



Az.7 Valutazione ed individuazione di caratteri di resistenza genetica alle principali malattie di interesse zootecnico

IOV1: Valutazione caratteri di resistenza genetica alle principali patologie nella razza Reggiana.

Anno riferimento: 3

Parametro: numero di pubblicazioni statistiche descrittive

Dalle analisi genomiche effettuate su 1820 bovini di razza Reggiana utilizzando il pannello di SNP della Geneseek (HD GGP), è stato possibile ottenere informazioni sulla possibile presenza nella razza di alleli deleteri che causano diverse malattie genetiche.

Questi alleli negativi sono già stati studiati in diverse altre razze bovine e derivano da studi che hanno permesso di definire le mutazioni causative o i marcatori associati a diverse malattie o difetti genetici.

Dalle analisi genomiche è stato possibile recuperare l'informazione 7 difetti genetici (DUMPS, HH3, JH1 e citrullinemia caratteristici della razza Frisona; Aracnomelia, caratteristico della razza Bruna; Yellow fat, caratteristico della Red Holstein; piede di mulo o mulefoot, caratteristico della razza Frisona e di altre razze).

La tabella 1 riporta informazioni sul cromosoma che porta le mutazioni deleterie (colonna BTA) l'SNP relativo ai diversi difetti, la presenza dell'allele negativo (A1) e la presenza dell'allele normale (A2), il numero di animali genotipizzati portatori dei tre genotipi (nella colonna N. ANIMALI CON I DIVERSI GENOTIPI, il primo numero indica il n. di animali omozigoti per il difetto, il secondo numero indica il n. di animali eterozigoti portatori del difetto, il terzo numero indica il n. di animali omozigoti per l'allele normale), l'eterozigosità osservata, l'eterozigosità attesa e il valore di P del test dell'equilibrio di Hardy Weinberg.

ASSOCIAZIONE NAZIONALE ALLEVATORI BOVINI DI RAZZA REGGIANA

ANABoRaRe



Associazione Nazionale Allevatori
Bovini di Razza Reggiana



Fondo europeo agricolo per lo sviluppo
rurale: l'Europa investe nelle zone rurali.

mipaaf

Direzione generale dello sviluppo rurale
Ministero delle politiche agricole alimentari
e forestali



dualbreeding

PSRN 2014/2020 FEASR – DUAL BREEDING – ANABoRaRe partecipa al Progetto presentato nell'ambito della sottomisura 10.2

BTA	SNP	A1	A2	N. ANIMALI CON I DIVERSI GENOTIPI	Eterozigosità osservata	Eterozigosità attesa	P-value nel test di equilibrio di Hardy Weinberg
5	Arachnomelia-BS	0	D	0/0/1819	0	0	1
5	Arachnomelia-BS_2	0	D	0/0/1820	0	0	1
11	Citrullinemia	0	G	0/0/1820	0	0	1
11	Citrullinemia_3	0	G	0/0/1820	0	0	1
1	DUMPS	0	G	0/0/1820	0	0	1
1	DUMPS_2	0	G	0/0/1820	0	0	1
1	DUMPS_3	0	G	0/0/1820	0	0	1
8	HH3	G	A	0/1/1819	0.0005495	0.0005493	1
8	HH3_2	G	A	0/1/1819	0.0005495	0.0005493	1
8	HH3_3	G	A	0/1/1819	0.0005495	0.0005493	1
15	JH1_1	0	G	0/0/1820	0	0	1
15	JH1_3	0	G	0/0/1820	0	0	1
15	JH1_4	0	G	0/0/1820	0	0	1
15	YellowFat-FA	0	G	0/0/1820	0	0	1
15	YellowFat-FB	0	G	0/0/1820	0	0	1
15	Mulefoot-241	A	G	17/247/1551	0.1361	0.1428	0.04838
15	Mulefoot-241_2	A	G	17/247/1551	0.1361	0.1428	0.04838
15	Mulefoot-241_3	A	G	18/246/1551	0.1355	0.1433	0.03098
15	Mulefoot-2719	0	G	0/0/1820	0	0	1
15	Mulefoot-2719_2	0	G	0/0/1820	0	0	1
15	Mulefoot-2719_3	0	G	0/0/1820	0	0	1
15	Mulefoot-3595	0	G	0/0/1820	0	0	1
15	Mulefoot-3595_3	0	G	0/0/1820	0	0	1
15	Mulefoot-4863	0	C	0/0/1820	0	0	1
15	Mulefoot-4863_2	0	C	0/0/1820	0	0	1
15	Mulefoot-4863_3	0	C	0/0/1820	0	0	1
15	Mulefoot-4863_4	0	C	0/0/1820	0	0	1

I risultati indicano che solo un bovino tra i 1820 bovini analizzati è risultato portatore del difetto HH3 che provoca mortalità embrionale. La mutazione causativa è nel gene SMC2

I passaggi successivi che derivano da questo risultato sono i seguenti:

- 1) Si dovrà verificare il genotipo di questo bovino per confermare i risultati derivati dall'analisi genomica con il chip HD GGP;
- 2) Si dovranno valutare i suoi dati genealogici per verificare ed eventualmente tracciare l'origine di questo allele negativo;



- 3) Nel caso in cui si confermasse che il bovino è portatore dell'allele negativo, si dovrà procedere con la radiazione del bovino dal Libro Genealogico della razza Reggiana ed in parallelo si dovranno genotipizzare i suoi figli e le sue figlie per evitare che l'allele negativo si diffonda nella razza Reggiana.

Le mutazioni causative per il difetto Mulefoot interessano il gene LRP4.

Per quanto riguarda questo difetto, è tuttavia da specificare che solo la presenza combinata degli alleli a tutti i marcatori elencati in tabella porta alla manifestazione del fenotipo. Nella razza Reggiana è risultata la presenza solo di uno dei vari marcatori associati al difetto. Tuttavia, la sua presenza non è mai risultata insieme agli altri marcatori. Quindi il rischio di avere una predisposizione alla manifestazione del difetto nella razza rimane bassissimo e quindi, dai dati ottenuti, irrilevante.