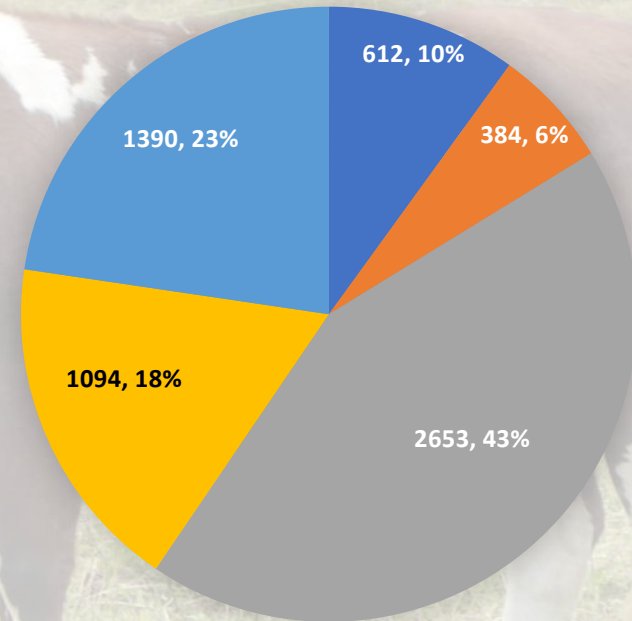
# Training Population - Genotipi

VPN - Dati usati: 3264



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

VPR - Dati usati: 4949

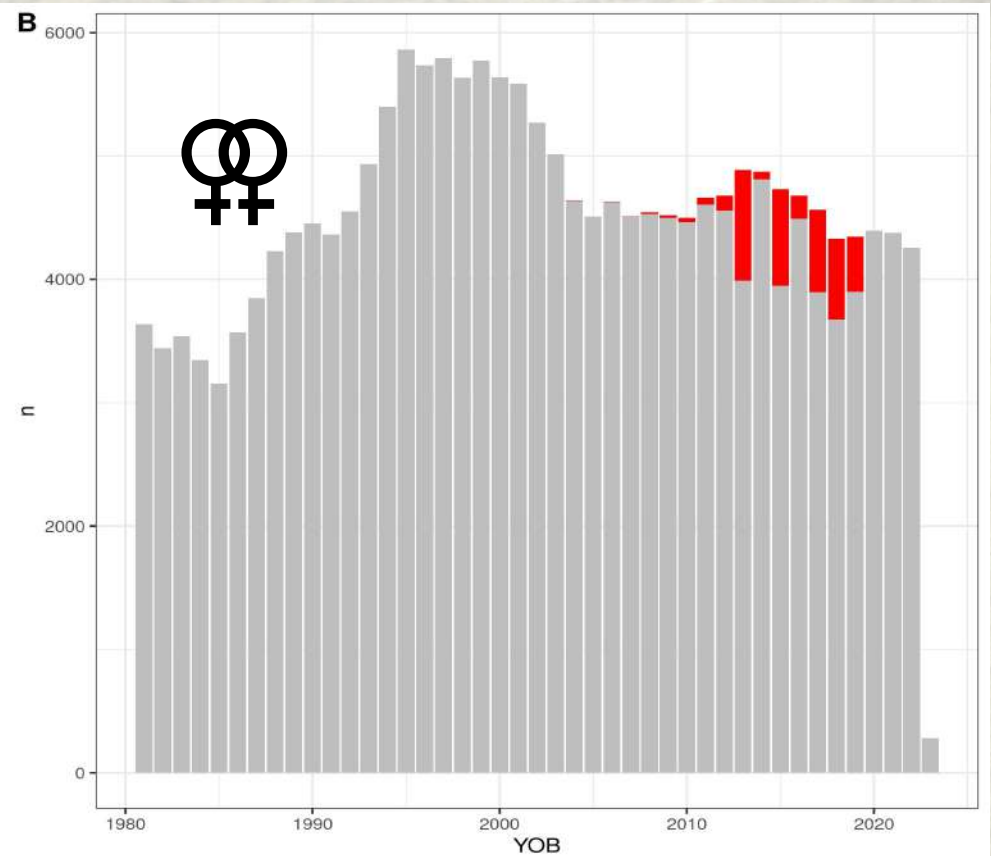
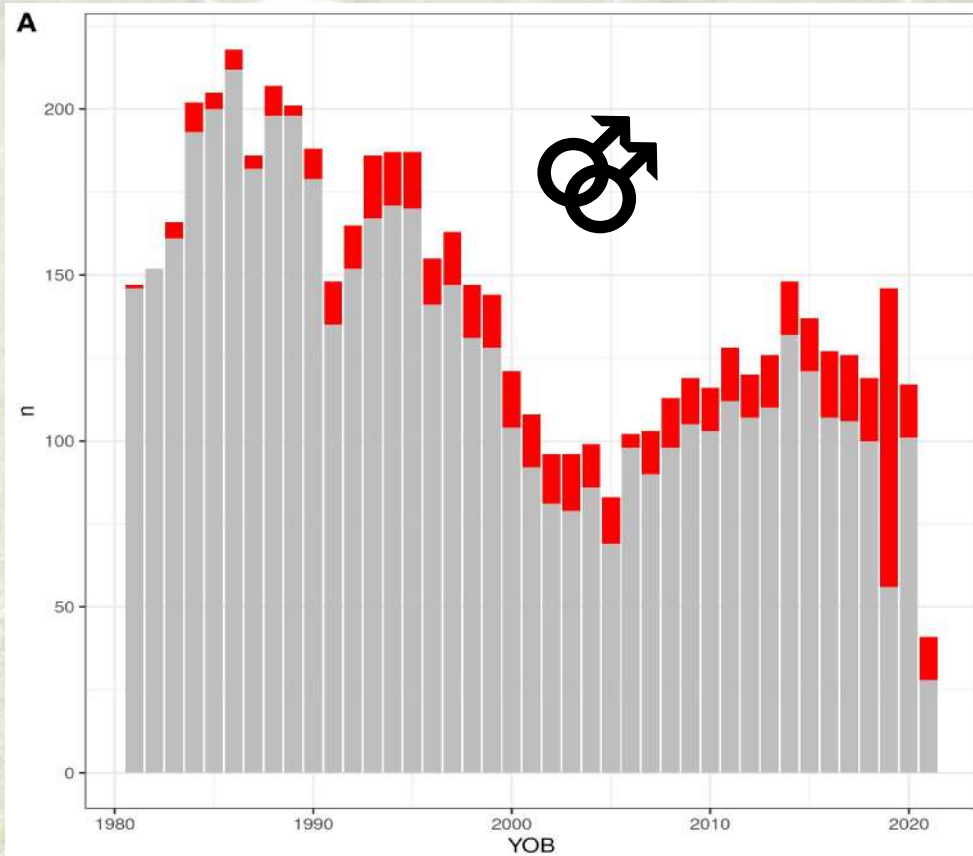


Tori con figlie con record : 612  
 Tori senza figlie con record o no figlie : 384  
 Vacche con record di lactation: 2653  
 Madri non record : 1094  
 Femmine senza record(Manze): 1390

Enrico Mancin - UNIPD



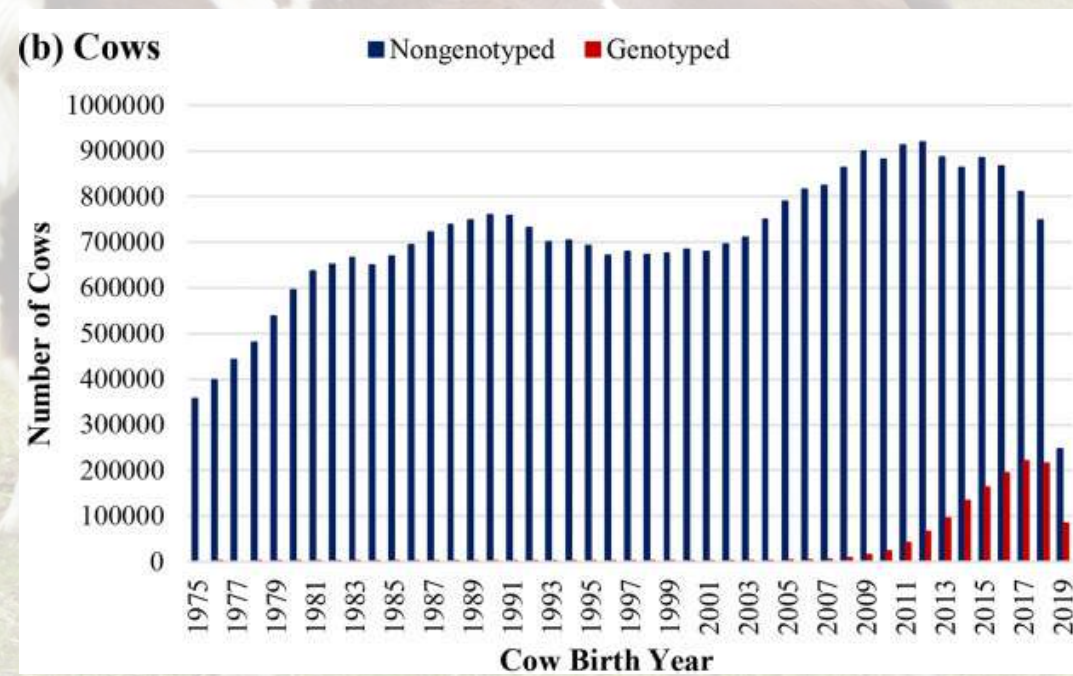
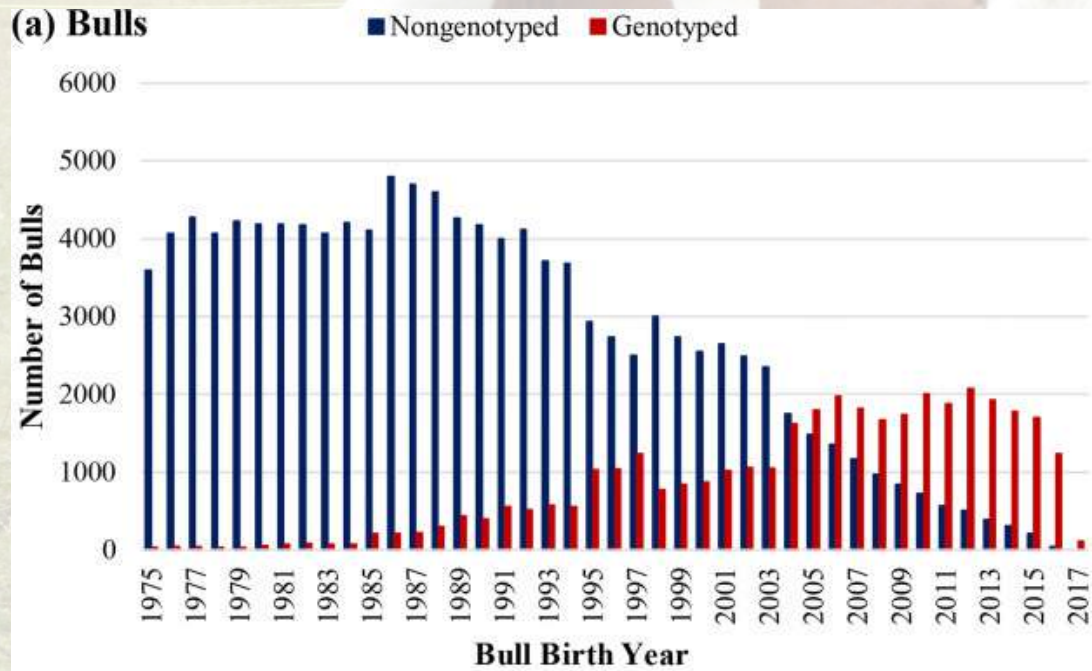
# Popolazione Valdostana - Genotipi



type ■ genotyped ■ not\_genotyped

Enrico Mancin - UNIPD

# 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

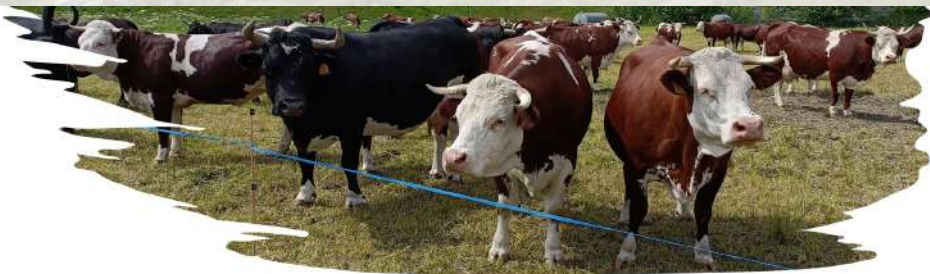
Una prima elaborazione sui dati



N Figlie	Acc_g	Sd_g	Acc_p	Sd_p
0	<b>0.523</b>	0.127	<b>0.465</b>	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

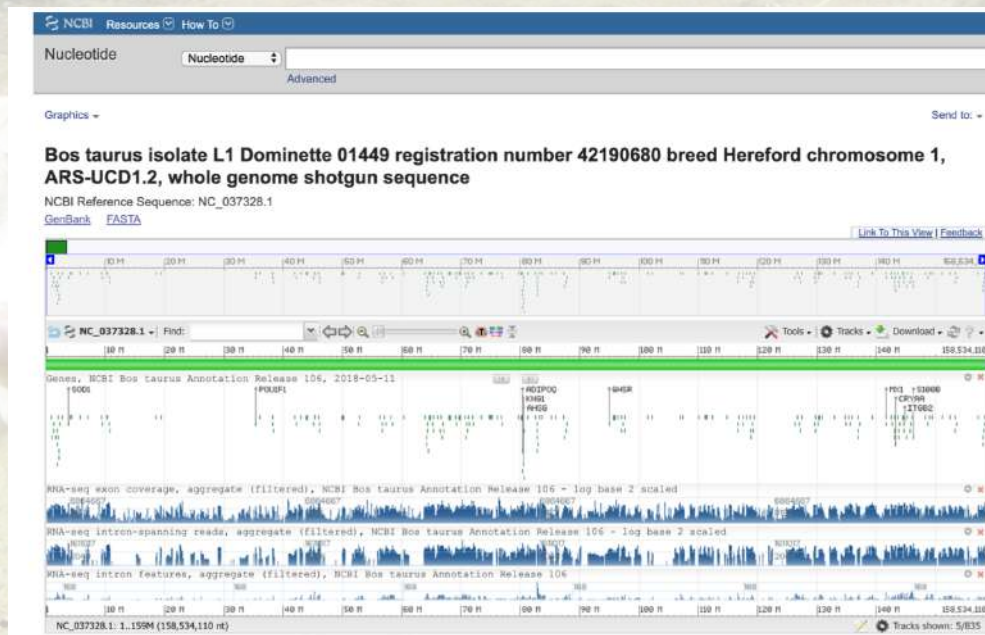
Francesca Bernini

**A.N.A.Bo.Ra.Va.**  
Associazione Nazionale Allevatori Bovini di Piazza Valdostana

CBHG Data Club Seminar  
February 15th



**divas**  
DIPARTIMENTO DI MEDICINA  
DELI ANIMALI E SCIENZE ANIMALI



Berninin et al. -- EAAP Firenze 2024

	SNP	InDels	SV	CNV
Media	6.085.595	803.381	20.956	8022

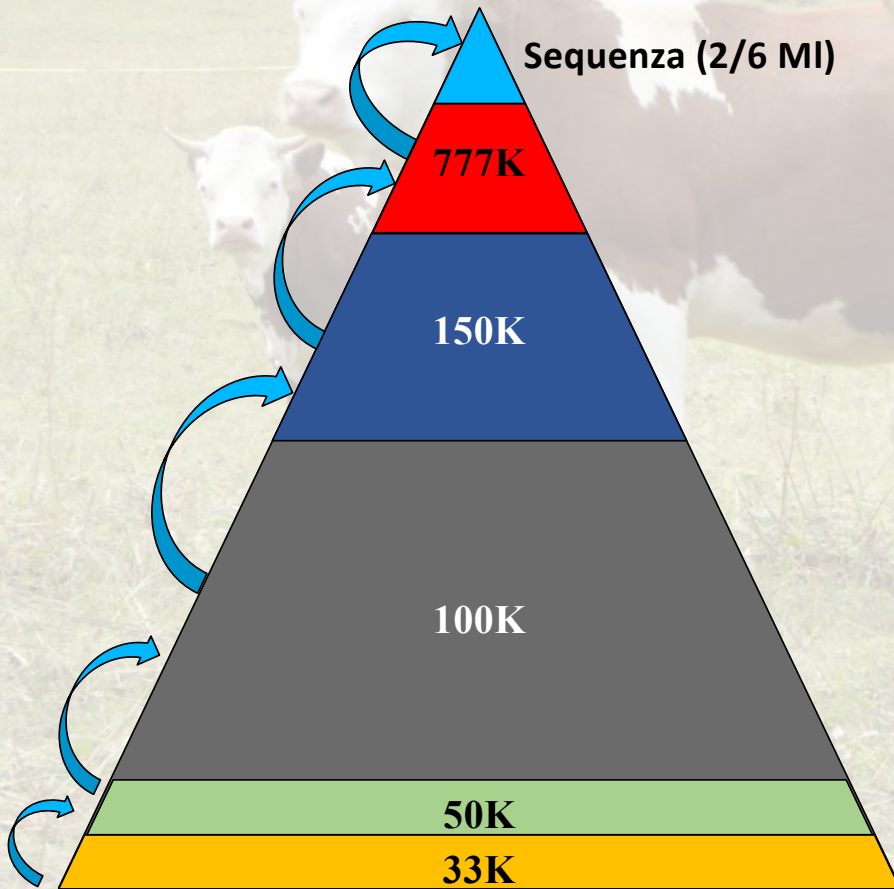


UNIVERSITÀ  
DEGLI STUDI  
DI MILANO



**divas**  
DIPARTIMENTO DI MEDICINA  
VETERINARIA E SCIENZE ANIMALI

# Valdostana – Imputazione



Maggiore il numero di SNP che consideriamo sul genoma



Migliore la stima che possiamo fare



# LA GENOMICA NELLA VALDOSTANA

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



## Genomica

2010s + SNP Chips

2010s + Male Genotyping

2020s + DNA Sequencing

2012 Genome Sequence S. Scrofa

2015s + Female Genotyping

Copyright © 2011 by the Genetics Society of America

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

T. H. E. Meuwissen,<sup>a</sup> B. J. Hayes<sup>a</sup> and M. E. Goddard<sup>1,2</sup>

<sup>a</sup>Research Institute of Animal Science and Health, 8200 AB Leyland, The Netherlands, <sup>1</sup>Victorian Institute of Animal Science, Ararat 3099, Victoria, Australia and <sup>2</sup>Institute of Land and Food Research, University of Melbourne, Parkville 3052, Victoria, Australia

## 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: 2022F43HWL

UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI MILANO

divas

AFNAE

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