

Azione 6: Monitoraggio della diversità genetica.

L'obiettivo della presente azione è studiare in maniera approfondita la struttura genetica della popolazione di LG, al fine della conservazione della variabilità genetica complessiva attualmente disponibile. Questo monitoraggio è assolutamente necessario, anche in considerazione del fatto che a partire degli anni '90, il programma di miglioramento genetico della bufala Mediterranea Italiana è in continua evoluzione, con l'adozione di tecniche riproduttive più sofisticate ed efficienti (quali inseminazione strumentale e trasferimento embrionale) oltre all'applicazione di metodologie BLUP per il calcolo di indici genetici, fattori che hanno sicuramente avuto un effetto sulla struttura genetica della popolazione. La Bufala Mediterranea Italiana costituisce parte del patrimonio storico e culturale del Paese e la sua salvaguardia è una priorità indiscutibile. Pertanto, la corretta gestione della sua diversità genetica è essenziale per la sua sostenibilità (UNEP, 1992). Secondo Gama (2002) la caratterizzazione di un sistema produttivo, compresa la profonda conoscenza della struttura demografica, deve essere effettuata in qualsiasi programma di miglioramento genetico. Conoscere la struttura di una popolazione, la sua variabilità e flusso genico, sono necessari all'interno di qualsiasi programma di selezione, inoltre l'analisi demografica evidenzia le circostanze che influenzano la popolazione (Valera et al., 2005).

Monitoraggio della variabilità genetica e della parentela utilizzando dati di pedigree.

Al fine di monitorare la variabilità genetica, sono stati calcolati e presi in considerazione i seguenti parametri di diversità genetica:

- ✓ Numero effettivo di fondatori (f_e): è definita come la probabilità che due alleli estratti casualmente nella popolazione studiata provengano dallo stesso fondatore. (James, 1972). È calcolato dal contributo genetico dei fondatori nel pool genetico della popolazione. (Lacy, 1989).
- ✓ Numero effettivo di antenati (f_a): definito come il numero minimo di antenati, non necessariamente fondatori, che spiega la completa diversità genetica di una popolazione (Boichard et al., 1997).
- ✓ Numero effettivo di fondatori nel genoma (f_g): rappresenta gli effetti di contributi ineguali da parte di fondatori, strozzature e deriva genetica e pertanto corrisponde al numero di fondatori che dovrebbero produrre la stessa diversità genetica nel studiare la popolazione se i fondatori fossero equamente rappresentati e senza perdita di alleli (Lacy, 1989).

- ✓ I rapporti fe/fa: sono stati inoltre calcolati, dove un valore più elevato indica che la popolazione ha subito un forte collo di bottiglia e quindi perdita di variabilità genetica.
- ✓ Native Genome Equivalent: è il numero minimo di fondatori che sarebbero necessari per creare una popolazione composta da individui non imparentati che ha la stessa diversità di alleli nativi della popolazione oggetto di studio (Wellmann et al., 2012).
- ✓ Native effective size: definita come la dimensione di una popolazione di accoppiamento casuale idealizzata per la quale la diversità genetica diminuisce tanto velocemente quanto diminuisce la diversità degli alleli nativi nella popolazione oggetto di studio (Wellmann et al., 2012). Pertanto, la dimensione effettiva nativa quantifica la velocità con cui diminuisce la diversità degli alleli nativi. Al contrario, la dimensione effettiva quantifica quanto velocemente diminuisce la diversità genetica.
- ✓ Contributo della regione nella composizione della razza.

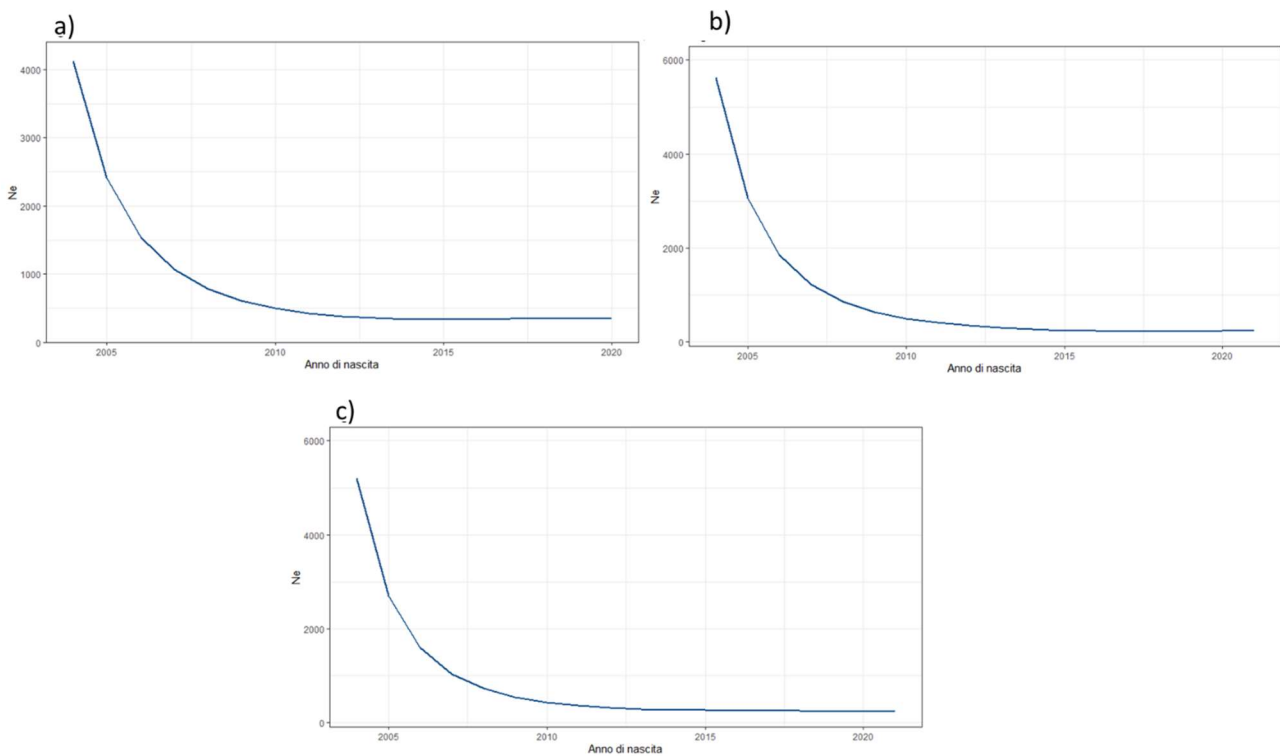


Figura 1. L'evoluzione della dimensione effettiva nativa