



UNIVERSITÀ DI PARMA

Dipartimento di Scienze Medico Veterinarie

**Corso di Laurea Magistrale in
Produzioni Animali Innovative e Sostenibili**

**ASSOCIAZIONE TRA MERITO GENOMICO PER LE
EMISSIONI DI METANO ENTERICO, QUALITÀ DEL
LATTE ED EFFICIENZA DI CASEIFICAZIONE NELLE
BOVINE DI RAZZA FRISONA ITALIANA**

*ASSOCIATION BETWEEN GENOMIC MERIT FOR ENTERIC
METHANE EMISSIONS, MILK QUALITY, AND
CHEESE-MAKING EFFICIENCY IN ITALIAN HOLSTEIN COWS*

Relatore:

Prof.ssa Michela Ablondi

Correlatori:

Prof. Claudio Cipolat-Gotet

Dott.ssa Irene Tedeschi

**Laureando:
Paolo Peviani**

ANNO ACCADEMICO 2025/2026

Sommario

Riassunto	4
Abstract	5
1. Produzione di metano	7
1.1. Ereditabilità delle emissioni di metano	7
1.2. Definizione dei fenotipi per emissioni di metano	8
1.3. Fonti di variabilità della produzione di metano	10
1.3.1. Relazione tra i fenotipi di emissione e le fonti di variazione	10
1.3.2. Impatto dei fattori alimentari, ambientali e fisiologici sui diversi fenotipi	11
1.3.3. Standardizzazione metodologica e implicazioni per la selezione genetica	11
1.3.4. GWAS e basi genetiche delle emissioni	12
1.3.5. Correlazioni genetiche con i caratteri produttivi	13
1.3.6. Implicazioni per la selezione	14
1.3.7. Fattori alimentari	15
1.3.8. Fattori fisiologici e microbiologici dell'animale	16
1.3.9. Fattori ambientali e aziendali	17
1.4. La genomica e la genetica della vacca da latte	18
1.4.1. Ereditabilità delle emissioni di metano	18
1.4.2. Evidenze genomiche	19
1.4.3. L'Interazione ospite-microbiota	20
1.4.4. Correlazioni genetiche con i caratteri produttivi	21
1.4.5. Implicazioni per la selezione genomica	21
2. Relazione tra metano e latte	22
2.1. Produzione di metano e qualità del latte	24
2.1.1. Relazione del latte con gli acidi grassi	24
2.1.2. Sinergie tra strategie di mitigazione e composizione del latte	25
2.2. Produzione di metano e caseificazione	25
2.2.1. Dinamiche di coagulazione e recupero dei nutrienti	26
2.2.2. Implicazioni per la selezione e la gestione delle filiere DOP	27
3. Analisi ricerca	27
3.1. Materiali e metodi	28
3.2. Composizione del latte e caratteristiche di salute della mammella	28
3.3. Proprietà di coagulazione ed efficienza di caseificazione	28
3.4. Caratterizzazione genomica	29
3.5. Analisi statistica dei dati	29
4. Risultati e discussione	30
5. Conclusioni	32
Bibliografia	35

Riassunto

Il settore lattiero-caseario rappresenta un pilastro fondamentale dell'economia agricola italiana, con particolare rilevanza in regioni come l'Emilia-Romagna, dove la produzione di formaggi DOP come il Parmigiano Reggiano costituisce non solo un'importante risorsa economica ma anche un elemento identitario del territorio. Tuttavia, l'allevamento bovino è chiamato a confrontarsi con una sfida globale sempre più pressante nell'ambito della sostenibilità delle produzioni: la riduzione delle emissioni di gas serra, in particolare del metano enterico prodotto durante la fermentazione ruminale. Questo gas, caratterizzato da un potenziale di riscaldamento globale circa 28 volte superiore a quello dell'anidride carbonica e da un tempo di permanenza atmosferica significativamente più breve, rappresenta un bersaglio strategico per le politiche di mitigazione dei cambiamenti climatici.

La complessità del problema risiede nella molteplicità dei fattori che influenzano le emissioni enteriche: aspetti nutrizionali, genetici, gestionali e ambientali interagiscono in modo dinamico, rendendo difficile una stima accurata delle emissioni a livello di singolo animale e limitando lo sviluppo di strategie di mitigazione efficaci che non compromettano la produzione e la qualità del latte. In questo contesto, la ricerca scientifica si sta orientando verso approcci integrati che combinano diverse competenze disciplinari, dalla genomica alla zootecnia di precisione, dall'analisi sensoristica alla modellistica predittiva basata su intelligenza artificiale.

Le emissioni di metano non sono uniformi, ma variano considerevolmente in funzione di molteplici fattori nutrizionali, genetici, gestionali e ambientali. La complessa interazione tra queste variabili ha reso storicamente difficile una stima accurata a livello del singolo animale, limitando lo sviluppo di strategie di mitigazione mirate che non compromettano la produttività o la qualità della materia prima.

La selezione genetica si configura come uno strumento particolarmente promettente per la riduzione sostenibile delle emissioni, grazie all'esistenza di una variabilità individuale significativa e alla componente ereditaria delle emissioni di metano, che rende possibile l'integrazione di tali caratteri nei programmi di miglioramento genetico. La possibilità di includere valutazioni genomiche per l'efficienza del metano nei programmi di selezione apre prospettive inedite per coniugare sostenibilità ambientale e produttività, a condizione di

comprendere appieno le relazioni tra il potenziale genetico per le emissioni e i parametri qualitativi e tecnologici del latte.

Il progetto CowMeTec, acronimo di "Tecnologie combinate per il monitoraggio ambientale e la riduzione delle emissioni di metano nelle bovine da latte", nasce con l'obiettivo di sviluppare una piattaforma digitale integrata per il monitoraggio delle emissioni di metano in relazione alla produzione di formaggio, colmando una lacuna significativa nel panorama italiano ed europeo.

Il presente studio pilota, condotto nell'ambito del progetto CowMeTec, si propone di esplorare le associazioni tra il merito genomico per le emissioni enteriche di metano e i parametri di qualità del latte, le caratteristiche di coagulazione e l'efficienza di caseificazione in bovine di razza Frisone Italiana allevate in Emilia-Romagna. L'ipotesi di fondo è che una predisposizione genetica ad una ridotta emissione di metano possa essere associata a un profilo qualitativo del latte più favorevole alla trasformazione casearia, in virtù di un più efficiente utilizzo dell'energia alimentare e di una diversa ripartizione dei nutrienti verso la sintesi proteica. Tale relazione, se confermata, potrebbe gettare le basi per lo sviluppo di strategie di selezione che integrino obiettivi di sostenibilità ambientale e di valorizzazione delle produzioni casearie tipiche, contribuendo a rendere la filiera lattiero-casearia più resiliente e competitiva in un contesto di crescenti sfide ambientali ed economiche.

Abstract

The dairy sector represents a core element of the Italian agricultural economy, with relevance in regions such as Emilia-Romagna, where the production of PDO cheeses such as Parmigiano Reggiano constitutes not only an important economic resource but also an identity element of the territory. However, cattle farming is called upon to face an increasingly pressing global challenge within the framework of production sustainability: the reduction of greenhouse gas emissions, in particular enteric methane produced during ruminal fermentation. This gas, characterized by a global warming potential approximately 28 times higher than that of carbon dioxide and a significantly shorter atmospheric residence time, represents a strategic target for climate change mitigation policies. The complexity of the problem lies in the multiplicity of factors influencing enteric emissions: nutritional, genetic, management, and environmental aspects interact dynamically, making

accurate estimation of emissions at the individual animal level difficult and limiting the development of effective mitigation strategies that do not compromise milk production and quality. In this context, scientific research is orienting towards integrated approaches combining different disciplinary competencies, from genomics to precision livestock farming, from sensor analysis to predictive modeling based on artificial intelligence. Methane emissions are not uniform, but vary considerably depending on multiple nutritional, genetic, management, and environmental factors. The complex interaction between these variables has historically made accurate estimation at the individual animal level difficult, limiting the development of targeted mitigation strategies that do not compromise productivity or the quality of the raw material. Genetic selection is configured as a particularly promising tool for the sustainable reduction of emissions, thanks to the existence of significant individual variability and the hereditary component of methane emissions, which makes it possible to integrate such traits into genetic improvement programs. The possibility of including genomic evaluations for methane efficiency in selection programs opens prospects for combining environmental sustainability and productivity, provided that the relationships between the genetic potential for emissions and the qualitative and technological parameters of milk are fully understood. The CowMeTec project, acronym for "Combined technologies for environmental monitoring and the reduction of methane emissions in dairy cows", was created with the objective of developing an integrated digital platform for monitoring methane emissions in relation to cheese production, filling a significant gap in the Italian and European landscape. This pilot study, conducted within the framework of the CowMeTec project, aims to explore the associations between genomic merit for enteric methane emissions and milk quality parameters, coagulation characteristics, and cheesemaking efficiency in Italian Holstein-Friesian cows raised in Emilia-Romagna. The underlying hypothesis is that a genetic predisposition to reduced methane emission may be associated with a milk quality profile more favorable to cheesemaking transformation, by virtue of a more efficient use of dietary energy and a different splitting up of nutrients towards protein synthesis. Such a relationship, if confirmed, could lay the foundations for the development of selection strategies that integrate environmental sustainability objectives and the enhancement of typical cheesemaking productions, helping to make the dairy supply chain more resilient and competitive in a context of growing environmental and economic challenges.

1. Produzione di metano

La riduzione della produzione di metano enterico rappresenta una delle principali sfide per il settore zootecnico moderno. Questo gas, generato come sottoprodotto della fermentazione ruminale, non solo contribuisce in modo sostanziale alle emissioni di gas serra a livello globale, ma costituisce anche una significativa perdita di energia per l'animale, dal 2 al 12% dell'energia lorda ingerita, con ripercussioni negative sull'efficienza produttiva e sulla redditività aziendale (Johnson et al., 1994; Knapp et al., 2014). In questo contesto, la selezione genetica rappresenta una strategia particolarmente promettente per affrontare la sfida di diminuire le emissioni di CH₄, poiché offre la possibilità di ottenere progressi genetici permanenti e cumulativi nel corso delle generazioni (Lassen et al., 2020; de Haas et al., 2021). La comprensione dei fenotipi, dell'ereditabilità e delle basi genetiche delle emissioni di metano è pertanto fondamentale per integrare efficacemente questo carattere nei programmi di miglioramento genetico, come dimostrato dalle recenti iniziative internazionali che mirano a sviluppare strumenti genomici per una produzione lattiero-casearia più sostenibile e resiliente (van Staaveren et al., 2024).

1.1. Ereditabilità delle emissioni di metano

La possibilità di ottenere un progresso genetico per un carattere dipende dalla sua ereditabilità. Numerosi studi su popolazioni di bovine hanno confermato che i tratti legati alle emissioni di metano possiedono una componente genetica significativa.

Le stime di ereditabilità per MeP sono generalmente comprese tra 0,11 e 0,45, a seconda del fenotipo considerato, della popolazione studiata e del metodo di misurazione utilizzato (Lassen et al., 2016; Breider et al., 2019; Kamalanathan et al., 2023; Manzanilla-Pech et al., 2021). In uno studio internazionale si è stimata un'ereditabilità per la MeP di $0,21 \pm 0,04$ (Manzanilla-Pech et al., 2021). Recentemente, Lopes et al. (2024) hanno calcolato un'ereditabilità moderata di $0,36 \pm 0,12$ per la produzione di metano in vacche in prima lattazione.

Per l'intensità di metano (MeI), le stime di ereditabilità sono risultate più elevate, con valori intorno a 0,38 (Manzanilla-Pech et al., 2021). Questo dato suggerisce che la selezione per la riduzione del metano per unità di latte prodotto potrebbe essere particolarmente efficace, sebbene le correlazioni genetiche negative con la produzione di latte rappresentino una sfida. È

stato evidenziato che l'ereditabilità dell'intensità di metano è pari a $0,15 \pm 0,04$, con una ripetibilità di $0,42 \pm 0,02$ (Ma et al., 2025).

I fenotipi di RMet presentano ereditabilità generalmente inferiori, comprese tra 0,13 e 0,16 (Manzanilla-Pech et al., 2021; Richardson et al., 2021). Tuttavia, la loro indipendenza genetica dai tratti produttivi li rende particolarmente interessanti per la selezione, poiché consentono di ridurre le emissioni senza penalizzare la produzione (De Haas et al., 2011).

La concentrazione di metano misurata con gli "sniffer" (CH_4c) ha mostrato ereditabilità comprese tra 0,08 e 0,27 (Difford et al., 2020; Lassen et al., 2016). Per la produzione di metano predetta tramite spettri MIR del latte, le stime di ereditabilità variano da 0,22 a 0,45 (Kandel et al., 2017; Oliveira et al., 2024; Shadpour et al., 2025), rendendo questa via indiretta una promettente alternativa per la raccolta di dati su larga scala. In una recente indagine su 18.505 bovine Frisone canadesi, l'ereditabilità della produzione di metano predetta da MIR (PCH_4) è risultata compresa tra 0,37 e 0,45 (Shadpour et al., 2025). In Francia, stime di ereditabilità per tratti di metano predetti da MIR hanno mostrato valori fino a 0,42 (Fresco et al., 2025).

I valori di ereditabilità indicano un moderato controllo genetico. Ciò significa che, sebbene l'ambiente e la gestione abbiano un'influenza rilevante, esiste una variabilità genetica sfruttabile per la selezione. (Visscher et al., 2008)

1.2. Definizione dei fenotipi per emissioni di metano

L'integrazione di caratteri genetici per una minore produzione di metano nei programmi di selezione richiede una precisa definizione dei fenotipi da considerare. Diversi studi hanno proposto e analizzato varie metriche, ognuna con implicazioni genetiche e produttive differenti (Manzanilla-Pech et al., 2021; de Haas et al., 2017).

Le principali includono:

La quantità totale di CH_4 emessa da una vacca al giorno (MeP, g/giorno): è il fenotipo di misurazione diretto delle emissioni totali gassose a livello individuale, ma è positivamente correlato a tratti produttivi come la produzione di latte (MY, kg/giorno), di grasso (FY, kg/giorno), di proteine (PY, kg/giorno) e di ingestione di sostanza secca (DMI, kg/giorno) (Manzanilla-Pech et al., 2021; Breider et al., 2019). La sua ereditabilità è stata ampiamente documentata, con stime che variano in un range compreso tra 0,11 e 0,45 in funzione del metodo di misurazione e della popolazione considerata (Lassen et al., 2016; Manzanilla-Pech et al., 2021).

Intensità di metano (MeI, g CH₄/kg ECM): la quantità di CH₄ emessa per unità di latte corretto per energia (*Energy-Corrected Milk*, ECM). Questo è un indicatore di efficienza ambientale, ma può portare a correlazioni genetiche negative con la produzione di latte, dato che il denominatore ECM è un carattere genetico altamente ereditabile (Berry et al., 2013; Manzanilla-Pech et al., 2021). Studi recenti condotti su bovine di razza Frisona hanno confermato che l'intensità di metano è un carattere ereditabile e poligenico (0,15±0,04), con regioni genomiche identificate su cromosomi come BTA1, BTA5, BTA8 e BTA15 (Ma et al., 2025).

Residuo di metano (RMet, g/giorno): definita come la produzione di CH₄ osservata meno quella prevista in base a uno o più tratti produttivi (es. ECM e peso metabolico, MBW). Questo fenotipo, geneticamente indipendente dai tratti utilizzati per la sua correzione. L'obiettivo è identificare animali che emettono meno metano di quanto ci si aspetterebbe dato il loro livello produttivo e la loro taglia, senza penalizzare questi ultimi (Manzanilla-Pech et al., 2021; Richardson et al., 2021). Il Canada è un esempio concreto, dove è possibile implementare una valutazione genomica per l'Efficienza del Metano (*Methane Efficiency*, ME) che definisce un valore di RMet indipendente dalla produzione di latte, grasso e proteine (Oliveira et al., 2024).

Concentrazione di metano (CH₄c, ppm): misurata attraverso sistemi non invasivi come gli "sniffer" installati nei sistemi di mungitura automatica (AMS), rappresenta una misura indiretta ma pratica per la raccolta di dati su larga scala (Lassen et al., 2012; Difford et al., 2016).

Produzione di metano predetta da spettri MIR (PCH₄, g/giorno): l'utilizzo della spettroscopia nel medio-infrarosso (MIR) del latte rappresenta una delle innovazioni più significative per la misurazione indiretta delle emissioni di metano su larga scala. Questa tecnica si basa sulla correlazione tra il profilo degli acidi grassi del latte, rilevabile attraverso lo spettro MIR, e la fermentazione ruminale, che è intrinsecamente legata alla metanogenesi (Dijkstra et al., 2011; Dehareng et al., 2012). Numerosi studi hanno dimostrato che gli spettri MIR possono predire la produzione di metano con accuratezza sufficiente per scopi genetici (Shadpour et al., 2022; Oliveira et al., 2024; Shadpour et al., 2025).

La scelta del fenotipo più adatto richiede un bilanciamento accurato tra i diversi obiettivi di sostenibilità ambientale e redditività economica, poiché l'adozione di criteri di selezione mirati alla riduzione della produzione di metano può influenzare indirettamente i tratti legati alla funzionalità della ghiandola mammaria e alla produzione di latte (de Haas et al., 2021). Di conseguenza, l'integrazione di questi caratteri nei programmi di miglioramento genetico deve valutare attentamente i compromessi fisiologici ed economici tra la diminuzione delle emissioni

dei gas climalteranti e il mantenimento di elevati standard di efficienza produttiva aziendale (Knapp et al., 2014).

1.3. Fonti di variabilità della produzione di metano

Per un'accurata stima del potenziale genetico dell'animale, è imprescindibile comprendere come i diversi fattori esterni impattino in modo diverso su fenotipi quali MeP, MeI, CH₄c, PCH₄, RMet (Donadia et al., 2023; Worku, 2024).

Inoltre, la produzione di metano enterico nelle bovine da latte è un carattere complesso, influenzato da molteplici fattori: alimentazione, ambiente, fisiologia dell'animale, genetica e gestione aziendale (Donadia et al., 2023; Worku, 2024). La comprensione di queste fonti di variabilità è fondamentale non solo per una corretta interpretazione dei dati fenotipici, ma anche per attuare strategie di mitigazione efficaci e mirate (Worku, 2024).

1.3.1. Relazione tra i fenotipi di emissione e le fonti di variazione

La definizione operativa del fenotipo ne determina la dipendenza dalle diverse fonti di variazione. La produzione giornaliera assoluta di metano rappresenta la quantità totale di gas emesso ed è legata al metabolismo ruminale; infatti, è fortemente influenzata da tutti i fattori che modulano l'ingestione di sostanza secca, come la dieta, lo stadio fisiologico e lo stress termico (Manzanilla-Pech et al., 2022). L'MeI, espressa come emissione per unità di prodotto (es. latte), introduce una standardizzazione che la rende parzialmente indipendente dalla scala produttiva, ma al contempo la tiene legata alle dinamiche della curva di lattazione e alla qualità della razione (Fresco et al., 2023). La concentrazione di metano (CH₄c), tipicamente rilevata in ambiente non confinato tramite sistemi sniffer, è una misura istantanea o di breve periodo, particolarmente sensibile alle variazioni del comportamento alimentare e alle condizioni microclimatiche della stalla, come THI (Difford et al., 2020). Il PCH₄ deriva da equazioni basate su altre variabili misurabili, introducendo una variabilità legata all'incertezza del modello di stima. Infine, RMet viene calcolato come la differenza tra l'emissione osservata e quella attesa sulla base di DMI, produzione o peso vivo, configurandosi come un fenotipo complesso, la cui affidabilità è vincolata all'efficacia della correzione statistica (Da Silva et al., 2023). La valorizzazione genetica di questi fenotipi richiede quindi che l'analisi delle fonti di variabilità non genetiche venga condotta in modo specifico per ciascun fattore.

1.3.2. Impatto dei fattori alimentari, ambientali e fisiologici sui diversi fenotipi

La dieta agisce come driver primario del metabolismo ruminale. L'aumento della fibra nella razione sposta la fermentazione verso la produzione di acido acetico, incrementando la disponibilità di idrogeno e, di conseguenza, la metanogenesi per unità di SS ingerita (Hristov et al., 2013; Knapp et al., 2014). L'utilizzo di concentrati o additivi lipolitici nella dieta, al contrario, inibisce la metanogenesi, riducendo la produzione di CH₄. Parallelamente, lo stress termico, induce una riduzione dell'ingestione e una modifica del comportamento alimentare, deprimendo il metabolismo energetico e alterando la composizione del microbiota ruminale (Müschners-Siemens et al., 2020; Das et al., 2016). Tale risposta adattativa modifica non solo MeP, a causa del calo di DMI, ma introduce un bias nelle misurazioni puntuali come CH_{4c}, che possono fluttuare in relazione al momento del giorno e al comportamento di pasto (Polsky et al., 2017). Le variazioni fisiologiche legate a DIM e all'ordine di parto generano pattern sistematici, con MeP che raggiunge il picco in corrispondenza della massima ingestione di SS (150-200 DIM) e MeI che tende a salire durante tutta la lattazione. Le pluripare, grazie a una maggiore capacità di ingestione, mostrano MeP più elevato rispetto alle primipare (Pszczola et al., 2017; Jalil et al., 2020).

1.3.3. Standardizzazione metodologica e implicazioni per la selezione genetica

La variabilità introdotta dal metodo di misura (camere respiratorie, GreenFeed, SF₆, sniffer) si sovrappone a quella biologica. Le camere respiratorie forniscono una misura di riferimento e cumulativa della MeP, ideale per validare fenotipi come l'RMet, ma limitano il comportamento naturale. Il sistema GreenFeed, al contrario, cattura emissioni spot durante eventi alimentari volontari, generando fenotipi CH_{4c} e MeP stimata che richiedono una modellazione statistica per compensare la natura intermittente del dato (Manzanilla-Pech et al., 2021). L'armonizzazione dei protocolli di fenotipizzazione è un prerequisito per la costruzione di popolazioni di riferimento genomiche. In Canada, ad esempio, la valutazione genomica per l'efficienza del metano si basa su dati fenotipici di emissione raccolti mediante l'impiego del sistema automatizzato GreenFeed su una popolazione di riferimento composta da circa 700 vacche primipare di razza Frisona tra i

giorni 120 e 150 di lattazione, monitorate all'interno di specifiche stazioni di ricerca sperimentale per garantire la standardizzazione delle registrazioni (de Oliveira et al., 2024). Questa scelta di limitare la variabilità gestionale, fisiologica e metodologica a monte permette di isolare con maggiore precisione la componente genetica additiva, dimostrando come la definizione del fenotipo e il controllo dei fattori esterni siano due facce della stessa medaglia per un programma di miglioramento genetico efficace.

1.3.4. GWAS e basi genetiche delle emissioni

Per comprendere appieno l'architettura genetica delle emissioni di metano e identificare i geni coinvolti, sono stati condotti studi di associazione genomica su larga scala (*Genome-Wide Association Studies*, GWAS). Questi studi mirano a individuare varianti genomiche, come i polimorfismi a singolo nucleotide (*Single Nucleotide Polymorphisms*, SNPs), associate ai fenotipi di interesse. L'identificazione di tali varianti è fondamentale per migliorare l'accuratezza della selezione genomica. (Visscher et al., 2017; Difford et al., 2018)

Le analisi GWAS hanno evidenziato che le emissioni di metano sono un carattere poligenico, controllato da molti geni con effetti piccoli (Manzanilla-Pech et al., 2016; Difford et al., 2018). Tuttavia, sono state identificate alcune regioni genomiche di maggiore effetto, che contengono geni candidati con ruoli potenziali nella fermentazione ruminale e nel metabolismo energetico.

Un'analisi condotta su bovine di razza Frisona ha identificato regioni sui cromosomi *BTA1* e *BTA14*, contenenti geni come *DGAT1* (diacilglicerolo O-aciltransferasi 1) e *SLC37A1*, associati alla produzione di metano (Manzanilla-Pech et al., 2016). Il gene *DGAT1* è noto per il suo effetto significativo sulla composizione del grasso del latte, suggerendo un legame metabolico tra la sintesi dei grassi nel latte e la metanogenesi ruminale (Grisart et al., 2002). Recentemente, uno studio effettuato su bovine di razza Frisona ha identificato regioni genomiche su *BTA1*, *BTA5*, *BTA8*, *BTA15*, *BTA19*, *BTA20*, *BTA24*, *BTA26* e *BTA27* associate all'intensità di metano, con geni candidati come *SCN4B* (sodium voltage-gated channel beta subunit 4) e *MPZL3* (myelin protein zero-like 3) proposti come potenziali regolatori (Ma et al., 2025).

Altri geni candidati identificati in studi GWAS includono *FABP3* (fatty acid binding protein 3) e *ACSL1* (acyl-CoA synthetase long-chain family member 1), coinvolti nel metabolismo degli acidi grassi (de Haas et al., 2017). Questi geni potrebbero influenzare la produzione di metano modulando il profilo degli acidi grassi volatili prodotti durante la fermentazione ruminale, che a loro volta influenzano la disponibilità di substrati per la metanogenesi (Janssen et al., 2010).

Un'area di ricerca emergente riguarda il microbiota ruminale. La sua composizione e la sua funzionalità sono parzialmente influenzate dal genotipo dell'ospite, e la sua ereditabilità è stata stimata tra 0,13 e 0,61 per alcuni microrganismi microbici (Difford et al., 2018; Wallace et al., 2019). Questo apre prospettive per strategie di selezione che mirino non solo al genoma della vacca, ma anche al suo microbiota ruminale, offrendo un approccio integrato per la riduzione delle emissioni (Martínez-Álvaro et al., 2022). La comprensione dell'interazione tra genotipo dell'ospite e microbiota ruminale potrebbe permettere di identificare animali in grado di emettere meno metano, massimizzando l'efficacia della selezione (Difford et al., 2018).

1.3.5. Correlazioni genetiche con i caratteri produttivi

La comprensione delle correlazioni genetiche tra le emissioni di metano e i caratteri economicamente importanti è fondamentale per progettare indici di selezione efficaci, che evitino di causare risposte indesiderate in altri tratti.

Le correlazioni genetiche tra MeP e i tratti produttivi (MY, FY, PY) sono generalmente positive, indicando che vacche con maggiore produzione tendono a emettere più metano (Manzanilla-Pech et al., 2021; Breider et al., 2019). Questo legame è mediato in parte dall'aumento dell'ingestione di sostanza secca necessario per sostenere alte produzioni. Manzanilla-Pech et al. (2021) hanno riportato correlazioni genetiche di 0,29 tra MeP e MY, e di 0,45 tra MeP ed ECM. Lopes et al. (2024) hanno riportato forti correlazioni genetiche positive tra produzione di metano e MY (0,33), FY (0,89) e PY (0,55). Tuttavia, per la produzione di metano predetta da spettri MIR (PCH₄), le correlazioni genetiche con i tratti produttivi mostrano un quadro più articolato. Shadpour, et al. (2025) hanno stimato correlazioni genetiche negative con MY (da -0,23 a -0,13) e PY (da -0,17 a -0,09), ma positive con FY (da 0,30 a 0,48). Questo andamento, apparentemente controintuitivo, potrebbe riflettere il fatto che la predizione da MIR, escludendo i livelli produttivi come input, isola una componente genetica della produzione di metano più legata all'efficienza metabolica che non alla semplice produzione (Shadpour, et al., 2025).

Le correlazioni genetiche tra metano e tratti di efficienza alimentare, come l'Ingestione Residua (*Residual Feed Intake*, RFI), sono positive (Manzanilla-Pech et al., 2021; Difford et al., 2020). Ciò implica che animali geneticamente più efficienti (con RFI basso) tendono a emettere meno metano, offrendo un beneficio collaterale nella selezione per l'efficienza alimentare. La selezione per un basso RFI potrebbe quindi rappresentare una strategia a breve termine per ridurre le emissioni. Tuttavia, è importante notare che la correlazione genetica tra MeP e RFI (0,38) è

moderata, indicando che non sono lo stesso tratto e che la selezione per RFI da sola non è sufficiente per massimizzare la riduzione del metano (Manzanilla-Pech et al., 2021).

Le correlazioni genetiche tra MeP e peso corporeo (BW) o peso metabolico (MBW) sono positive e moderate (0,65), indicando che animali più grandi tendono a emettere più metano (Manzanilla-Pech et al., 2021). Questo è in linea con il fatto che il mantenimento di una massa corporea maggiore richiede un dispendio energetico superiore e, di conseguenza, una maggiore ingestione di alimento e fermentazione ruminale. Le correlazioni con il body condition score (BCS) sono generalmente basse o nulle (Zetouni et al., 2018).

Le correlazioni genetiche tra MeP e tratti di fertilità sono generalmente negative o nulle, suggerendo che la selezione per la riduzione del metano potrebbe non avere impatti negativi sulla fertilità (Zetouni et al., 2018). Tuttavia, sono necessari ulteriori studi per chiarire completamente queste relazioni. Per quanto riguarda la salute, la correlazione con la resistenza alle malattie metaboliche è risultata favorevole (0,23), indicando che animali con maggiore efficienza del metano potrebbero essere più sani (Oliveira et al., 2024).

1.3.6. Implicazioni per la selezione

Le evidenze genetiche presentate hanno importanti implicazioni per i programmi di selezione volti a ridurre le emissioni di metano nella produzione lattiero-casearia.

La selezione per la riduzione del metano è fattibile, come dimostrato dalle ereditabilità moderate e dalla variabilità genetica esistente. L'inclusione diretta di un tratto di metano nell'obiettivo di selezione è la strategia più efficace per ridurre le emissioni. Tuttavia, è fondamentale scegliere il fenotipo appropriato. Selezionare per RMet, essendo geneticamente indipendente dalla produzione di latte, grasso e proteine, rappresenta la scelta ottimale per ridurre le emissioni senza compromettere la produttività (Oliveira et al., 2024; Manzanilla-Pech et al., 2021).

L'utilizzo di indici di sostenibilità che combinano più tratti (come longevità, efficienza alimentare e metano) permette di ottenere una riduzione complessiva dell'impronta ambientale. Esempi includono il Sustainability Index in Australia e il LPI (*Lifetime Performance Index*) in Canada, che includono componenti legate all'efficienza e all'impatto ambientale (Richardson et al., 2021; Oliveira et al., 2024). In Canada, la proposta di un indice GHG per la commercializzazione prevede una riduzione stimata di 168 kg di CO₂ equivalente per vacca all'anno per deviazione standard dell'indice, grazie al miglioramento genetico per l'efficienza del metano e per i requisiti di mantenimento corporeo (Richardson et al., 2025). L'omissione di un tratto di metano diretto

dall'indice indebolirebbe la capacità genetica delle vacche di ridurre le emissioni enteriche, sottolineando l'importanza della sua inclusione (Richardson et al., 2025).

La valutazione genomica ha rivoluzionato il miglioramento genetico, permettendo di stimare i valori genetici con maggiore accuratezza e precocità. Per i tratti di metano, l'uso di predittori indiretti come gli spettri MIR del latte, combinato con dati genomici, ha permesso di implementare valutazioni genomiche su larga scala, come nel caso del Canada (Oliveira et al., 2024). Questo sistema valuta i tori sulla base di un valore di metano residuo geneticamente indipendente, consentendo agli allevatori di selezionare animali a basse emissioni senza penalizzare la produttività.

La risposta alla selezione per la riduzione del metano è stata stimata in diversi studi. Si è calcolato che includendo un valore economico negativo per il metano (-0,60 € per g di CH₄), è possibile ottenere una riduzione di 100 g/giorno di metano residuo, mantenendo al contempo un aumento della produzione di latte (MY) del 95-97% rispetto allo scenario base (Manzanilla-Pech et al., 2021). Oliveira et al. (2024) ha riportato che una selezione per un aumento di 5 punti del *relatives breeding value* (RBV) per l'efficienza del metano si traduce in una riduzione di 7,55 g/giorno di CH₄ nelle figlie, pari a circa 3 kg all'anno, ovvero una riduzione dell'1,5% delle emissioni per vacca all'anno.

1.3.7. Fattori alimentari

La dieta rappresenta il fattore non genetico più incisivo nel determinare la quantità di metano prodotta durante la fermentazione ruminale (Hristov et al., 2013; Worku, 2024). La composizione della razione, la sua digeribilità e la presenza di specifici additivi influenzano direttamente il microbiota ruminale e le vie metaboliche che portano alla formazione di CH₄ (Worku, 2024).

Il rapporto tra foraggi e concentrati costituisce un elemento chiave. Diete ricche di foraggi, caratterizzate da un elevato contenuto di fibra, favoriscono la produzione di acido acetico e, di conseguenza, di idrogeno molecolare (H₂), substrato essenziale per i microrganismi metanogeni (Hristov et al., 2013). Questo si traduce in una produzione di metano per unità di sostanza secca ingerita più elevata rispetto a diete con una maggiore percentuale di concentrati (Hristov et al., 2013). Al contrario, l'incremento della quota di concentrati nella razione modula la fermentazione ruminale verso una maggiore produzione di acido propionico, un processo che consuma H₂, riducendo così la disponibilità di substrato per la metanogenesi (Hristov et al., 2013; Shinkai et al., 2024).

Molti articoli confermano che la produzione giornaliera di metano, resa in g/kg DMI e l'intensità g/kg di ECM calano in modo lineare rispettivamente di 26g/giorno, 0,92g/kg e 0,90g/kg per ogni aumento di 10 g/kg di RAFA (Rumen Accessible Fatty Acids) totali nella dieta (Cahyo et al., 2026). L'efficacia di questa strategia dipende dal grado di insaturazione e dalla quantità di lipidi aggiunti, con gli acidi grassi a catena lunga (C12:0, C14:0, C16:0) e gli acidi grassi polinsaturi (C18:2, C18:3) che mostrano i maggiori effetti inibitori sulla metanogenesi (Cahyo et al., 2026). L'effetto di mitigazione è più marcato in diete ad alto contenuto di amido (>20% di SS) e basso contenuto di fibra (<35% NDF), suggerendo una complessa interazione tra i componenti della dieta (Cahyo et al., 2026).

La digeribilità della dieta e il consumo di sostanza secca (*Dry Matter Intake*, DMI) sono ulteriori driver primari della produzione giornaliera di metano. All'aumentare dell'ingestione, aumenta proporzionalmente la quantità di substrato fermentescibile nel rumine e, di conseguenza, la produzione assoluta di CH₄ (Donadia et al., 2023). Tuttavia, è interessante notare che l'intensità di metano (g CH₄/kg di latte) è più influenzata dalla conversione del latte (kg di latte/kg di DMI) che dalla resa di metano (g CH₄/kg di DMI) (Donadia et al., 2023). L'aumento della produzione di latte ha ridotto l'intensità di metano principalmente attraverso il miglioramento della conversione del latte, piuttosto che attraverso la riduzione della resa di metano (Donadia et al., 2023).

1.3.8. Fattori fisiologici e microbiologici dell'animale

La fisiologia dell'animale e il microbiota ruminale, contribuiscono in modo significativo alla variabilità delle emissioni di metano. Lo studio del microbiota ruminale ha rivelato associazioni importanti con il fenotipo di emissione di metano (Difford et al., 2018).

Lo stadio di lattazione è un fattore determinante, infatti la produzione di metano tende a seguire un andamento simile a quello di DIM, raggiungendo un picco intorno ai 150-200 giorni, per poi diminuire gradualmente verso la fine (Fresco et al., 2023). L'Mel (g CH₄/kg di latte corretto per proteine e grassi, ECMFP) segue una curva crescente nel corso della lattazione, con valori che aumentano da circa 10,5 g/kg a 1 DIM a 15,2 g/kg a 300 DIM (Fresco et al., 2023). Anche il numero di parti e l'età dell'animale influenzano le emissioni: le vacche pluripare tendono a produrre più metano in termini assoluti rispetto alle primipare, principalmente a causa della loro maggiore ingestione di sostanza secca e della superiore produzione di latte (Fresco et al., 2023).

Recenti ricerche hanno evidenziato il ruolo cruciale del microbiota ruminale nel determinare la variabilità delle emissioni di metano (Roques et al., 2025; Shinkai et al., 2024; Castaneda et al.,

2025). In uno studio è emerso che la dieta e lo stadio di lattazione influenzano significativamente il microbiota ruminale e l'intensità di metano (Roques et al., 2025).

Shinkai et al. (2024) hanno identificato profili microbici distinti tra vacche a bassa e alta emissione di metano. Le vacche a bassa emissione mostravano un rapporto acidi grassi volatili (AGV) (acido acetico + acido butirrico) /acido propionico) inferiore rispettivamente 3,54 e 5,03 (Shinkai et al., 2024).

Secondo alcuni studi, anche il tempo di ruminazione (RT) apporta modifiche al microbiota ruminale e influenza la produzione di metano. Si è dimostrato che vacche con un RT più lungo emettono il 26% in meno di metano rispetto a vacche con un RT più breve (Castaneda et al., 2025).

1.3.9. Fattori ambientali e aziendali

Le condizioni ambientali e le pratiche gestionali rappresentano un'ulteriore e rilevante fonte di variabilità. Le condizioni microclimatiche all'interno della stalla, come la temperatura e l'umidità, influenzano sia le emissioni enteriche che quelle dalle deiezioni (Rodrigues et al., 2024). La temperatura ambientale ha effetto diretto sul metabolismo e sul comportamento dell'animale e sulle sue attività microbiche (Rodrigues et al., 2024). In uno studio le emissioni di metano hanno mostrato variazioni stagionali e giornaliere significative, con valori che variavano da 6,2 a 31,4 g h⁻¹ per unità di bestiame. Le emissioni aumentavano durante le ore diurne, (Rodrigues et al., 2024). Lo stress termico, in particolare, può ridurre il consumo di alimento e alterare la fisiologia ruminale, con conseguenti variazioni nella produzione di metano (Rodrigues et al., 2024).

La gestione dei liquami e il sistema di stabulazione giocano un ruolo fondamentale, soprattutto per le emissioni di metano (Brouček, 2024). La decomposizione anaerobica della sostanza organica nelle vasche di stoccaggio dei liquami produce quantità significative di CH₄ (Brouček, 2024). Anche il tipo di alimentazione e le pratiche di allevamento contribuiscono alla variabilità, in sistemi basati sul pascolo, le variazioni stagionali nella qualità e quantità del foraggio influenzano le emissioni, come evidenziato dal programma di ricerca Emissions4Pasture (DairyNZ, 2024). In particolare, la qualità del pascolo in primavera può determinare emissioni inferiori rispetto alla media annuale, suggerendo che le variazioni stagionali del foraggio sono un fattore determinante (DairyNZ, 2024).

1.4. La genomica e la genetica della vacca da latte

La produzione di metano enterico nelle bovine da latte rappresenta un carattere complesso che riflette l'attività metabolica del microbiota ruminale (Morgavi et al., 2010; Knapp et al., 2014). La fermentazione degli alimenti ingeriti da parte dei batteri ruminali produce idrogeno, che viene successivamente convertito in metano dagli archei metanogeni attraverso il processo di metanogenesi (Fresco et al., 2025). La possibilità di ridurre queste emissioni attraverso la selezione genetica rappresenta una strategia particolarmente promettente, poiché offre un progresso cumulativo e permanente nel corso delle generazioni (Fresco et al., 2025; Shadpour et al., 2026; Oliveira et al., 2026).

1.4.1. Ereditabilità delle emissioni di metano

La possibilità di ottenere un progresso genetico per la riduzione delle emissioni di metano dipende dall'esistenza di una variabilità genetica significativa per questo carattere all'interno delle popolazioni. Numerosi studi hanno confermato che i tratti legati alle emissioni di metano possiedono una componente genetica ereditabile, con stime di ereditabilità che variano in funzione del fenotipo considerato, della popolazione studiata e del metodo di misurazione adottato (Shadpour et al., 2026; Fresco et al., 2025; Oliveira et al., 2026; Ghiasi et al., 2025).

Uno studio condotto su bovine Frisone in prima lattazione ha utilizzato fenotipi di metano predetti da spettri MIR del latte, evidenziando che l'ereditabilità varia da 0,23 per le stime indirette a 0,42 per quelle ottenute tramite camera respiratoria (Fresco et al., 2025). In particolare, MeI ha mostrato un'ereditabilità di $0,34 \pm 0,006$, la resa di metano (MeY) si è attestata a $0,35 \pm 0,006$, e la produzione diretta (MeP_direct, in g/giorno) ha registrato un valore di $0,39 \pm 0,006$ (Fresco et al., 2025). In un altro studio basato su dati di concentrazione rilevati mediante dispositivi sniffer, le stime di ereditabilità in vacche primipare sono variate da 0,08 per il rapporto CH_4 : CO_2 a 0,19 per la concentrazione di CH_4 , con una ripetibilità fino a 0,42 per la concentrazione di CO_2 (Schneider et al., 2025). Analogamente, Manzanilla-Pech et al. (2025) hanno riportato stime di ereditabilità comprese tra 0,16 e 0,28 per la produzione totale, con un valore di 0,21 per RMet.

È interessante notare come i fenotipi di metano predetti tramite spettri MIR mostrino spesso stime di ereditabilità particolarmente elevate e stabili (spesso comprese tra 0,37 e 0,45, come evidenziato negli studi di Frisone canadesi da Shadpour et al., 2025). Questo fenomeno si spiega

considerando che la predizione MIR si fonda sulla stretta correlazione tra i profili degli acidi grassi e i componenti del latte, e i processi fermentativi ruminali. Poiché i caratteri legati alla composizione del latte presentano una spiccata base genetica e un'elevata ereditabilità intrinseca, il fenotipo predittivo ne eredita indirettamente la robustezza analitica, beneficiando al contempo di una maggiore standardizzazione e di una riduzione dell'errore residuo rispetto ad alcune misurazioni dirette sul campo. Questi valori complessivi confermano un moderato controllo genetico e un potenziale di selezione molto significativo (Berry et al., 2014).

Infine, l'impiego di modelli di equazioni per analizzare la complessa interazione tra ospite, microbiota e metano ha permesso di stimare un'ereditabilità di $0,12 \pm 0,01$ per la concentrazione di metano, evidenziando al contempo correlazioni genetiche significative (da -0,76 a 0,65) tra specifici microrganismi ruminali e MeP. Tali risultati dimostrano che l'architettura genomica ruminale e le emissioni enteriche sono regolate dal genotipo dell'animale (Saborío-Montero et al., 2024).

1.4.2. Evidenze genomiche

Le emissioni di metano rappresentano un carattere quantitativo complesso, definito da una natura altamente poligenica, in cui il fenotipo è il risultato dell'effetto additivo di numerosi loci genomici, ciascuno con un impatto individuale limitato (Fresco et al., 2025; Mahala et al., 2022). Studi genomici recenti hanno identificato 57 regioni di interesse, distribuite su 24 autosomi, comprendenti un totale di 104 QTL (*Quantitative Trait Loci*) associati ai sei fenotipi di metano predetti. Il numero di QTL rilevati varia da 2 a 28 per singolo fenotipo, confermando l'architettura poligenica del tratto (Fresco et al., 2025). Di queste, 22 regioni genomiche contenevano almeno 2 QTL che colpivano uno o più tratti CH₄. Quattro regioni erano di particolare interesse: una situata su *BTA14* a ~ 64 Mbp (regione 28), che era associata a tutti e sei i tratti CH₄; una situata su *BTA14* a ~ 0,5 Mbp (regione 26), che era associata a cinque dei sei tratti CH₄; e due regioni situate su *BTA1* a ~ 142 Mbp (regione 2) e *BTA15* a ~ 65 Mbp (regione 32), che erano associate a quattro dei sei tratti CH₄. (Fresco et al., 2025).

All'interno di queste regioni, e specificamente nell'area critica del *BTA14*, sono localizzati geni chiave quali *FASN* (*fatty acid synthase*), coinvolto nella sintesi de novo degli acidi grassi, e *DGAT1* (*diacylglycerol O-acyltransferase 1*), enzima fondamentale per la sintesi dei trigliceridi nel latte (Fresco et al., 2025; Grisart et al., 2002). La localizzazione di questi geni all'interno dei QTL identificati non è casuale: *DGAT1* e *FASN* modulano direttamente la composizione in acidi

grassi del grasso del latte. Poiché la predizione del metano tramite spettroscopia MIR si basa proprio sull'analisi del profilo degli acidi grassi e sulla composizione del latte, esiste una covarianza genetica intrinseca tra la regolazione di questi geni e i fenotipi di metano predetti (Mach et al., 2013; Lassen et al., 2016).

Oltre alla regolazione mediata dall'ingestione e dal metabolismo diretto, la ricerca sta evidenziando l'esistenza di una “comunicazione” sistemica tra l'ospite e il microbioma. Recentemente, è stato proposto un meccanismo di regolazione attiva dell'ospite verso il suo microbiota, attraverso varianti genetiche specifiche, modula la produzione epatica di metaboliti circolanti, come la 6-idrossimelatonina (Zhang et al., 2026). Questi metaboliti, agendo come segnali sistemici, sono in grado di influenzare l'ambiente ruminale favorendo la proliferazione di popolazioni microbiche associate a un minor rilascio di H_2 e, di conseguenza, a una ridotta metanogenesi (Zhang et al., 2026). Tali evidenze confermano che una quota significativa della composizione del microbioma ruminale è ereditabile e direttamente modulata dal genoma della bovina (Wallace et al., 2019).

1.4.3. L'Interazione ospite-microbiota

Sono presenti tre specie ereditabili di *Prevotella*, tra cui *Prevotella bryantii*, che causano una riduzione delle emissioni di metano. Questi batteri, che possiedono un'idrogenasi, competono con gli archeobatteri metanogeni per l'idrogeno (H_2), riducendo la disponibilità del substrato per la formazione di CH_4 (Zhang et al., 2026; Ungerfeld, 2015).

Hanno identificato profili microbici distinti tra vacche a bassa e alta emissione di metano, con le vacche a bassa emissione che mostravano un rapporto di AGV inferiore e una maggiore abbondanza di una *Prevotella* spp. (Shinkai et al., 2024; Zhang et al., 2026). Il genoma dell'animale spiega il 21% della variazione nella produzione di metano e il microbiota che spiega il 13% (Zhang et al., 2020). La selezione sugli individui con profili microbici desiderabili potrebbe produrre una riduzione delle emissioni di gas metano di 0,41 deviazioni standard fenotipiche per generazione (Martínez-Álvaro et al. 2022).

1.4.4. Correlazioni genetiche con i caratteri produttivi

La comprensione delle correlazioni genetiche tra le emissioni di metano e i caratteri economicamente importanti è fondamentale per progettare indici di selezione efficaci, che evitino di causare risposte indesiderate in altri tratti (Hayes et al., 2013).

Usando misure dirette di concentrazione di metano ottenute mediante sistemi sniffer, si sono stimate correlazioni genetiche moderate e sfavorevoli tra la produzione di CH₄ e la produzione di ECM, con valori di 0,44 per le bovine pluripare e più alti per le primipare (Schneider et al., 2025). Presenti correlazioni genetiche alte (>0,76) tra metano predetto e MY, FY, PY, lattosio e contenuto di sostanza secca nel latte, con una correlazione genetica moderata (0,34) tra metano e contenuto di grasso (Ghiasi et al., 2025).

1.4.5. Implicazioni per la selezione genomica

Le evidenze genetiche e genomiche presentate hanno importanti implicazioni per i programmi di selezione volti a ridurre le emissioni di metano. Il Canada ha sviluppato valutazioni genomiche basate sul metano predetto da spettri MIR del latte e su fenotipi GreenFeed, successivamente incorporate in un indice GHG, con una valutazione genomica per l'efficienza del metano (MEF) (Oliveira et al., 2026; Oliveira et al., 2024). L'Australia ha introdotto un indice di sostenibilità per la razza Frisona che enfatizza i tratti legati al metano (Oliveira et al., 2026; Richardson et al., 2021). I Paesi Bassi hanno sviluppato predizioni delle emissioni di metano basate su misurazioni raccolte tramite dispositivi sniffer e tecnologie GreenFeed, incorporandole in un indice di selezione per ridurre le emissioni di gas serra (Oliveira et al., 2026). Le valutazioni genetiche per il metano predetto da spettri MIR sono previste in paesi come Belgio, Francia e Irlanda, mentre la Spagna ha avviato valutazioni CH₄ basate su misurazioni sniffer nel 2023 (Oliveira et al., 2026).

La selezione per RMet, essendo geneticamente indipendente dalla produzione di latte, grasso e proteine, rappresenta una strategia ottimale per ridurre le emissioni senza compromettere la produttività (Manzanilla-Pech et al., 2016). L'uso degli spettri MIR del latte, combinato con dati genomici, ha permesso di implementare valutazioni genomiche su larga scala (Oliveira et al., 2024; Shadpour et al., 2026). Tuttavia, l'utilizzo di fenotipi predetti da spettri MIR, sebbene permetta di ottenere un'elevata potenza di rilevamento, possono indurre in errore nella selezione di caratteri produttivi (Fresco et al., 2025). Questo aspetto sottolinea l'importanza di distinguere tra QTL associati alla metanogenesi e quelli che riflettono la predizione basata sul latte (Fresco et

al., 2025). La combinazione di valutazioni genomiche per il metano con l'analisi del microbiota ruminale potrebbe offrire un approccio integrato per massimizzare l'efficacia della selezione, contribuendo a ridurre la carbon footprint della filiera lattiero-casearia senza compromettere la produttività e la qualità del latte (Martínez-Álvaro et al., 2022; Mahala et al., 2022; Zhang et al., 2026).

Alla luce delle evidenze scientifiche globali, emerge con chiarezza la necessità di validare tali strategie di selezione all'interno di contesti produttivi specifici, caratterizzati da peculiari standard qualitativi, come la filiera del Parmigiano Reggiano. In questo contesto, il progetto CowMeTec rappresenta un nodo fondamentale per l'analisi delle relazioni tra il merito genomico per le emissioni di metano e l'efficienza tecnologica del latte. I risultati preliminari del progetto indicano infatti che le bovine di razza Frisona italiana, classificate geneticamente come a bassa emissione di CH₄, presentano una maggiore concentrazione di caseina, un indice caseinico superiore e una resa casearia (%CY_{CURD}) più elevata rispetto ai soggetti ad alte emissioni. Tali evidenze suggeriscono una potenziale sinergia biologica tra l'efficienza della fermentazione ruminale, la riduzione delle perdite energetiche e una migliore partizione dell'azoto verso la sintesi proteica nel latte (Tedeschi et al., 2025).

Partendo da queste premesse, la presente tesi mira ad approfondire tali correlazioni genomiche e fenotipiche, verificando come la selezione per la mitigazione delle emissioni di gas climalteranti possa tradursi in un valore aggiunto per la qualità tecnologica e la sostenibilità economica, fornendo strumenti decisionali concreti per gli allevatori impegnati nella filiera di produzione del Parmigiano Reggiano.

2. Relazione tra metano e latte

Il rumine rappresenta il centro da cui originano sia i processi fermentativi responsabili delle emissioni di metano enterico sia le sintesi biochimiche che determinano la quantità e la qualità del latte (Ungerfeld, 2015). Comprendere la relazione intrinseca tra la produzione di metano e le caratteristiche qualitative del latte significa esplorare un sistema biologico altamente integrato, in cui l'efficienza energetica dell'animale e le vie metaboliche della mammella sono profondamente connesse alle dinamiche microbiche che avvengono nei prestomaci (Knapp et al., 2014; Youngmark & Kraft, 2025).

La metanogenesi enterica costituisce il principale meccanismo fisiologico attraverso cui i microrganismi metanogeni smaltiscono l'idrogeno molecolare (H_2) liberato durante la fermentazione microbica dei carboidrati della dieta (Ungerfeld, 2015). Questo processo è in costante competizione metabolica con la produzione di AGV, e in particolare di acido propionico (Badhan et al., 2025). L'acido propionico, una volta assorbito attraverso la mucosa ruminale, viene convertito in glucosio a livello epatico mediante i processi della gluconeogenesi, assumendo una duplice valenza biologica: da un lato sostiene il fabbisogno energetico dell'organismo ospite, dall'altro fornisce i precursori fondamentali per la sintesi del lattosio nella ghiandola mammaria, condizionando direttamente il volume produttivo del latte (Badhan et al., 2025).

Parallelamente, gli AGV a catena corta come l'acido acetico e l'acido butirrico, oltre a rappresentare i substrati di H_2 per la riduzione della CO_2 in metano, costituiscono i precursori essenziali per la biosintesi degli acidi grassi della frazione lipidica del latte (Youngmark & Kraft, 2025). Questa condivisione di intermedi metabolici e percorsi biochimici spiega il motivo per cui il profilo degli acidi grassi del latte si configuri come uno dei biomarker indiretti più affidabili per stimare le emissioni di metano enterico delle singole bovine (Dijkstra et al., 2011).

Un aspetto importante nella relazione tra metano e qualità del latte riguarda la distribuzione dei nutrienti e la sintesi delle frazioni azotate e minerali. La composizione chimica fine del latte, inclusi i rapporti tra le diverse proteine e la concentrazione di macro e microminerali (come calcio, fosforo e magnesio), è strettamente dipendente dall'efficienza metabolica dell'animale e dalle condizioni di allevamento (Malacarne et al., 2014; Stocco et al., 2019). Elementi minerali essenziali come il calcio e il magnesio sono in gran parte associati alle micelle di caseina e risentono dello stato di attivazione della sintesi mammaria (Stocco et al., 2019).

La relazione tra la produzione di metano e la qualità del latte non si limita a una semplice correlazione statistica, ma affonda le sue radici in meccanismi metabolici, endocrini e microbiologici complessi dell'animale (De Haas et al., 2017). La caratterizzazione di questa relazione costituisce la base indispensabile per sviluppare strategie di miglioramento genetico e gestionale capaci di coniugare la sostenibilità ambientale con la tutela e la valorizzazione delle proprietà chimiche, nutrizionali e tecnologiche del latte (Miglior et al., 2017; Tedeschi et al., 2025).

2.1. Produzione di metano e qualità del latte

Da un punto di vista metabolico, la minore perdita di energia sotto forma di metano nel rumine può determinare una disponibilità energetica e azotata più efficiente per i processi microbici e per il metabolismo dell'ospite, favorendo la sintesi di proteine ad alto valore biologico nella mammella (Tedeschi et al., 2025). Un incremento dell'indice di caseina — inteso come rapporto percentuale tra la caseina e le proteine totali del latte — evidenzia una maggiore efficienza biosintetica, in cui una quota maggiore dell'azoto totale secreto è orientata verso le frazioni proteiche nobili (Tedeschi et al., 2025).

La riduzione della metanogenesi ruminale, riducendo le perdite energetiche gassose, consente all'animale di ottimizzare la distribuzione dei nutrienti digeriti, indirizzando una quota maggiore di energia verso i processi fisiologici di produzione del latte (Knapp et al., 2014; Tedeschi et al., 2025). In questo scenario, la selezione orientata specificamente verso caratteri come ME o RMet, poiché definiti geneticamente indipendente dalla capacità produttiva dell'animale, permettendo di abbattere le emissioni di CH₄ senza compromettere le performance produttive del latte, né in termini quantitativi né qualitativi (Oliveira et al., 2024; Manzanilla-Pech et al., 2021). Diversi studi hanno approfondito la variabilità della composizione minerale e delle frazioni azotate in risposta ai fattori genetici, ambientali e gestionali (Stocco et al., 2019; Cassandro et al., 2008). Il calcio, il fosforo e il magnesio, sono strettamente correlati alla frazione caseinica e alle micelle proteiche; infatti, mostrano una dinamica di secrezione fortemente influenzata dallo stato metabolico e dall'efficienza digestiva dell'animale (Malacarne et al., 2014; Stocco et al., 2019).

2.1.1. Relazione del latte con gli acidi grassi

Esiste una connessione importante tra la metanogenesi ruminale e la qualità del latte che riguarda la frazione lipidica (Youngmark e Kraft, 2025). Gli acidi grassi a catena corta e a catena ramificata, sintetizzati *de novo* nella ghiandola mammaria a partire dagli AGV prodotti durante la fermentazione ruminale, mostrano correlazioni positive con le emissioni di metano (Youngmark e Kraft, 2025). Al contrario, gli acidi grassi insaturi e a catena dispari presentano generalmente correlazioni negative con le emissioni enteriche (Youngmark e Kraft, 2025).

L'impiego della spettroscopia MIR applicata ai campioni di latte consente di monitorare contemporaneamente il profilo degli acidi grassi e di stimare le emissioni di metano, così da conoscere in modo dettagliato lo stato metabolico dell'animale (Dehareng et al., 2012; Bittante

et al., 2020). La variazione degli acidi grassi nel corso della lattazione conferma che la qualità nutrizionale del grasso del latte è strettamente legata all'efficienza energetica e alla riduzione dell'impronta ambientale dell'allevamento (Bittante et al., 2018; Youngmark e Kraft, 2025).

2.1.2. Sinergie tra strategie di mitigazione e composizione del latte

Le strategie di mitigazione del metano modificano l'equilibrio dei metaboliti circolanti che compongono il latte (Zhao et al., 2025). Ad esempio, interventi nutrizionali mirati all'inibizione della metanogenesi ruminale — come l'impiego di additivi specifici, tannini o polifenoli — non solo riducono la produzione di gas serra, ma stimolano anche la sintesi proteica e modificano positivamente il profilo acidico del latte, migliorandone la composizione intrinseca (Zhao et al., 2025). Inoltre, le stime di ereditabilità e le correlazioni genetiche descritte da Bittante et al., (2020) confermano che la variabilità genetica dei tratti di emissione si relaziona in modo coerente con i parametri compositivi del latte, offrendo margini di miglioramento concreti per il settore lattiero-caseario (Bittante et al., 2020).

2.2. Produzione di metano e caseificazione

L'interazione tra la zootecnia di precisione, la selezione genomica per la riduzione delle emissioni di metano enterico e l'attitudine alla trasformazione industriale del latte rappresenta uno dei nodi più critici e stimolanti per il miglioramento genetico della Frisone Italiana (Tedeschi et al., 2025). I processi biologici che governano la fermentazione ruminale e la distribuzione dei nutrienti influenzano direttamente i parametri tecnologici della cagliata (Cipolat-Gotet et al., 2013; Bittante et al., 2020). Le evidenze presentate suggeriscono che la selezione per una riduzione delle emissioni di metano potrebbe avere effetti positivi sulla qualità del latte e sull'efficienza casearia (Tedeschi et al., 2025).

Per valutare l'attitudine del latte alla trasformazione in formaggi, l'analisi non può limitarsi alla sola composizione chimica, ma deve estendersi alla quantificazione dei parametri tecnologici e cinetici che governano la formazione del coagulo. L'efficienza casearia può essere indagata attraverso protocolli standardizzati come il modello a 9 mL di latte (*9-milca*), che consente di misurare i fenotipi tecnologici fondamentali per il processo di coagulazione presamica (Cipolat-Gotet et al., 2016):

- RCT (Rennet Coagulation Time, min): definisce il tempo di induzione tra l'aggiunta del caglio e l'inizio della formazione del reticolo, rappresentando un indicatore cruciale della reattività enzimatica e della prontezza tecnologica del latte.
- a_{30} (mm): misura la consistenza del coagulo a trenta minuti dall'addizione del caglio, testimoniando la capacità delle micelle di caseina di formare un reticolo tridimensionale fitto e resistente alle sollecitazioni meccaniche. Esso rappresenta la forza del coagulo, maggiore è A_{30} , più forte sarà il coagulo.
- CY% (Cheese Yield, %): rappresenta la resa in cagliata fresca rispetto al latte lavorato (CY_{CURD}), partizionata nella resa in solidi secchi (CY_{SOLIDS}) e nella resa idrica (CY_{WATER}).
- REC% (Nutrient Recovery, %): indica la percentuale dei componenti del latte (grasso, proteine e solidi totali) effettivamente inglobata nella cagliata rispetto al siero residuo (Cipolat-Gotet et al., 2016).

Stocco et al. (2019) sottolinea quanto sia importante anche considerare lo stato metabolico dell'animale e la sua efficienza digestiva per comprendere le variazioni nella qualità tecnologica del latte destinato alla trasformazione in formaggi a denominazione di origine protetta, come il Parmigiano Reggiano (Stocco et al., 2019).

La metanogenesi ruminale riflette l'efficienza con cui i substrati alimentari vengono convertiti in energia utile e in precursori metabolici per la sintesi dei componenti del latte (Knapp et al., 2014). Quando il rumine opera con un profilo fermentativo ottimizzato, quindi con una minore produzione di H_2 e di conseguenza di CH_4 , si assiste a una migliore disponibilità sistemica di azoto e di energia netta che l'animale utilizza per la sintesi delle frazioni proteiche nobili del latte (Tedeschi et al., 2025).

2.2.1. Dinamiche di coagulazione e recupero dei nutrienti

La predisposizione genetica a emettere bassi livelli di metano enterico si interseca con i parametri reologici e cinetici della coagulazione presamica, aspetti ampiamente studiati nella tradizione scientifica italiana ed europea (Malacarne et al., 2006; Cipolat-Gotet et al., 2013). La formazione del coagulo e la sua successiva consistenza dipendono in modo determinante non solo dalla concentrazione assoluta della caseina, ma anche dal delicato equilibrio della componente minerale, e in particolare dal calcio e dal fosforo micellare (Malacarne et al., 2014; Stocco et al., 2019).

2.2.2. Implicazioni per la selezione e la gestione delle filiere DOP

L'integrazione della mitigazione del metano nei programmi di miglioramento genetico della Frisona richiede tempo affinché si vedano risultati concreti e che eviti problemi sul prodotto finale (Miglior et al., 2017; Oliveira et al., 2024). Poiché i fenotipi di metano residuo (*RMet*) e l'efficienza del metano (*ME*) dimostrano una certa indipendenza genetica rispetto ai semplici volumi produttivi, è possibile selezionare per animali che emettono meno GHG preservando o migliorando al contempo le attitudini casearie (Oliveira et al., 2024). È stato dimostrato l'esistenza di una moderata ereditabilità dei caratteri di caseificazione e la possibilità di integrarli nei programmi di selezione insieme ai tratti legati all'efficienza energetica (Bittante et al., 2020).

La correlazione positiva tra un minor potenziale metanogeno e una maggiore efficienza casearia apre prospettive rilevanti per le filiere produttive ad alta specializzazione, dove la resa in caldaia e le caratteristiche di coagulazione rappresentano i principali motivi di ritorno economico per gli allevatori e i casari (Tedeschi et al., 2025). Ulteriori studi su popolazioni ampie e in condizioni di allevamento commerciale saranno fondamentali per consolidare queste evidenze e validare l'efficacia di indici di selezione combinati che uniscano la riduzione dei gas serra alla valorizzazione tecnologica del latte (Tedeschi et al., 2025).

3. Analisi ricerca

Le emissioni di metano variano in modo significativo a seconda di fattori nutrizionali, genetici, gestionali e ambientali. Tuttavia, le complesse interazioni tra queste variabili limitano ancora una stima accurata e lo sviluppo di strategie di mitigazione efficaci che non compromettano la produzione o la qualità del latte. L'obiettivo dello studio era sviluppare una valutazione genomica per l'efficienza del metano, integrabile nei programmi di allevamento volti a migliorare la sostenibilità ambientale, senza compromettere la produzione di latte o le caratteristiche tecnologiche essenziali per la caseificazione. Sono state campionate in totale 132 bovine di razza Frisona provenienti da due allevamenti, raccogliendo diversi campioni biologici a livello di singolo animale. In ciascun sistema di mungitura automatica (due per ogni allevamento) è stato installato un sistema di campionamento a posizione fissa "sniffer", che consente la misurazione non invasiva delle concentrazioni di metano e anidride carbonica nell'aria espirata e mediante eruttazione, registrando in modo continuo le emissioni di gas durante la mungitura.

3.1. Materiali e metodi

Questo studio pilota è stato condotto come parte del progetto CowMeTec. Un totale di 155 vacche di razza Frisona italiana sono state campionate in due diverse stalle situate in Emilia-Romagna, ciascuna dotata di due AMS. Per ogni vacca, è stato raccolto un tampone nasale o un campione di tessuto (TSU) per una successiva genotipizzazione.

3.2. Composizione del latte e caratteristiche di salute della mammella

La composizione del latte è stata determinata mediante spettroscopia nel medio infrarosso utilizzando un analizzatore MilkoScan FT3, una metodologia ampiamente validata per l'analisi rapida dei costituenti del latte. Le concentrazioni dei principali minerali (Ca, P, Na, K, Mg, S e Cl) sono state quantificate attraverso la spettrometria a fluorescenza a raggi X a dispersione di lunghezza d'onda (WDXRF). Per quanto concerne la salute della mammella, i parametri di riferimento sono stati valutati attraverso il conteggio delle cellule somatiche (SCC) e il conteggio differenziale delle cellule somatiche (DSCC), impiegando un analizzatore Fossomatic 7DC; il valore di SCC è stato successivamente normalizzato in punteggio delle cellule somatiche (SCS) per migliorarne la distribuzione statistica. La caratterizzazione morfologica dei globuli di grasso (MFG) è stata eseguita tramite un analizzatore laser Mastersizer 3000, che ha permesso di definire con precisione il diametro medio ponderato in volume ($D [4,3 \mu\text{m}]$) e sulla superficie ($D [3,2 \mu\text{m}]$), l'area superficiale specifica (SSA) espressa come m^2/kg e la variabilità dimensionale (Span), parametri essenziali per comprendere la stabilità dell'emulsione lattea.

3.3. Proprietà di coagulazione ed efficienza di caseificazione

L'efficienza di trasformazione casearia è stata valutata applicando il protocollo standardizzato "9-milca" descritto da Cipolat-Gotet et al. (2016). Tale metodica permette di misurare accuratamente i tempi di coagulazione (RCT) e la consistenza della cagliata (a_{30}). Allo stesso tempo, sono stati calcolati il recupero dei componenti del latte nella cagliata, tra cui grasso, proteine, solidi totali ed energia (%REC) e la resa casearia (%CY). Quest'ultima è stata espressa come peso della cagliata fresca rispetto al latte lavorato (%CY_{CURD}) e ulteriormente scomposta in resa solida (%CY_{SOLIDS}) e

resa idrica (%CY_{WATER}). Per garantire l'affidabilità del dato, ogni analisi è stata condotta due volte per ogni capo.

3.4. Caratterizzazione genomica

La caratterizzazione genomica si è basata sull'estrazione e genotipizzazione del DNA tramite chip SNP da 70K. Successivamente, sono stati stimati i meriti genomici (GEBV) per la produzione di metano (MP) e l'efficienza del metano (ME), seguendo le linee guida di valutazione di routine fornite da Lactanet (Oliveira et al., 2024). L'indice ME identifica la componente genetica della MP indipendente dai livelli di produzione di latte, grasso e proteine. I GEBV per MP e ME sono stati standardizzati in valori relativi di riproduzione (RBV) con media 100 e deviazione standard (SD) di 5. In questo modello, un valore di RBV elevato riflette un maggiore potenziale genetico per le emissioni di CH₄, mentre un valore ridotto indica una minore attitudine all'emissione. Sulla base di tale RBV, gli animali sono stati suddivisi in tre categorie genetiche secondo emissione di metano: Low (<-1 SD dalla media), Medium (da -1 SD a 1 SD dalla media) ed High (>1 SD dalla media), un approccio che permette di identificare linee genetiche più sostenibili sotto il profilo ambientale.

3.5. Analisi statistica dei dati

È stato applicato il seguente modello lineare:

$$Y_{ijklm} = \mu + Genetic\ Category_i + Parity_j + DIMClass_k + Herd_l + \epsilon_{ijklm},$$

dove Y_{ijklm} è la composizione del latte osservata, i minerali, le caratteristiche di salute della mammella, la dimensione dei globuli di grasso, le proprietà di coagulazione e l'efficienza nella produzione del formaggio di ciascuna vacca; μ è la media complessiva della popolazione; *Genetic Category* è l'effetto fisso della categoria genetica di appartenenza (Low, Medium, High); *Parity_j* rappresenta l'effetto fisso della classe di parità (1; ≥2); *DIMClass_k* è l'effetto fisso della classe DIM (<100, 100–200, >200 giorni); *Herd_l* definisce l'effetto fisso della mandria (A; B) e ϵ_{ijklm} è l'errore residuo associato al tratto osservato per ciascun soggetto. La rilevanza dei termini del modello è stata valutata utilizzando i test F. L'affidabilità e la robustezza delle stime sono state verificate applicando una procedura di bootstrap non parametrico a livello di osservazione per ciascun

carattere. Per ciascun carattere, sono stati generati $B = 2.000$ campioni bootstrap ricampionando le righe con reinserimento, e lo stesso modello è stato riadattato ad ogni campione. Per ogni valore, la distribuzione bootstrap della statistica F veniva riassunta dalla sua media e da valori empirici 2,5% e 97,5% (intervallo di correttezza bootstrap al 95%). I p-values sono stati anche integrati tra i campioni bootstrap ed è stata calcolata una metrica di stabilità come la proporzione di adattamenti bootstrap in cui il termine soddisfa il criterio di significatività ($p < 0,10$). Le medie dei minimi quadrati (medie marginali stimate) per Genetic Categories sono state calcolate dai modelli adattati e il contrasto pianificato è stato specificato per confrontare le stime riportate nella categoria genetica Low con la media dei valori dei gruppi Medium e High, utilizzando valori di contrasto $1, -0,5, -0,5$ (cioè, $\mu_1 - (\mu_2 + \mu_3) / 2$). L'incertezza associata a tale contrasto è stata valutata sia tramite gli errori standard derivati dal modello analitico sia attraverso l'approccio bootstrap, ricavando l'intervallo di confidenza empirico del 95% ottenuto dai percentili 2,5 e 97,5 della distribuzione del contrasto stesso. Tutte le analisi statistiche sono state condotte utilizzando il software R (Versione 4.1.3).

4. Risultati e discussione

Nel presente studio, i valori di grasso del latte e caseina erano rispettivamente del $3,62 \pm 0,63\%$ e del $2,86 \pm 0,31\%$. I tratti di coagulazione hanno mostrato un RCT di $22,32 \pm 4,20$ min e un a30 di $24,45 \pm 3,04$ mm, coerente con il profilo tecnologico generalmente descritto per la razza Frisone italiana. La performance media nella produzione di formaggio è stata di $15,92 \pm 2,28\%$ per il %CY_{CURD}, comprendendo $6,77 \pm 1,17\%$ solidi totali e $9,14 \pm 1,59\%$ acqua. La percentuale di proteine, grasso e solidi totali è stata in media: $75,96 \pm 3,89\%$ per le proteine, $84,25 \pm 8,41\%$ per il grasso e $50,98 \pm 5,03\%$ per i solidi totali.

Il test non parametrico ha indicato che la categoria genetica per MP ha influenzato significativamente il contenuto di caseina, l'indice di caseina e la percentuale di CY_{CURD} (Figura 1, Tedeschi et al., 2025). Le vacche nella categoria a basse emissioni hanno mostrato un tasso di caseina più alto ($2,98 \pm 0,06\%$), un indice di caseina più alto ($80,61 \pm 0,22\%$) e una %CY_{CURD} più alta ($16,73 \pm 0,36\%$) rispetto alle altre categorie (Fig. 1). I valori calcolati hanno mostrato che la categoria genetica Low era superiore alla media delle classi Medium e High di $0,11 \pm 0,06$ per la caseina, $0,51 \pm 0,39$ per la %CY_{CURD} e $0,25 \pm 0,16$ per l'indice di caseina.

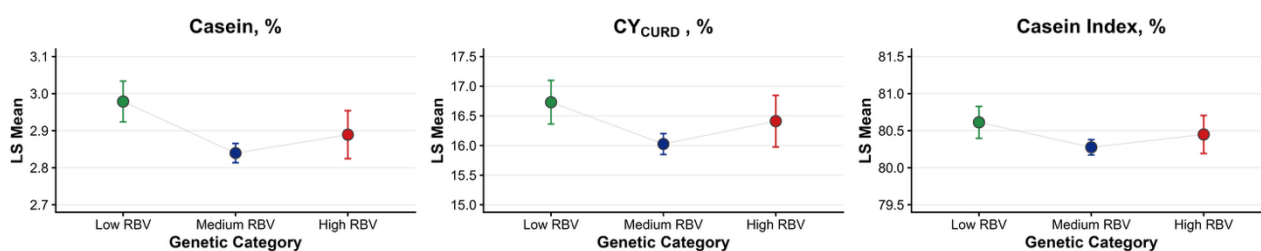


Figura 1. Caseina (%), indice di caseina (%) e resa di cagliata (CY_{CURD}, %) nelle vacche da latte raggruppate per categoria genetica per la produzione di metano: bovine a Low, Medium e High emissione. I dati sono espressi come media $\pm$ errore standard.

Questi risultati rivestono particolare rilevanza poiché la caseina costituisce la principale frazione proteica del latte, determinando l'efficienza complessiva della trasformazione casearia. Il maggiore indice di caseina riscontrato nelle bovine caratterizzate da ridotte emissioni di CH₄ evidenzia una proporzione più elevata di caseina rispetto alle proteine totali, suggerendo che la frazione azotata secretata nel latte possieda una migliore attitudine alla coagulazione (Cassandro et al., 2008). Tale condizione si traduce in una maggiore efficienza del sistema produttivo, in quanto le risorse energetiche e nutrizionali investite dall'allevatore convergono verso un profilo proteico a elevato valore tecnologico. Una plausibile chiave di lettura biologica risiede nel fatto che la mitigazione della metanogenesi ruminale riduce le perdite energetiche connesse alle fermentazioni enteriche, migliorando potenzialmente l'efficienza d'uso dell'energia metabolica e dell'azoto per la sintesi proteica microbica e la secrezione dei componenti del latte (Cuervo et al., 2025; Yan et al., 2010). In questo scenario, i soggetti a basso impatto metanogeno possono riallocare una quota maggiore di energia metabolica verso le funzioni produttive, favorendo l'incremento del contenuto di caseina e, di conseguenza, una percentuale più elevata di CY_{CURD} (Cipolat-Gotet et al., 2018).

Inoltre, un incremento della resa idrica (CY_{WATER}) appare compatibile con il contestuale aumento della percentuale di recupero delle proteine (REC%), poiché un reticolo caseinico più denso e strutturato è in grado di trattenere una maggiore quantità di umidità all'interno della matrice gelificata (Guinée et al., 1996). Inoltre, l'aumento della resa in solidi (CY_{SOLIDS}) conferma che tale miglioramento non è dovuto a un semplice effetto di diluizione, ma a un effettivo incremento della massa utile trasferita dal latte alla cagliata. Siccome la ritenzione di umidità è fortemente influenzata anche dalla dinamica di coagulazione e dalle modalità di taglio del coagulo, questi aspetti richiedono un monitoraggio approfondito (Stocco et al., 2017). Infatti, l'umidità residua

della cagliata dipende strettamente dalla cinetica di gelificazione e dal timing delle operazioni di taglio, tale evidenza va interpretata con la dovuta cautela (Fagan et al., 2007). Determinando un taglio della cagliata anticipato rispetto alla reale consistenza del gel, dinamica che ha di fatto accentuato l'intrappolamento dell'acqua e la conseguente ritenzione idrica nel prodotto finale.

Un aspetto critico nell'interpretazione dei risultati riguarda il rischio di circolarità statistica, derivante dall'utilizzo di fenotipi di metano derivati da spettroscopia MIR. Poiché la predizione del metano tramite spettri MIR si fonda sulla covarianza tra il profilo dei componenti del latte e le emissioni enteriche, la correlazione rilevata tra basse emissioni e un elevato indice caseinico potrebbe riflettere, in parte, la struttura stessa del modello di predizione (Dehareng et al., 2012; Shadpour et al., 2025). Tuttavia, riteniamo che l'associazione osservata non sia un mero artefatto, bensì il riflesso biologico di una reale efficienza metabolica: come evidenziato da Knapp et al. (2014) e da studi recenti sul metabolismo dell'azoto (Tedeschi et al., 2025), una selezione verso un minor potenziale metanogeno favorisce effettivamente una partizione dei nutrienti più efficiente a livello mammario. In futuro, sarà fondamentale validare tali osservazioni incrociando i dati genomici con misurazioni dirette delle emissioni (es. tramite GreenFeed o camere respiratorie), al fine di isolare l'effetto biologico dall'eventuale dipendenza statistica introdotta dagli algoritmi di predizione (De Haas et al., 2017).

Infine, le ricerche condotte nell'ambito del progetto CowMeTec hanno evidenziato che i soggetti caratterizzati da un alto valore di merito genomico per la produzione di metano, corrispondente a un basso valore di RBV e quindi a basse emissioni di metano, presentano variazioni significative nell'indice di caseina e nella capacità di ritenzione dei solidi durante il processo di caseificazione (Tedeschi et al., 2025). Una maggiore proporzione di caseina rispetto alle proteine totali favorisce lo sviluppo di un reticolo proteico tridimensionale più denso e strutturato, capace di influenzare positivamente la velocità di coagulo e il recupero dei solidi totali (%REC) nella cagliata (Tedeschi et al., 2025).

5. Conclusioni

Il presente lavoro di ricerca si inserisce nel contesto della moderna zootecnia di precisione, ponendosi l'obiettivo di esplorare la relazione tra il merito genomico per le emissioni di metano e le attitudini tecnologiche del latte. In un settore chiamato a conciliare la sostenibilità ambientale con l'eccellenza produttiva, comprendere se la selezione verso una minore impronta

climatica possa influenzare la qualità della materia prima rappresenta una sfida di fondamentale importanza, specialmente per filiere d'eccellenza come quella del Parmigiano Reggiano.

Le analisi condotte indicano che le bovine classificate geneticamente come a "bassa emissione" presentano una rimodulazione positiva nella sintesi delle proteine a livello della ghiandola mammaria, con una concentrazione di caseina più elevata e un profilo proteico più bilanciato rispetto ai soggetti ad alta emissione. Da una prospettiva biologica, questo fenomeno trova spiegazione nell'ottimizzazione del bilancio energetico dell'animale: la riduzione dei processi di metanogenesi ruminale permette di limitare le perdite energetiche attraverso il gas, indirizzando una quota maggiore di energia netta e di azoto metabolico verso i processi secretori della mammella. Questo incremento dell'efficienza biosintetica non solo appare compatibile con i volumi produttivi, ma si traduce in un latte tecnologicamente più performante, con una caseina in grado di formare un reticolo proteico più strutturato, essenziale per una corretta resa casearia. Tuttavia, nell'interpretare queste evidenze, è necessario adottare un approccio rigoroso e consapevole riguardo ai modelli di fenotipizzazione adottati. Qualora il merito genomico per il metano derivi da predizioni basate sulla spettroscopia nel medio-infrarosso (MIR), occorre considerare il rischio di una certezza analitica: poiché i modelli di predizione MIR utilizzano la composizione del latte (inclusi i profili proteici) come variabili di input, la correlazione osservata tra basse emissioni e profilo proteico di qualità potrebbe riflettere, in parte, la struttura intrinseca dei modelli stessi. Questa osservazione non invalida il nesso biologico ipotizzato, ma suggerisce che parte dell'associazione statistica rilevata possa essere influenzata dalla modalità di stima del fenotipo metano. Pertanto, la relazione tra selezione per la sostenibilità e qualità del latte va interpretata con prudenza metodologica, distinguendo tra il valore biologico derivante dall'efficienza metabolica dell'ospite e l'effetto della dipendenza statistica introdotta dalle stime predittive.

In prospettiva futura, sarà cruciale validare queste osservazioni su popolazioni più ampie, preferibilmente integrando le valutazioni genomiche con misurazioni dirette delle emissioni.

In conclusione, la strada verso una zootecnia più sostenibile appare percorribile senza dover rinunciare alla qualità tecnologica. La selezione verso un minor potenziale metanogeno si prospetta come un'opportunità per valorizzare l'efficienza fisiologica dell'animale, trasformando l'impegno ambientale in un driver di miglioramento della materia prima. La sfida dei prossimi anni sarà integrare queste evidenze all'interno di programmi di selezione genomica complessi,

capaci di tutelare il valore economico delle filiere DOP garantendo, al contempo, una riduzione tangibile dell'emissione dei gas climalteranti derivanti dall'allevamento zootecnico.

Bibliografia

- Badhan, Ajay, et al. "Invited review: Interplay of rumen microbiome and the cattle host in modulating feed efficiency and methane emissions." *Journal of Dairy Science* 108.6 (2025)
- Beauchemin, Karen A., et al. "Fifty years of research on rumen methanogenesis: Lessons learned and future challenges for mitigation." *Animal* 14.S1 (2020)
- Berry, D. P., and J. J. Crowley. "Cell biology symposium: genetics of feed efficiency in dairy and beef cattle." *Journal of animal science* 91.4 (2013)
- Berry, D. P., et al. "International genetic evaluations for feed intake in dairy cattle through the collation of data from multiple sources." *Journal of dairy science* 97.6 (2014)
- Bittante, Giovanni, Alessio Cecchinato, and Stefano Schiavon. "Dairy system, parity, and lactation stage affect enteric methane production, yield, and intensity per kilogram of milk and cheese predicted from gas chromatography fatty acids." *Journal of dairy science* 101.2 (2018)
- Bittante, Giovanni, and Claudio Cipolat-Gotet. "Direct and indirect predictions of enteric methane daily production, yield, and intensity per unit of milk and cheese, from fatty acids and milk Fourier-transform infrared spectra." *Journal of dairy science* 101.8 (2018)
- Bittante, Giovanni, Claudio Cipolat-Gotet, and Alessio Cecchinato. "Genetic parameters of different FTIR-enabled phenotyping tools derived from milk fatty acid profile for reducing enteric methane emissions in dairy cattle." *Animals* 10.9 (2020)
- Bittante, G., and A. Cecchinato. "Heritability estimates of enteric methane emissions predicted from fatty acid profiles, and their relationships with milk composition, cheese-yield and body size and condition." *Italian Journal of Animal Science* 19.1 (2020)
- Bougouin, Adeline, et al. "Individual milk fatty acids are potential predictors of enteric methane emissions from dairy cows fed a wide range of diets: Approach by meta-analysis." *Journal of Dairy Science* 102.11 (2019)
- Breider, I. S., Eileen Wall, and P. C. Garnsworthy. "Heritability of methane production and genetic correlations with milk yield and body weight in Holstein-Friesian dairy cows." *Journal of Dairy Science* 102.8 (2019).
- Broucek, Jan. "Production of methane emissions from ruminant husbandry: a review." *Journal of Environmental Protection* 5.15 (2014)
- Cahyo, H. N., Kebreab, E., de Ondarza, M. B., de Souza, V. C., & Schwarm, A. (2026). Variations in methane emissions associated with rumen accessible fatty acids, dietary

characteristics, and ruminal fermentation in lactating dairy cows – a meta-analytical approach. *Journal of Dairy Science*.

- Cassandro, Martino, et al. "Genetic parameters of milk coagulation properties and their relationships with milk yield and quality traits in Italian Holstein cows." *Journal of Dairy Science* 91.1 (2008)
- Castaneda, Alejandro, et al. "Host-specific microbiome-rumination interactions shape methane-yield phenotypes in dairy cattle." *Msphere* 10.5 (2025)
- Cipolat-Gotet, Claudio, et al. "Factors affecting variation of different measures of cheese yield and milk nutrient recovery from an individual model cheese-manufacturing process." *Journal of Dairy Science* 96.12 (2013)
- Cipolat-Gotet, Claudio, et al. "Variations in milk protein fractions affect the efficiency of the cheese-making process." *Journal of dairy science* 101.10 (2018)
- da Silva Romero, Andrea Renata, et al. "Genetic parameters and multi-trait genomic prediction for hemoparasites infection levels in cattle." *Livestock Science* 273 (2023)
- DairyNZ. (2024). Emissions4Pasture. <https://www.dairynz.co.nz/research/science-projects/emissions4pasture/>
- Das, Ramendra, et al. "Impact of heat stress on health and performance of dairy animals: A review." *Veterinary world* 9.3 (2016)
- De Haas, Y., et al. "Genetic parameters for predicted methane production and potential for reducing enteric emissions through genomic selection." *Journal of dairy science* 94.12 (2011)
- De Haas, Yvette, et al. "Invited review: Phenotypes to genetically reduce greenhouse gas emissions in dairying." *Journal of Dairy Science* 100.2 (2017)
- De Haas, Yvette, et al. "Selective breeding as a mitigation tool for methane emissions from dairy cattle." *Animal*, 15, (2021)
- de Oliveira, Hinayah Rojas, et al. "Development of genomic evaluation for methane efficiency in Canadian Holsteins." *JDS communications* 5.6 (2024)
- Dehareng, Frédéric, et al. "Potential use of milk mid-infrared spectra to predict individual methane emission of dairy cows." *animal* 6.10 (2012)
- Difford, Gareth F., Jan Lassen, and Peter Løvendahl. "Interchangeability between methane measurements in dairy cows assessed by comparing precision and agreement of two non-invasive infrared methods." *Computers and Electronics in Agriculture* 124 (2016)

- Difford, G. F., Plichta, D. R., Løvendahl, P., Lassen, J., Noel, S. J., Højberg, O., Wright, A. G., Zhu, Z., Kristensen, M., Nielsen, H. B., Guldbrandtsen, B., & Sahana, G. (2018). Host genetics and the rumen microbiome jointly associate with methane emissions in dairy cows. *PLoS Genetics*, 14(10), e1007580.
- Difford, G. F., et al. "Can greenhouse gases in breath be used to genetically improve feed efficiency of dairy cows?." *Journal of dairy science* 103.3 (2020)
- Dijkstra, J., et al. "Relationships between methane production and milk fatty acid profiles in dairy cattle." *Animal Feed Science and Technology* 166 (2011)
- Donadia, Andrea Beltrani, et al. "Factors affecting enteric emission methane and predictive models for dairy cows." *Animals* 13.11 (2023)
- Fagan, Colette C., et al. "Effect of cutting time, temperature, and calcium on curd moisture, whey fat losses, and curd yield by response surface methodology." *Journal of dairy science* 90.10 (2007)
- Fresco, S., et al. "Comparison of methane production, intensity, and yield throughout lactation in Holstein cows." *Journal of dairy science* 106.6 (2023)
- Fresco, Solène, et al. "Sequence-based GWAS reveals genes and variants associated with predicted methane emissions in French dairy cows." *Genetics Selection Evolution* 57.1 (2025)
- Garnsworthy, Philip C., et al. "Comparison of methods to measure methane for use in genetic evaluation of dairy cattle." *Animals* 9.10 (2019).
- Ghiasi, Heydar, et al. "Genetic parameters for methane emissions using indirect prediction of methane and its association with milk and milk composition traits." *Animals* 12.16 (2022)
- Grisart, Bernard, et al. "Positional candidate cloning of a QTL in dairy cattle: identification of a missense mutation in the bovine DGAT1 gene with major effect on milk yield and composition." *Genome research* 12.2 (2002)
- Guinee, Timothy P., et al. "Rennet coagulation properties of retentates obtained by ultrafiltration of skim milks heated to different temperatures." *International Dairy Journal* 6.6 (1996)
- Hayes, Ben J., Harris A. Lewin, and Michael E. Goddard. "The future of livestock breeding: genomic selection for efficiency, reduced emissions intensity, and adaptation." *Trends in genetics* 29.4 (2013)

- Hristov, Alexander N., et al. "Special topics—Mitigation of methane and nitrous oxide emissions from animal operations: I. A review of enteric methane mitigation options." *Journal of animal science* 91.11 (2013)
- Jalil Sarghale, Ali, et al. "Genome-wide association studies for methane emission and ruminal volatile fatty acids using Holstein cattle sequence data." *BMC genetics* 21.1 (2020)
- Janssen, Peter H. "Influence of hydrogen on rumen methane formation and fermentation balances through microbial growth kinetics and fermentation thermodynamics." *Animal feed science and technology* 160.1-2 (2010)
- Johnson, Kristen, et al. "Measurement of methane emissions from ruminant livestock using a sulfur hexafluoride tracer technique." *Environmental science & technology* 28.2 (1994)
- Kamalanathan, Stephanie, et al. "Genetic analysis of methane emission traits in Holstein dairy cattle." *Animals* 13.8 (2023)
- Kandel, P. B., et al. "Genetic parameters of mid-infrared methane predictions and their relationships with milk production traits in Holstein cattle." *Journal of dairy science* 100.7 (2017)
- Knapp, Joanne R., et al. "Invited review: Enteric methane in dairy cattle production: Quantifying the opportunities and impact of reducing emissions." *Journal of dairy science* 97.6 (2014)
- Lassen, Jan, Peter Løvendahl, and J. Madsen. "Accuracy of noninvasive breath methane measurements using Fourier transform infrared methods on individual cows." *Journal of Dairy Science* 95.2 (2012)
- Lassen, Jan, and Peter Løvendahl. "Heritability estimates for enteric methane emissions from Holstein cattle measured using noninvasive methods." *Journal of Dairy Science* 99.3 (2016)
- Lassen, Jan, and Gareth Frank Difford. "Genetic and genomic selection as a methane mitigation strategy in dairy cattle." *Animal* 14 (2020)
- Lopes, L. S. F., et al. "Estimates of genetic parameters for rumination time, feed efficiency, and methane production traits in first-lactation Holstein cows." *Journal of dairy science* 107.7 (2024)
- Ma, Yehua, et al. "Weighted single-step genome-wide association studies for methane intensity in Chinese Holstein cattle." *Interbull Bulletin* 61 (2025).

- Mach, Núria, et al. "Relationship between milk fatty acid composition and the expression of lipogenic genes in the mammary gland of dairy cows." *Livestock Science* 151.1 (2013)
- Mahala, Sudarshan, Anju Kala, and Amit Kumar. "Host genetics associated with gut microbiota and methane emission in cattle." *Molecular Biology Reports* 49.8 (2022)
- Malacarne, Massimo, et al. "Composition, coagulation properties and Parmigiano-Reggiano cheese yield of Italian Brown and Italian Friesian herd milks." *Journal of Dairy Research* 73.2 (2006)
- Malacarne, Massimo, et al. "Influence of micellar calcium and phosphorus on rennet coagulation properties of cows milk." *Journal of Dairy Research* 81.2 (2014)
- Manzanilla-Pech, C. I. V., et al. "Genome wide association study of methane emissions in Angus beef cattle with validation in dairy cattle." *Journal of Animal Science* 94.10 (2016)
- Manzanilla-Pech, C. I. V., et al. "Breeding for reduced methane emission and feed-efficient Holstein cows: An international response." *Journal of Dairy Science* 104.8 (2021).
- Manzanilla-Pech, C. I. V., et al. "Genetic (co-) variation of methane emissions, efficiency, and production traits in Danish Holstein cattle along and across lactations." *Journal of Dairy Science* 105.12 (2022)
- Manzanilla-Pech, Coralia Ines Valentina, et al. "Selecting for feed efficient cows will help to reduce methane gas emissions." *Frontiers in Genetics* 13 (2022)
- Martínez-Álvaro, Marina, et al. "Bovine host genome acts on rumen microbiome function linked to methane emissions." *Communications biology* 5.1 (2022)
- Miglior, Filippo, et al. "A 100-Year Review: Identification and genetic selection of economically important traits in dairy cattle." *Journal of dairy science* 100.12 (2017)
- Morgavi, Diego P., et al. "Microbial ecosystem and methanogenesis in ruminants." *animal* 4.7 (2010)
- Müschner-Siemens, Theresa, et al. "Daily rumination time of lactating dairy cows under heat stress conditions." *Journal of Thermal Biology* 88 (2020)
- Negussie, Enyew, et al. "Invited review: Large-scale indirect measurements for enteric methane emissions in dairy cattle: A review of proxies and their potential for use in management and breeding decisions." *Journal of Dairy Science* 100.4 (2017)
- Oliveira Jr, G. A., et al. "Genomic predictions for greenhouse gases traits in Holstein cows." *Journal of Dairy Science* (2026).

- Polsky, Liam, and Marina AG Von Keyserlingk. "Invited review: Effects of heat stress on dairy cattle welfare." *Journal of dairy science* 100.11 (2017)
- Polsky, Liam B., et al. "Association between ambient temperature and humidity, vaginal temperature, and automatic activity monitoring on induced estrus in lactating cows." *Journal of dairy science* 100.10 (2017)
- Pszczola, M., et al. "Heritability of methane emissions from dairy cows over a lactation measured on commercial farms." *Journal of animal science* 95.11 (2017)
- Richardson, C. M., et al. "Genetic parameters for methane emission traits in Australian dairy cows." *Journal of dairy science* 104.1 (2021)
- Richardson, C., et al. "Breeding for sustainability: Development of an index to reduce greenhouse gas in dairy cattle." *animal* (2025)
- Rodrigues, A. R. F., Silva, M. E., Silva, V. F., Maia, M. R. G., Cabrita, A. R. J., Trindade, H., Fonseca, A. J. M., & Pereira, J. L. S. (2024). Implications of seasonal and daily variation on methane and ammonia emissions from naturally ventilated dairy cattle barns in a Mediterranean climate: A two-year study. *Science of The Total Environment*, 946, 173734.
- Roques, S., Koning, L., Bossers, A., van Gastelen, S., Schokker, D., Zaccaria, E., Šebek, L., & Kar, S. K. (2025). Farm conditions shape microbial communities and their association with methane intensity in dairy cattle: insights from the rumen microbiome at the community level. *Frontiers in Microbiomes*, 4, 1540197.
- Saborío-Montero, Alejandro, et al. "Structural equation models to disentangle the biological relationship between microbiota and complex traits: Methane production in dairy cattle as a case of study." *Journal of Animal Breeding and Genetics* 137.1 (2020)
- Schneider, Helen, et al. "Genetic parameters for enteric methane traits and their genetic connection with milk production in Danish Holstein cattle." *Journal of Dairy Science* 108.11 (2025)
- Shadpour, Saeed, et al. "Predicting methane emission in Canadian Holstein dairy cattle using milk mid-infrared reflectance spectroscopy and other commonly available predictors via artificial neural networks." *Journal of Dairy Science* 105.10 (2022)
- Shadpour, S., Fleming, A., Baes, C. F., Tulpan, D., Miglior, F., & Schenkel, F. S. (2025). Estimation of genetic parameters for milk mid-infrared–predicted methane production in Holstein dairy cattle. *Journal of Dairy Science*.

- Shadpour, Saeed, et al. "Estimation of genetic parameters for milk mid-infrared-predicted methane production in Holstein dairy cattle." *Journal of Dairy Science* 109.2 (2026)
- Shinkai, Takumi, et al. "Characteristics of rumen microbiota and Prevotella isolates found in high propionate and low methane-producing dairy cows." *Frontiers in Microbiology* 15 (2024)
- Stocco, G., et al. "Breed of cow and herd productivity affect milk composition and modeling of coagulation, curd firming, and syneresis." *Journal of dairy science* 100.1 (2017)
- Stocco, G., et al. "Detailed macro-and micromineral profile of milk: Effects of herd productivity, parity, and stage of lactation of cows of 6 dairy and dual-purpose breeds." *Journal of Dairy Science* 102.11 (2019)
- Tedeschi, I., et al. (2025). Associations Between Genomic Merit for Enteric Methane Emissions and Milk Quality and Cheese-Making Efficiency in Holstein cows. *CowMeTec Project (e Pilot Study)*.
- Ungerfeld, Emilio M. "Shifts in metabolic hydrogen sinks in the methanogenesis-inhibited ruminal fermentation: a meta-analysis." *Frontiers in microbiology* 6 (2015)
- Van Staaveren, Nienke, et al. "The Resilient Dairy Genome Project—A general overview of methods and objectives related to feed efficiency and methane emissions." *Journal of dairy science* 107.3 (2024).
- Vanlierde, Amélie, et al. "Milk mid-infrared spectra enable prediction of lactation-stage-dependent methane emissions of dairy cattle within routine population-scale milk recording schemes." *Animal Production Science* 56.3 (2016)
- Visscher, Peter M., William G. Hill, and Naomi R. Wray. "Heritability in the genomics era—concepts and misconceptions." *Nature reviews genetics* 9.4 (2008)
- Visscher, Peter M., et al. "10 years of GWAS discovery: biology, function, and translation." *The American journal of human genetics* 101.1 (2017)
- Wallace, R. John, et al. "A heritable subset of the core rumen microbiome dictates dairy cow productivity and emissions." *Science advances* 5.7 (2019)
- Worku, D. (2024). Unraveling the genetic basis of methane emission in dairy cattle: a comprehensive exploration and breeding approach to lower methane emissions. *Animal Biotechnology*, 35(1), 2362677.

- Yan, T., et al. "Mitigation of enteric methane emissions through improving efficiency of energy utilization and productivity in lactating dairy cows." *Journal of Dairy Science* 93.6 (2010)
- Youngmark, Emily C., and Jana Kraft. "Milk fatty acids as potential biomarkers of enteric methane emissions in Dairy Cattle: A review." *Animals* 15.15 (2025)
- Zhang, Chenguang, et al. "Host genetic regulation of rumen 6-hydroxymelatonin reduces methane emissions in dairy cattle." *Proceedings of the National Academy of Sciences* 123.25 (2026)
- Zhang, Qianqian, et al. "Bayesian modeling reveals host genetics associated with rumen microbiota jointly influence methane emission in dairy cows." *The ISME journal* 14.8 (2020)
- Zhao, Rong, et al. "Effects of dietary tannic acid and tea polyphenol supplementation on rumen fermentation, methane emissions, milk protein synthesis and microbiota in cows." *Microorganisms* 13.8 (2025)
- Zetouni, Larissa, et al. "Genetic correlations between methane production and fertility, health, and body type traits in Danish Holstein cows." *Journal of dairy science* 101.3 (2018)