

LA DIVERSITÀ GENETICA NELLA FRISONA ITALIANA

COME MONITORARLA ATTRAVERSO LO STUDIO DELLA CONSANGUINEITÀ

di Michela Ablondi, Claudio Cipolat-Gotet, Jan-Thijs van Kaam (ANAFIJ), Alberto Sabbioni, Andrea Summer
Dipartimento di Scienze Medico-Veterinarie, Università degli studi di Parma

La diversità genetica di una popolazione rappresenta il serbatoio da cui ogni specie attinge al fine di adattarsi al contesto ambientale nel quale è inserita. In ambito zootecnico, una misura universalmente riconosciuta per il monitoraggio della diversità genetica è rappresentata dalla consanguineità, definita come il risultato dell'accoppiamento di due individui tra loro parenti, ovvero che condividono uno o più antenati comuni. Maggiore è la parentela tra due animali, maggiore sarà la consanguineità dei discendenti. L'aumento della consanguineità identifica una riduzione della diversità genetica all'interno di una popolazione e può avere un effetto negativo su caratteri produttivi e riproduttivi degli animali. Tra le varie conseguenze, l'aumento della consanguineità può determinare una maggiore predisposizione a patologie. Tutte queste conseguenze rientrano nel fenomeno definito come depressione da consanguineità. In ambito di miglioramento genetico, il monitoraggio della consanguineità garantisce inoltre una migliore risposta ai piani di selezione. Queste sono solo alcune delle ragioni per cui il controllo della consanguineità nelle popolazioni bovine ha assunto notevole importanza, sia per le razze largamente diffuse che per quelle inserite all'interno di piani di conservazione. A titolo di esempio, un recente studio olandese sulle bovine di razza Frisona ha confermato

la presenza di una forte relazione fra l'aumento della consanguineità e la diminuzione delle produzioni, evidenziando le perdite economiche per gli allevatori che ne conseguono. Attualmente la consanguineità può essere stimata attraverso due approcci: il primo, più tradizionale, utilizza le informazioni di pedigree andando a verificare se i genitori degli individui analizzati condividono linee di discendenza, il secondo utilizza invece le informazioni genomiche, andando a stimare la consanguineità in modo più accurato rispetto ai metodi tradizionali.

SCOPO DELLO STUDIO

Il presente studio rientra negli obiettivi del progetto LATTeco inerenti al monitoraggio della consanguineità e della diversità genetica nella popolazione della Frisona Italiana. Grazie all'attuale collaborazione tra il Dipartimento di Scienze Medico-Veterinarie dell'Università degli Studi di Parma e l'Anafij, è stata stimata la consanguineità di circa 40.000 bovine nate negli ultimi 13 anni e presenti in 1612 allevamenti situati nel territorio italiano. Queste informazioni hanno permesso di esplorare

anche l'evoluzione nel tempo della consanguineità all'interno della popolazione femminile della Frisona Italiana. La consanguineità è stata calcolata attraverso i due approcci precedentemente descritti, ovvero tramite l'utilizzo di informazioni di pedigree e informazioni genomiche. Attraverso le informazioni di pedigree, la consanguineità è stata stimata come la probabilità che le bovine presentino porzioni del genoma identiche dovute alla presenza di antenati in comune. Rispetto all'approccio genomico, questa stima non è in grado di identificare quali porzioni del genoma siano state effettivamente trasmesse da un soggetto ai suoi discendenti e il suo grado di accuratezza dipende dalla completezza e profondità delle informazioni genealogiche. Al contrario, le informazioni genomiche permettono di stimare la reale porzione di genoma identico per discendenza garantendo stime più accurate della consanguineità. Nella tabella 1 sono riportate le statistiche descrittive relative alla consanguineità delle bovine analizzate in questo studio, suddivise per ciascun approccio. È interessante

TABELLA 1

STATISTICHE DESCRITTIVE RELATIVE ALLA CONSANGUINEITÀ CALCOLATA
DA INFORMAZIONI DI PEDIGREE E DA DATI GENOMICI

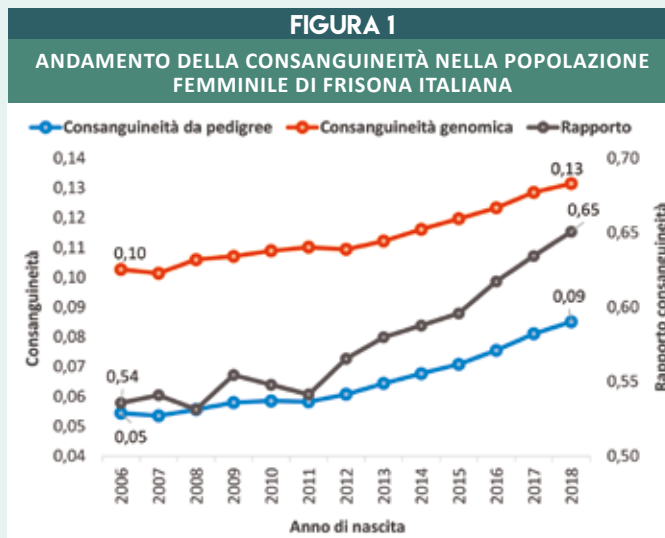
CONSANGUINEITÀ	N*	MEDIA	DS**	MIN	MAX
Pedigree	39221	0.070	0.018	0.013	0.160
Genomica	39221	0.116	0.023	0.055	0.220

N* = numero di soggetti analizzati / DS** = deviazione standard

notare come la consanguineità stimata dalle informazioni genomiche tenda ad essere superiore rispetto a quella da pedigree, essendo quest'ultima influenzata da dati mancanti, profondità di pedigree e potenziali errori che causano una sottostima della reale consanguineità. Questo sottolinea ancora una volta l'importanza e l'accuratezza dei risultati ottenibili attraverso l'uso delle informazioni genomiche.

La figura 1 mostra l'andamento della consanguineità, nelle circa 40.000 vacche di razza Frisona Italiana nate dal 2006 al 2018 calcolata sia attraverso le informazioni di pedigree che sulla base di quelle genomiche.

Entrambi gli andamenti indicano che il livello di consanguineità sta continuando ad aumentare. Questo risultato non è inaspettato soprattutto se messo in relazione al progresso genetico che si è verificato nella Frisona Italiana negli ultimi anni. Fra gli aspetti legati alla selezione e al miglioramento genetico, sicuramente la scelta di un numero limitato di tori nella fecondazione delle bovine, ha assunto un ruolo importante nell'aumento della consanguineità nella popolazione. Nel 2018, attraverso le informazioni genomiche, è stato ottenuto un valore di consanguineità medio di 0.13. Va sottolineato che la stima della consanguineità da pedigree risulta meno accurata soprattutto quando la profondità di pedigree è inferiore. È possibile notare questo risultato in figura 1, dove è evidenziato un aumento del rapporto tra la consanguineità stimata da informazioni genomiche e da pedigree all'aumentare delle generazioni conosciute per singolo animale. Attraverso quindi l'utilizzo delle informazioni genomiche e di approcci statistici all'avanzata,



guardia, oggi disponiamo di uno strumento specifico in grado di definire in modo accurato la consanguineità bovina.

In conclusione, i risultati di questo studio indicano quanto sia importante ottimizzare la gestione e offrire strumenti di monitoraggio per la consanguineità nella razza Frisona Italiana. L'utilizzo del piano di accoppiamenti messo a disposizione da Anafij rappresenta sicuramente uno strumento di controllo puntuale della consanguineità a livello allevatorio, ottimizzando la scelta dei tori da utilizzare tramite il confronto con il patrimonio genetico caratterizzante ciascuna mandria.