

Caratterizzazione genetica e inbreeding Fase 1

Le attività dell'azione 2 di BIG sono sicuramente tra le principali dell'intero progetto. Il piano di caratterizzazione è fondamentale per la selezione genomica, per il benessere e la selezione contro anomalie genetiche e per la conservazione della variabilità genetica della razza Mediterranea Italiana. Pochissime e decisamente limitate sono le informazioni relative alla genomica nella specie bufalina: attraverso BIG si stima in primo luogo di genotipizzare circa 6.000 soggetti, ma anche di sequenziare completamente il genoma di 20 capostipiti ed individuare alcuni geni candidati legati a caratteristiche quanti-qualitative del latte, emimelia trasversa, resistenza alla mastite e maggiore efficienza del sistema immunitario ed analizzare il cariotipo di 24 tori destinati alla produzione di seme per inseminazione strumentale.

Durante il primo periodo non erano programmate attività di genotipizzazione, sebbene alcuni campioni biologici prelevati nell'azione 8 (n = 96) sono stati utilizzati per effettuare delle prime analisi genomiche e standardizzare le procedure di laboratorio per le analisi che saranno effettuate nei mesi successivi. Tale step è risultato di fondamentale importanza per evitare successivi rallentamenti nelle attività progettuali.

I criteri di individuazione per i soggetti candidati alla genotipizzazione (tabella 1) sono stati i seguenti:

- soggetti vivi;
- soggetti con DNA depositato dal 2018;
- esito diagnosi accertamento DNA SS: esito ok sia per la linea materna che paterna;
- in possesso di lattazioni e punteggiatura;
- possibile presenza di progenie testata;
- Rank ≥ 80

Tabella 1: Principali specifiche dei soggetti rilevati

Totale soggetti	N° soggetti valutati	Test DNA	Inseminazione Strumentale (IS)	Monta Naturale (MN)
1200	1200	1200	756	444

Nell'ambito delle attività proposte nel progetto BIG rientra il monitoraggio della consanguineità nella razza bufala Mediterranea Italiana. Il processo della selezione mirata all'incremento dei caratteri quanti-qualitativi comporta una serie di conseguenze sfavorevoli (Meuwissen, 1997), determinate principalmente dall'aumento della consanguineità. Alcuni semplici parametri demografici, in gran parte dipendenti dalla politica di gestione e di accoppiamento, hanno un grande

A.N.A.S.B. • Associazione Nazionale Allevatori Specie Bufalina

Via F. Petrarca 42/44 - Loc. Centurano 81100 - Caserta (CE) • Tel. 0823/356743 • Fax 0823/320964 • Email: info@big-anasb.it • www.big.anasb.it



FEASR
Fondo europeo agricolo
per lo Sviluppo Rurale:
"l'Europa investe nelle zone rurali"

Progetto finanziato nell'ambito
della Sottomisura 10.2 - PSRN 2014/2020

Autorità di gestione:
Direzione Generale dello Sviluppo Rurale
Ministero delle politiche alimentari e forestali

mipaaf
ministero delle politiche
agricole alimentari e forestali

impatto sulla variabilità genetica. Inoltre, lo studio della struttura della popolazione e della demografia può evidenziare circostanze importanti che influiscono sulla storia genetica della popolazione.

Le razze locali, come la Bufala Mediterranea Italiana, risultano particolarmente importanti dal punto di vista economico, sociale e culturale, adattandosi meglio alle condizioni ecologiche locali ed essendo più resistenti alle malattie (Graczyk et al., 2015). Pertanto, la loro conservazione e il loro miglioramento sono necessari per rispondere a grandi sfide, come l'aumento di domanda dei consumatori, il cambiamento ambientale e lo sviluppo di un sistema di produzione più efficiente (Tixier-Boichard et al., 2015).

Il dataset utilizzato per questo studio consiste nei dati del Libro Genealogico della Bufala Mediterranea Italiana (BMI), gestito dall'Associazione Nazionale Allevatori Specie Bufalina (ANASB). I dati sono stati verificati e validati in base alla correttezza della data di nascita, sesso, genitori, escludendo così informazioni discordanti. Dopo il processo di editing, il database includeva 620.509 animali (485.284 femmine e 135.225 maschi), corrispondente al primo periodo (giugno-dicembre 2020), 650.270 (506.671 femmine e 143.599 maschi) nel secondo periodo (gennaio-giugno 2021) e 666.133 (517.599 femmine e 148.534 maschi) nel terzo periodo (luglio-dicembre 2021). I principali parametri di consanguineità nella popolazione totale ed in quella attiva (viva) sono riportati nelle tabelle 2 e 3. La percentuale media di consanguineità variava da 0,02% a 0,03%, rispettivamente nella popolazione totale e viva. La parentela media per la popolazione totale è dello 0,004%, mentre per la popolazione viva è stato osservato un valore di 0,006%. Sulla base del tasso annuale di consanguineità e dell'intervallo medio di generazione, il tasso stimato di aumento della consanguineità per generazione è dello 0,010%. Secondo le linee guida della FAO (1998), un tasso di consanguineità superiore all'1% per generazione dovrebbe essere evitato per mantenere la diversità in una razza. I tassi di consanguineità registrati nella BMI sono al di sotto di questo livello e vi è una minima perdita di variabilità genetica nella popolazione.

Tabella 2: Valori dei principali parametri di consanguineità nella popolazione totale della Bufala Mediterranea Italiana, dove F è la consanguineità, ΔF l'incremento di consanguineità e AR la relazione tra F e ΔF .

	Media	Dev Std	Min	Max
F (%)	0,020	0,41	0	29,10
ΔF (%)	0,010	0,29	0	68,36
AR (%)	0,004	0,02	0	0,31

Tabella 3: Valori dei principali parametri di consanguineità nella popolazione attiva (viva) della Bufala Mediterranea Italiana, dove F è la consanguineità, ΔF l'incremento di consanguineità e AR la relazione tra F e ΔF .

	Media	Dev Std	Min	Max
F (%)	0,030	0,49	0	29,10
ΔF (%)	0,010	0,30	0	68,36
AR (%)	0,006	0,02	0	0,31