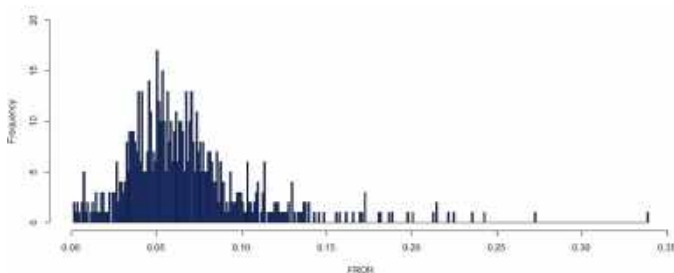


Il coefficiente di consanguineità genomico

L'analisi genomica permette di calcolare il coefficiente di consanguineità senza utilizzare i dati di pedigree ma solo utilizzando le informazioni di alcune centinaia di migliaia di marcatori del DNA sparsi in tutto il genoma bovino. La proporzione del genoma coperta dai Runs of Homozygosity (ROH) è considerato un ottimo indicatore del livello di consanguineità.

L'obiettivo del progetto è quello di calcolare per tutti i bovini della razza un coefficiente di consanguineità genomico basato sulla proporzione di ROH (FROH). Tale parametro permette di predisporre piani di accoppiamento più mirati e precisi e quindi ridurre la consanguineità media nella razza



Il grafico mostra la distribuzione del parametro FROH nella razza Reggiana. La consanguineità genomica della maggior parte degli animali è di circa il 5%. I bovini con più alto livello di FROH saranno utilizzati in modo mirato nei piani di accoppiamento per ridurre il valore di FROH della progenie.



ANABoRaRe



Associazione Nazionale Allevatori
Bovini di Razza Reggiana

Associazione Nazionale Allevatori Bovini di Razza Reggiana
Via Masaccio, 11 - 42124 Mancasale (RE)
Tel. e fax: 0522.271396
www.razzareggiana.it - anaborare@razzareggiana.it



I risultati del progetto
“DUAL BREEDING”
nella razza Reggiana

LA CARATTERIZZAZIONE DELLA
RAZZA DAL PUNTO DI VISTA
GENOMICO



Programma di sviluppo rurale
nazionale (PSRN)



ALMA MATER STUDIORUM • UNIVERSITÀ DI BOLOGNA
DIPARTIMENTO DI SCIENZE E TECNOLOGIE AGRO-ALIMENTARI



mipaft
ministero delle politiche agricole
alimentari, forestali e del turismo



Il Progetto

Il progetto coinvolge 16 razze bovine nazionali a duplice attitudine, tra cui la razza REGGIANA.

E' incentrato sulla caratterizzazione fenotipica, genetica e, in particolare, genomica della razza.

Che cos'è la genomica

La genomica si occupa dello studio del genoma degli animali, sia per decifrarne la struttura che per definirne la funzione. La genomica studia il DNA costruito dalla combinazione quasi infinita di quattro nucleotidi indicati con le lettere A, C, G e T. L'ordine in cui sono posizionati alcuni miliardi di nucleotidi nel DNA determinano la struttura e la funzione del genoma.

```
ATCAGCTAGCAATGATCC-  
TAGTCATGCGTACGTATCG  
AGTCTGACGATGCGTACGT  
AGTCTAGCTGATGCATACT
```

Il genoma bovino contiene circa 3 miliardi di nucleotidi distribuiti in 30 paia di cromosomi.



La genomica e il colore del mantello per la tracciabilità del formaggio

La razza Reggiana si caratterizza per il mantello rosso fromentino. Diversi alleli (E^+ , E^P , e) del gene *MC1R* sono associati a particolari effetti sul colore del mantello. Il colore rosso è determinato dalla presenza in omozigosi (due copie) dell'allele e . L'analisi del gene *MC1R* nei bovini di razza Reggiana ha evidenziato che questa popolazione è quasi fissata per l'allele e .

L'obiettivo del progetto è quello di arrivare alla completa fissazione di questo allele nella razza Reggiana. Il regolamento per l'iscrizione dei nuovi bovini al Libro Genealogico prevede che i soggetti siano omozigoti per questo allele.

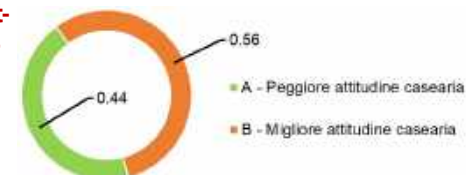
Tale caratteristica risulta utile per tracciare e autenticare mediante una semplice analisi del DNA il formaggio derivato dal solo latte di vacche di razza Reggiana.



La genomica e la qualità del latte: la K-caseina

La K-caseina è una proteina del latte molto importante per la caseificazione. La proteina è codificata dal gene *CSN3*. L'allele B migliora l'attitudine casearia del latte.

L'obiettivo del progetto è quello di aumentare ulteriormente la frequenza dell'allele B nella razza..



L'allele B nella razza Reggiana ha una buona frequenza (56%). Tuttavia, è importante selezionare ancora per aumentare tale frequenza nella razza.

La genomica e la quantità di latte prodotto

Il genoma dei bovini di razza Reggiana contiene una buona variabilità che può essere utilizzata per il miglioramento genetico.

L'obiettivo del progetto è quello di identificare nel genoma della razza i geni che danno una maggiore e migliore produzione di latte.

Lo studio dell'intero genoma (rappresentato nel grafico con un Manhattan plot) ha permesso di identificare alcuni marcatori del DNA associati ad una maggiore quantità di latte prodotto. Quantità e qualità del latte possono essere migliorate insieme.

