

PSRN-Biodiversità - Sottomisura 10.2

Sostegno per la conservazione, l'uso e lo sviluppo sostenibili delle risorse genetiche in agricoltura 2020-2023

Avviso pubblico n° 0041184 del 20/12/2019 - Proposta n° 04250057629 del 27/05/2020

NEWSLETTER SUIS.2 02_2020

La genomica per la gestione della consanguineità nelle razze italiane per le DOP

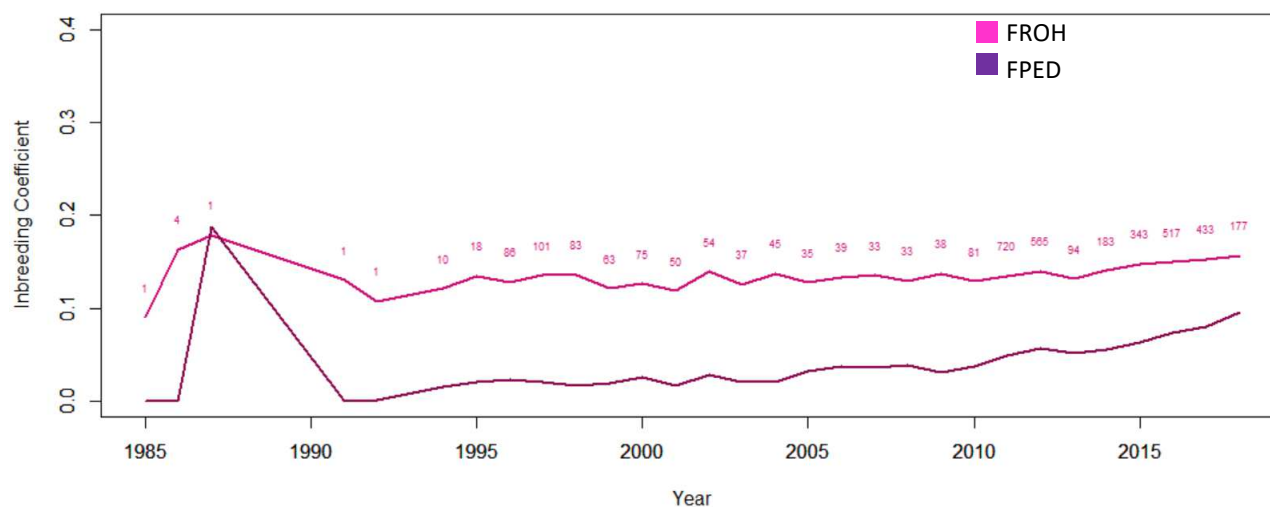
I programmi genetici ANAS prevedono fin dagli anni novanta il controllo della consanguineità, calcolata per ogni individuo e accoppiamento utilizzando i dati genealogici (pedigree). Le informazioni sono on line sul portale ANAS.

Il Progetto SUIS ha permesso la genotipizzazione con pannello SNP 70k di diverse migliaia di capi. Le informazioni sono state utilizzate per il calcolo della consanguineità genomica, stimata individuando lunghe regioni genomiche omozigoti, dette *Runs Homozygosity* (ROH).

Il coefficiente di consanguineità genomico, FROH, si basa sulla percentuale del genoma di ROH in un animale. Le ROH possono essere individuate grazie al software PLINK, impostando diversi parametri adatti alla densità dello SNPChip. Per ogni individuo si individuano tutte le ROH, la loro posizione sui cromosomi, e la lunghezza di ciascuna. Le ROH per calcolare il coefficiente vengono scelte in base a una certa soglia di lunghezza. ROH molto lunghe indicano eventi di inbreeding recenti. Il coefficiente di inbreeding calcolato da dati genomici FROH è generalmente correlato a quello calcolato da dati di pedigree, FPED. Osservando l'andamento dei coefficienti FROH ed FPED nel tempo è possibile monitorare il livello di consanguineità nel tempo, identificare tendenze ed eventualmente apportare correttivi nei piani di selezione.

Di seguito i grafici dell'andamento nel tempo per i due coefficienti di consanguineità FROH (genomico) e FPED (pedigree)

Large White Italiana

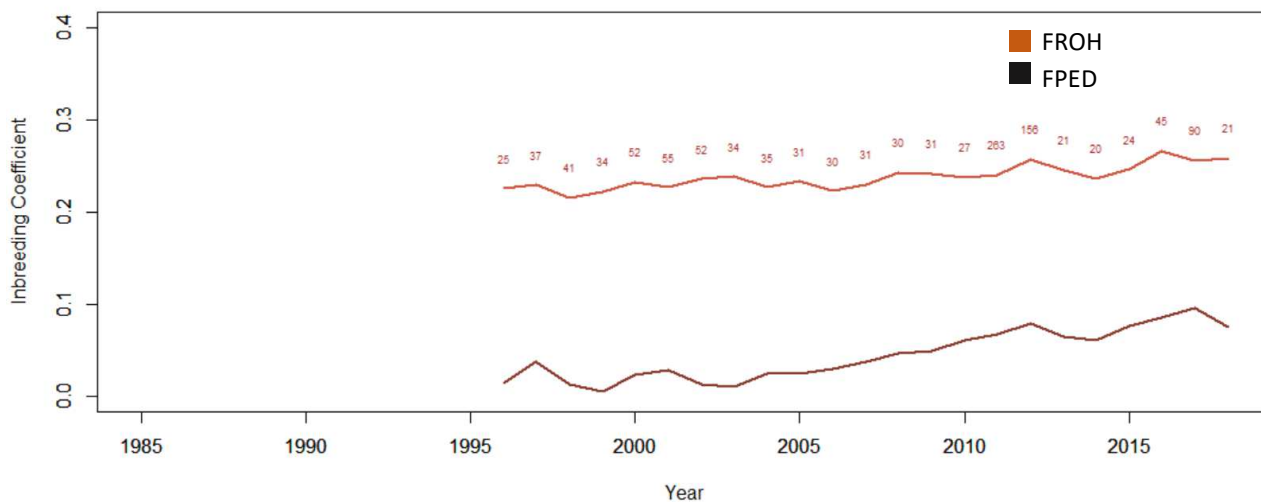


PSRN-Biodiversità - Sottomisura 10.2

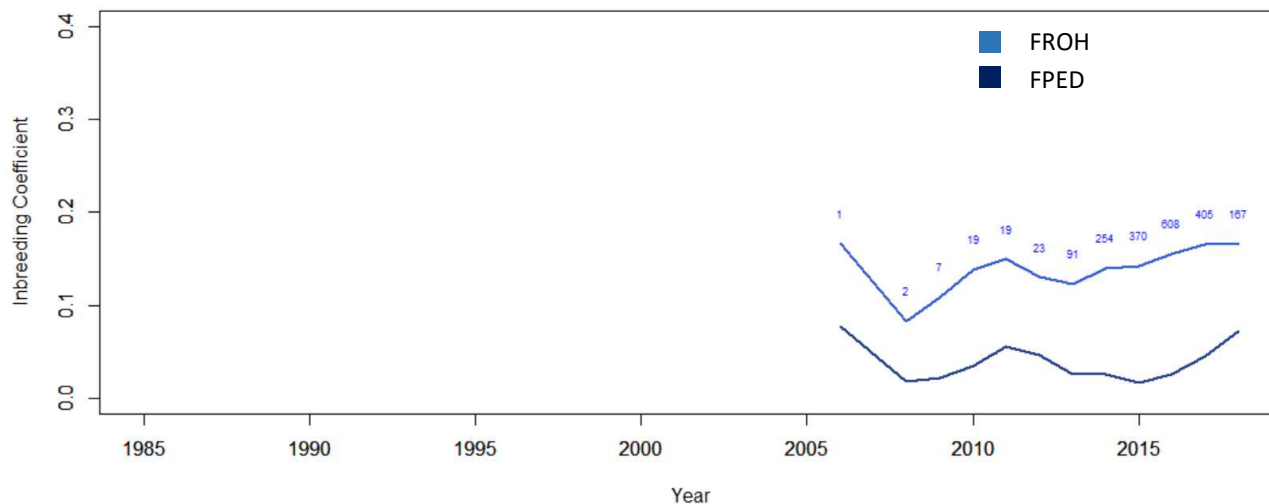
Sostegno per la conservazione, l'uso e lo sviluppo sostenibili delle risorse genetiche in agricoltura 2020-2023

Avviso pubblico n° 0041184 del 20/12/2019 - Proposta n° 04250057629 del 27/05/2020

Duroc Italiana



Landrace Italiana



I dati genomici evidenziano la sostanziale stabilità del livello di consanguineità nelle tre razze considerate e confermano che le misure di gestione adottate nei programmi genetici sono efficaci.

Il valore di FROH è indicativo della proporzione di genoma che è stata ereditata da antenati imparentati. Questo valore può essere considerato per escludere dai piani di accoppiamento individui con un livello di *inbreeding* troppo elevato. Inoltre, la presenza di ROH non fornisce solo una proporzione indicativa della consanguineità, ma identifica le zone precise del genoma che contribuiscono a questo valore.

PSRN-Biodiversità - Sottomisura 10.2

Sostegno per la conservazione, l'uso e lo sviluppo sostenibili delle risorse genetiche in agricoltura 2020-2023

Avviso pubblico n° 0041184 del 20/12/2019 - Proposta n° 04250057629 del 27/05/2020

Questo permette di affinare ulteriormente la valutazione degli individui, evitando di incrociare individui che hanno in comune le stesse regioni omozigoti. È possibile scegliere, per gli schemi riproduttivi, individui che presentano regioni omozigoti diverse e complementari, evitando che lunghe ROH si presentino nelle future generazioni.

L'attività sarà ulteriormente ampliata nell'ambito del progetto SUIS.2 e permetterà un ulteriore affinamento dei programmi genetici delle tre razze autoctone per il suino pesante destinato alle produzioni DOP.

