

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).

Su tali basi è stata analizzata la variabilità genetica della popolazione di bufala Mediterranea Italiana, nella quale il rischio di consanguineità è particolarmente elevato, sia per il ridotto numero di tori utilizzati nei programmi di inseminazione strumentale, sia per l'assoluto isolamento da altre razze avvenuto negli ultimi 70 anni.

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 (fe):** 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 f_e/f_a :** 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.

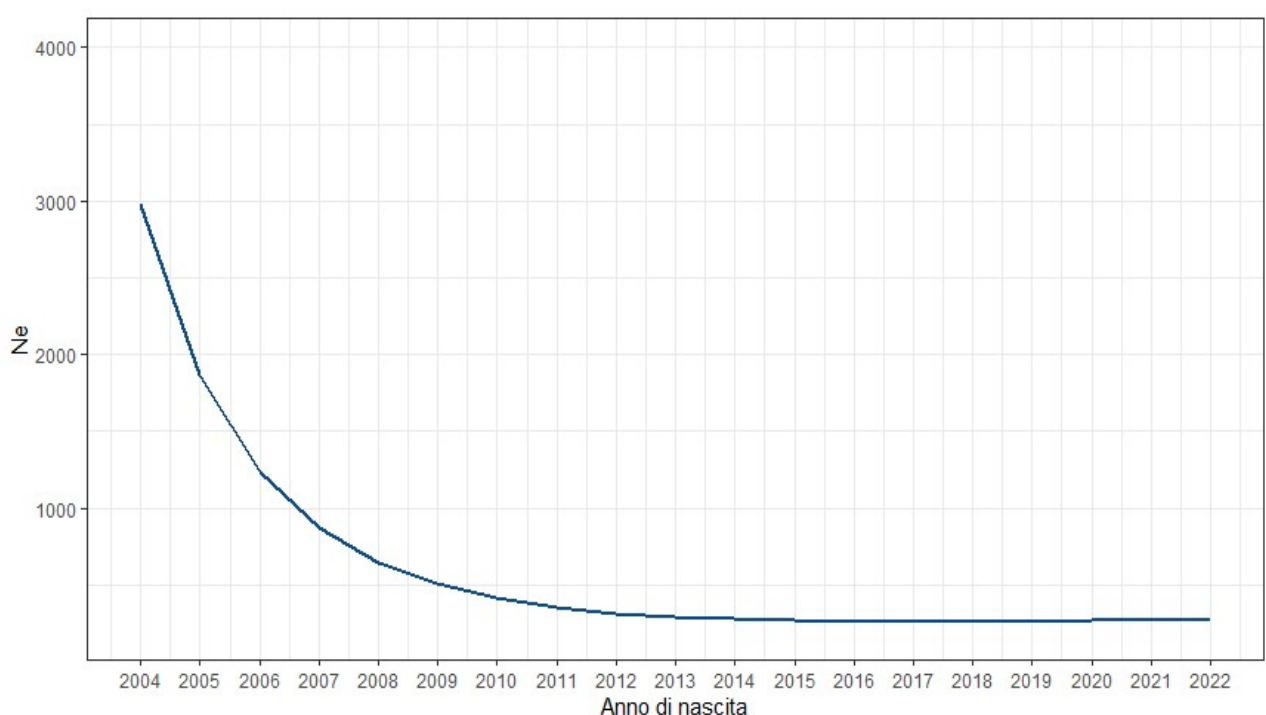


Figura 1. Andamento dei nativi effective size

MONITORAGGIO DELLA DIVERSITÀ GENETICA E DELLA PARENTELA UTILIZZANDO DATI GENOMICI; IOV TASK 6.2).

3

Figura 1. L'evoluzione della dimensione effettiva nativa

Variabilità genomica nella bufala mediterranea italiana

Diversi studi sulla diversità genetica delle popolazioni di bufali d'acqua sono stati condotti in tutto il mondo, soprattutto utilizzando informazioni provenienti da dati molecolari (microsatelliti, SNP) (Kataria et al., 2009, Ángel-Marín et al., 2010, Gargani et al., 2010, Mekkawy et al., 2012, Özkan Ünal et al., 2014, Vohra et al., 2017, Khade et al., 2020). Per quanto detto è evidente l'importanza del monitoraggio dei parametri di diversità genetica e della struttura della popolazione nella BMI, in quanto tali risultati aiuteranno a formulare un'efficace politica di allevamento e gestione, dando forma a futuri piani di conservazione per mantenere la diversità della razza.

La sequenza completa del genoma bufalino per la Bufala Mediterranea Italiana è stata completata dal Water Buffalo Genome Consortium nel 2013 ed una delle attività più impegnative è stata quella relativa al processo di annotazione, cioè quel lavoro che progressivamente colloca i diversi geni nella posizione precisa in cui si trovano sui diversi cromosomi. Il lavoro è poi proseguito nel 2017 quando è stato anche sviluppato e validato un chip con circa 90.000 marcatori da utilizzare per le analisi genomiche delle razze bufaline di tipo River, a cui appartiene la Bufala Mediterranea (Iamartino et al., 2017). Il chip "90K Affimatrix" costituisce, di fatto, una buona base di partenza sia per l'avvio di programmi di selezione genomica che per lo studio della biodiversità.

Il sequenziamento rappresenta il punto di partenza per tutti gli studi genomici e consente di avere accesso ai più moderni strumenti per lo sviluppo del potenziale genetico della razza e di poter gettare le basi della selezione genomica nella Bufala Mediterranea. Per tanto, il presente studio è stato condotto per determinare la diversità e la struttura genetica della Bufala Mediterranea Italiana.

4 I dati utilizzati in questo studio consistono dei dati genomici di animali iscritti al Libro Genealogico della Bufala Mediterranea Italiana (BMI), gestito dall'Associazione Nazionale Allevatori Specie Bufalina (ANASB). I campioni biologici sono stati inviati al Laboratorio di Genetica e Servizi (Agrotis) e la genotipizzazione è stata effettuata utilizzando il chip Axiom™ Buffalo Genotyping Array 90k (Thermo Fisher), specifico per la specie bufalina. Questo chip permette la genotipizzazione di 90,000 punti di variazione su tutto il genoma dell'animale.

Grazie alle diverse collaborazioni progettuali nazionali ed internazionali stato possibili genotipizzare un campione rappresentativo della Bufala Mediterranea Italiana è che a permesso fare questo primer studio sulla diversità genomica. Sono stati analizzati un totale di 1770 animali.