

Programma di Sviluppo Rurale Nazionale 2014-2022

Sottomisura 10.2 – Biodiversità

Progetto TuBAVI-2 (2021-2024)

RELAZIONE DELLE ATTIVITA' SVOLTE NEL PRIMO ANNO

Università di Torino

L'Università di Torino ha svolto le proprie attività nell'ambito delle azioni 1, 2, 4 e 6. Le attività relative all'azione 1 sono svolte in qualità di consulente del PA UniPI, le attività relative alle azioni 2, 4 e 6 in qualità di consulente del PA UniMI.

La presente relazione descrive le attività svolte dal 09.04.2021, data di approvazione della domanda di sostegno, al 30.04.2022. L'attività è descritta per azione, in base al programma iniziale.

Azione 1 – Caratterizzazione fenotipica delle razze e delle specie autoctone

Task 1.1 – Caratterizzazione fenotipica di polli di razza Bianca di Saluzzo e Bionda Piemontese

I riproduttori di pollo di razza Bianca di Saluzzo (BS) e Bionda Piemontese (BP) allevati presso il Centro per la Conservazione delle Risorse Genetiche Avicole Locali (Centro Interdipartimentale PRISAn DSV-DISAFSA) da Luglio 2021 a maggio 2022 erano al terzo ciclo di riproduzione. I riproduttori BP (n=80) presenti in aprile 2021, erano organizzati in 6 gruppi familiari, mentre i riproduttori BS (n=70) erano organizzati in 5 linee familiari. La produzione di uova e il loro peso sono stati registrati giornalmente da marzo a giugno 2021. I dati sono stati elaborati su base settimanale e riportati nei grafici 1.1-1.4. I pulcini schiusi dai piani di accoppiamento nel mese di agosto 2021 (n= 240) sono stati destinati alla selezione dei capi di rimonta interna. Tutti i capi sono stati allevati a terra su lettiera permanente in ambiente controllato seguendo linee guida standard per l'allevamento avicolo. La registrazione del peso vivo individuale si è svolta ogni 4 settimane per 5 mesi. I maschi sono stati campionati (penne) per l'analisi genetica. Le femmine sono state selezionate nel mese di aprile 2022 in base della linea familiare (12 per linea familiare) e dei caratteri morfologici, mentre la selezione dei maschi sarà effettuata nel mese di giugno in base agli indici genetici di variabilità individuale e di parentela familiare risultanti dalle analisi genetiche oltre che per i caratteri morfologici. La maturità sessuale delle femmine è avvenuta in corrispondenza della 20a settimana di vita (dicembre 2021). E' in corso e la registrazione di produzione di uova e il loro peso. Test sanitari per il monitoraggio salmonellosi sono svolti regolarmente evidenziando l'assenza di patogeni.

Azione 2 – Caratterizzazione genetica delle razze e delle specie allevate in Italia anche mediante l'impiego di informazioni genomiche

Task 2.1 Caratterizzazione genetica mediante marcatori microsatelliti

La caratterizzazione genetica con marcatori microsatelliti è programmata per fornire strumenti utili alla conservazione di biodiversità in popolazioni nucleo gestite dai PA e nella Criobanca del seme. In particolare, sono considerati i seguenti obiettivi: 1) individuare maschi candidati per la rimonta e la produzione di seme; 2) caratterizzare nuove linee genetiche in razze in conservazione; 3) caratterizzare nuove razze di pollo.

Task 2.1.1 Caratterizzazione di maschi candidati.

Sono stati tipizzati i candidati di 5 razze presenti in 3 nuclei di conservazione: UNIPI (Livorno-LV, Siciliana-SIp) UNIMOL (Siciliana-SIm) e UNITO (Bianca di Saluzzo-BS e Bionda Piemontese-BP) con 26 marcatori microsatelliti Figura 2.1.

Task 2.1.2 Caratterizzazione di nuove razze: Millefiori Piemontese

Nel corso del primo anno si sono avviati diversi contatti sul territorio piemontese per identificare capi di razza Millefiori Piemontese (MP) da trasferire presso le strutture di allevamento UNITO allo scopo di costituire un gruppo di riproduttori da sottoporre a caratterizzazione fenotipica e moltiplicazione. Sono stati identificati 4 allevamenti nei quali sono presenti soggetti fenotipicamente riconducibili alla razza Millefiori Piemontese. Sono stati prelevati campioni di penne da 50 soggetti e sottoposti ad analisi genetica con marcatori microsatelliti identificando mediamente 3 alleli per locus (figura 2.1), l'eterozigosi osservata risulta di 0.57 e quella attesa 0.51. I dati saranno elaborati per la caratterizzazione della variabilità genetica e il confronto con le altre razze italiane.

Task 2.1.3 Identificazione di nuove linee genetiche nelle razze di pollo LI, AN, MB e SI

Sono stati prelevati campioni di penne da 38 soggetti di razza Ancona per l'analisi genetica con marcatori microsatelliti, sono stati identificati mediamente 3 alleli per locus (figura 2.1), l'eterozigosi osservata risulta di 0.32 e quella attesa 0.34. I dati saranno elaborati per la caratterizzazione della variabilità genetica e il confronto con le altre popolazioni caratterizzate.

Task 2.2 Caratterizzazione dei polimorfismi di marcatori genetici in linkage con geni candidati (GAS)

Il polimorfismo del gene PAX 7 è stato caratterizzato in 381 soggetti provenienti da 7 popolazioni identificando 7 varianti alleliche le cui frequenze sono riportate nella figura 2.2.

Azione 4 – Stima di indici genetici e genomici e gestione riproduttiva

Task 4.1 Scelta dei maschi per la riproduzione e la produzione di materiale seminale

I dati di tipizzazione sono stati utilizzati per calcolare la matrice di parentela valutando il numero di alleli condivisi per ciascuna coppia di individui appartenenti alla stessa razza, quindi è stata calcolata la parentela media tra tutti i riproduttori (P) e la parentela media con le linee familiari (Pf). Per ogni soggetto è stata calcolata l'eterozigosi individuale (H-ind).

Task 4.2 Gestione riproduttiva

Per le popolazioni nelle quali non esisteva l'informazione (Siciliana UNIMOL, Livorno UNIPI) sono state identificate le linee di sangue tipizzando anche le femmine e definiti i soggetti appartenenti ad ogni linea genetica. Per identificare i soggetti geneticamente simili e le diverse linee familiari dalla matrice di parentela è stata calcolata la matrice di distanza tra gli individui. I risultati dell'analisi delle componenti principali sono rappresentati in Figura 4.1-3. Per mantenere la massima variabilità genetica le femmine di ciascuna famiglia provenienti dalla stessa linea genetica sono state riunite nello stesso gruppo familiare. La scelta dei riproduttori è stata effettuata in modo da coprire la maggior variabilità esistente e tenendo conto dell'eterozigosi individuale. Gli accoppiamenti sono stati pianificati tra soggetti appartenenti a linee di sangue diverse in modo da ridurre al minimo la parentela tra il maschio e il gruppo femmine. Per ogni maschio è stata calcolata la parentela media tra le femmine del gruppo e il maschio selezionato, così da minimizzare il tasso di consanguineità (ΔF). I Risultati dell'analisi sono stati riportati nel documento della valutazione genetica inviato al coordinatore UNIMI e al PA di riferimento. Gli indici saranno pubblicati sul sito del progetto.

Azione 6 - Monitoraggio della diversità genetica tra e entro le razze autoctone italiane considerate dalla proposta e relativa valutazione

Nella razza Bionda Piemontese è stato effettuato il monitoraggio della consanguineità nell'arco di tempo che va dal 2016 al 2020 in termini di variazione dell'eterozigosi osservata e attesa, indice di fissazione (F), analisi delle componenti principali della variabilità genetica e distribuzione della variabilità individuale (H-ind). I risultati sono riportati nella figura 6.1 nella quale è possibile osservare una riduzione della perdita di variabilità.

FIGURE E TABELLE

Figura 1.1 – Peso medio delle uova di galline BS registrato nel periodo riproduttivo da Marzo a Giugno 2021

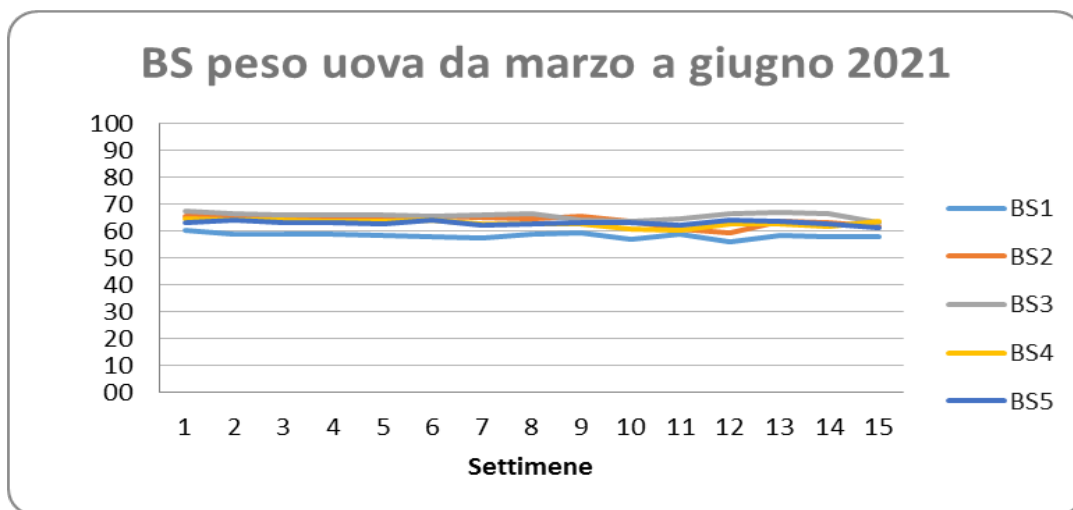


Figura 1.2 – Peso medio delle uova di galline BP registrato nel periodo riproduttivo da Marzo a Giugno 2021

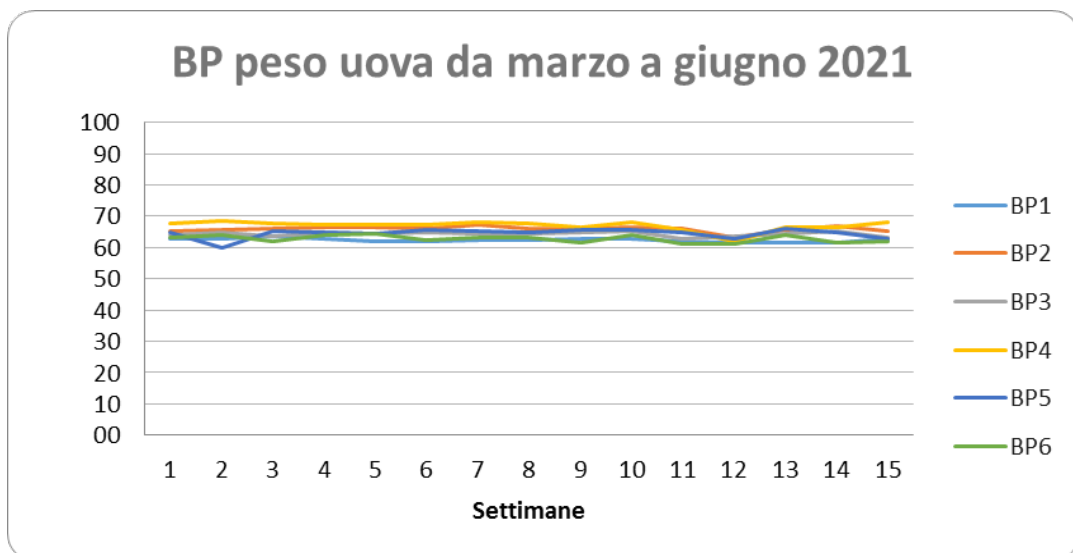


Figura 1.3 – Ovideposizione delle galline BS registrata nel periodo riproduttivo da Marzo a Giugno 2021

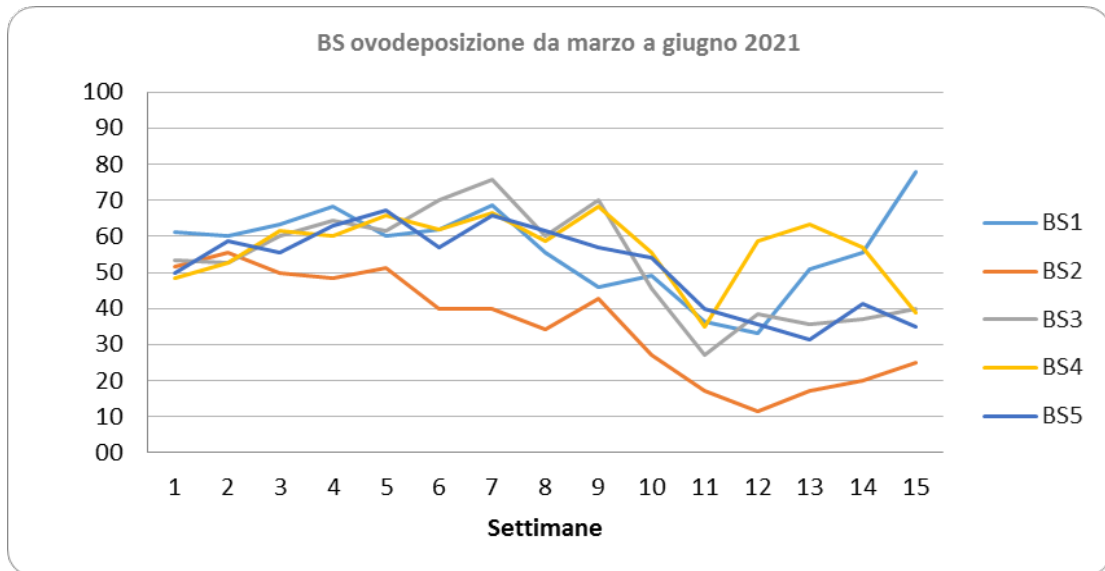


Figura 1.4 – Ovideposizione delle galline BP registrata nel periodo riproduttivo da Marzo a Giugno 2021

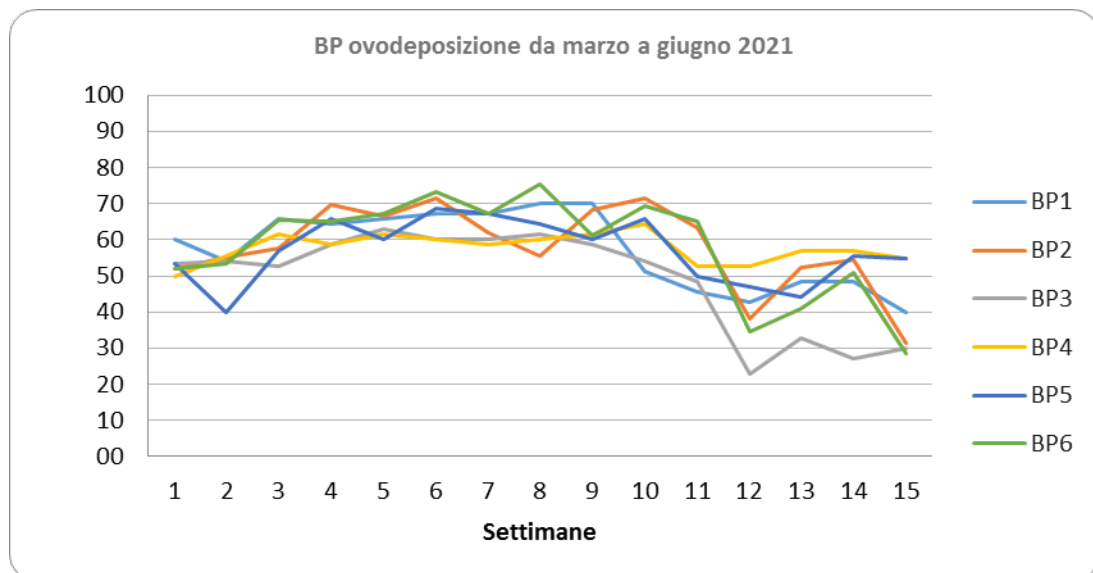


Figura 4.1 – Razza Siciliana - identificazione delle linee genetiche, analisi delle componenti

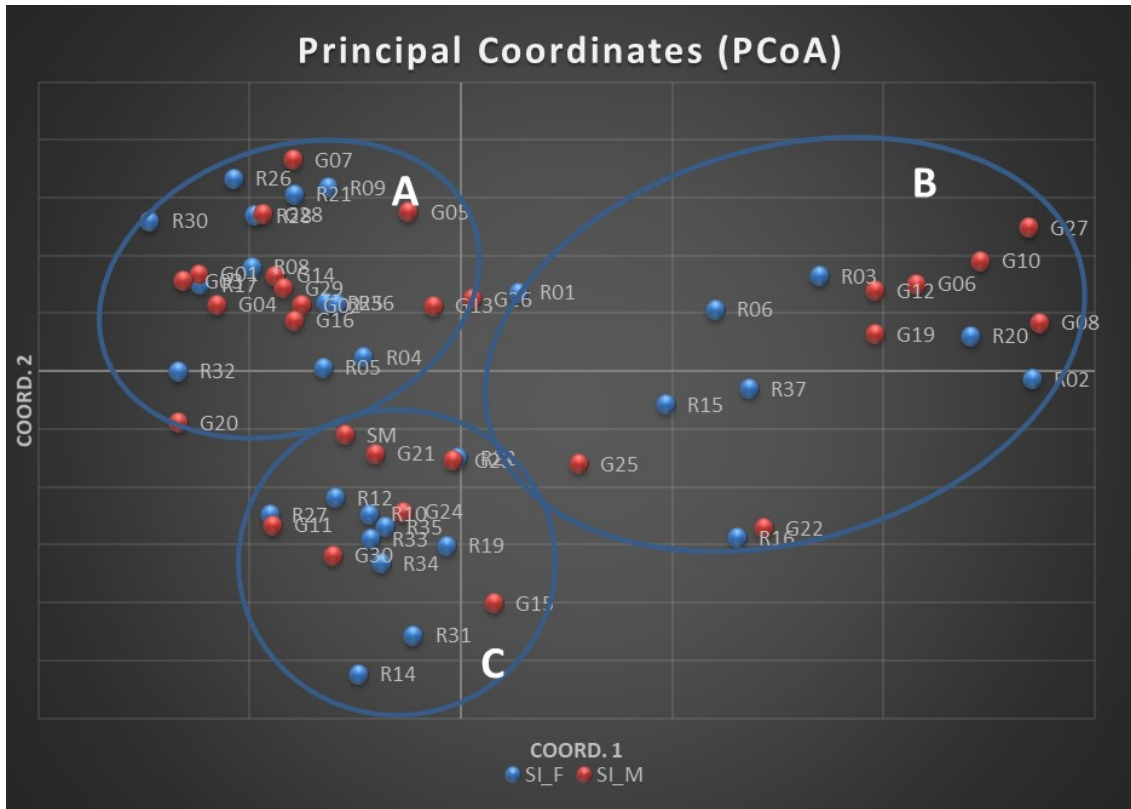


Figura 4.2 – Razza Livorno Nera- identificazione delle linee genetiche, analisi delle componenti

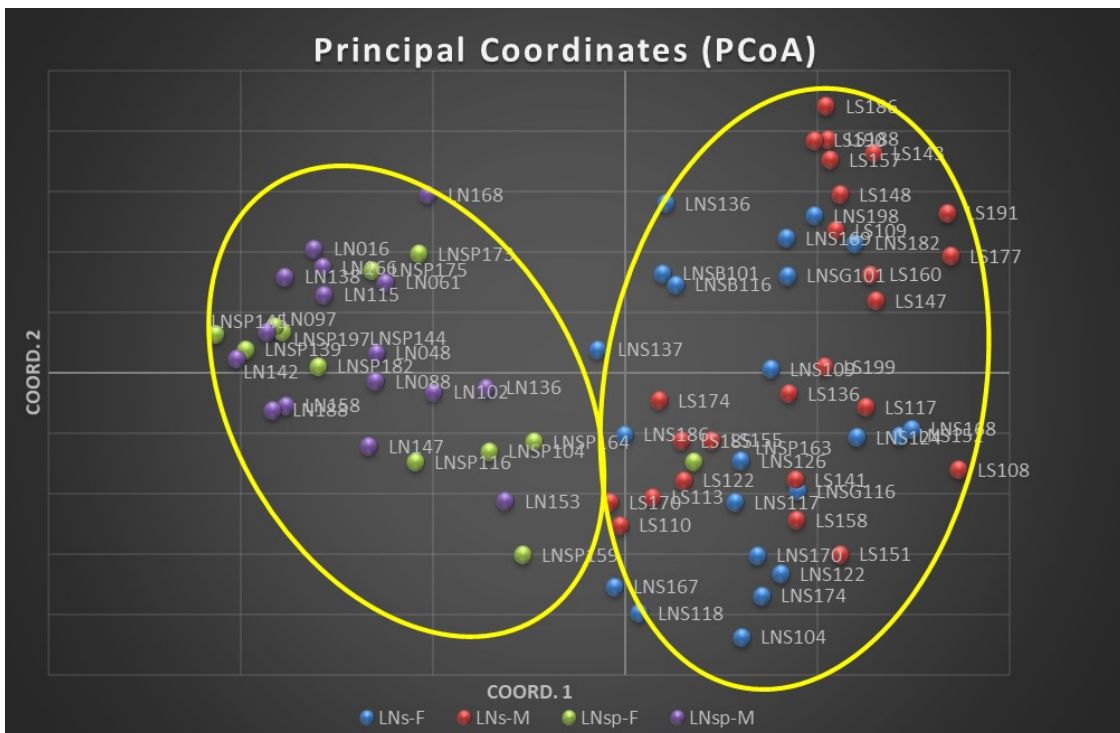


Figura 4.3 – Razza Livorno Bianca- identificazione delle linee genetiche, analisi delle componenti

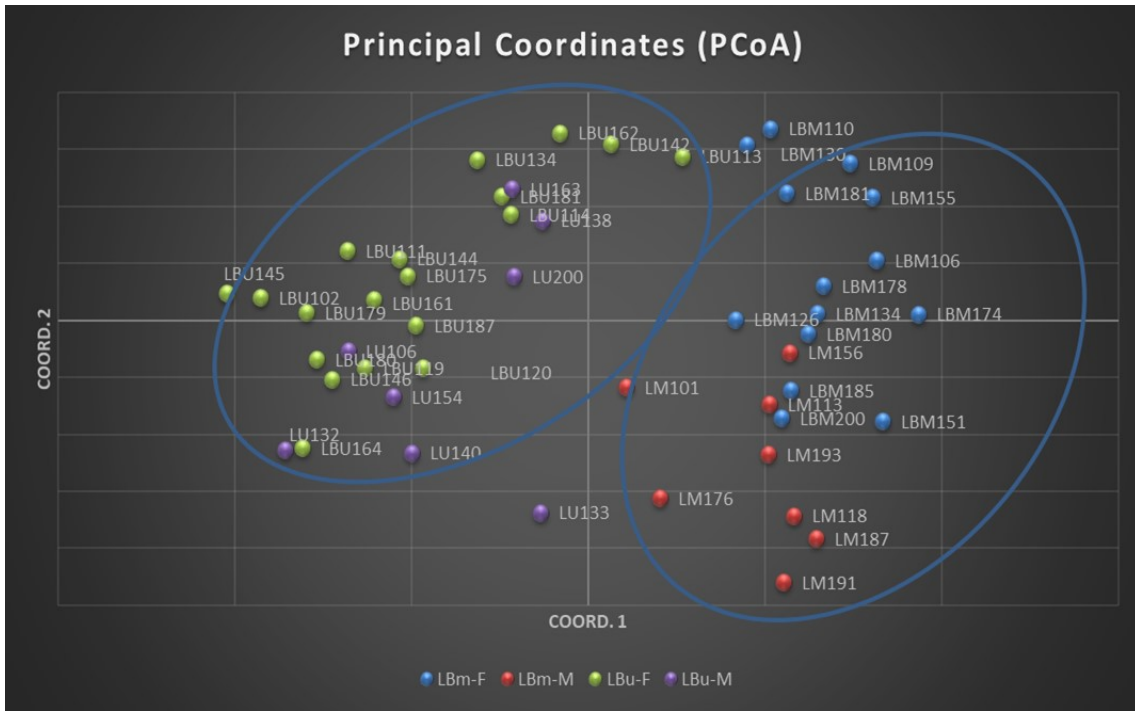


Figura 6.1 – Monitoraggio della consanguineità nella razza Bionda Piemontese

