

Programma di Sviluppo Rurale Nazionale 2014-2022

Sottomisura 10.2 – Biodiversità

Progetto TuBAvI-2 (2021-2024)

RELAZIONE DELLE ATTIVITA' SVOLTE NEL SECONDO ANNO

UniTO

La presente relazione descrive le attività svolte dal 01.05.2022 al 30.04.2023. L'attività è descritta per azione, in base al programma iniziale.

L'Università di Torino ha svolto le proprie attività nell'ambito delle azioni 1, 2, e 4. Le attività relative all'Azione 1 sono svolte in convenzione con il PA UniPI, le attività relative alle Azioni 2 e 4 in qualità di consulente del PA UniMI per il servizio di analisi genetica.

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) nel corso del 2022 erano al primo ciclo di riproduzione. Nel corso del 2022 i riproduttori BP (n=80), erano organizzati in 6 gruppi famigliari, mentre i riproduttori BS (n=70) erano organizzati in 5 linee familiari. La produzione di uova e il loro peso sono stati registrati giornalmente. I dati sono stati elaborati su base settimanale e riportati nei grafici 1.1-1.3. Nella presente relazione è possibile presentare per intero le curve di deposizione di entrambe le razze, integrando i dati precedentemente presentati con quelli raccolti nella restante parte del 2022. Per entrambe le razze il picco di ovodeposizione si attesta tra la settimana di vita 33 e 36, raggiungendo il suo massimo al 77,4% per la Bianca di Saluzzo (Figura 1.1) e 74,3% per la Bionda piemontese (Figura 1.2). Il confronto fra le curve di deposizione delle 2 razze è presentato in maniera congiunta nella Figura 1.3. Tutti i capi sono stati allevati a terra su lettiera permanente in ambiente controllato seguendo linee guida standard per l'allevamento avicolo. E' in corso e la registrazione di produzione di uova e il loro peso per il secondo anno di produzione, sarà oggetto della prossima relazione riportare per intero l'annata di ovodeposizione 2023.

Nella primavera 2022 e 2023 è stata realizzato un test di fertilità e schiudibilità delle due razze consolidate (BP e BS), inoltre nel 2023, dagli allevamenti di Millefiori piemontese (MP) ritrovati nel 2022 e su cui era stata eseguita la tipizzazione genetica, sono state conferite 134 uova per avviare la ricostruzione del nucleo di conservazione. Per quanto riguarda BS sono state incubate in totale di 700 uova nel 2022 e 594 nel 2023. Per quanto riguarda BP sono state incubate in totale di 750 uova nel 2022 e 569 nel 2023. Sia nel 2022 che nel 2023, l'incubazione è avvenuta simultaneamente per avere soggetti coetanei. Le schiuse 2022 sono state utilizzate per altri fini, mentre le schiuse 2023 sono state utilizzate per la rimonta interna di BP e BS e la creazione del nucleo di conservazione per MP.

In Figura 1.4 è riportato il confronto dell'andamento della % di fertilità e schiudibilità nelle razze Bianca di Saluzzo (per gli anni 2022 e 2023), Bionda Piemontese (per gli anni 2022-2023) e Millefiori Piemontese (per l'anno 2023). Attualmente sono in corso le rilevazioni fenotipiche e degli accrescimenti

delle tre razze avicole piemontesi. Il valore tecnico scientifico della rilevazione 2023 è significativo, trattandosi dei primi dati rigorosamente raccolti per la MP. In Figura 1.5 sono mostrati esemplari neonati di Millefiori piemontese.

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.

Per la rimonta e i piani di gestione sono stati caratterizzati i candidati presenti nei nuclei di conservazione UniPG appartenenti a 5 popolazioni (Ancona, Livorno nelle colorazioni dorata, argentata, bianca e nera). Sono in fase di caratterizzazione i candidati presenti nei nuclei di conservazione UniFI e la prole del nucleo di conservazione UniMOL.

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

Nell'ambito dell'identificazione di nuove linee genetiche sono stati caratterizzati geneticamente 26 soggetti appartenenti alla razza Mericanel della Brianza, 17 femmine e 9 maschi, provenienti da allevamenti del territorio.

Come stima della consanguineità è stata analizzata l'eterozigosi media osservata ($H_o=0.48$), riportata in Figura 2.1, insieme a mediana, deviazione standard (SD), errore standard (SE), valore massimo e minimo. Il test dell'equilibrio di Hardy-Weinberg mostra una significativa deviazione dall'equilibrio solo in alcuni loci.

La distribuzione complessiva è discontinua, sebbene i valori di media e mediana siano molto simili; si possono osservare soggetti con una omozigosi elevata ($H_o<0.30$) valori bassi di variabilità individuale indice di consanguineità.

L'analisi delle componenti principali evidenzia la variabilità genetica esistente nel gruppo campionato (Figura 2.2). Il grafico illustra la distribuzione dei soggetti in termini di diversità genetica (i soggetti più simili sono vicini nel grafico e quelli più distanti geneticamente sono lontani). Dalla valutazione delle distanze genetiche le femmine possono essere raggruppate in 2 famiglie (indicate con FA e FB nel grafico).

La variabilità genetica dei soggetti analizzati (MB23) è stata confrontata con quella dei soggetti presenti nel nucleo di conservazione (Figura 2.3). Anche l'analisi del pattern allelico (Figura 2.4) evidenzia la presenza di alleli privati nella famiglia campionata (27 alleli privati).

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 la razza Mericanel della Brianza, nella gestione riproduttiva sono state introdotte le nuove linee genetiche identificate sul territorio. Per i piani di accoppiamento sono stati stimati l'indice di variabilità individuale (H-ind) e l'indice di parentela (P) medio rispetto a tutti i soggetti analizzati. I soggetti con H-ind più elevato permettono di conservare una variabilità genetica maggiore mentre quelli con P più bassi permettono di contenere l'incremento di consanguineità. Sulla base dei risultati delle analisi genetiche le femmine hanno formato le nuove famiglie 5 e 6 del nucleo di conservazione. Gli accoppiamenti sono stati fatti calcolando le parentele medie dei maschi tipizzati con i soggetti di ciascuna famiglia presente nel nucleo (da 1 a 4) e con le 2 famiglie indentificate (5 e 6), come mostrato in Figura 4.1.

Inoltre, sono state calcolate le parentele delle due nuove famiglie con i maschi presenti nel nucleo di conservazione (Figura 4.2).

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.

Per le popolazioni presenti nel nucleo di conservazione di UniPG sono state analizzate le 5 popolazioni presenti (Ancona, Livorno nelle colorazioni dorata, argentata, bianca e nera). Per queste popolazioni, 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 dalla matrice di parentela è stata calcolata la matrice di distanza tra gli individui. Per mantenere la massima variabilità genetica le femmine di ciascuna famiglia provenienti dalla stessa linea genetica sono state riunite nello stesso gruppo familiare e accoppiate con i maschi geneticamente distanti. Gli indici saranno pubblicati sul sito del progetto.

FIGURE E TABELLE

Figura 1.1 – Andamento della % di ovodeposizione ed evoluzione del peso dell'uovo della gallina Bianca di Saluzzo

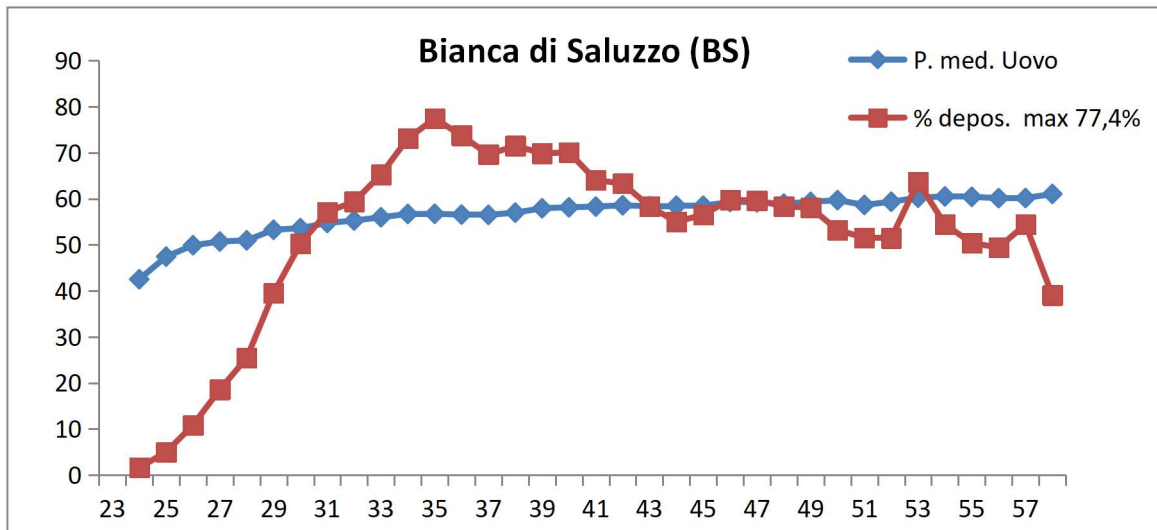


Figura 1.2 – Andamento della % di ovodeposizione ed evoluzione del peso dell'uovo della gallina Bionda piemontese

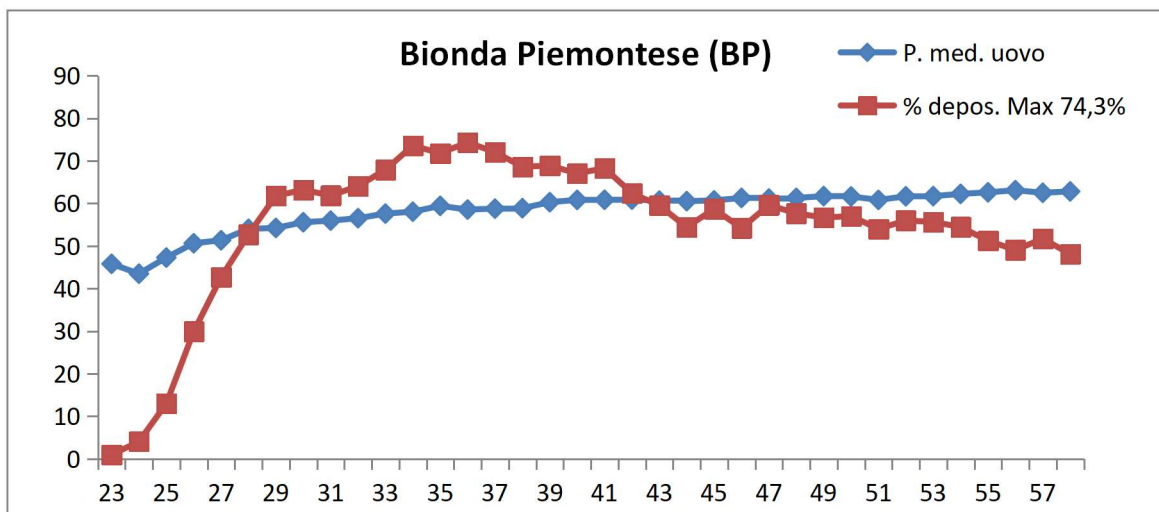


Figura 1.3 – Confronto dell'andamento della % di ovodeposizione e dell'evoluzione del peso dell'uovo fra le galline Bianca di Saluzzo (BS) e Bionda piemontese (BP)

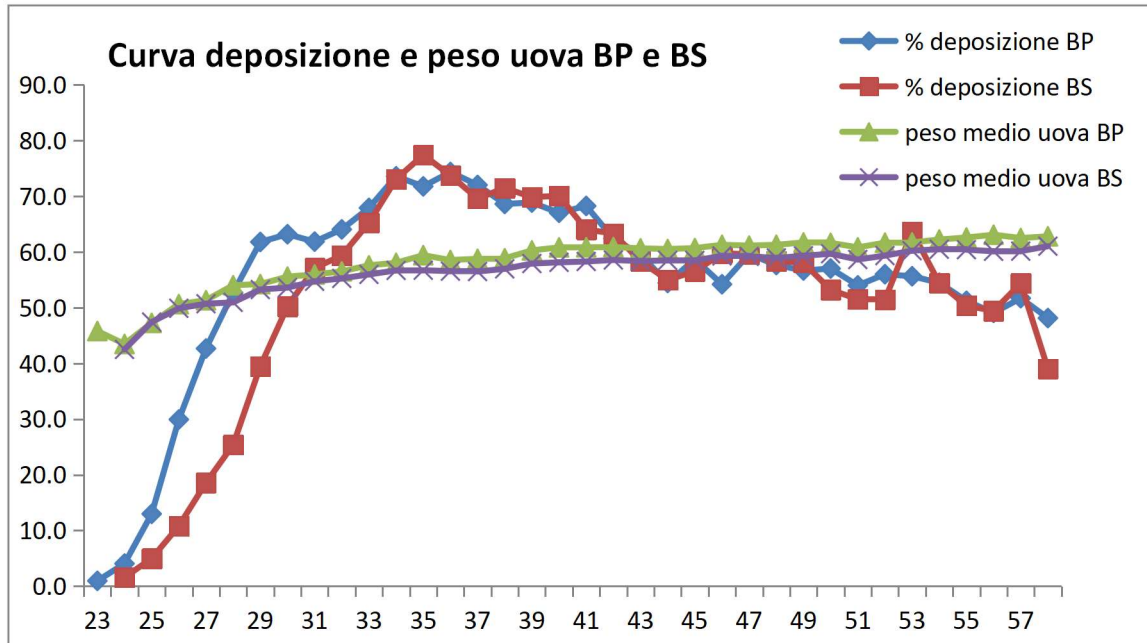


Figura 1.4 – Confronto dell'andamento della % di fertilità e schiudibilità nelle razze Bianca di Saluzzo (2022 e 2023), Bionda Piemontese (2022-2023) e Millefiori Piemontese (2023)

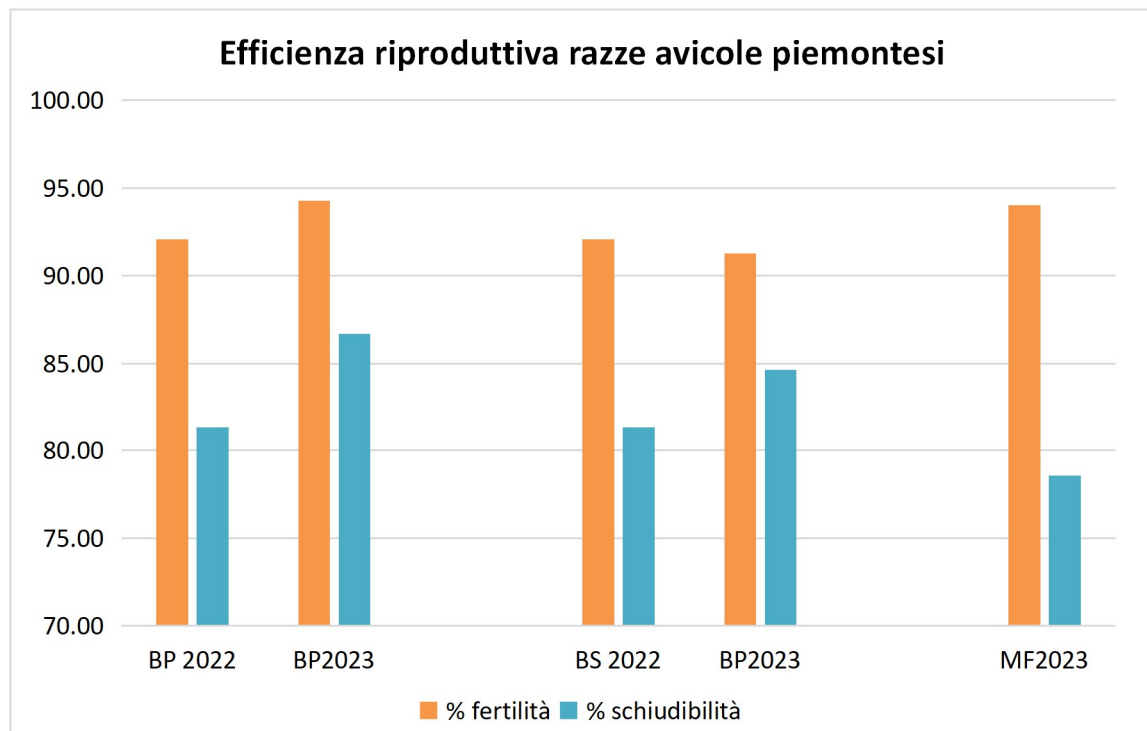


Figura 1.5 – Esempari neonati di Millefiori piemontese



Figura 2.1 – Distribuzione della consanguineità molecolare individuale (Hind) nella popolazione analizzata di Mericanel della Brianza (MB23)

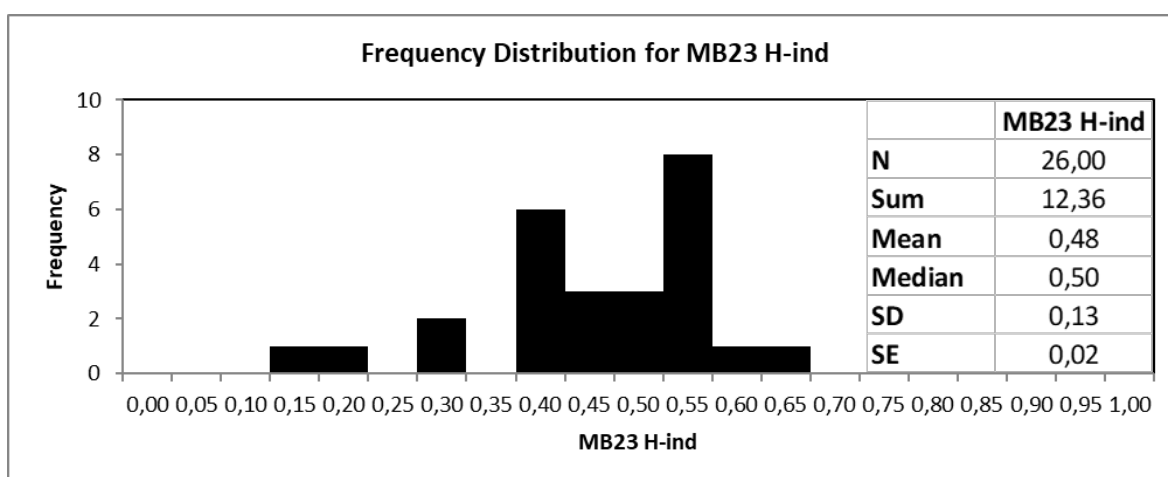


Figura 2.2 – Analisi delle componenti principali nella popolazione di Mericanel della Brianza analizzata (MB23)

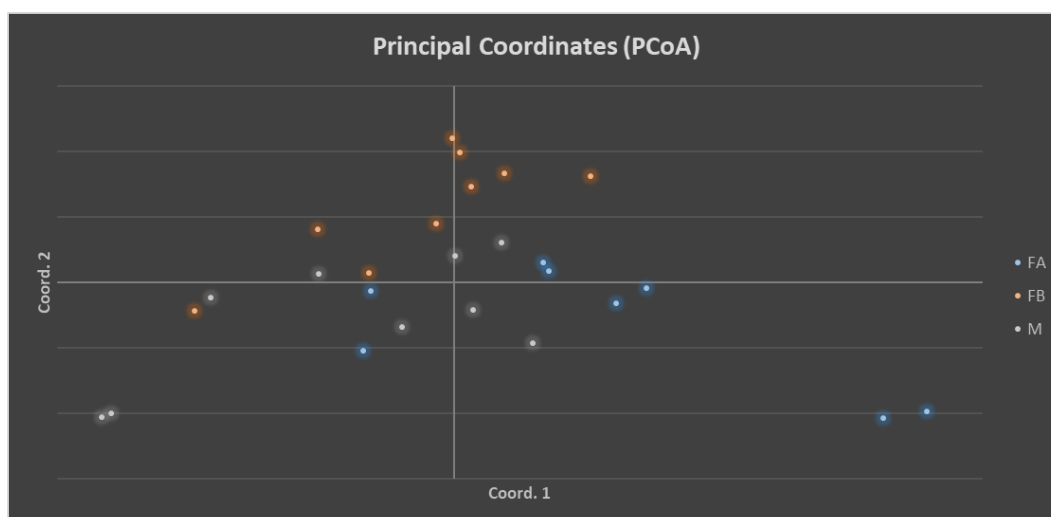


Figura 2.3 – Analisi delle componenti principali: confronto tra i soggetti di Mericanel della Brianza campionati (MB23, in verde) e quelli presenti nel nucleo

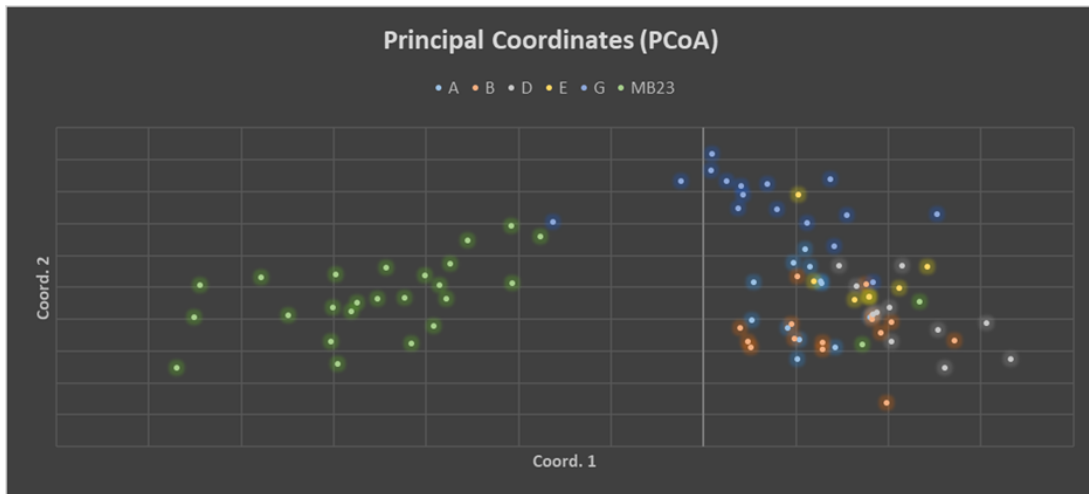


Figura 2.4 – Analisi del pattern allelico nei soggetti di Mericanel della Brianza campionati (MB23) e in quelli presenti nel nucleo

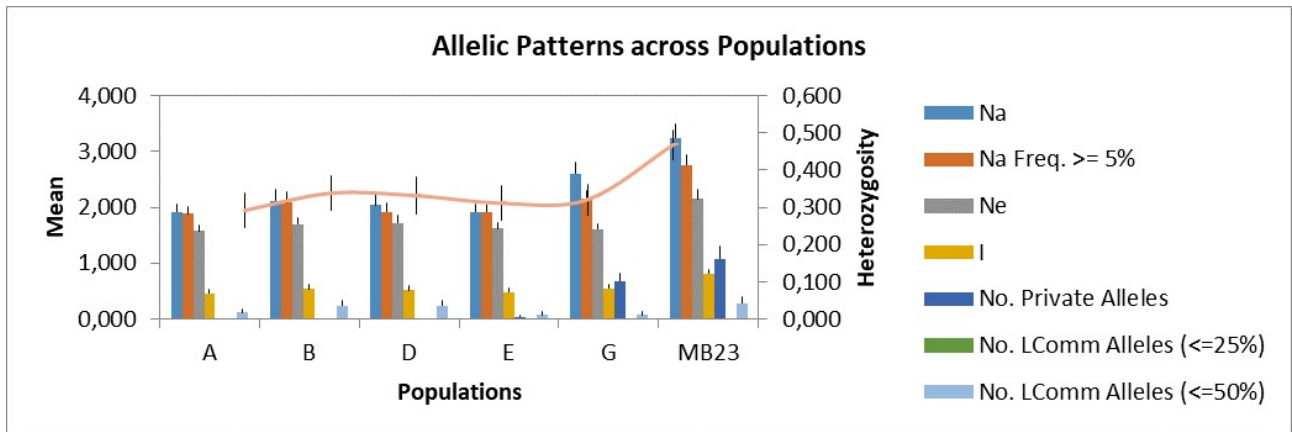


Figura 4.1 – Indici di parentela media dei nuovi maschi tipizzati con i soggetti nel nucleo e nelle nuove famiglie

Maschi nuovi		1	2	3	4	5	6		
ME903	M	0,62	0,61	0,62	0,65	0,58	0,65		1=A
ME907	M	0,57	0,54	0,58	0,51	0,58	0,65		2=B+C
ME955	M	0,48	0,47	0,50	0,45	0,51	0,58		3= D, E ,F
ME971	M	0,59	0,55	0,58	0,56	0,59	0,65		4=G
ME981	M	0,64	0,61	0,62	0,62	0,62	0,66		5= FAMIGLIA NUOVA
ME982	M	0,58	0,56	0,60	0,63	0,61	0,62		6=FAMIGLIA NUOVA
MEA834	M	0,55	0,58	0,56	0,54	0,53	0,59		
MEB184	M	0,57	0,56	0,59	0,53	0,60	0,63		
MEB198	M	0,47	0,45	0,49	0,41	0,50	0,57		

**Figura 4.2 – Indici di parentela media
dei maschi nel nucleo di conservazione
con le nuove femmine tipizzate**

maschi nucleo		femmine nuove	
POP		5	6
ME156	D	0,52	0,45
ME112	D	0,54	0,51
ME122	B	0,54	0,54
ME139	D	0,55	0,52
ME150		0,55	0,49
ME141	D	0,55	0,53
ME113	G	0,56	0,53
ME137	E	0,56	0,56
ME119	D	0,56	0,54
ME140	E	0,57	0,50
ME129	A	0,57	0,56
ME147B	E	0,57	0,53
ME125	B	0,57	0,56
ME121	D	0,57	0,56
ME138	B	0,57	0,59
ME150B	A	0,57	0,57
ME131	A	0,57	0,56
ME146	G	0,58	0,53
ME148B	B	0,60	0,61
ME155		0,61	0,59