



AZIONE 9: ELABORAZIONE E GESTIONE DELLE INFORMAZIONI RACCOLTE.

IOV: PUBBLICAZIONE RISULTATI ANALISI GENETICHE E GENOMICHE

Colore del mantello

Grazie ai precedenti step del progetto è stato analizzato un marcatore nel gene *MC1R*, responsabile del colore rosso ed utile per l'autenticazione del Parmigiano Reggiano prodotto da sole Reggiane. In particolare, è stata monitorata la frequenza degli alleli “e” ed “E”, poiché il colore fromentino è dato dal genotipo omozigote e/e, cioè dalla presenza di due copie dell'allele “e”. Il marcatore per *MC1R* è stato utilizzato per la conferma del genotipo nei soggetti da inserire nel Libro Genealogico e per la verifica dei soggetti dubbi.

La frequenza genotipica degli omozigoti “e/e” è risultata > 89%, con una piccola percentuale (circa 10%) di eterozigoti e/E, che possono ancora trasmettere l'allele E alla progenie, ed una piccola minoranza (<1%) di omozigoti E/E.

Queste statistiche sono state il punto di partenza per analisi più approfondite sul colore del mantello nella Reggiana. Oltre al gene che codifica per il colore rosso, esistono infatti altre regioni genomiche che possono rendere il colore di base più chiaro o più scuro. Grazie al pannello SNPChip, è possibile individuare alcuni dei marcatori coinvolti ed identificare gli alleli responsabili di queste variazioni. Partendo dai dati fenotipici collezionati nel corso del progetto e dai dati di SNPChip è stato effettuato uno studio di associazione per la gradazione chiara o scura. Sono stati identificati due marcatori principali sul cromosoma 5 (in posizione 57.34Mbp e 48.57Mbp), chiamati, per semplicità, BTA5_SNP1 e BTA5_SNP2 e le loro frequenze sono state analizzate nella razza.

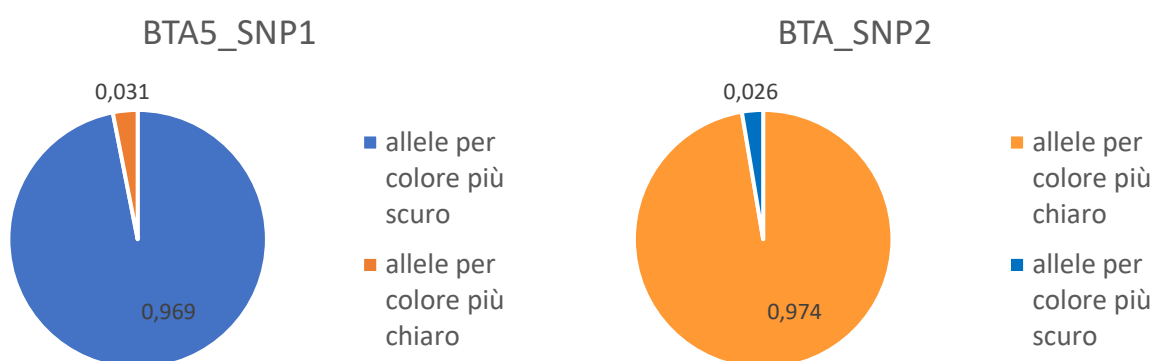


Figura 1. Frequenze degli alleli che determinano un colore più scuro o più chiaro per i due marcatori identificati.

C'è da precisare che questi marcatori hanno un effetto minore rispetto al marcatore nel gene principale *MC1R*, ed è solo la presenza simultanea di molti alleli (su più marcatori) che può determinare un discostamento dagli standard di razza. L'analisi delle frequenze alleliche nella popolazione permette di monitorare e prevenire questa possibilità.

Osservando i risultati per le frequenze per i marcatori principali (Figura 1) si nota che gli alleli con effetti minori sul colore sono ben bilanciati all'interno della razza Reggiana, per cui è possibile escludere la possibilità che si manifestino fenotipi troppo scuri o troppo chiari rispetto al colore fromentino determinato dalla presenza in omozigosi degli alleli e/e.

Geni relativi alla statura

I geni *PLAG1* e *NCAPG-LCORL* influenzano la statura e la massa corporea in diverse razze bovine. Per questo motivo, considerata la duplice attitudine della Reggiana, sono stati analizzati i marcatori relativi a questi geni per valutare la frequenza di alleli favorevoli entro la razza. In Figura 2 sono riportate le frequenze dei marcatori principali per i due geni. Gli alleli responsabili di una maggiore statura sono risultati in frequenza minore nella razza Reggiana, e questo è dovuto a due motivi principali: quelli considerati sono solo alcuni dei molti alleli che regolano la statura con piccoli effetti; inoltre, queste regioni sono coinvolte in maniera favorevole o meno anche in altri caratteri produttivi.

Questa analisi esplorativa, oltre a fornire un quadro generale della razza, fa da punto di partenza per individuare potenziali marcatori utili per migliorare l'accrescimento, che vanno studiati approfonditamente per non influire negativamente su altri caratteri produttivi.

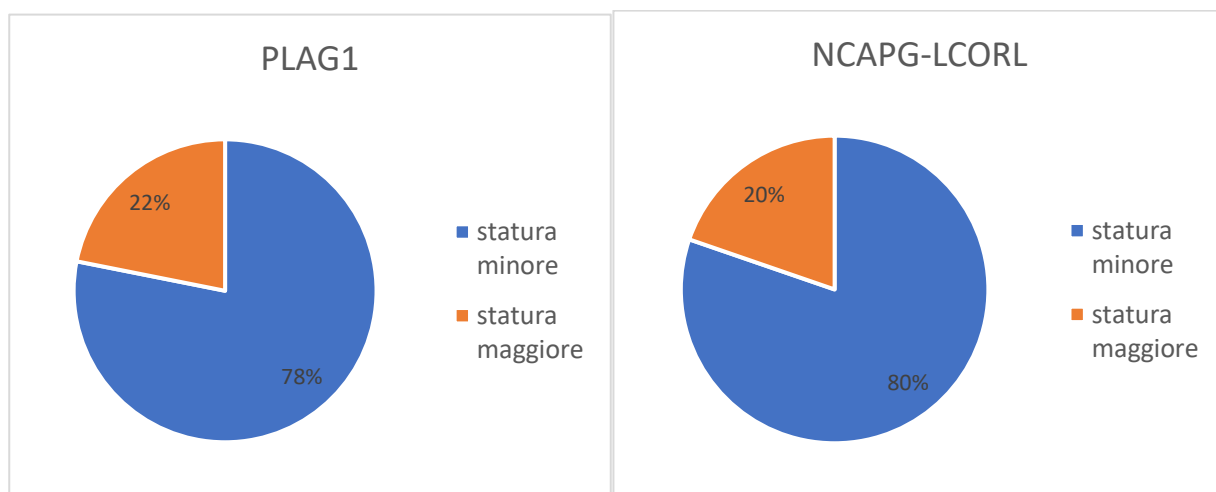


Figura 2. Frequenze degli alleli che determinano la statura per i due marcatori analizzati.