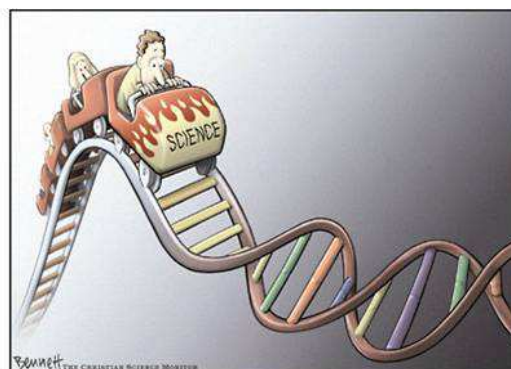


Anche nel DNA le cause dell'infertilità bovina

Nel mese di luglio 2011 è stata fatta una scoperta importante: anche nel DNA ci sono delle informazioni che, se trasmesse alla generazione successiva, possono determinare minore fertilità nelle bovine. Di cosa si tratta?

Ad ogni pezzo di DNA un carattere

Ormai sappiamo con certezza che la Genomica permette di identificare delle sequenze di DNA a cui si possono associare la manifestazione dei caratteri che poi “vediamo” in un essere vivente. Nella zootecnia da latte questi caratteri sono economicamente importanti come la produzione, la morfologia degli animali, i caratteri secondari, la resistenza alle malattie, la conversione alimentare, ...



Più si conosce meglio si lavora

I primi segnali dell'enorme potenzialità della ricerca sul DNA anche in zootecnia si erano capiti con le scoperte relative alle così dette “tare genetiche”: Mulefoot MF, CVM, Blad BL, e molte altre. A fine del 2009 è “venuta alla luce” anche la Brachyspina BY. Nel luglio 2011 infine si è arrivati all'identificazione di “sezioni” del DNA correlate all'infertilità bovina (precisamente detti aplotipi,

APLOTIPO

È l'insieme di una combinazione di variazioni nel DNA. Permette di “marcare” un tratto della sequenza genica e identificare con precisione dove si trovano i diversi “pezzi” (loci) correlati ai diversi geni che determinano un carattere.

Haplotype in inglese, sigla H). Non si conosce sostanzialmente il meccanismo che determina la minore fertilità ma è chiaro come si trasmette.

Per fortuna è un carattere recessivo

Innanzitutto è bene sapere che, come per le tare genetiche (o il desiderato “mantello rosso”), questi caratteri sono di tipo “recessivo” cioè si manifestano solo se, in fase di concepimento, sia lo spermatozoo sia l'ovulo hanno come corredo genetico il “pezzo” di DNA incriminato, quello cioè che determina la minore fertilità. Esiste e vive quindi solo un soggetto “portatore” (eterozigote) che ha, nel suo corredo cromosomico, per questo difetto genetico, solo un allele (un gene) “negativo”.

Tare genetiche non sommabili ma ereditabili

I ricercatori hanno trovato 6 aplotipi nella razza frisona (nomi: HH1, HH2, HH3, HH4, HH5), 2 nella Brown (BH1, BH2), 2 nella Jersey (JH1, JH2), 1 nell'Ayrshire (AH1). Un'altra buona notizia è che i caratteri non sono sommabili cioè vengono ereditati indipendentemente l'uno dall'altro, senza alcun legame. Inoltre, altro aspetto positivo, anche se fossero presenti tutti e tre nello stesso soggetto, non c'è effetto cumulativo e quindi non viene potenziato l'effetto inibitorio sulla fertilità. Questi aplotipi hanno un fattore di ereditabilità che varia dallo 0.9 al 3%.

Come hanno fatto a scoprirli

Grazie alle sempre maggiori opportunità date dai test genomici, dalla bio-informatica e alla potenza di calcolo dei computer, i ricercatori hanno associato minori livelli di fertilità delle figlie di alcuni tori (dati raccolti sul campo grazie ai normali controlli in stalla) con la presenza, nel DNA dei loro padri, di sequenze ("pezzi") simili in una determinata posizione. Il confronto di queste sequenze con il sempre più grande archivio genomico nord-americano, ha permesso di elaborare statisticamente la correlazione.



Cosa succede nella pratica?

Come per le altre tare genetiche (o in positivo per il "mantello rosso"), un toro portatore, ad esempio, dell'aplotipo H1 non deve essere accoppiato con una bovina portatrice dello stesso difetto genetico H1. Purtroppo per sapere se la bovina è portatrice o meno si deve fare l'analisi del DNA (cosa peraltro possibile ma ancora costoso su vasta scala). Tuttavia esiste già un **elenco completo dei tori portatori consultabile sul sito della Holstein USA**. In questo modo è più semplice evitare di usare un toro portatore di uno dei cinque aplotipi su bovine "probabilmente" portatrici dello stesso aplotipo. Se invece questo avviene si avranno il 25% delle probabilità di non avere successo con la fecondazione. Se invece uno dei due soggetti non è "portatore", non dobbiamo temere nulla e, al limite, il frutto del concepimento sarà un "portatore" sano della tara genetica (eterozigote) ma non ci sarà alcun effetto sulla bovina.

Cosa avviene esattamente?

Come detto il meccanismo non è ancora noto. L'effetto quindi può essere correlato a mancato concepimento, assorbimento embrionale o fetale. In ogni caso non sopravvive alcun soggetto omozigote, cioè portatore nel corredo cromosomico.

Quali effetti sulle performance riproduttive in mandria?

Lo studio degli effetti dell'infertilità dovuto all'accoppiamento di questi aplotipi ha permesso di stabilire che questi sono **presenti ciascuno in circa il 5% della razza** (ricorda: fortunatamente non si sommano). Ogni aplotipo determina effetti diversi ma mediamente:

- **Aumentano i "giorni aperti" circa del 3%**
- **Diminuisce il CR del 3-3.5%**
- **Non c'è effetto sulla natimortalità dei figli del toro (SSB)**
- **C'è un effetto indiretto sul SCR, l'indice di fertilità del seme del toro.**

Quest'ultimo aspetto infatti si può male interpretare: l'uso di un toro portatore di un aplotipo su una bovina con lo stesso aplotipo può sì determinare un 25% di insuccesso. Questo però è dovuto a difetto genetico (in questo caso in omozigosi) e non alla fertilità del seme.

Ovviamente tutti i tori ormai vengono testati. I **tori portatori vengono identificati** con la lettera **C** ("carrier = portatori").

Genomica e Piani di Accoppiamento

Queste scoperte rendono **assolutamente indispensabile** utilizzare un Piano di Accoppiamento computerizzato come il CRI **MAP NOVAGEN**, programmato e gestito direttamente dalla C.R.I. americana e quindi aggiornato in tempo reale con le scoperte sul DNA. Il MAP evita con certezza l'accoppiamento tra tori e femmine con le stesse "tare genetiche" oltre a cercare con precisione il miglior accoppiamento possibile per ottenere una mandria il più possibile omogenea e capace di produrre il massimo Profitto possibile. La genomica e il MAP aumentano inoltre la precisione nel calcolo della consanguineità e di tutti gli **indici economici (ICC\$ e Net Merit\$)**, ormai criteri di selezione per gli **imprenditori zootecnici più avanzati**.



Scoprire le tare di infertilità dei propri animali

L'unico sistema per sapere se le nostre manze e vacche sono portatrici di queste tare genetiche, è fare il test genomico che ovviamente ci darà **TUTTE** le informazioni su **TUTTI** gli indici produttivi, morfologici, gestionali delle bovine.



Il test DNA **PRECISE** di **NOVAGEN/Genex** permette quindi di avere questi dati che poi possono essere automaticamente utilizzati nel piano accoppiamento **CRI MAP** per evitare che femmine portatrici di tare genetiche vengano accoppiate con tori portatori con lo stesso difetto, provocando un danno economico rilevante.