

TIPI DI CARATTERI E LORO EREDITÀ

TIPO	COPPIE GENI INTERESSATI	FENOTIPO F ₁	FENOTIPI F ₂
<i>Qualitativo</i> monofattoriale monomero monogenico	1 o 2	1 (<i>dominante o intermedio</i>)	2 o 3 (<i>dominante, recessivo, intermedio</i>)
<i>quantitativo</i> polifattoriale polimero poligenico	numerosi (<i>ad azione additiva</i>)	intermedio	numerosi (<i>curva di Gauss</i>)

Caratteri qualitativi

- 1) Sono descritti da un aggettivo qualificativo e identificano una classe: presenza o assenza di corna, colore nero o rosso del mantello, gruppi sanguigni, etc.
- 2) si trasmettono seguendo le leggi di Mendel
- 3) hanno variabilità discontinua (discreta)
- 4) non sono influenzati dall'ambiente
- 5) raramente hanno importanza economica
- 6) hanno contribuito alla differenziazione fenotipica delle razze

Caratteri qualitativi

- 1) Sono descritti da un'unità di misura (cm, kg, litri,...): peso, altezza, produzione latte, ecc.
- 2) si esprimono secondo un modello poligenico additivo;
- 3) hanno variabilità continua: es. altezza al garrese 1.40 – 1.41 – 1.42 ecc.
- 4) sono influenzati dall'ambiente;
- 5) hanno importanza economica.

Caratteri produttivi primari: fanno guadagnare!!!

es: produzione latte, resa in carne al macello, il peso della lana tosata, la vincita totalizzata da un cavallo da corsa, numero suinetti nati ecc.

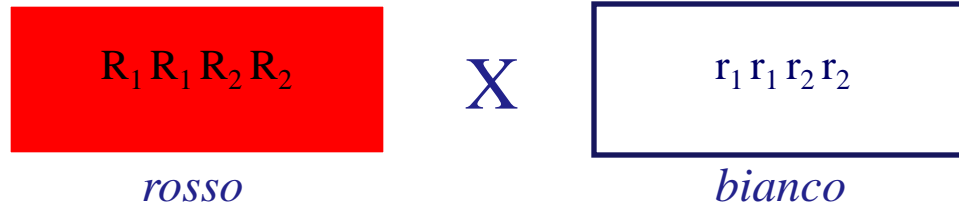
Caratteri produttivi secondari: fanno risparmiare!

es: longevità, resistenza alle malattie, fertilità, docilità.

Geni polimeri

Sistema di geni non allelomorfi influenzanti un carattere ed aventi effetti simili ed additivi, piccoli in confronto alla variazione totale del carattere

Eredità del colore della cariosside di frumento



	$R_1 R_2$	$R_1 r_2$	$r_1 R_2$	$r_1 r_2$
$R_1 R_2$	$R_1 R_1 R_2 R_2$	$R_1 R_1 R_2 r_2$	$R_1 r_1 R_2 R_2$	$R_1 r_1 R_2 r_2$
$R_1 r_2$	$R_1 R_1 R_2 r_2$	$R_1 R_1 r_2 r_2$	$R_1 r_1 R_2 r_2$	$R_1 r_1 r_2 r_2$
$r_1 R_2$	$R_1 r_1 R_2 R_2$	$R_1 r_1 R_2 r_2$	$r_1 r_1 R_2 R_2$	$r_1 r_1 R_2 r_2$
$r_1 r_2$	$R_1 r_1 R_2 r_2$	$R_1 r_1 r_2 r_2$	$r_1 r_1 R_2 r_2$	$r_1 r_1 r_2 r_2$

Eredità dei caratteri poligeni

Nel campo dei caratteri quantitativi non esistono, quindi, fenomeni di dominanza o recessività, ma semplice **sommatoria delle espressioni fenotipiche** dei singoli geni del **complesso genico** (pool) di un carattere.

Meccanismo d'azione dei poligeni

I poligeni possiedono differenti capacità di espressione fenotipica nel determinismo additivo del carattere, **geni forti** e **geni deboli**, e solo convenzionalmente vengono indicati da lettere maiuscole e minuscole, senza con ciò implicare alcun rapporto di dominanza, poiché l'azione dei singoli geni è sempre prevalentemente additiva.

Comportamento ereditario dei caratteri poligeni

Gli ibridi F_1 presentano un carattere intermedio rispetto a quello dei genitori

La generazione F_2 presenta un aumento della variabilità che è tanto più marcato quanto maggiore è il numero dei geni che costituiscono il pool genico di quel carattere

Eredità della statura (ipotetico)

$$A_1, A_2, A_3 = \text{cm } 20 \quad a_1, a_2, a_3 = \text{cm } 5$$

$$A_1 A_1 A_2 A_2 A_3 A_3 \\ \textit{cm } 120$$

X

$$a_1 a_1 a_2 a_2 a_3 a_3 \\ \textit{cm } 30$$

$$F_1 \quad A_1 a_1 A_2 a_2 A_3 a_3 \\ \textit{cm } 75$$

Eredità della statura (ipotetico)

$A_1, A_2, A_3 = \text{cm } 20$ $a_1, a_2, a_3 = \text{cm } 5$

F₁

$A_1 a_1 A_2 a_2 A_3 a_3$

1 $A_1 A_1 A_2 A_2 A_3 A_3 = \text{cm } 120$ (6 geni A, 0 geni a)

6 $A_1 A_1 A_2 A_2 A_3 a_3 = \text{cm } 105$ (5 geni A, 1 geni a)

15 $A_1 A_1 A_2 A_2 a_3 a_3 = \text{cm } 90$ (4 geni A, 2 geni a)

20 $A_1 A_1 A_2 a_2 a_3 a_3 = \text{cm } 75$ (3 geni A, 3 geni a)

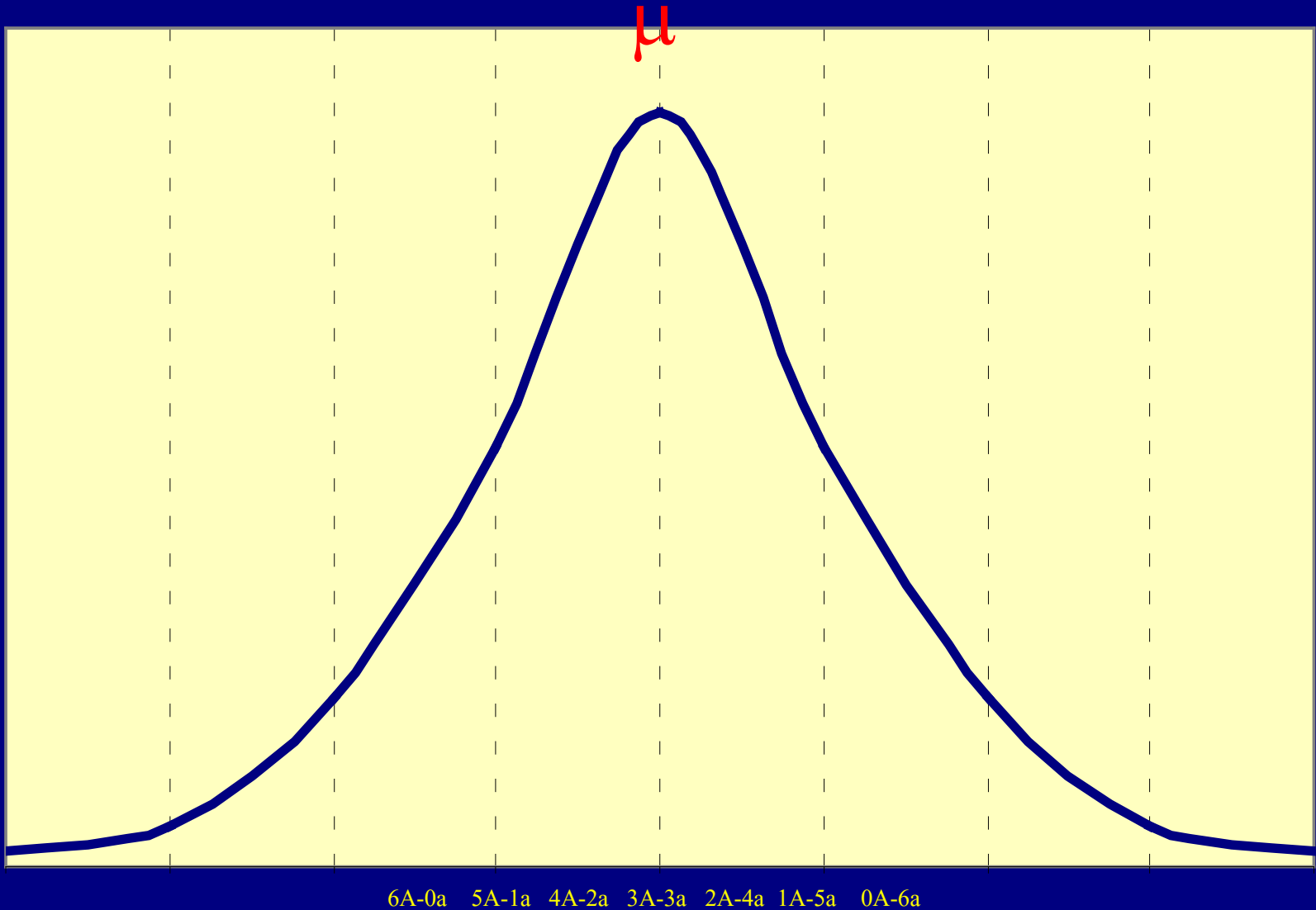
15 $A_1 A_1 a_2 a_2 a_3 a_3 = \text{cm } 60$ (2 geni A, 4 geni a)

6 $A_1 a_1 a_2 a_2 a_3 a_3 = \text{cm } 45$ (1 geni A, 5 geni a)

1 $a_1 a_1 a_2 a_2 a_3 a_3 = \text{cm } 30$ (0 geni A, 6 geni a)

F₂

DISTRIBUZIONE DI FREQUENZA DELLA F_2



Eredità della statura (ipotetico)

Variazione trasgressiva

$$A_1, A_2, A_3 = \text{cm } 20 \quad a_1, a_2, a_3 = \text{cm } 5$$

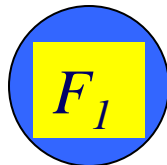
$$A_1 A_1 A_2 A_2 a_3 a_3$$

cm 90

X

$$a_1 a_1 a_2 a_2 A_3 A_3$$

cm 60



$$A_1 a_1 A_2 a_2 A_3 a_3$$

cm 75

TRIANGOLO DI TARTAGLIA

$(a+b)^1$	$1 + 1$	$= 2$
$(a+b)^2$	$1 + 2 + 1$	$= 4$
$(a+b)^3$	$1 + 3 + 3 + 1$	$= 8$
$(a+b)^4$	$1 + 4 + 6 + 4 + 1$	$= 16$
$(a+b)^5$	$1 + 5 + 10 + 10 + 5 + 1$	$= 32$
$(a+b)^6$	$1 + 6 + 15 + 20 + 15 + 6 + 1$	$= 64$
$(a+b)^7$	$1 + 7 + 21 + 35 + 35 + 21 + 7 + 1$	$= 128$
$(a+b)^8$	$1 + 8 + 28 + 56 + 70 + 56 + 28 + 8 + 1$	$= 256$
$(a+b)^9$	$1 + 9 + 36 + 84 + 126 + 126 + 84 + 36 + 9 + 1$	$= 512$
$(a+b)^{10}$	$1 + 10 + 45 + 120 + 210 + 252 + 210 + 120 + 45 + 10 + 1$	$= 1024$

EREDITÀ DEI CARATTERI POLIGENI

L'eredità di tutti i caratteri quantitativi è controllata da serie di unità geniche (poligeni) il cui numero, non precisabile, è certamente elevato e le cui azioni singole sullo sviluppo e intensità dei caratteri sono diverse quantitativamente, ma godono comunque della proprietà additiva degli effetti fenotipici, escludendo fenomeni di dominanza o interazione.

Genetica dei caratteri quantitativi

Lo studio di un carattere quantitativo in una popolazione animale si basa sulla misurazione dei **valori fenotipici** e sulla stima di quanta parte della variabilità osservata è di origine genetica e quindi può potenzialmente essere trasmessa alla generazione successiva

P = valore fenotipico = valore osservato di un carattere quantitativo

Nel caso in cui una parte del fenotipo possa essere trasmessa alla discendenza, il carattere in esame ha un determinismo genetico.

La branca della genetica che si occupa di questi caratteri è la **genetica quantitativa**

VALORE FENOTIPICO DI UN CARATTERE QUANTITATIVO

è determinato dall'azione di **due** componenti:

(G) Genotipo: particolare assortimento di geni posseduto da un individuo;

(E) Ambiente : l'insieme di circostanze non-genetiche in grado di influenzare l'espressione del carattere.

Tali componenti possono essere associate additivamente nel senso che l'espressione fenotipica è la somma del genotipo e delle deviazioni casuali che l'ambiente esercita sul carattere in esame.

L'equazione fondamentale della genetica quantitativa è pertanto:

$$P = G + E$$

P: fenotipo

G: valore genotipico

E: deviazione che l'ambiente esercita sull'espressione del carattere

Poiché le deviazioni ambientali calcolate su tutta la popolazione animale sono **distribuite normalmente** e, in quanto casuali, la loro **somma è zero**, la media del valore fenotipico è uguale alla media del valore genotipico


Per una popolazione animale abbastanza numerosa, il fenotipo medio è uguale al genotipo medio e quindi ($P = G$).

$$P_i = \mu + G_i + E_i$$

μ : media del fenotipo nel gruppo di animali cui l'individuo i appartiene;

G_i : il valore genotipico dell'individuo i ;

E_i : rappresenta l'insieme degli effetti ambientali ($E = \text{environment}$) che hanno influenzato il fenotipo dell'animale i .

EFFETTO GENETICO (G)  effetto globale del genotipo di un individuo: è il risultato dell'azione di molti geni, indipendenti tra loro

Può essere scomposto in :

1. effetti genetici semplici  dovuti agli alleli implicati nel controllo di quel carattere (A = additivi);
2. effetti di dominanza  si stabiliscono tra i due alleli che un individuo porta allo stesso *locus* (D = dominanza);
3. effetti di interazione  si stabiliscono tra alleli o combinazioni di alleli presenti in *loci* diversi (I = interazione).

L'equazione fondamentale della genetica quantitativa diventa pertanto:

$$P_i = \mu + A_i + D_i + I_i + E_i$$

$$P_i = \mu + A_i + D_i + I_i + E_i$$

!!!!ATTENZIONE: solo gli effetti genetici A_i sono importanti ai fini della selezione

Gli effetti di dominanza ed interazione hanno in genere (per i caratteri quantitativi)
una dimensione numerica molto inferiore a quella degli effetti additivi per cui si
considerano pari a 0

EREDITABILITÀ (h^2)

È **specifica** di una **determinata popolazione** e per un **determinato carattere**.

Il suo coefficiente (h^2) ha due impieghi specifici nel miglioramento genetico:

- la stima del valore genetico additivo (A) dei riproduttori ai fini della selezione
- la previsione del progresso genetico atteso

Il valore genetico (VG) di un animale per un determinato carattere quantitativo **NON** può essere stimato dal suo fenotipo MA dalla popolazione a cui l'animale appartiene conoscendo quale relazione lega il fenotipo (conosciuto) con il genotipo (sconosciuto)!!!

Questa relazione nella popolazione di riferimento è studiata mediante l'analisi della regressione. La regressione è la relazione matematica che lega due variabili di cui una nota e l'altra ignota.

L'ereditabilità è la relazione che lega valori conosciuti (i fenotipi) con valori sconosciuti (i genotipi) di individui appartenenti alla stessa popolazione

EREDITABILITÀ (SIGNIFICATO STATISTICO)

L' h^2 misura anche la **correlazione fra variazioni genetiche additive e variazioni fenotipiche** entro una popolazione o gruppo di individui

L'ereditabilità si manifesta anche attraverso il fenomeno della regressione del valore medio di un carattere di un gruppo di discendenti di genitori selezionati sulla media di popolazione

COEFFICIENTE DI EREDITABILITÀ

$$h^2 = V_G / (V_G + V_E)$$

V_G = variabilità causata da fattori genetici

V_E = variabilità causata da fattori extragenetici

COEFFICIENTE DI EREDITABILITÀ

L' h^2 non esprime in quale misura un carattere quantitativo viene trasmesso ai discendenti, ma solo la percentuale della variabilità del carattere che è dovuta alle differenze genetiche additive fra gli individui di una popolazione, valutando quindi il grado di precisione con cui si può stimare il genotipo individuale conoscendo il fenotipo.

Rappresenta la parte della varianza delle produzioni che è di natura **genetica additiva** e stima l'incremento (o il decremento) medio del valore genotipico di un determinato carattere al variare di una unità del valore fenotipico.

L'ereditabilità è compresa fra 0 ed 1.

Il valore limite 1 significa che tutte le variazioni di un carattere osservate nei fenotipi dei genitori sono interamente trasmissibili alla progenie. Nella realtà l' h^2 è raramente superiore a 0,7!

È considerata:

BASSA: < 0,2

MEDIA: compresa tra 0,2 e 0,4

ALTA: > 0,4

L'ereditabilità di un carattere quantitativo non è un valore costante, ma è specifico per una determinata popolazione animale allevata in quelle particolari condizioni.

Dipende dalla **popolazione**, dall'**ambiente** in cui gli individui sono stati allevati (h^2 > se ambiente uniforme) e dalle modalità di rilevazione dei fenotipi (maggiore accuratezza se maggiore è numero rilevazioni)

Specie e carattere	h^2
Bovini da carne	
- peso alla nascita	0,20-0,30
- peso a 3 mesi	0,30
- peso allo svezzamento	0,20-0,50
Suini	
- numero suinetti per parto	0,15
- suinetti svezzati	0,07
- spessore lardo dorsale	0,45-0,75
- indice di conversione alimentare	0,20-0,50
- resa alla macellazione	0,25-0,40
Ovini	
- numero agnelli per parto	0-0,20
- peso alla nascita	0,10-0,30
- peso allo svezzamento	0,10-0,30
- peso vello	0,30-0,40
Bovini da latte	
- produzione (EVM-305-2x)	0,25-0,40
- grasso %	0,45-0,60
- proteine %	0,50
- velocità di mungitura	0,20-0,35
- interparto	0-0,15
- classificazione morfologica	0,20-0,30

**RIPARTIZIONE DEI PRINCIPALI CARATTERI
PRODUTTIVI IN BASE ALLA
CLASSE DI EREDITABILITA'**

SPECIE	COEFFICIENTE DI EREDITABILITA'		
	<0.1 (basso)	0.1-0.4 (medio)	>0.4 (alto)
BOVINI	fertilità interparto longevità resistenza alle mastiti difficoltà di parto	quantità di latte, grasso e proteine mungibilità morfologia accrescimento indice conversione	% grasso e proteine del latte statura resa al macello composizione della carcassa
SUINI	fertilità interparto prolificità numero di suinetti svezzati	precocità attitudine lattifera accrescimento indice di conversione	resa al macello lunghezza carcassa spessore del lardo
OVI-CAPRINI	fertilità interparto longevità durata lattazione	prolificità quantità di latte , grasso e proteine peso degli agnelli allo svezzamento produzione di lana	percentuale di grasso e proteine del latte resa al macello qualità della lana
EQUINI	fertilità interparto longevità	docilità prestazioni sportive	accrescimento indice di conversione resa al macello

RIPETIBILITÀ (r)

Misura la somiglianza tra produzioni ripetute dello stesso animale.
Assume valori compresi tra 0 e 1.

1 = produzioni ripetute sono identiche.

Se la ripetibilità (r) di un carattere è alta, occorrono poche misure per avere una buona stima del valore fenotipico di un individuo; viceversa se è bassa, ne occorreranno molte.

Quindi se r è alta (vicina all'unità), l'accuratezza nella stima del valore genetico (VG) di un animale non migliora di molto ripetendo le misure, ma se la r è bassa, per avere una buona stima del genotipo occorrono molte misurazioni.

In campo zootecnico il miglioramento genetico è attuato prevalentemente con:

•**Selezione**: sfrutta la variabilità genetica additiva e consente di ottenere un miglioramento cumulativo permanente e trasmissibile. Miglioramento razze animali.

•**Incrocio**: utilizza la variabilità non additiva che sta alla base dell'eterosi e non è trasmissibile. Migliora le produzioni.

•**Consanguineità** : riproduzione di animali fra loro parenti. Aumenta il livello medio di omozigosi nella popolazione (si "fissano i caratteri"), si riduce il livello medio di eterozigosi, aumenta il livello di consanguineità, fino al limite (teorico) in cui tutti gli animali saranno tra loro geneticamente uguali

La Selezione fenotipica è efficace per caratteri produttivi che:

- si manifestano precocemente
- facilmente misurabili
- si esprimono in entrambi i sessi
- non sono troppo influenzati da fattori ambientali

In tal caso:

- Elevata intensità di selezione
- buona accuratezza stima valore genetico degli animali
- Risultato rapido progresso genetico

Tuttavia...più frequenti i caratteri che:

-si esprimono in un solo sesso (uova, latte)

-si evidenziano tardi (problemi articolari)

-si evidenziano dopo macellazione (spessore lardo, tagli magri, qualità della carne)

-Sono difficili da misurare (resistenza alle malattie, indice di conversione alimentare)

-sono particolarmente influenzati da fattori ambientali (fertilità e resistenza alle malattie)

- Ereditabilità bassa

La GENETICA MOLECOLARE supera questi problemi poiché fornisce gli strumenti idonei ad analizzare la variabilità genetica quantitativa direttamente a livello del DNA

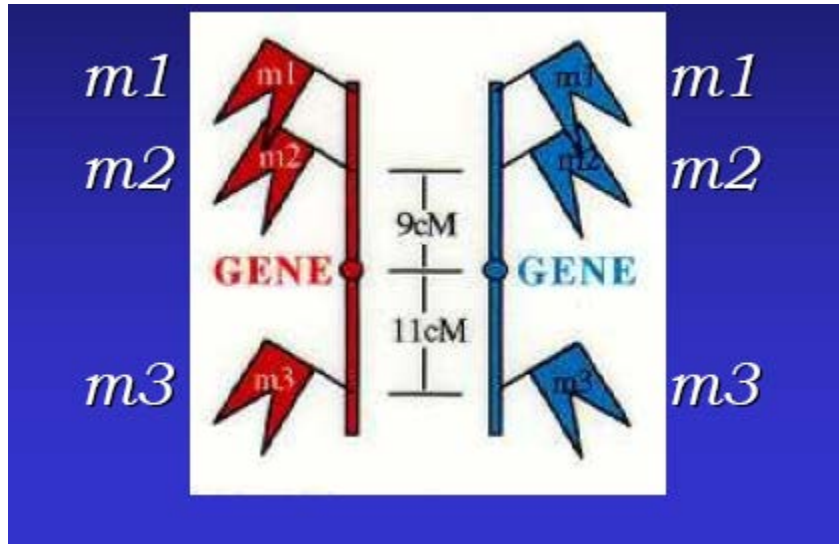


ricercare marcatori del DNA che risultino associati a geni che codificano per caratteri di interesse zootecnico



Obiettivo: operare una selezione di genotipi che presentino un fenotipo desiderabile sulla base di analisi molecolari

Marcatori genetici



Porzioni di DNA:

- Non codificanti
- Distribuite uniformemente nel genoma
- Eredità mendeliana semplice

I marcatori genetici utilizzati per descrivere il polimorfismo nel genoma degli animali domestici sono numerosi e riconducibili a 3 categorie diverse:

- **Marcatori morfologici o somatici**: es colore del mantello, presenza/assenza di corna
- **Marcatori biochimici**: marcatori del latte o del sangue (es. gruppi sanguigni, proteine plasmatiche, proteine del latte)
- **Marcatori molecolari** (RFLP, SNP, VNTR, SSCP,...)

Permettono di valutare i fenomeni di mutazione sulla base dei quali si identificano le varianti alleliche per un dato *locus*





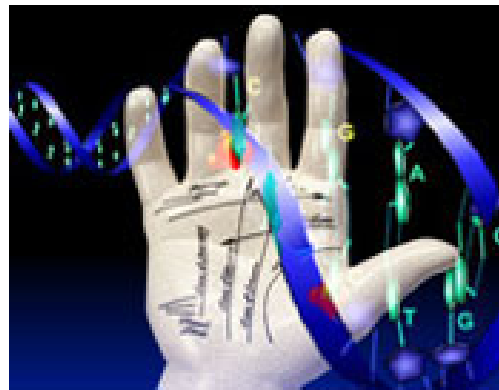
Vantaggi dei marcatori del DNA

- Non influenzati dall'ambiente
 - Neutrali
 - Stabili
 - Numerosi
 - Polimorfici
- Analisi indipendenti da sesso ed età
 - Analisi automatizzabili

La genetica molecolare ed il miglioramento genetico

Il miglioramento genetico, sulla base delle acquisizioni a livello molecolare, si avvale di due approcci:

- 1. indiretto (approccio del marcatore anonimo associato al carattere)**
- 2. diretto (approccio del gene maggiore e del gene candidato)**



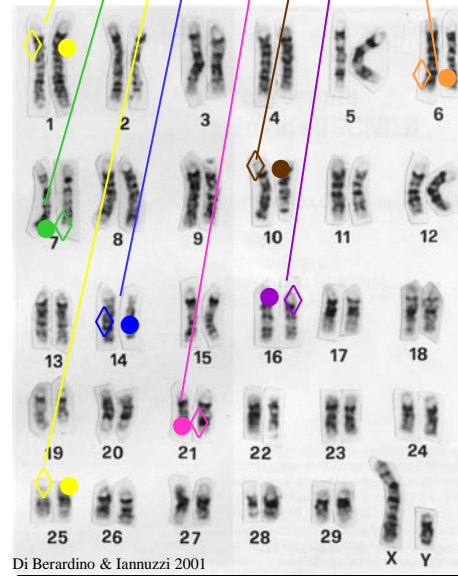
Approccio del marcatore anonimo associato al carattere

SNPs (Single nucleotide polymorphisms)

Sequenze ripetute in tandem

Tratti di DNA

- Polimorfici
- Ubiquitari
- Locus specifici
- Facili da identificare e codominanti



Analisi del DNA ripetitivo nel genoma

DNA ripetuto in tandem

Satellite

Unità da 5 a 200 bp

Segmenti lunghi fino a qualche centinaio di chilobasi

Minisatelliti

corte sequenze ripetute in tandem di DNA (10-100 bp)

Microsatelliti

Ripetizioni in tandem di corte sequenze di nucleotidi (1-5 bp)

$(GT)_n$

di-

$(CAC)_n$

tri-

$(GATA)_n$

tetra- nucleotidi

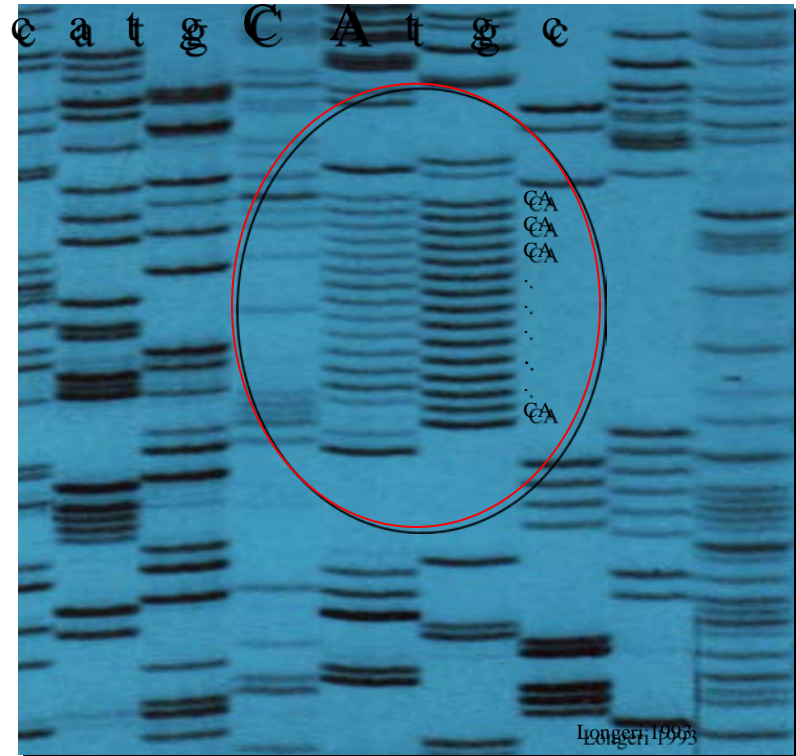
Sequenze distribuite nel genoma animale in numero elevatissimo

Notevole polimorfismo che deriva dal numero di ripetizioni del motivo di base

Sequenze conservate entro specie che risultano essere specie-specifiche

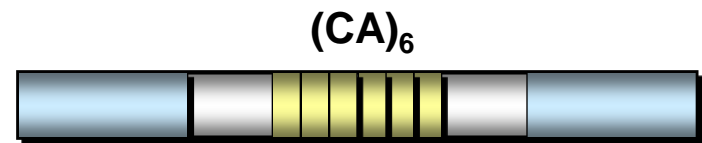
MICROSATELLITI

Unità di DNA non codificante di pochissimi nucleotidi ripetuti consecutivamente almeno 6 volte

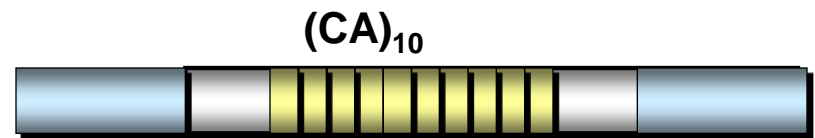


Il POLIMORFISMO è dato dal numero delle ripetizioni (lunghezza) a ciascun locus

Allele 1



Allele 2



Microsatelliti o SSR (Simple Sequence Repeats)

MICROSATELLITES

5-GAAGAGTACTTGATCCCCCTCACACACACACACACACACATAGTCGGTTTTTCAGGT-3
3-CTTCTCATGAACTAGGGGGAGTGTGTGTGTGTGTGTGTGTATCAGCCAAAAGTCCA-5

5-GAAGAGTACTTGATCCCCCTCACACACACACACACATAGTCGGTTTTTCAGGT-3
3-CTTCTCATGAACTAGGGGGAGTGTGTGTGTGTGTGTATCAGCCAAAAGTCCA-5

Genotype A

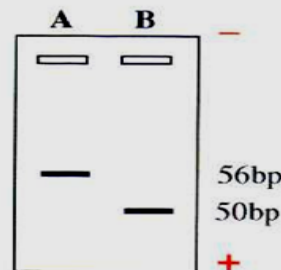


56bp

Genotype B



50bp



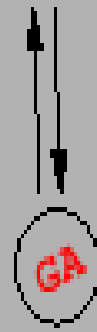
Microsatellite o SSR

Primer Forward

Sequenza ripetuta

.. GATTACAGTCAGTTATTGGC TGAGAGAGAGAGAGAG .. AGAGAGAGAGAGAT GCGTGATTTGCAGTTAATGTG ..
.. CTAAATGTCAGTCAATAACCG ACTCTCTCTCTCTC .. TCTCTCTCTCTCTA CGCACTAAACGTCAATTACAC ..

Primer Reverse



- ▶ Alto tasso di mutazione nella **regione ripetuta** a causa di inserzioni o delezioni
- ▶ Conoscendo le sequenze fiancheggianti (**primer**) si amplifica questa regione tramite PCR
- ▶ Gli alleli differiscono nel numero di ripetizioni (es: **GA**) e possono essere riconosciuti in un gel ad alta risoluzione.

SNP (single nucleotide polymorphism)

GAT CAG TTC GAT GTC

GAT CAG TTA GAT GTC

Frequenza elevata (polimorfismi da mutazioni puntiformi una ogni 500-3000 nucleotidi)

Distribuiti in modo casuale

APPLICAZIONI DEI MARCATORI ANONIMI NEL SETTORE ZOOTECNICO

Costruzione di mappe genetiche

Mappatura ed isolamento di geni utili

Mappatura di QTL

Diagnosi di anomalie genetiche

Analisi di paternità

Studi su filogenesi, variabilità genetica, struttura genetica, struttura e dinamica di specie e popolazioni

Stima della consanguineità e ausilio ai piani di accoppiamento

Tracciabilità dei prodotti

QTL: Quantitative Trait *Locus*

Caratteri quantitativi: effetto infinitesimo dei poligeni?

Una ipotesi più realistica prevede sia l'esistenza di *loci* che esercitano un effetto infinitesimo, sia di uno o più *loci* con una influenza rilevante sul carattere quantitativo.

La reale attività del QTL rimane ignota, si sa solo che ha una funzione statisticamente rilevante per il tratto fenotipico analizzato

QTL: sequenza genomica che ha un ruolo nell'espressione di un carattere quantitativo

è associata alla manifestazione di un carattere produttivo; probabilmente contiene un gene che è coinvolto nell'espressione di quel carattere

se si individua un marcatore ad essa contiguo/associato si può selezionare per il carattere desiderato (es. produzione di latte) semplicemente valutando la presenza/assenza di determinate varianti alleliche del marcatore



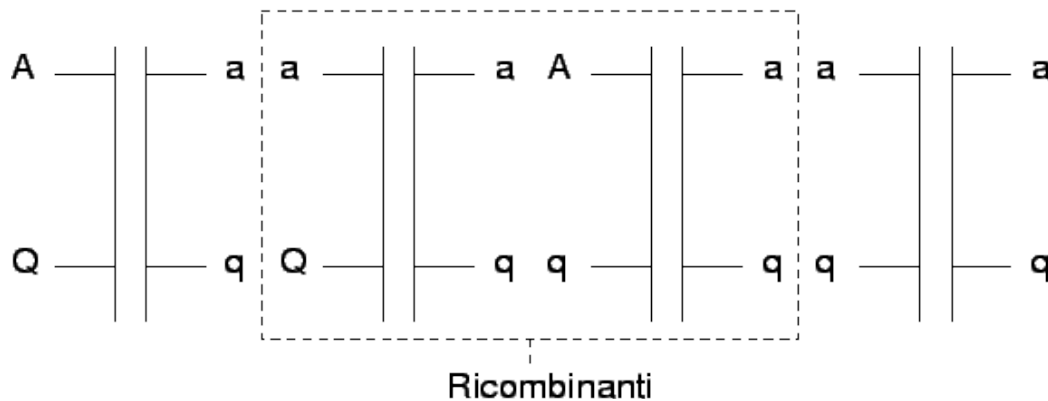
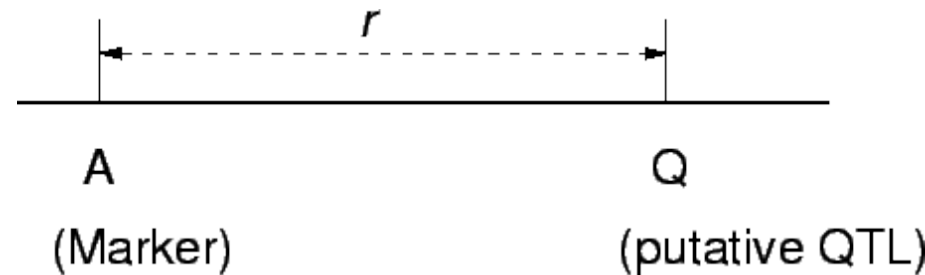
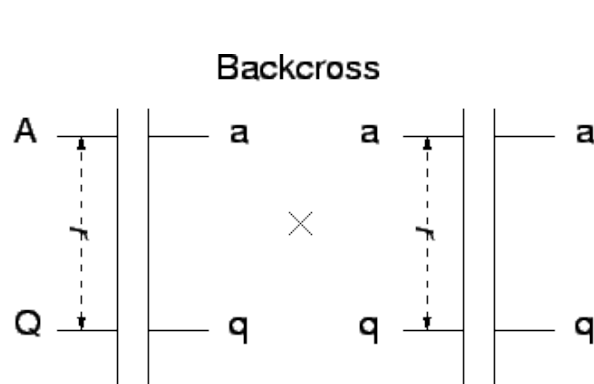
SELEZIONE ASSISTITA DA MARCATORI

(MAS=Marker Assisted Selection)

selezione di genotipi che presenteranno un fenotipo desiderabile basandosi semplicemente su un'analisi molecolare precoce con pochi marcatori molecolari, senza dover aspettare che il tratto fenotipico si manifesti

Associazione Marcatore e QTL

- Da un genitore eterozigote sia per un marcatore che per un QTL associato (per es +/- latte), ci aspettiamo che nella progenie un allele del marcatore mostri la tendenza ad essere associato con un allele del QTL
- La forza dell'associazione dipenderà dalla frequenza di ricombinazione tra marcatore e QTL ovvero dalla distanza (r) che separa il marcatore dal QTL



Approccio del gene maggiore e del gene candidato

L'approccio del gene candidato si basa sull'ipotesi che alcuni geni, in base alla loro funzione fisiologica e biochimica, possano influenzare direttamente o indirettamente un carattere

Con i geni candidati si studiano le associazioni tra la variabilità di questi geni e la variabilità dei caratteri

Es. DGAT1 (gene candidato per q.tà grasso nel latte nella specie bovina) enzima microsomiale che svolge un ruolo centrale nel metabolismo dei glicolipidi a livello cellulare catalizza l'ultimo step nella sintesi del triacilglicerolo utilizzando come substrato il diacilglicerolo (DAG) e l'acil CoA dell'acido grasso.

diacilglicerolo aciltransferasi 1 (DGAT1)

Nel bovino è stata evidenziata una doppia sostituzione nucleotidica al 15° e 16° nt dell'8° esone: AA→GC responsabile del cambiamento aa Lisina²³²→Alanina

l'allele K232A è responsabile di una minore percentuale di grasso nel latte

Effect of the DGAT1 K232A polymorphism on milk-production traits.

Trait	KK (n = 289)	KA ¹ (SE; n = 829)	AA ² (SE; n = 644)	P-value ³	r ² _{genetic} (%) ⁴
Milk yield (kg)	0	0.84 (0.16)	1.46 (0.18)	<0.001	22
Fat yield (kg)	0	-0.02 (0.01)	-0.07 (0.01)	<0.001	22
Protein yield (kg)	0	0.02 (0.01)	0.02 (0.01)	<0.001	14
Fat (%)	0	-0.45 (0.04)	-0.98 (0.04)	<0.001	50
Protein (%)	0	-0.10 (0.02)	-0.25 (0.02)	<0.001	22

¹ Contrast of KA–KK genotypes.

² Contrast of AA–KK genotypes.

³ Statistical significance of the DGAT1 K232A effect.

⁴ Percentage of the genetic variance explained by the DGAT1 K232A polymorphism.



Geni ad effetto maggiore

si evidenziano mediante l'uso di dati fenotipici e delle informazioni sulle parentele

GENI MAGGIORI che influenzano le produzioni zootecniche sono:

- **gene alotano**

- **gene dell'ipertrofia muscolare**, evidenziato in alcune razze bovine da carne (Blu Belga, Charolaise, Piemontese) che determina la presenza della cosiddetta “doppia coscia”, caratteristica di pregio per gli animali destinati alla produzione della carne

- **gene della caseina $\alpha s1$** che, nei caprini, influenza il contenuto proteico del latte

- **gene Boorola**

Geni Maggiori

Con l'individuazione di **Geni Maggiori**, cioè geni che presentano mutazioni causative delle differenze fenotipiche osservate, è possibile superare il limite dell'associazione tra marcatore e carattere

La conoscenza del gene responsabile ed ancor più della mutazione funzionale non espone al rischio di perdita dell'associazione tra marcatore e carattere dovuta a ricombinazione