

Valutazione individuale dell'attitudine casearia del latte

Alessio Cecchinato

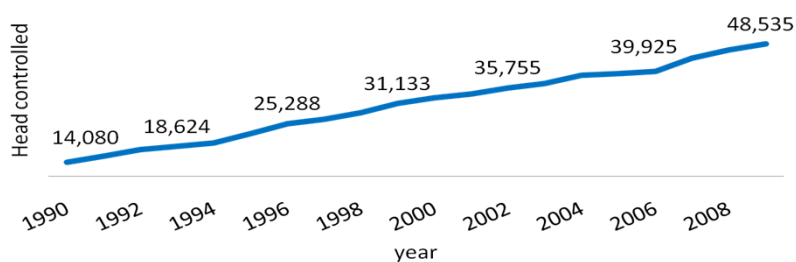
Dipartimento di Agronomia, Animali, Alimenti Risorse
Naturali e Ambiente - DAFNAE

Università di Padova



Bufala Mediterranea Italiana

- # capi censiti: ~355,500
- # aziende: ~2,900
- # bufale controllate: ~44,430
- campania 75% capi 56% aziende
- Solo in zona DOP 90% capi 80% aziende
- Nell'area del DOP sono dislocati l'80% dei capi controllati ANASB



ANASB 2009



Attitudine casearia del latte

Rappresenta l'attitudine di una tipologia di latte alla trasformazione in formaggio

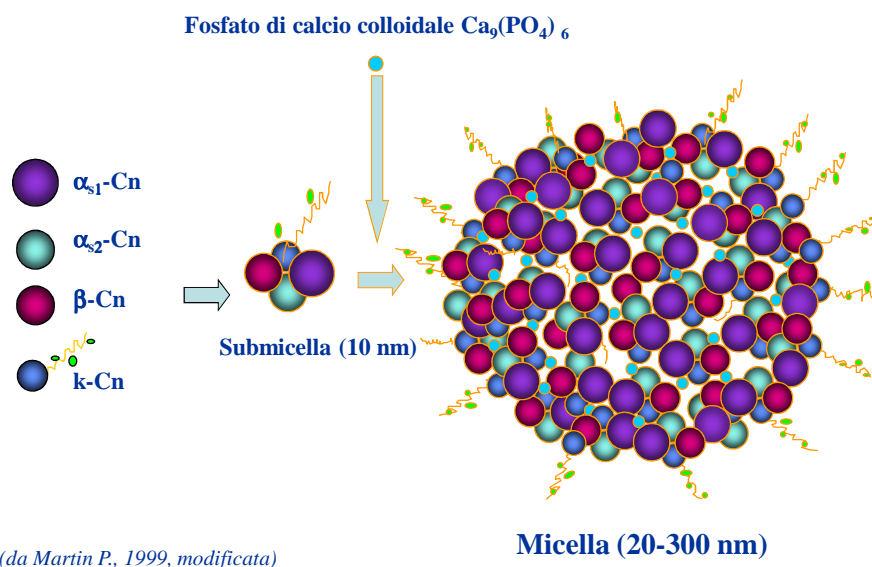
Processo di caseificazione

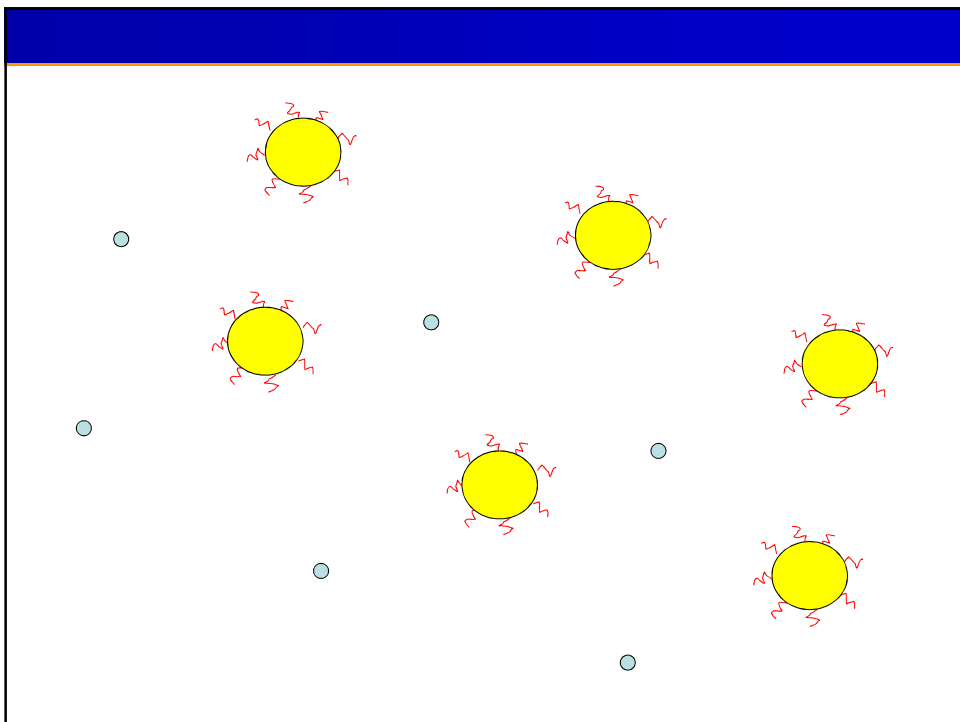
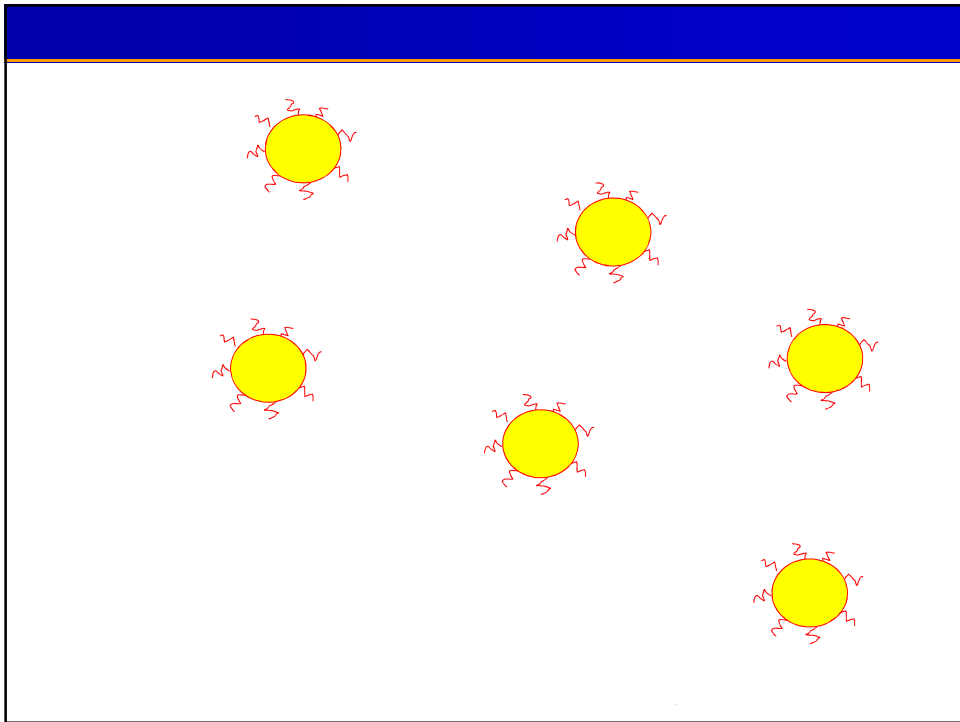
Latte ----- Cagliata ----- Formaggio

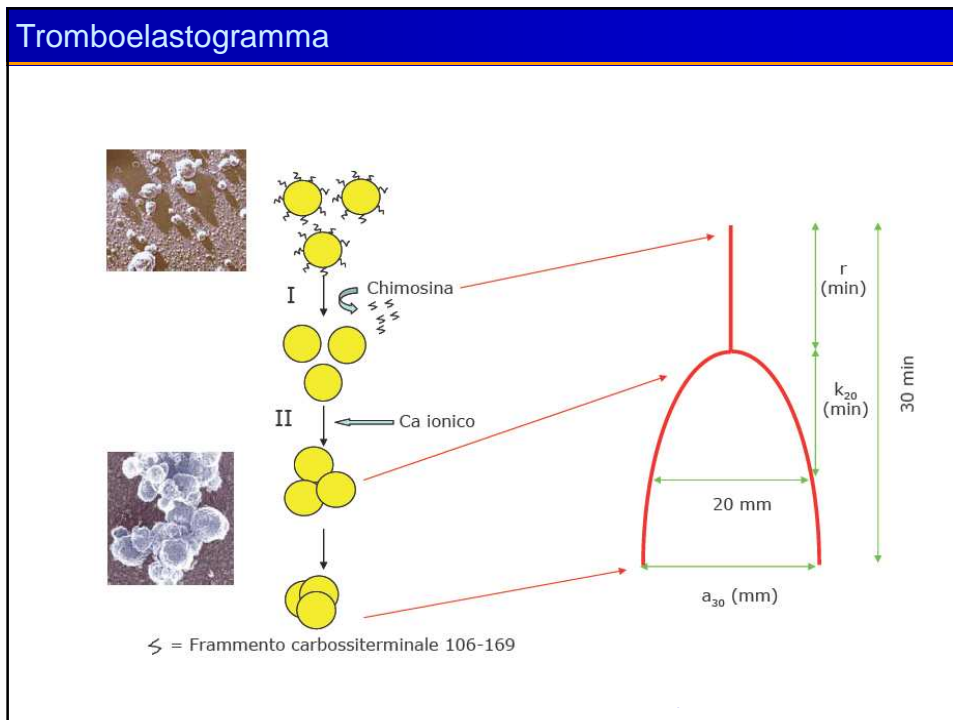
↑
materia prima

↑
alimento

Organizzazione strutturale delle submicelle e delle micelle di caseine





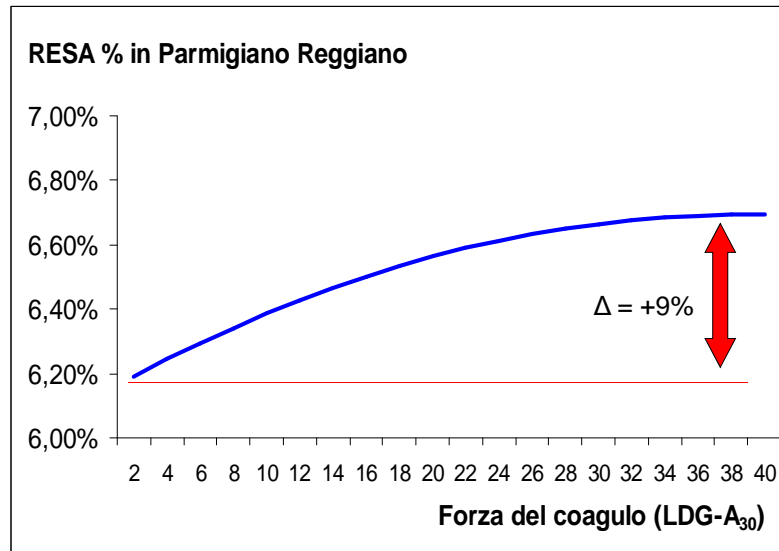


Valutazione dell'attitudine casearia del latte

notevole importanza della coagulazione presamica
nella tecnologia casearia

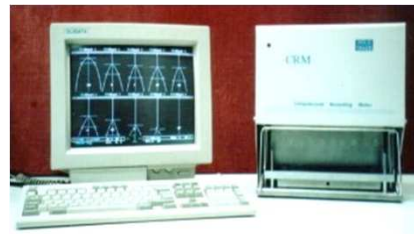
↓

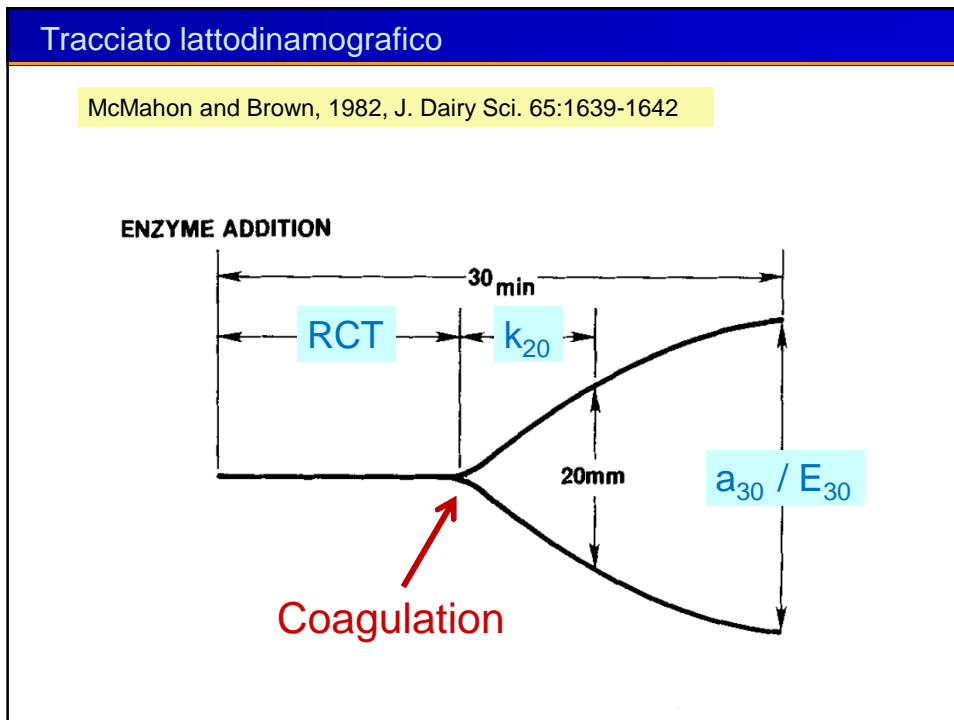
importante:
valutare l'attitudine casearia del latte
reattività con il caglio
capacità di rassodamento della cagliata
capacità di contrazione del siero

LDG – a₃₀ e resa

Aleandri e coll., J.Dairy Sci. 1989

Valutazione dell'attitudine casearia del latte - METODI





Grafici (Secured)

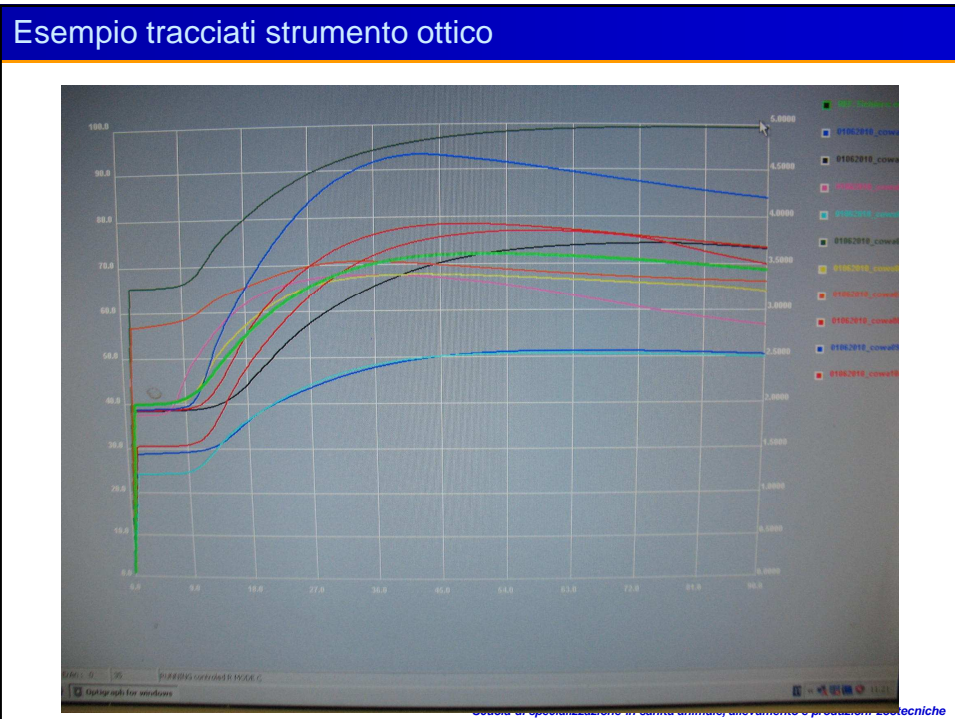
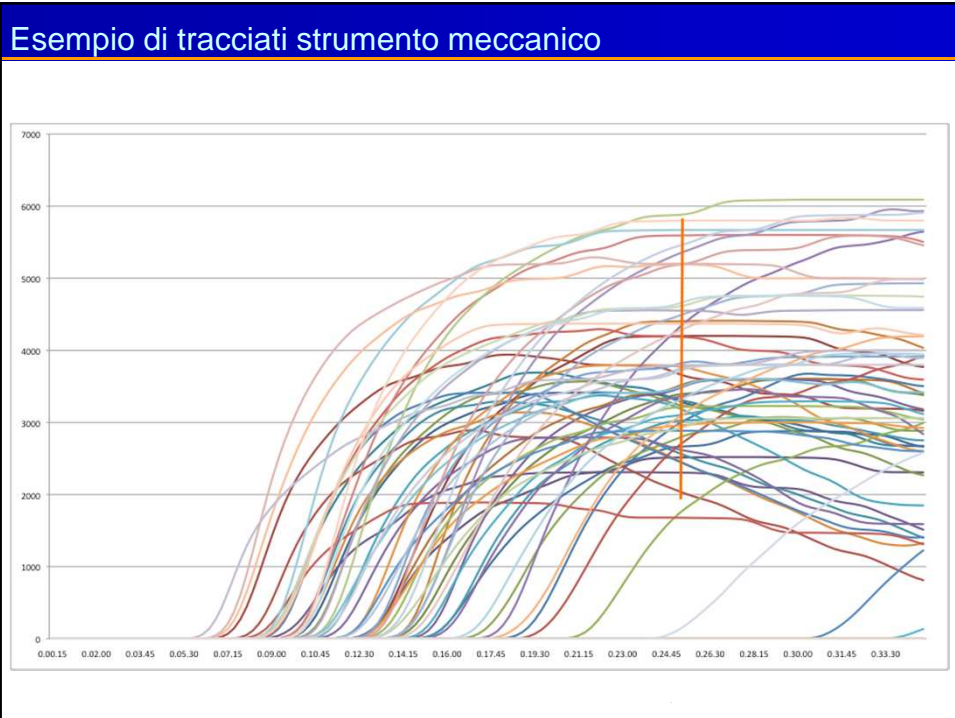
CRM Series C:\CRM2\PR01-04-08_2770748_5

Modulo 2

"DIPARTIMENTO DI SCIENZE ANIMALI"

Università di Padova

194	195	196	197	198
A	B	A	B	D
199	227	241	nd	nd
A	E	A	F	F





J. Dairy Sci. 95:1709–1713
<http://dx.doi.org/10.3168/jds.2011-4694>
 © American Dairy Science Association®, 2012.

Short communication: Factors affecting coagulation properties of Mediterranean buffalo milk

A. Cecchinato, M. Penasa,¹ C. Cipolat Gotet, M. De Marchi, and G. Bittante

Department of Agronomy, Food, Natural Resources, Animals and Environment, University of Padova, Viale dell'Università 16, 35020 Legnaro (PD), Italy

Obiettivo:

Therefore, the aim of this study was to investigate sources of variation of MCP using individual milk samples of buffalo cows.

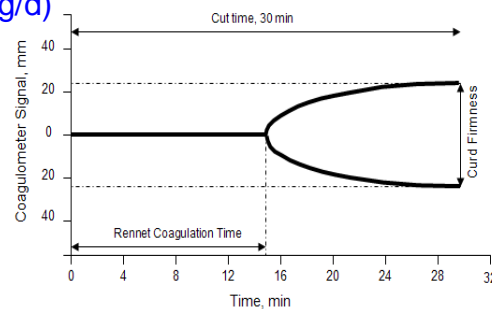
Materiali e metodi

- 200 bufale
- 5 allevamenti (Veneto e Friuli)
- Periodo: Gennaio-Maggio 2010



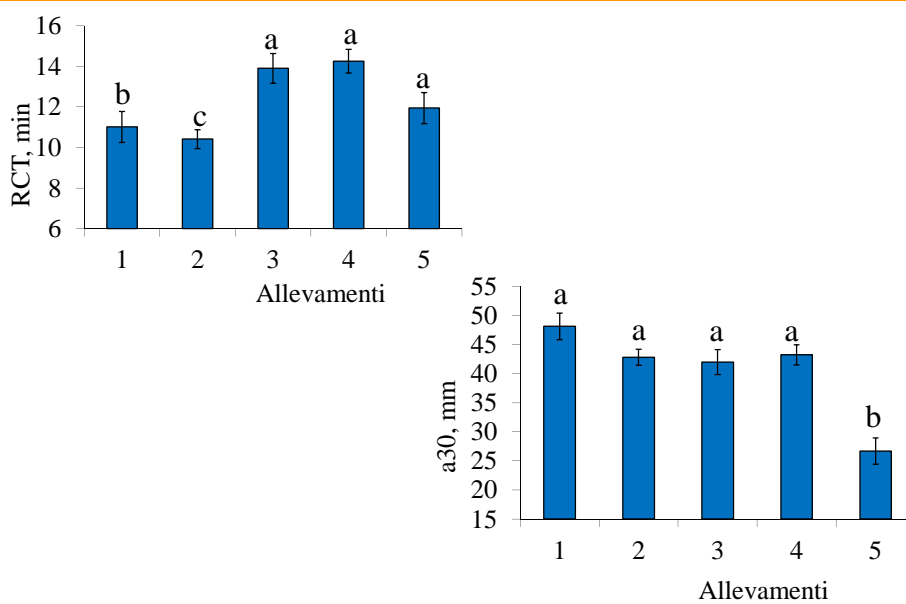
Caratteri:

- produzione di latte (kg/d)
- proteina (%)
- grasso (%)
- caseina (%)
- pH
- SCS
- RCT (minuti)
- a_{30} (mm)

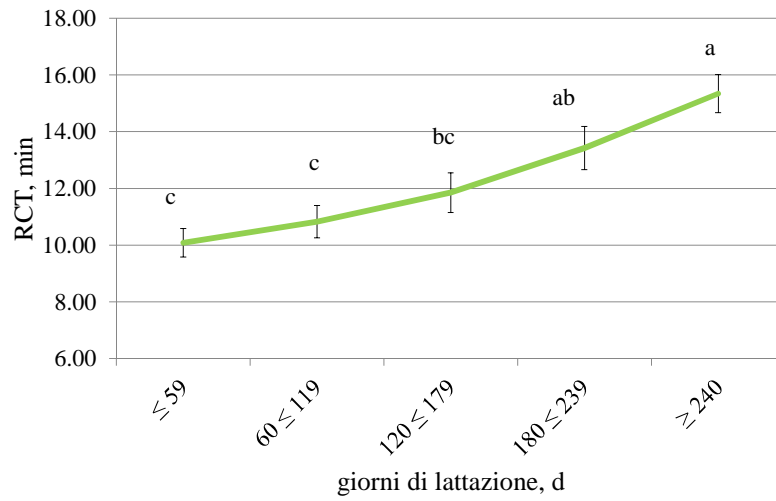


Statistiche descrittive

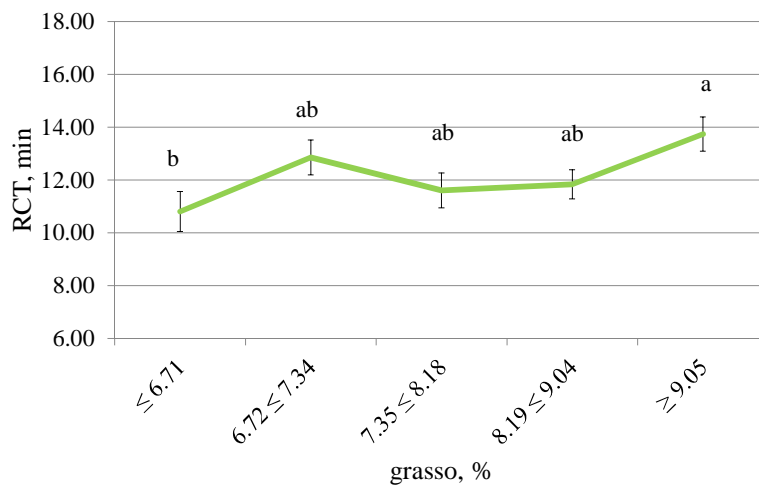
Carattere	Media	Media (Frisona)	
Latte, kg/d	8.71	32.4	
Proteina, %	4.74	3.45	
Caseina, %	3.93	2.65	
Grasso, %	8.02	3.88	
SCS	3.47	3.07	
pH	6.70	6.67	
RCT, min	11.65	16.9	+5.25 min
a ₃₀ , mm	40.23	32.0	-8.23 mm

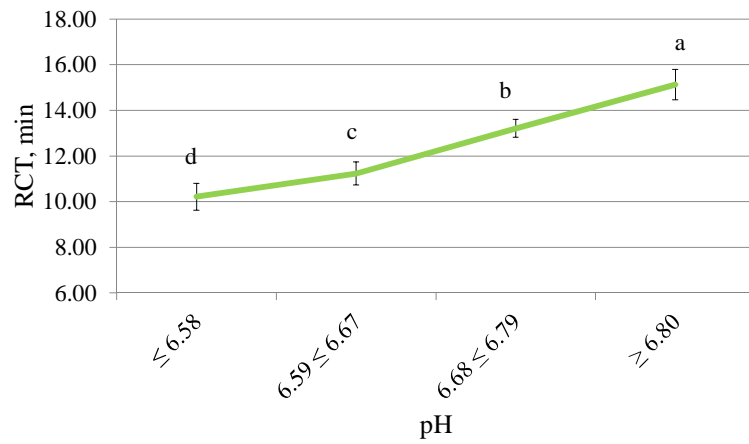
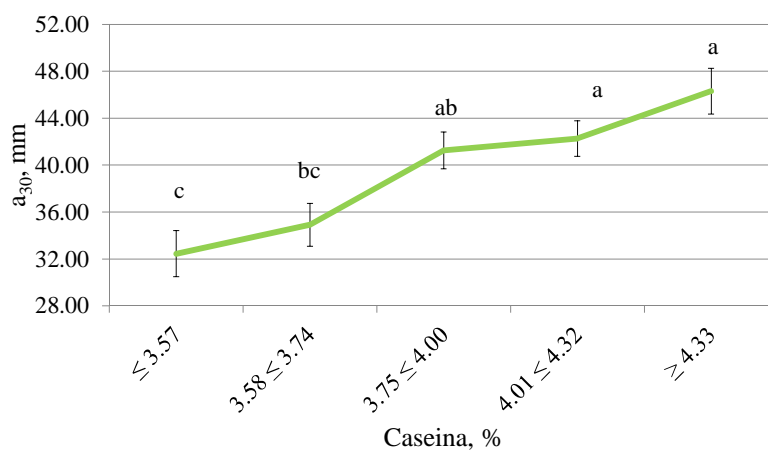
Effetto allevamento ($P < 0.05$)

Effetto stadio di lattazione su RCT ($P < 0.05$)

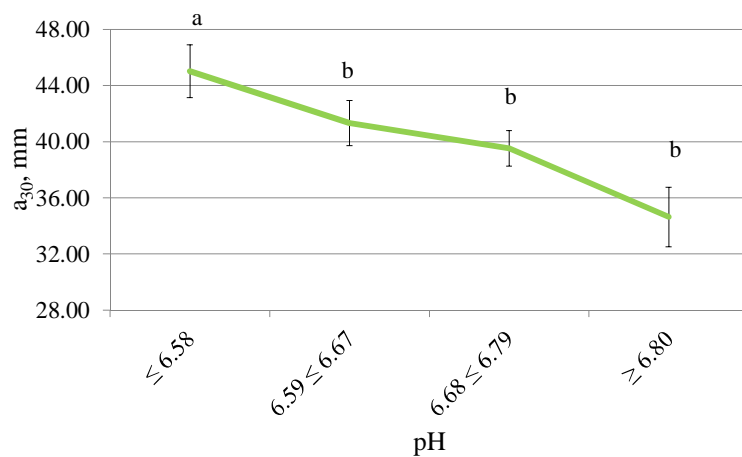


Effetto del contenuto di grasso su RCT ($P < 0.05$)



Effetto dell'acidità (pH) su RCT ($P < 0.05$)**Effetto del contenuto caseinico (%) su a_{30} ($P < 0.05$)**

Effetto dell'acidità (pH) su a_{30} ($P < 0.05$)



Conclusioni

- Buone caratteristiche lattodinamografiche (RCT ridotti e a_{30} elevati)
- Elevata variabilità individuale potenzialmente sfruttabili per fini selettivi
- Fattori importanti: allevamento, contenuto di caseina e pH



Strumenti innovativi per il miglioramento genetico della specie bufalina

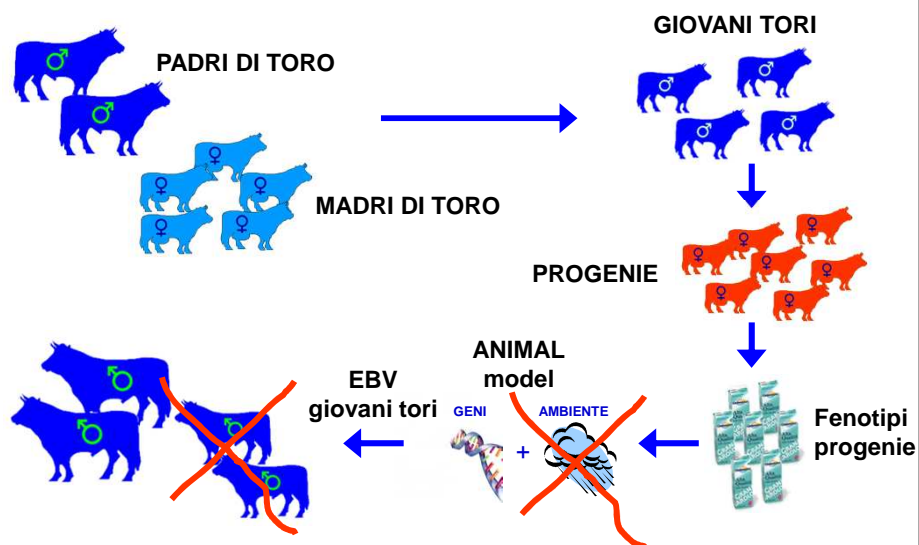
Outline

- La selezione “classica” (vantaggi e limiti)
- Il contributo della genomica
- La selezione genomica
- Cosa cambia per gli allevatori

La selezione "classica"

- Nelle razze da latte il momento centrale è rappresentato dalla valutazione genetica basata sulle **prove di progenie**
- **Vantaggi:** garantiscono la stima del valore genetico (indice genetico o EBV) di un toro con un grado di precisione (attendibilità) adeguato
- **Svantaggi:** costi e tempi per l'ottenimento degli indici genetici

Selezione "classica"



La selezione "classica"

- La selezione "classica" ha prodotto **risultati tangibili e apprezzati**
- Per la maggior parte dei **caratteri di interesse economico** (es. kg di proteina, intervallo parto-concepimento): **molti geni con piccolo effetto, influenze ambientali, caratteri legati al sesso**
- Dalla genomica scaturiscono **nuove opportunità**

I marcatori e la selezione

- L'idea di utilizzare **marcatori genomici** per incrementare il tasso di progresso genetico nelle popolazioni bovine da latte risale a 40 anni fa
- La sua applicazione era limitata dal n° di marcatori conosciuti e dai costi della tecnica di analisi
- Di recente ...

La genomica

- Il sequenziamento del genoma bufalino è stato completato
- Scoperta di **decine di migliaia di marcatori** nel DNA (punti del DNA in cui la struttura del DNA può essere diversa da animale a animale)
- **Riduzione dei costi** necessari per l'analisi del genoma degli animali (per bovini..)



Fig. 1 Olimpia da Farfenga, la bufala di cui si sta ricostruendo l'intero genoma.

Welcome, Guest [Register](#)

[Forgot Your Password?](#)

[Products & Services](#) | [Support](#) | [Partners & Programs](#) | [About Affymetrix](#) | [Careers](#) | [NetAffx](#) | [Shop](#)

[Home](#) > [Products & Services](#) > [Research Solutions](#) > [Genome-Wide Association](#)

Genome-Wide Association

Printer-Friendly Email

Let us help you find the right product solution for your research, to learn more [click here](#) >

Genome-Wide Association

Power your association study with larger sample sizes in your initial whole-genome scan and statistical replication by using the Affymetrix Genome-Wide Human SNP Array 6.0—a single array that features more than 1.8 million markers for genetic variation, including more than 906,600 single nucleotide

Services / FastTrack Genotyping Services

At Illumina, we work collaboratively with you to achieve your research objectives. Since 2002, we have consistently provided on-time, reliable genotyping services to academic and pharmaceutical customers, through our in-house expert molecular geneticists using Illumina's cutting-edge SNP genotyping technologies. Enjoy the same competitive advantage that our installed base customers have to conduct whole-genome association studies, linkage analysis, and fine mapping studies in a timely fashion at a reasonable cost. Take advantage of Illumina's full menu of FastTrack Genotyping Services and enjoy the following key benefits:

- Personalized service with dedicated and collaborative experts
- Reliable, proven, and speedy process
- Industry-leading data quality

ILLUMINA WHOLE-GENOME GENOTYPING FAST PERFORMANCE*
Based on all contracts between January and September 2009 (1,100 samples and 1.5 billion genotypes)

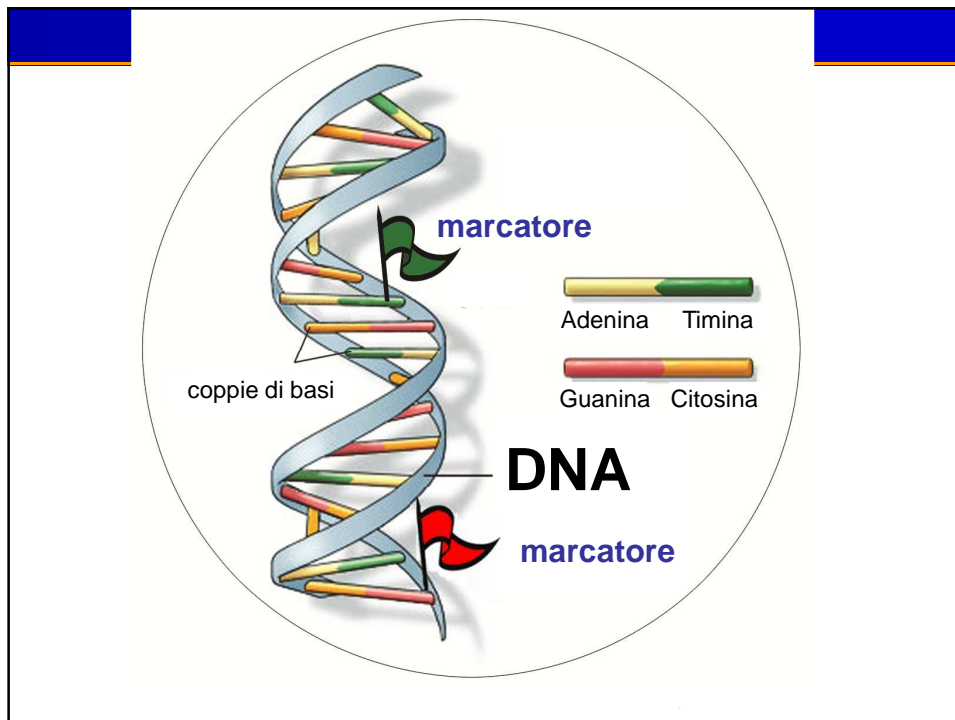
Individual Service Products	Average
Sample Success Rate	99.47%
Linkage Success Rate	99.11%
Call Rate	98.88%
Reproducibility	99.99%
Heritability (CIB)	99.99%

GOLDENGATE FAST PERFORMANCE*
Based on all contracts between January 2008 and June 2009 (6,100,000 individual DNA samples from 1,000 individuals)

Contact Information
[Email Tech Support](#)

Additional Information
[FastTrack Genotyping Services \(PDF\)](#)
[FastTrack Sequencing Services](#)

View Cart **800.809.4566**

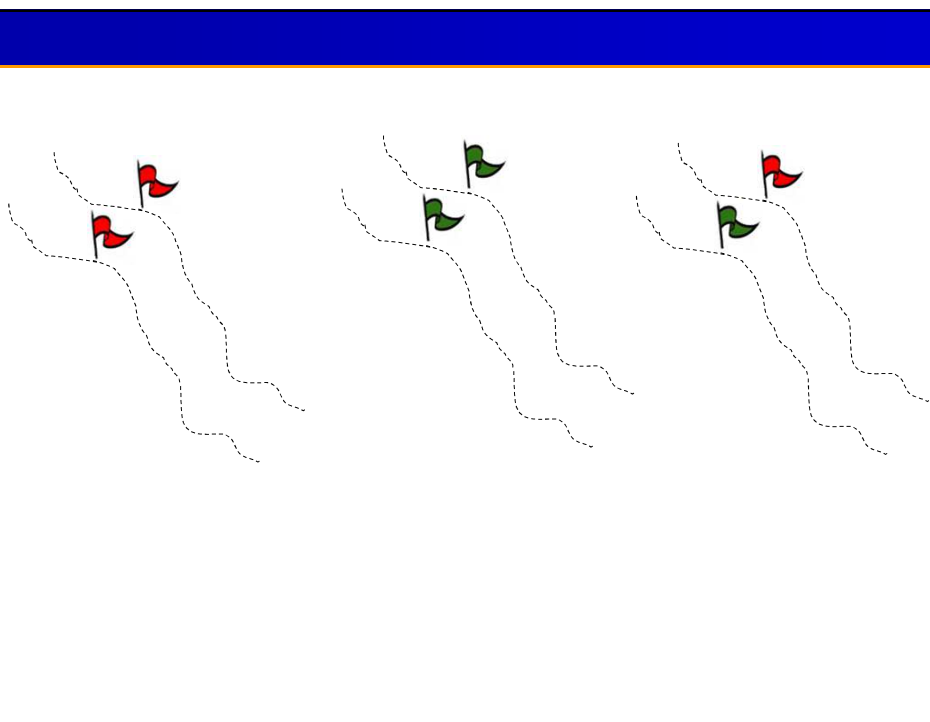


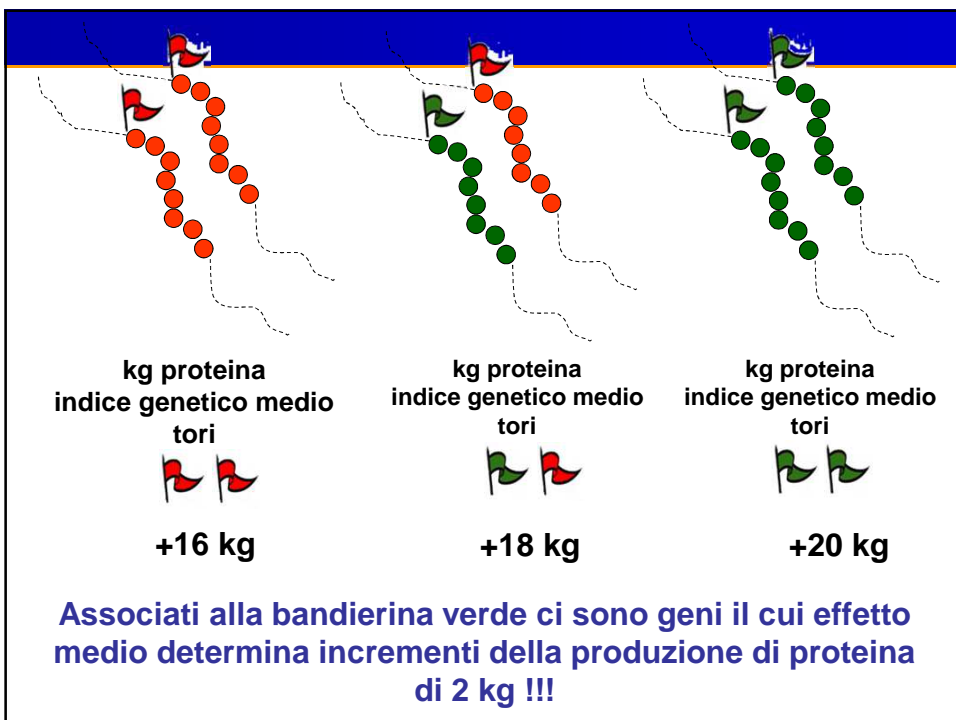
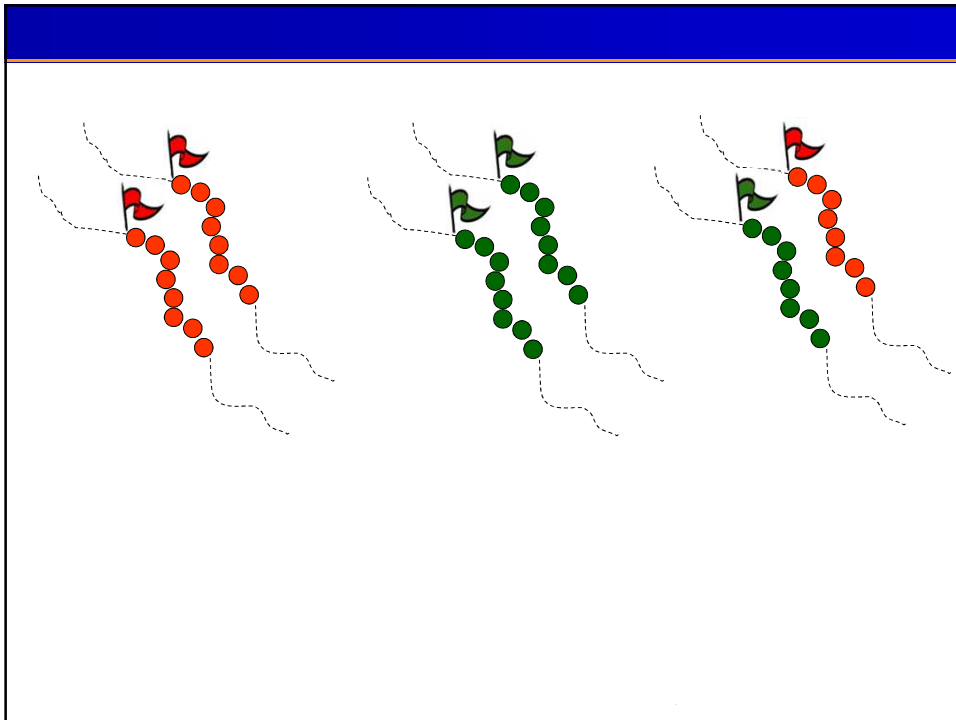
I marcatori genomici

- **Marcatori:** siti del DNA dove animali diversi possono presentare coppie di basi diverse
- Sono **distribuiti in modo sparso** lungo il DNA
- **Non sono geni** o parte di geni che controllano caratteri di nostro interesse
- **Possono essere in associazione con geni** che controllano caratteri di nostro interesse

Oggi ...

- L'analisi del DNA di un bovino (o di un bufalo) riesce a farci conoscere **quali “bandierine”** (genotipo) l'animale possiede in corrispondenza di 54,000 marcatori
- All'orizzonte la possibilità di incrementare ulteriormente il numero di marcatori disponibili a 1,000,000
- ***Quale informazione possono darci i marcatori ?***





Cromosoma 1


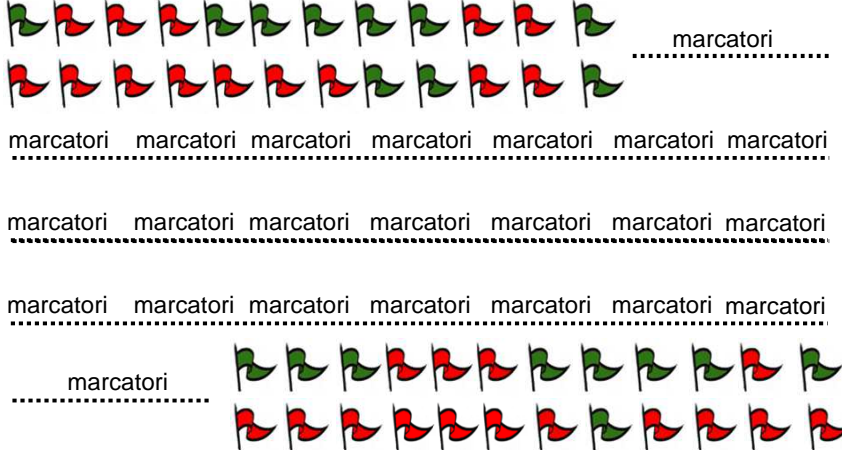


Fig. 1. Ultime di Fariago, in Italia di cui si sta ricostruendo l'intero genoma.



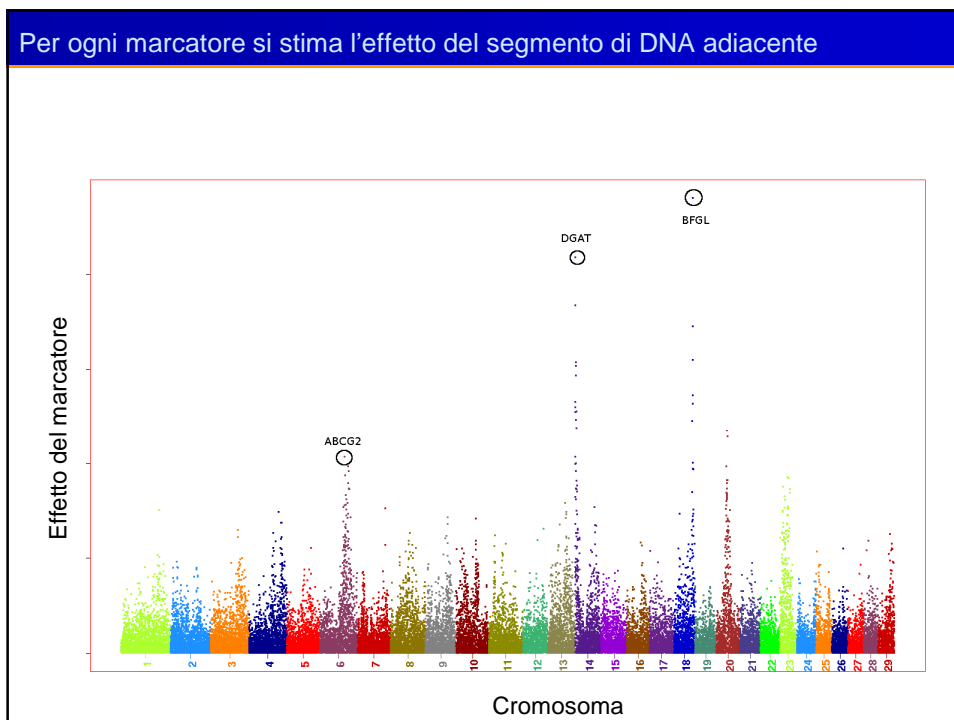
..... marcatori

..... marcatori marcatori marcatori marcatori marcatori marcatori marcatori

..... marcatori marcatori marcatori marcatori marcatori marcatori marcatori

..... marcatori marcatori marcatori marcatori marcatori marcatori marcatori

..... marcatori



La selezione genomica

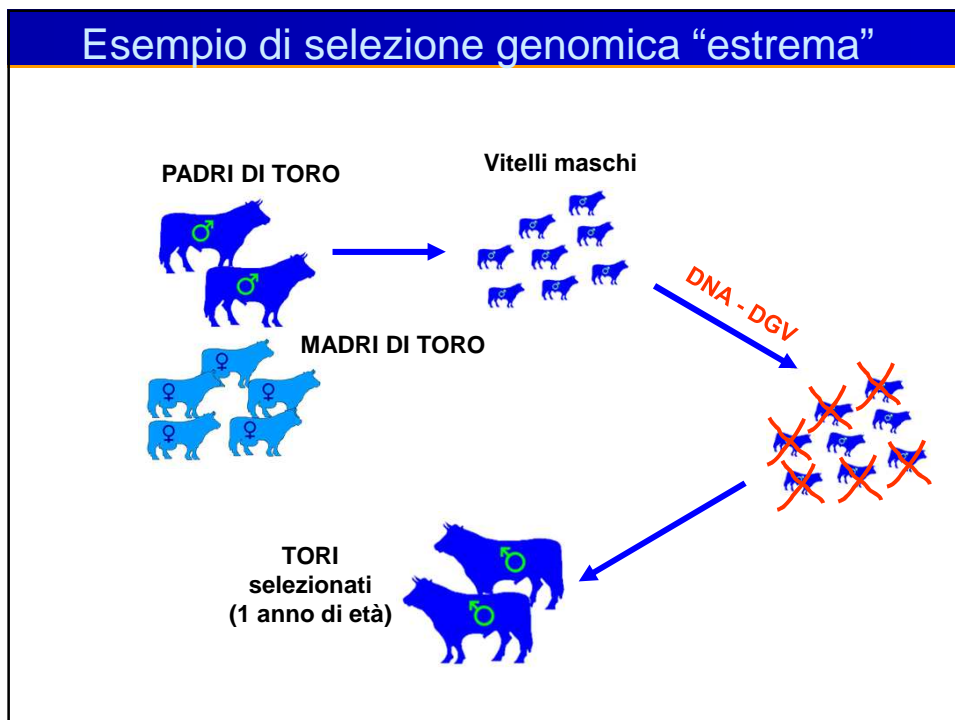
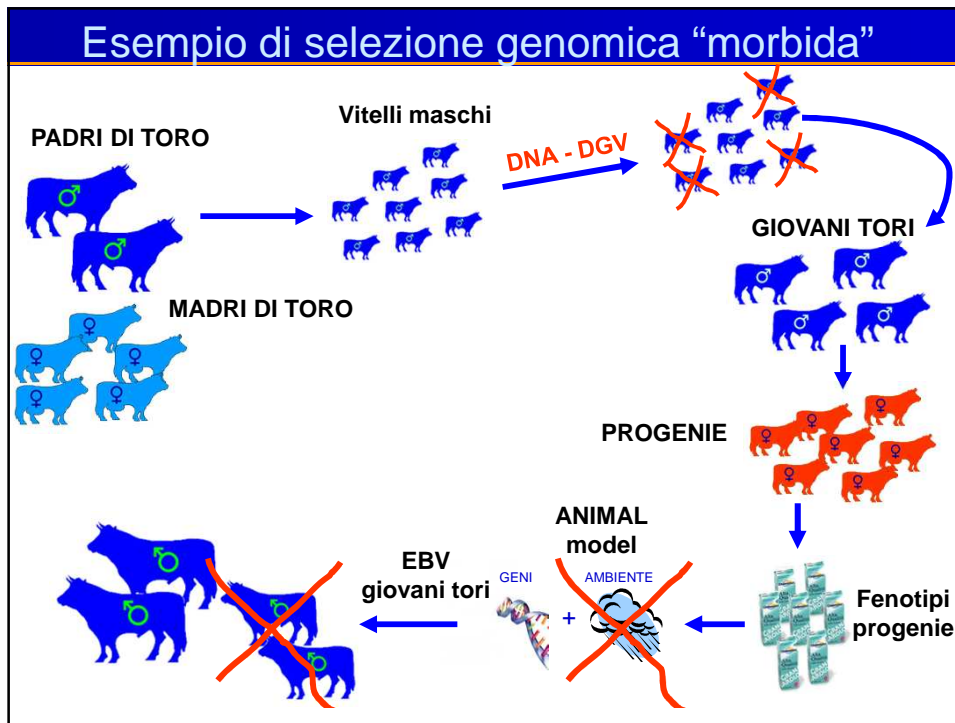
Una volta stimati gli effetti dei segmenti di DNA adiacenti ai marcatori (decine di migliaia), questi effetti sono utilizzati per ottenere l'**indice genomico (DGV)** di tori (animali) dopo avere analizzato il loro DNA e determinato le "bandierine" presenti:

$$\text{DGV} = \text{Eff}_1 + \text{Eff}_2 + \text{Eff}_3 + \dots + \text{Eff}_n$$

(n è il numero di marcatori)

La selezione genomica

- La selezione genomica si articola in 2 fasi:
 - **fase 1: stima degli effetti dei marcatori;**
 - serve materiale biologico** (sangue, pelo, seme) per analisi del DNA (marcatori) **e misure dirette o derivate dei caratteri di nostro interesse** (produzione di proteina, intervallo parto-concepimento oppure indici genetici)
 - **fase 2: stima degli indici genomici;**
 - serve materiale biologico** (sangue, pelo, seme);
- La fase 2 si ripete di continuo, la fase 1 viene effettuata una prima volta e ripetuta dopo n anni



**Grazie
per l'attenzione!**



Quale attendibilità hanno gli indici genomici ?

- **Australia:** stima effetti 38,259 marcatori usando 635 tori HF nati tra 1998 e 2002, GEBV per 95 tori nati in 2003, **att. kg di proteina 0.45, % proteina 0.29**
- **Nuova Zelanda:** stima effetti 44,146 marcatori usando 4500 tori, **att variabile tra 0.5 e 0.67**
- **USA e Canada:** stima effetti 38,416 marcatori usando 3576 tori, **att media 0.5**
- **Olanda:** stima effetti 46,529 marcatori usando 1583 tori, , GEBV per 429 tori nati tra 1999 e 2003, **att superiore a quella di indice pedigree (padre + madre) del 9-33%**

E la consanguineità ?

- Se l'intervallo di generazione fosse lo stesso, la selezione genomica produrrebbe incrementi annuali di consanguineità inferiori rispetto alla selezione classica
- Se, come probabile, i futuri schemi di selezione punteranno su applicazioni della selezione genomica con riduzioni drastiche dell'intervallo di generazione, l'incremento annuale della consanguineità sarà superiore a quello prodotto dalla selezione classica

