

Le bovine "green" stalle piacentine per studio europeo

Ricercatori dell'università Cattolica autori di una ricerca pubblicata su Science advance

PIACENZA

● Un nuovo studio, i cui risultati sono stati di recente pubblicati sull'importante rivista scientifica "Science advance" (A heritable subset of the core rumen microbiome dictates dairy cow productivity and emissions, autori Paolo Bani e Erminio Trevisi, Dipartimento di Scienze animali, della nutrizione e degli alimenti dell'Università Cattolica del Sacro Cuore di Piacenza), getta nuova luce sulle complesse interazioni tra genetica animale e microbioma intestinale.

Oltre a svolgere un ruolo chiave nella digestione degli alimenti fibrosi e nel fornire sostanze nutritive all'animale ospite, il rumine, in quanto sede di una delle più complesse comunità microbiche conosciute dall'uomo, ha da tempo attratto l'interesse dei microbiologi, oltre che quello di fisiologi e nutrizionisti. Queste attività consentono ai ruminanti di fornire agli esseri umani alimenti, principalmente latte e carne provenienti da mate-

riale vegetale non commestibile per l'uomo, compresi i sottoprodotti agroindustriali, e permettono a molte comunità rurali di tutto il mondo di sopravvivere dove i seminativi sono impossibili. A tutto questo è tuttavia associato un costo ambientale in quanto i ruminanti, attraverso il loro microbioma ruminale, producono quantità significative di gas a effetto serra, metano in primo luogo. Il team di ricercatori ha monitorato oltre 1000 vacche in lattazione appartenenti a due razze, Frisona e Rossa Nordica, allevate in 7 diversi allevamenti ripartiti su 4 nazioni (Italia, Inghilterra, Svezia e Finlandia), raccogliendo un'enorme mole di informazioni che ha permesso di studiare la complessa rete di relazioni esistenti tra genetica animale, microbioma ruminale e performance produttive.

40%

È la percentuale di animali monitorati a Piacenza e reclutati per la ricerca

I risultati ottenuti hanno fornito un contributo significativo per potere passare dalla "semplice" comprensione descrittiva del microbioma ruminale alla possibilità di predire parametri di efficienza produttiva e ambientale sulla base dell'analisi del microbioma ruminale del singolo animale.

Rilevante è stato il contributo apportato dai ricercatori dei dipartimenti DiANA e DiSTAS dell'Università Cattolica del Sacro Cuore di Piacenza, che hanno monitorato oltre il 40% del totale degli animali reclutati nella ricerca, ripartiti su tre stalle del Lodigiano e del Piacentino. Il risultato principale riportato dallo studio risiede nell'identificazione di un piccolo gruppo di microrganismi che rappresentano il "core" del microbioma ruminale, che si mantiene molto conservato nonostante la variabilità delle aree geografiche di provenienza, della razza ed alimentari. Al di là del contributo scientifico apportato al miglioramento delle conoscenze sulle complesse relazioni tra genetica dell'animale ospite e del microbioma digestivo, vale la pena di chiedersi quali possano essere le ricadute applicative, sia pure non immediate. Secondo il dottor Paolo Bani, che ha coordinato l'attività svolta in campo dal team piacentino, l'aver dimostrato che un piccolo numero di microrganismi ereditari determinati dall'ospite dà un contributo rilevante alla spiegazione delle variabili sperimentali e dei fenotipi dell'ospite apre la strada alla possibilità di intraprendere programmi di selezione genetica basati sul microbioma per fornire una soluzione sostenibile all'aumento dell'efficienza e alla riduzione delle emissioni dei ruminanti. **red.cro.**

