



associazione nazionale allevatori suini

Via Nizza 53 – 00198 - ROMA
telefono: 039 - 06441706.20 fax: 06441706.38
www.anas.it - e-mail: anas@anas.it

COMMISSIONE TECNICA CENTRALE DEL LIBRO GENEALOGICO (CTC)

NOVITA' PER I PROGRAMMI DI SELEZIONE E CONSERVAZIONE DELLE RAZZE ITALIANE

Il 19 maggio scorso la CTC, composta tra esperti del mondo della ricerca, rappresentanti degli allevatori e delle amministrazioni nazionali e regionali, ha fatto una approfondita verifica dell'andamento dei programmi di selezione e conservazione delle razze italiane e del progetto SUI.S.2 (PSRN Biodiversità sottomisura 10.2).

- **SIB TEST – aumento della capacità di testaggio e accelerazione del progresso genetico**

La novità più rilevante riguarda la modifica della composizione dei gruppi di fratelli pieni da testare nel Centro genetico. Uno studio degli uffici tecnici ANAS ha simulato l'effetto della riduzione da 3 a 2 dei capi per gruppo sugli Indici genetici e sull'accuratezza degli stessi. Gli scostamenti massimi ottenuti per gli Indici sono ridotti: 1,77% nella razza LWI, 1,19% nella LI e 2,77% nella DI, mentre le differenze massime di accuratezza (in valore assoluto) sono state minime: 0,024; 0,029 e 0,035 rispettivamente nelle tre razze. I risultati sono frutto dell'ampia disponibilità di informazioni sul valore genetico delle decine di migliaia di verri valutati a partire dal 1990 e dal fatto che gli Indici genetici (BLUP Animal Model Multiple Trait) considerano oltre alle *performance* dei fratelli del gruppo SIB anche quelle dei parenti già testati.

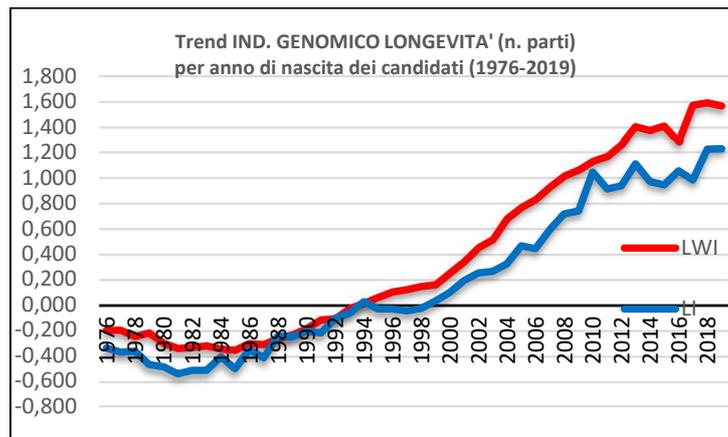
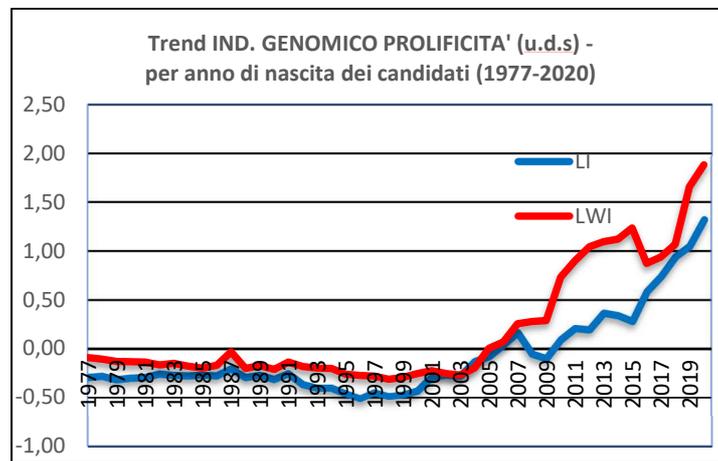
Sulla base di queste evidenze la CTC ha approvato la modifica della composizione del gruppo SIB, che sarà costituito da un maschio castrato ed una femmina, in questo modo la capacità di testaggio aumenterà del 50%. La decisione imprimerà una accelerazione del progresso genetico per le tre razze del suino pesante, perché ci sarà un significativo aumento della intensità della selezione. Infatti, rimane immutato il numero di verri scelti per la riproduzione in purezza e destinati alla Inseminazione artificiale negli allevamenti del Libro genealogico mentre aumenta il numero di verri valutati tra cui effettuare la scelta. Inoltre, saranno disponibili un maggior numero di verri per il trasferimento dei risultati della selezione agli altri allevamenti. La importante novità sarà operativa all'inizio del secondo semestre dell'anno, appena ottenuta la ratifica ministeriale.

- **GENOMICA - l'impatto sulla selezione delle razze del suino pesante**

Dal 2017, col l'avvio del progetto Suinicoltura Italiana Sostenibile (PSRN), ANAS attua un impegnativo programma di analisi del DNA sui riproduttori di razza pura.

I nuovi indici genomici

I dati acquisiti hanno permesso tra l'altro la messa punto degli **Indici genomici per la prolificità e la longevità**, che sono più accurati e consentono di anticipare la scelta dei candidati alla riproduzione prima dell'inizio della loro carriera. Il trend del valore genetico medio per anno di nascita indica una importante accelerazione del progresso realizzato.



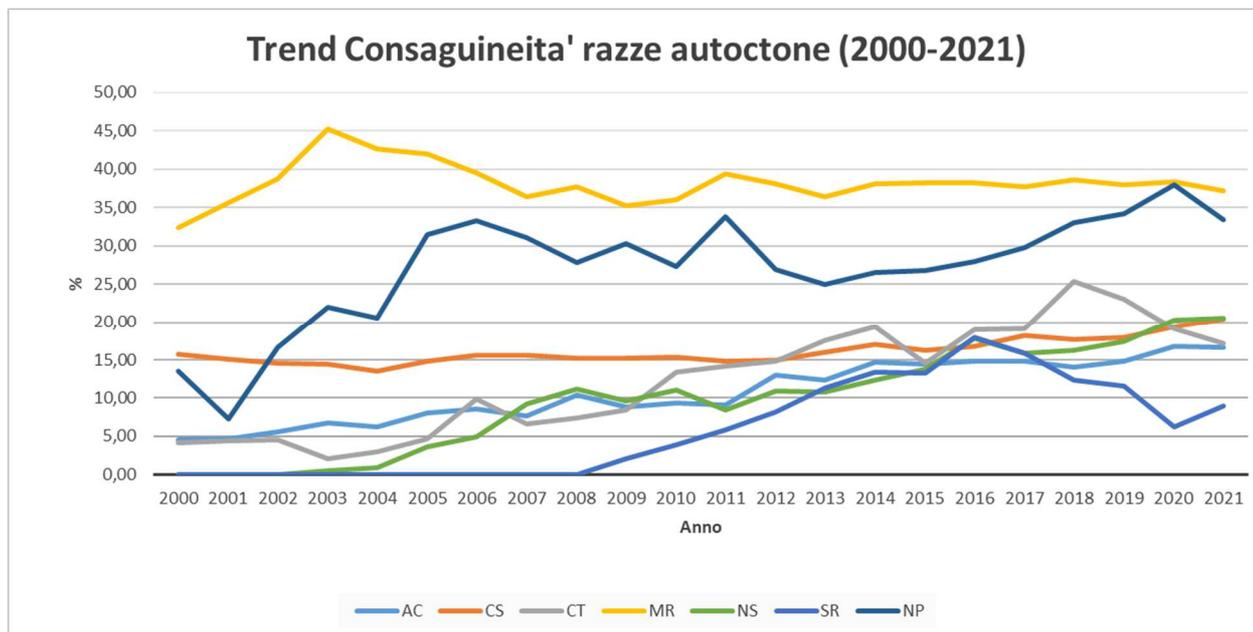
Marcatori DNA per il miglioramento della sostenibilità

ANAS, con la consulenza dell'Università di Bologna, ha avviato una innovativa attività per il miglioramento del benessere, della resistenza/resilienza e l'efficienza. Sono stati individuati alcuni marcatori DNA associati a livelli di un metabolita che influenza il comportamento e quindi il benessere dei suini, altri che sono potenzialmente associati a resistenza e resilienza alle malattie e uno associato all'efficienza produttiva, con effetto sulla riduzione dell'impatto ambientale. La frequenza degli alleli favorevoli dei marcatori della docilità dei suini è incoraggiante e dimostra che la selezione delle tre razze tradizionali del suino pesante favorisce l'ottenimento di animali più equilibrati fisiologicamente e adatti all'allevamento in gruppo in condizioni di maggior benessere. Inoltre, è interessante segnalare che per quanto riguarda i verri Duroc italiani, padri dei suini destinati al macello, la variante favorevole del gene IGF2 (maggiore efficienza) è completamente fissata e che quella favorevole del marcatore della resistenza alle enteriti sotto-scrofa ha una frequenza pari al 98%.

- **BIODIVERSITA' – controllo consanguineità e caratterizzazione genetica**

Consanguineità

Il monitoraggio della consanguineità nelle razze autoctone e locali a limitata diffusione è di estrema importanza per verificare la corretta attuazione dei programmi di conservazione. La ridotta dimensione effettiva di queste razze e l'alto livello di parentela e consanguineità costituisce un rischio per il loro utilizzo in purezza per l'allevamento in condizioni estensive. Le due razze con il più alto livello di consanguineità sono la Mora romagnola e la razza di nuova costituzione Nero di Parma. L'andamento della consanguineità media per anno di nascita dei suini è sostanzialmente stabile da circa un decennio nella Mora romagnola, segna una diminuzione nella Casertana, si mantiene entro un range accettabile per la Cinta senese. Nel caso di Apulo Calabrese e Nero siciliano si nota un aumento, prevalentemente dovuto al completamento delle informazioni sul pedigree degli animali. Per quanto riguarda la razza Sarda, il programma di conservazione è iniziato dopo il 2006 e i dati risentono della ridotta dimensione della popolazione e dell'incompletezza dei pedigree.



Marcatori DNA “razza specifici”

Per quanto riguarda la caratterizzazione genetica l’attività è incentrata sui marcatori “razza specifici”, in particolare alcuni geni responsabili delle caratteristiche dei mantelli ed altri del numero di vertebre. Sulla base di queste nuove conoscenze sono stati aggiornati gli standard di razza e sono stati affinati i criteri di scelta dei riproduttori per caratterizzare meglio le razze e rendere possibile anche attività di autenticazione genetica dei prodotti derivati.

I diversi marcatori “razza specifici” sono i seguenti:

KIT associato alla cinghiatura del mantello ed indagato nella Cinta Senese, è stata evidenziata la presenza di alcuni individui eterozigoti.

MC1R (locus Extension) determina il colore del mantello ed è indagato nelle razze Casertana, Mora Romagnola e Apulo Calabrese.

NRSA1 determina il numero di vertebre e consente di individuare ed escludere i capi di razza Mora romagnola eventualmente derivati da incroci con il suino selvatico (cinghiale).

Hairless sembra associato al fenomeno della ipotricosi (assenza di setole), caratteristica specifica della razza Casertana.

Infine, nelle razze Apulo Calabrese e Nero siciliano è indagato il gene *RYSR1* (recettore della Rianodina, responsabile della Sindrome dell’ipertermia maligna e delle carni PSE). Nella popolazione siciliana è ancora significativa la presenza di individui eterozigoti portatori dell’allele mutato di *RYSR1*, situazione che deriva da meticciamenti con tipi genetici alloctoni, quali la razza Pietrain.