



PSRN-Biodiversità – sottomisura 10.2, progetto Latteco2
«Le razze bovine da latte per la definizione di modelli selettivi sostenibili»
ANAFIBJ Comparto Bovini latte



“Fondo europeo agricolo per lo sviluppo rurale: l'Europa investe nelle zone rurali”
Autorità di gestione: MASAF Ministero dell'Agricoltura della Sovranità Alimentare e delle Foreste
Spesa ammessa a contributo Progetto LATTECO2 ANAFIBJ: euro 12.535.931,95

ANALISI DNA, NON SOLO PER GLI INDICI GENOMICI

di FabioPilla, ChristianPersichilli, GabrieleSenczuk
Dipartimento Agricoltura Ambiente Alimenti
Università degli Studi del Molise



Come è noto negli ultimi anni le tecniche più avanzate di genetica molecolare hanno permesso di caratterizzare in modo approfondito e con relativa facilità il genoma dei singoli animali. Questa mole di dati è stata utilizzata, e continua ad esserlo, principalmente per la valutazione e selezione genomica in diverse specie e razze allevate e tra queste la Frisona rappresenta certamente la realtà più avanzata. Bisogna però ricordare che esistono altre possibilità di utilizzare queste informazioni per una conoscenza sempre più approfondita della variabilità genetica dei bovini sia a livello di specie che all'interno di una singola razza. Conoscenza che sicuramente è un valore di per sé, ma che può anche tradursi in risultati operativi per la gestione e valorizzazione del patrimonio zootecnico.

Infatti è possibile, oltre a verificare l'unicità e l'omogeneità di un tipo genetico, stabilirne la distanza o la vicinanza con gli altri e accertare gli eventuali flussi di geni (più banalmente incroci) avvenuti nel passato. Queste informazioni possono essere utili per il riconoscimento di nuovi tipi genetici meritevoli di essere preservati, per la messa a punto di metodi di autenticazione genetica e, non ultimo, per verificare e valorizzare l'unicità e la storia di una razza e dei suoi prodotti.

Inoltre lavorando all'interno di una razza, oltre a determinare alcuni parametri utili a gestire la consanguineità, è possibile accertare l'esistenza di differenze genetiche tra gruppi di animali allevati in ambienti e con sistemi diversi.

Entrambi questi tipi di analisi sono stati svolti nell'ambito del progetto LATTECO2 approvato nell'ambito del Programma di Sviluppo Rurale Nazionale 2014/2022 sulla Caratterizzazione delle risorse genetiche animali di interesse zootecnico e salvaguardia della biodiversità, nell'ambito della Sottomisura: 10.2 - Sostegno per la conservazione, l'uso e lo sviluppo sostenibili delle risorse genetiche in agricoltura.

Nel primo studio sono state considerate le relazioni genetiche esistenti tra le razze allevate nell'arco alpino alle quali sono state aggiunte la Frisona e la Jersey, principalmente allo scopo di avere un riferimento esterno (tabella 1). Nella figura è rappresentato uno dei risultati dello studio, cioè un albero filogenetico (figura 1) delle razze analizzate basato sui polimorfismi SNP. Le razze posizionate sulle stesse branche hanno un'origine comune, mentre quelle su branche diverse hanno una parentela meno stretta. La lunghezza del ramo è indice della distanza.

La prima considerazione che può essere fatta osservando il grafico è che le razze si raggruppano in base alla loro collocazione geografica e non all'indirizzo produttivo e infatti possiamo distinguere tre gruppi (ovest, centro ed est) mentre la Jersey e la Holstein/Frisona (razze nordeuropee) sono chiaramente diverse da tutto il resto. Sorprendentemente, ma non troppo, la Holstein e la Burlina risultano sulla stessa branca, cosa che si può supporre che sia stata determinata non tanto dall'aver entrambe un mantello pezzato, quanto dal fatto che ripro-

ductori Holstein sono stati utilizzati per migliorare l'attitudine latte.

Ovviamente le razze con origine comune (Simmenthal e Brune di vari paesi) risultano tutte molte vicine, ma un poco più complessa è la situazione della Bruna che si divide chiaramente in due gruppi, uno composto dalle Brune Originali e l'altro dalle Brown di origine nordamericana. Questo secondo gruppo, tra l'altro, è situato su un ramo molto lungo ad indicare una notevole distanza. Questa evidenza è spiegabile dal fatto che la popolazione nordamericana ha avuto origine da un ristretto gruppo di fondatori (per cui siamo di fronte ad un fenomeno conosciuto dagli studiosi come deriva genetica) e dall'intensa selezione.

Il secondo studio, invece, ha riguardato la caratterizzazione della variabilità genetica all'interno della razza Frisona, allo scopo di verificare se fossero distinguibili gli animali secondo la loro "genealogia geografica" e l'indirizzo produttivo e nel caso di identificare le regioni del genoma e i geni responsabili di queste differenze.

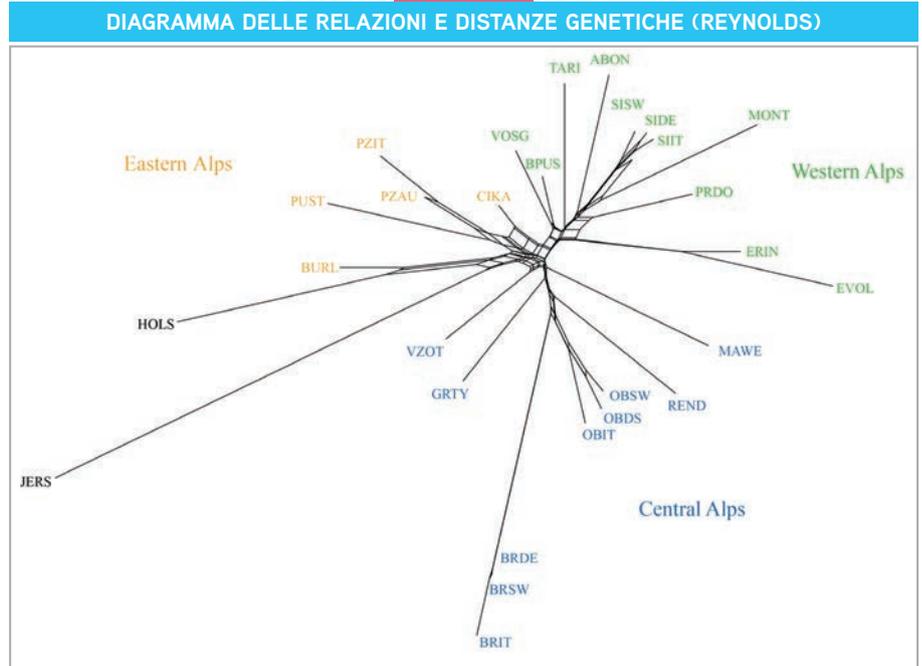
Allo scopo sono stati selezionati tre gruppi di soggetti, il primo di genealogia italiana (itHOL) e cioè composto da soggetti nati in Italia con entrambi i genitori ed almeno due nonni nati in Italia, il secondo che comprendeva soggetti italiani provenienti da aziende orientate alla produzione di Parmigiano Reggiano (prHOL) ed il terzo di americani e canadesi (acHOL).

Utilizzando i dati dei polimorfismi SNP di questi animali, sono state svolte diverse analisi e tra i risultati

TABELLA 1

RAZZE E NUMERO DI ANIMALI ANALIZZATI		
Italian Holstein	32	HOLS
Cika	26	CIKA
Pinzgauer (Italy)	24	PZIT
Pinzgauer (Austria)	30	PZAU
Pustertaler	24	PUST
Burlina	24	BURL
Rendena	24	REND
Tyrolean Grey	30	GRTY
Simmental (Germany)	30	SIDE
Simmental (Switzerland)	20	SISW
Simmental (Italy)	31	SIIT
Montbéliard	20	MONT
Brown Swiss (Germany)	30	BRDE
Brown Swiss	19	BRSW
Brown Swiss (Italy)	32	BRIT
Original Brown (Switzerland)	20	OBSW
Original Brown (Italy)	18	OBIT
Original Brown (Germany/Switzerland)	35	OBDS
Evolène	21	EVOL
Eringer	36	ERIN
Pezzata Rossa D'Oropa	23	PRDO
Abondance	20	ABON
Tarine	18	TARI
Vosgienne	20	VOSG
Barà-Pustertaler	24	BPUS
Varzese-Ottoneuse	30	VZOT
Murnau-Werdenfelser	30	MAWE
Jersey	20	JERS

FIGURA 1

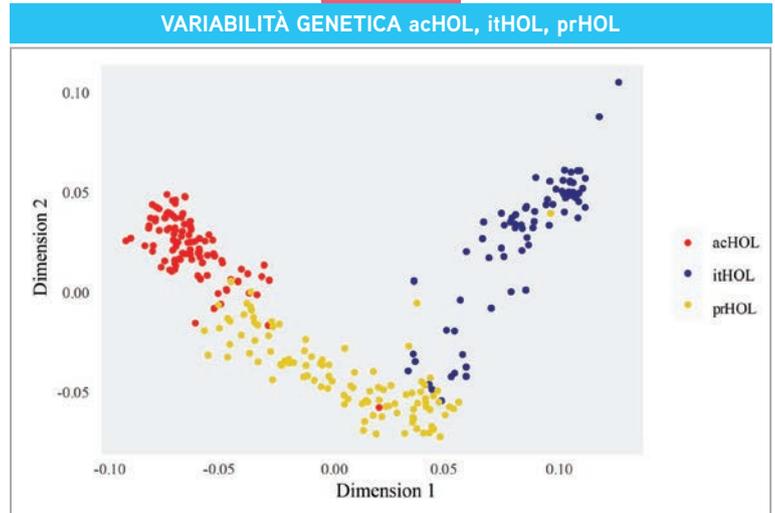


ottenuti sono particolarmente indicativi quelli riportati in **figura 2** dove ogni singolo punto rappresenta la posizione occupata da un soggetto relativamente alle due dimensioni principali della variabilità genetica. Poiché ogni gruppo di animali è stato colorato in modo diverso salta subito all'occhio che i punti dello stesso colore e cioè gli animali dello stesso gruppo sono tra loro vicini. Banalmente, questo fatto può essere interpretato (col conforto anche di altri risultati che non si riportano per brevità) come la dimostrazione dell'esistenza di una distanza genetica tra i gruppi analizzati che è particolarmente rilevante tra le Frisone americane e italiane. La spiegazione di tutto non è semplice, ma potremmo supporre che una qualche influenza di condizioni ambientali, sistemi di allevamento e obiettivi di selezione diversi, possa essere la causa della divergenza osservata.

Ma se queste differenze non sono semplicemente casuali, come è verosimile, è possibile identificare i particolari geni o le vie metaboliche che le determinano? Per rispondere a questa domanda i dati sono stati analizzati con diverse metodologie bioinformatiche in grado di identificare i loci SNP più diversificati e quindi di vedere in quella porzione del genoma quali geni erano presenti e quali vie metaboliche erano coinvolte. I risultati, sono stati incoraggianti poiché è stato possibile identificare diversi geni collegati con le caratteristiche quantitative e qualitative della produzione di latte confermando quanto trovato in altri studi condotti con altre metodologie, mentre la ricerca delle vie metaboliche ha messo in rilievo un ruolo del trasporto degli aminoacidi attraverso la membrana e del metabolismo del metano.

In conclusione da questo ultimo lavoro si può

FIGURA 2



affermare che esiste una struttura genetica (e cioè una differenza genetica tra gruppi) anche all'interno di una razza cosmopolita e con un forte scambio di riproduttori come la Frisone e che questa è verosimilmente determinata da una selezione, almeno in parte, diversa per le differenti condizioni ambientali e di sistemi di produzione nei diversi paesi e/o di indirizzi produttivi. Infine con le opportune metodologie è anche possibile identificare le basi genetiche di queste differenze.

Questi risultati possono aprire la strada ad ulteriori approfondimenti scientifici con l'obiettivo, comunque, di indirizzare il miglioramento genetico verso specifiche esigenze legate anche alle differenti e mutevoli condizioni ambientali, di sistema di allevamento e di indirizzo produttivo.

L'Università del Molise in collaborazione ANAFIBJ sta approfondendo questi argomenti non solo per aumentare le conoscenze tecnico-scientifiche, ma anche per fornire elementi utili ad una migliore gestione del programma genetico delle razze bovine da latte e dei servizi alla selezione che l'Associazione sta producendo per la conduzione di oltre i 10.000 allevamenti soci di ANAFIBJ.