

**BOT-204** Rev. Cientif. FCV-LUZ, XXXIII, SE, 286-287, 2023, <https://doi.org/10.52973/rcfcv-wbc129>**A leap forward: exploring the advantages of single-step genome evaluation in Italian Mediterranean buffalo****Biffani Stefano<sup>1</sup>, Gómez Mayra<sup>2</sup>, Cimmino Roberta<sup>2</sup>, Rossi Dario<sup>2</sup>, Zullo Gianluigi<sup>2</sup>, Negrini Riccardo<sup>3</sup>, Cesarani Alberto<sup>4</sup>, Campanile Giuseppe<sup>5</sup>, Neglia Gianluca<sup>5</sup>**<sup>1</sup> *The Institute of Agricultural Biology and Biotechnology (CNR IBBA), Italy*<sup>2</sup> *Associazione Nazionale Allevatori Specie Bufalina (ANASB), Italy*<sup>3</sup> *Associazione Italiana Allevatori (AIA), Italy*<sup>4</sup> *University of Georgia, USA*<sup>5</sup> *Dipartimento di Medicina Veterinaria e Produzioni Animali (UNINA DMVPA), Italy*\*Corresponding author: [r.cimmino@anasb.it](mailto:r.cimmino@anasb.it)**ABSTRACT**

Single-step genomic best linear unbiased predictor (ssGBLUP) is a method for jointly estimating breeding values (BV) for genotyped and non-genotyped animals. Genomic information in the Italian Mediterranean Buffalo (IMB) is now available and its inclusion in the genetic evaluation system could increase both accuracy and genetic progress of the traits of interest of the breed. The aim of this study was to test the feasibility of ssGBLUP and to present the first results of the implementation of a genomic evaluation for production and type traits in the IMB. Phenotypic information on production (270-day milk, mozzarella yield (MY), protein and fat kg and %, respectively) and morphology: feet and legs (FL) and mammary system (MS) were used for this study. Production records included 743,904 lactations from 276,451 buffalo cows born from 1984 to 2019. Morphological traits were from 91,966 buffalo cows from 2004 to 2022. Regarding the genotypes, a total of 2,017 buffalo cows and 133 bulls were used. Data were analysed fitting two multi-trait animal models, a 6-trait model for production data and a 2-trait model for morphology data. According to the relationship matrix used, two models were fitted: (i) the BLUP with the

Un salto adelante: explorar las ventajas de la evaluación del genoma en un solo paso en el búfalo mediterráneo italiano

**Biffani Stefano<sup>1</sup>, Gomez Mayra<sup>2</sup>, Cimmino Roberta<sup>2</sup>, Rossi Dario<sup>2</sup>, Zullo Gianluigi<sup>2</sup>, Negrini Riccardo<sup>3</sup>, Cesarani Alberto<sup>4</sup>, Campanile Giuseppe<sup>5</sup>, Neglia Gianluca<sup>5</sup>**<sup>1</sup> *Instituto de Biología Agrícola y Biotecnología (CNR IBBA), Italia*<sup>2</sup> *Associazione Nazionale Allevatori Specie Bufalina (ANASB), Italia*<sup>3</sup> *Asociación Italiana Allevatori (AIA), Italia*<sup>4</sup> *Universidad de Georgia, EE. UU.*<sup>5</sup> *Dipartimento di Medicina Veterinaria e Produzioni Animali (UNINA DMVPA), Italia*\*Autor de correspondencia: [r.cimmino@anasb.it](mailto:r.cimmino@anasb.it)**RESUMEN**

El mejor predictor lineal genómico insesgado de un solo paso (ssGBLUP) es un método para estimar conjuntamente los valores genéticos (BV) para animales genotipados y no genotipados. La información genómica del búfalo mediterráneo italiano (IMB) ya está disponible y su inclusión en el sistema de evaluación genética podría aumentar tanto la precisión como el progreso genético de los rasgos de interés de la raza. El objetivo de este estudio fue probar la viabilidad de ssGBLUP y presentar los primeros resultados de la implementación de una evaluación genómica para rasgos de producción y tipo en el IMB. Para este estudio se utilizó información fenotípica sobre producción (leche a 270 días, rendimiento de mozzarella (MY), kg y % de proteína y grasa, respectivamente) y morfología: pies y piernas (FL) y sistema mamario (MS). Los registros de producción incluyeron 743.904 lactancias de 276.451 vacas búfalas nacidas de 1984 a 2019. Los rasgos morfológicos fueron de 91.966 vacas búfalas de 2004 a 2022. Respecto a los genotipos, se utilizaron un total de 2.017 vacas búfalas y 133 toros. Los datos se analizaron ajustando dos modelos animales con múltiples rasgos, un modelo de 6 rasgos para datos de

numerator relationship matrix (A); (ii) the ssGBLUP where A and the genomic relationship matrix (G) are blended into H. BV were estimated with BLUP and ssGBLUP models. Three different scenarios were used, according to the cut-off year used to create the partial datasets, namely 2012, 2015 and 2017. In each scenario, correlation, accuracy, dispersion, and bias statistics were calculated (LR method). Both bulls (N=49) and cows (N=1288) were used for validations. On average, correlation between EBVs from partial and whole datasets estimated with BLUP and ssGBLUP increased from 6 to 49% and from 14 to 17% for production and type traits, respectively. Among the traits analysed, the ones most affected by the change were protein/fat content, MY, and AM. The accuracy increase for these traits was above 20% when using the ssGBLUP. All LR statistics improved also for non-genotyped females. These results showed that implementing ssGBLUP in the breeding program can generate more accurate predictions for important traits in dairy IMB than traditional BLUP.

**Keywords:** genomics, Italian Mediterranean buffalo, selection.

**Acknowledgments:** This research was funded by ITALIAN MINISTRY OF AGRICULTURE Project: "BIG" Prot. N. 0215513 11/05/2021.

producción y un modelo de 2 rasgos para datos de morfología. De acuerdo a la matriz de relaciones utilizada, se ajustaron dos modelos: (i) el BLUP con la matriz de relaciones del numerador (A); (ii) el ssGBLUP donde A y la matriz de relaciones genómicas (G) se combinan en H. BV se estimaron con modelos BLUP y ssGBLUP. Se utilizaron tres escenarios diferentes, según el año de corte utilizado para crear los conjuntos de datos parciales, a saber, 2012, 2015 y 2017. En cada escenario se calcularon estadísticas de correlación, precisión, dispersión y sesgo (método LR). Para las validaciones se utilizaron toros (N=49) y vacas (N=1288). En promedio, la correlación entre los EBV del conjunto de datos parcial y completo estimado con BLUP y ssGBLUP aumentó del 6 al 49% y del 14 al 17% para los rasgos de producción y tipo, respectivamente. Entre los rasgos analizados, los más afectados por el cambio fueron el contenido de proteína/grasa, MY y AM. El aumento de precisión para estos rasgos fue superior al 20% cuando se utilizó ssGBLUP. Todas las estadísticas de LR mejoraron también para las hembras no genotipadas. Estos resultados mostraron que la implementación de ssGBLUP en el programa de mejoramiento puede generar predicciones más precisas para rasgos importantes en el IMB lechero que el BLUP tradicional.

**Palabras clave:** genómica, búfalo mediterráneo italiano, selección.

**Agradecimientos:** Esta investigación fue financiada por el MINISTERIO DE AGRICULTURA DE ITALIANO Proyecto: "BIG" Prot. N° 0215513 05/11/2021.