



Co-funded by
the European Union

SUIS.2 [Suinicoltura
Italiana
Sostenibile

FONDO EUROPEO AGRICOLO PER LO SVILUPPO RURALE: L'EUROPA INVESTE NELLE ZONE RURALI

Programma di Sviluppo Rurale Nazionale 2014/2020 - Sottomisura 10.2

SUIS.2 – SUINICOLTURA ITALIANA SOSTENIBILE.2

PROGETTO COFINANZIATO DAL FEASR - CUP: J89J21000970005

NEWSLETTER SUIS.2 05_2023

Individuazione di aplotipi (alleli) deleteri

Una importante innovazione per i programmi genetici delle razze italiane

Servizio Studi e Sviluppo

Tutte le piccole popolazioni o le popolazioni con numero effettivo di riproduttori relativamente basso, come il caso dei nuclei in selezione delle principali razze suine, presentano alleli recessivi deleteri (sconosciuti), che segregano nella popolazione. Questi alleli non sono compatibili con la vita quando si ritrovano nella condizione omozigote, portano a problemi riproduttivi, diminuzione della fertilità osservata e altri effetti indiretti con impatto negativo dal punto di vista dell'efficienza dell'allevamento. Questi alleli in genere hanno una bassa o bassissima frequenza nelle popolazioni e quindi con un ridotto impatto negativo nel contesto di gestione delle popolazioni. Tuttavia, è importante identificare questi alleli per poter gestire al meglio la riproduzione ed evitare di accoppiare riproduttori portatori degli alleli negativi e in genere deleteri, in modo da ridurre la probabilità che si possano trovare a livello omozigote, con conseguente riduzione del numero di suinetti nati vivi.

Con i dati genomici del progetto SUIS.2 il team del prof. Luca Fontanesi dell'Università di Bologna ha potuto identificare con alta probabilità statistica la presenza di alcuni alleli deleteri nelle razze Large White, Landrace e Duroc italiane. Le metodologie impiegate hanno permesso di ottenere informazioni su alleli che hanno una frequenza relativamente alta (che comunque è al di sotto del 6-7%) nelle tre popolazioni. Gli alleli sono stati analizzati sia basandosi sul singolo marcatore che sulle combinazioni di alleli di diversi marcatori (aplotipi), calcolati con due diversi software (SHAPEIT e Beagle).

Responsabile dell'informazione:

Autorità di Gestione:



MINISTERO DELL'AGRICOLTURA
DELLA SOVRANITÀ ALIMENTARE
E DELLE FORESTE





Co-funded by
the European Union

SUIS.2 [Suinicoltura
Italiana
Sostenibile

FONDO EUROPEO AGRICOLO PER LO SVILUPPO RURALE: L'EUROPA INVESTE NELLE ZONE RURALI

Programma di Sviluppo Rurale Nazionale 2014/2020 - Sottomisura 10.2

SUIS.2 – SUINICOLTURA ITALIANA SOSTENIBILE.2

PROGETTO COFINANZIATO DAL FEASR - CUP: J89J21000970005

Per l'identificazione degli alleli deleteri sono stati selezionati quegli alleli o aplotipi che erano presenti nella popolazione in eterozigosi ma assenti in omozigosi, o comunque presenti in un massimo di 3 soggetti sul totale dei soggetti genotipizzati nella razza. L'analisi consisteva nel calcolare un valore di significatività basato sul principio di Equilibrio di Hardy Weinberg (HWE): un basso valore di HWE (inferiore a 0.05) indica uno sbilanciamento nelle frequenze genotipiche osservate rispetto a quelle attese.

In Tabella 1 sono riportate le regioni relative agli aplotipi deleteri e alle rispettive regioni per le tre razze italiane. La tabella include la posizione sul cromosoma misurata in Mbp, il numero di soggetti utilizzati per l'analisi, la frequenza dell'aplotipo nella razza e il valore di HWE.

Per la razza Large White italiana sono state individuate quattro regioni con alleli potenzialmente deleteri, di cui due sul cromosoma 5, una sul cromosoma 7 ed una sul cromosoma 14. La frequenza degli aplotipi nella popolazione per questi alleli varia dal 3 al 4%. Per la razza Landrace italiana, due aplotipi potenzialmente deleteri sono stati identificati sul cromosoma 1 e sul cromosoma 15. Infine, per la razza Duroc italiana, le regioni corrispondenti ad aplotipi deleteri sono state identificate sul cromosoma 3 sul cromosoma 16. È importante precisare che sia gli alleli che gli aplotipi deleteri sono razza-specifici, in quanto frutto di eventi biologici casuali avvenuti indipendentemente durante la selezione.

Tabella 1 Posizione nel genoma dei possibili alleli/aplotipi deleteri identificati nelle tre razze

Razza	CHR	Posizione	Animali analizzati	Frequenza (%)	HWE
Large White	7	Mbp 116.2	5368	4.04	0.000201
Large White	14	Mbp 1.4	5368	3.33	0.003294
Large White	5	Mbp 4.0	5368	3.18	0.005189
Large White	5	Mbp 4.6	5368	3.08	0.007318
Landrace	1	Mbp 12.8	3470	4.46	0.001406
Landrace	15	Mbp 1.2	3470	4.26	0.002548
Duroc	16	Mbp 64.4	1354	7.31	0.000726
Duroc	3	Mbp 14.2	1354	6.87	0.001698

Responsabile dell'informazione:

Autorità di Gestione:



MINISTERO DELL'AGRICOLTURA
DELLA SOVRANITÀ ALIMENTARE
E DELLE FORESTE





Co-funded by
the European Union

SUIS.2 [Suinicoltura
Italiana
Sostenibile

FONDO EUROPEO AGRICOLO PER LO SVILUPPO RURALE: L'EUROPA INVESTE NELLE ZONE RURALI

Programma di Sviluppo Rurale Nazionale 2014/2020 - Sottomisura 10.2

SUIS.2 – SUINICOLTURA ITALIANA SOSTENIBILE.2

PROGETTO COFINANZIATO DAL FEASR - CUP: J89J21000970005

L'utilizzo di queste informazioni nell'ambito dei programmi genetici ANAS permetterà di migliorare l'efficienza riproduttiva delle scrofe, con riduzione suinetti nati morti o non nati per parto, aumento Kg carne prodotta per scrofa, riduzione costi di smaltimento dei suinetti nati morti.

Responsabile dell'informazione:



A N A S
associazione nazionale allevatori suini

Autorità di Gestione:



MINISTERO DELL'AGRICOLTURA
DELLA SOVRANITÀ ALIMENTARE
E DELLE FORESTE

