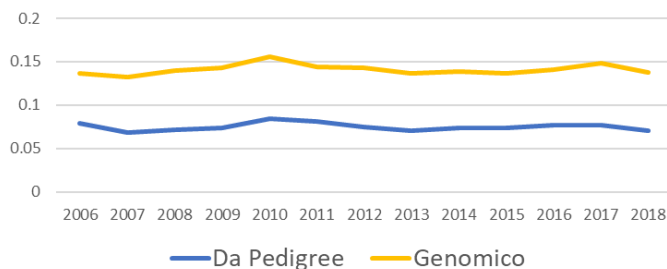


## Monitoraggio della consanguineità

Una buona strategia per evitare l'insorgenza di malattie ereditarie che si manifestano in omozigosi è quella di monitorare la consanguineità nella popolazione ed il suo andamento nel corso degli anni.

Questo monitoraggio è effettuato tradizionalmente dai dati di pedigree, ma grazie alla genomica è possibile avere valori più vicini alla realtà.

L'obiettivo del progetto è valutare il livello di consanguineità della razza e monitorare quanto i piani di accoppiamento hanno influito nel corso degli anni su questo parametro.



I due coefficienti di consanguineità, quello tradizionale da pedigree e quello genomico, nella razza Reggiana hanno avuto andamenti simili durante gli anni. I futuri piani di accoppiamento terranno in considerazione questi risultati.



I risultati del progetto  
“DUAL BREEDING 2”  
nella razza Reggiana

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](http://www.razzareggiana.it) - [anaborare@razzareggiana.it](mailto:anaborare@razzareggiana.it)

IL RUOLO DELLA GENOMICA  
NELLA CONSERVAZIONE  
DELLA RAZZA

## Il Progetto

Il progetto si occupa della valorizzazione e della salvaguardia della tipicità genetica della razza Reggiana.

In continuità con il precedente programma, il progetto fornisce ulteriori informazioni per la caratterizzazione del patrimonio genetico.

## La genomica

### nella conservazione della razza

Altri obiettivi riguardano il miglioramento delle condizioni di benessere, della resistenza o predisposizione alle malattie, e dell'efficienza alimentare e riproduttiva, contribuendo alla riduzione dell'impatto ambientale. Include altre tre razze, Modenese, Varzese e Garfagnina, per cui saranno utilizzate strategie simili di conservazione.

Lo studio del DNA dei singoli soggetti permette di identificare le mutazioni utili a livello di tracciabilità, qualità del latte o di predisposizione alle malattie. La genomica permette, inoltre, di valutare la distribuzione di questi alleli all'interno di una razza.



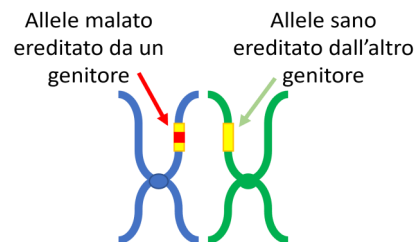
## Marcatori per la predisposizione a malattie

Le sindromi genetiche sono legate a mutazioni (che determinano gli alleli) che impediscono il corretto funzionamento di alcuni geni.

Il genoma di un bovino è costituito da 30 coppie di cromosomi che contengono i geni. Nello stesso animale, ogni gene è presente in due copie, ciascuna di esse ereditata da un genitore.



Anche gli alleli sono ereditati in due copie, una da ogni genitore. **Un animale sano portatore può trasmettere alla progenie l'allele malato.**



Gli alleli deleteri sono in genere rari e la loro frequenza varia di razza in razza. In popolazioni piccole come quelle delle razze autoctone è importante gestire correttamente gli accoppiamenti, escludendo i soggetti portatori di alleli deleteri, per evitare che la loro frequenza aumenti.

**Tra gli obiettivi del progetto c'è l'identificazione di nuovi alleli potenzialmente deleteri.**



## Geni importanti per malattie genetiche

Due importanti sindromi genetiche in alcune razze bovine sono CVM e Brachyspina.

### CVM

"Complex Vertebral Malformation" (CVM) è una grave malattia ereditaria recessiva che causa malformazioni vertebrali e morte prematura dei soggetti omozigoti. La mutazione causativa è nel gene *SLC35A3*, localizzato sul cromosoma 3.

### Sindrome Brachyspina

Questa malattia causa, nei soggetti omozigoti, uno sviluppo disarmonico dello scheletro e morte alla nascita. La mutazione causativa è nel gene *FANCI*, localizzato sul cromosoma 21.

**Il progetto ha l'obiettivo di valutare, nella razza Reggiana, la frequenza degli alleli deleteri che causano queste malattie. Questo permetterà di escludere i soggetti portatori dai piani di accoppiamento.**

Ad oggi, i bovini analizzati per questa razza non sono risultati portatori di questi alleli.

