Modello per Preservare la Variabilità Genetica in Razze Ovine sotto Pressione Selettiva per la Resistenza alla Scrapie Classica.

Model to Preserve the Genetic Variability in Sheep Breeds under Selection Pressure to Improve the Resistance to Classical Scrapie.

Caterina Cambuli [1], Silvia Cenadelli[1], Ilaria Barbieri[3], Monica Cerioli[3], Maria Pacciarini[3]
Andrea Galli[2], Graziella Bongioni[1], Marina Montedoro[1].

[1]Istituto Sperimentale Italiano Lazzaro Spallanzani, Rivolta d'Adda, Cremona, IT.
[2]CREA Centro di ricerca Zootecnia e Acquacoltura, Lodi, IT.
[3]Istituto Zooprofilattico Sperimentale della Lombardia e dell'Emilia Romagna "Bruno Ubertini", Brescia, IT.

La tutela della biodiversità zootecnica nazionale è essenziale ai fini di preservare le risorse genetiche, sostenere la ricchezza del patrimonio agroalimentare tradizionale e favorire l'utilizzo di aree marginali. La sopravvivenza delle razze a minore diffusione, in ambito zootecnico, può essere a rischio nel caso di ridotte dimensioni effettive della popolazione e di pressioni selettive indotte dall'applicazione di piani di selezione obbligatori. In questi casi la riduzione della variabilità genetica può diventare un fattore critico. In particolare, negli ovini è obbligatoria l'adesione ai piani di selezione per migliorare la resistenza alla Scrapie classica, malattia del gruppo delle Encefalopatie Spongiformi Trasmissibili (TSE) la cui suscettibilità è associata ai polimorfismi del gene della Proteina Prionica (PRNP). I programmi di selezione basati sull'incremento degli alleli resistenti ARR, sulla riduzione dell'ARQ e sull'eliminazione degli alleli VRQ, creano una forte pressione selettiva negli allevamenti con bassa frequenza degli alleli resistenti. In questo studio è stato proposto un modello, testato sulla pecora Brianzola, razza autoctona della fascia pedemontana lombarda riconosciuta a rischio estinzione, che ha previsto l'utilizzo contemporaneo della stima delle distanze genetiche tra i riproduttori e delle conoscenze delle frequenze alleliche e genotipiche associate alla resistenza alla Scrapie. La genotipizzazione dei polimorfismi del gene PRPN è stata effettuata in 835 capi distribuiti in 23 allevamenti. La frequenza dei genotipi resistenti (ARR/ARR) è risultata pari a 4,8% nei maschi e a 2,4% nelle femmine. Ai fini della stima delle distanze genetiche è stato testato un pannello di 128 marcatori *Single Nucleotide Polymhorphism* (SNPs) scelti dall' *International Sheep Genomics Consortium* (ISGC) applicabile con la tecnologia *QuantStudio® Life Tech*. La genotipizzazione ha consentito di selezionare gli 80 marcatori più informativi sulla base dell'eterozigosità osservata (Ho) ed attesa (He) per singolo locus, della *minor allele frequency* e del *call-rate*. Sono stati studiati gli indici di fissazione di *Wright* (F) per locus, con particolare interesse per F(st), la differenziazione genetica a livello dei singoli loci è stata calcolata utilizzando il

test esatto G (metodo di Fisher). Utilizzando le distanze euclidee è stata costruita la matrice triangolare di distanza genetica fra tutte le potenziali coppie di individui, con valori variabili da 0,0 a 8,2. Le distanze genetiche sono state valorizzate tramite lo sviluppo di una procedura informatica che mediante l'inserimento della matricola di un riproduttore, consente di ottenere gli accoppiamenti programmati che massimizzano le distanze genetiche all'interno del gruppo con genotipi resistenti alla Scrapie. Il pannello di SNPs e la procedura validata nello studio consentono di avere uno strumento per ridurre il rischio di *"inbreeding depression"* e monitorare l'andamento della variabilità genetica al fine di limitare il rischio di un'ulteriore riduzione della dimensione effettiva della popolazione nella razza a rischio estinzione.

Sezione Tematica - 2

Biodiversità Animale

Modalità di presentazione

POSTER