

## **Traduzione italiana**

*Paolo Carnier1\*, Luigi Gallo1\*, Lucia Menegazzo1\*, Paolo Piccinini2\**

1\* Dipartimento di Scienze Animali  
Università degli Studi di Padova  
Agripolis, viale dell'Università 16, 35020 Legnaro (PD)  
E-mail: [paolo.carnier@unipd.it](mailto:paolo.carnier@unipd.it)

2\* Centrale di Lettura delle Malattie Scheletriche Corso Isonzo 99/A, 44100 Ferrara

Obiettivo di questo breve articolo è l'illustrazione del significato, caratteristiche, aspetti metodologici e utilizzo degli indici genetici nell'attività di selezione e di miglioramento genetico del cane di razza pura in relazione ad alcune patologie a base ereditaria. Nell'ambito delle popolazioni canine, oltre alla ricerca della rispondenza dei soggetti a specifici requisiti morfologici, comportamentali ed attitudinali, si osserva una sempre più crescente attenzione, da parte di allevatori, proprietari e veterinari, al benessere ed alla salute del cane.

---

## **Caratteri polifattoriali**

Molte delle caratteristiche di un cane rientrano nell'ambito dei caratteri quantitativi, noti anche con i nomi di caratteri polifattoriali, complessi o poligenici. La peculiarità di questi caratteri risiede nel loro determinismo fenotipico in cui intervengono sia effetti genetici, esercitati da un numero elevato di geni (complesso poligenico), che effetti non genetici, comunemente indicati con il nome di effetti ambientali, i primi in concorso con i secondi. Allo stato attuale delle conoscenze e malgrado i progressi ottenuti nell'ambito della biologia molecolare e della genomica, i geni responsabili della manifestazione fenotipica individuale di tali caratteri, il loro effetto specifico, il loro numero e la loro localizzazione a livello del genoma animale sono sconosciuti. Alcune patologie ad accertata base ereditaria del cane, quali la displasia dell'anca e la spondilosi deformante, rientrano nell'ambito di questa tipologia di caratteri (Carnier et al., 2004; Sturaro et al., 2005). Quanto descritto in precedenza permette la facile comprensione del perché la selezione dei candidati riproduttori basata sulla semplice comparazione del loro fenotipo per queste patologie, vale a dire in funzione dei risultati del mero esame radiologico, costituisce un approccio poco efficiente alla lotta contro queste malattie scheletriche. E' inoltre opportuno ricordare che l'efficacia della selezione basata sul dato fenotipico individuale, in altre parole la sua capacità di ridurre l'incidenza e la gravità di queste patologie in una popolazione canina, è in funzione del grado di ereditabilità del carattere quantitativo. ....

---

## **Gli indici genetici**

Esiste tuttavia la possibilità, anche per le patologie scheletriche precedentemente ricordate, di utilizzare degli strumenti selettivi molto più efficienti: i valori genetici stimati, noti anche con il nome improprio di indici genetici. Tali strumenti vengono utilizzati di routine nei processi selettivi che interessano le principali popolazioni di animali da reddito e dal loro utilizzo dipende, in larga parte, il successo conseguito negli ultimi venti anni in relazione al miglioramento delle performance produttive di questi animali. Non è obiettivo di questa breve trattazione illustrare gli aspetti metodologici relativi alla stima del valore genetico di un animale per un carattere quantitativo, ma solo quello di fornire alcuni concetti essenziali per la comprensione di tali strumenti e del perché, di fatto, costituiscono la base di un piano di lotta, valido e tecnicamente efficace, contro le patologie scheletriche a base ereditaria.

Il valore genetico stimato o indice genetico di un animale è un valore numerico relativo che consente di comparare il merito genetico di un dato soggetto con quello di altri individui.

L'indice genetico quantifica il valore del complesso poligenico di un animale in relazione a un determinato carattere. L'indice genetico di un individuo può essere anche definito come a) il valore genetico medio atteso della progenie cui l'animale darà origine oppure b) l'effetto che l'animale avrà sul fenotipo medio della sua progenie in seguito alla trasmissione dei propri alleli. E' quindi possibile, se si dispone di indici genetici stimati, prevedere il fenotipo medio della progenie originata dall'ipotetico accoppiamento di due riproduttori. Di conseguenza, gli indici genetici, oltre a essere utilizzati quale criterio selettivo, sono anche uno strumento per la programmazione degli accoppiamenti. Consideriamo il seguente esempio: ipotizziamo che un allevatore abbia a disposizione un maschio con indice genetico per la displasia dell'anca sfavorevole, ma sia comunque interessato a utilizzarlo come riproduttore per altre caratteristiche favorevoli. La disponibilità degli indici genetici consente all'allevatore di ricercare delle femmine per l'accoppiamento, con indice genetico favorevole per la displasia, in grado di compensare il deficit genetico del maschio.

Gli indici genetici vengono espressi, in unità di misura del carattere quantitativo a cui si riferiscono o in unità di deviazione standard genetica, come deviazione positiva o negativa rispetto all'indice genetico medio di tutti gli individui valutati, che rappresenta la base genetica della valutazione.

---

## **La stima degli indici genetici**

Al fine di facilitare la comprensione di questo strumento, è opportuno descrivere, anche se sinteticamente, il processo che porta alla stima di un indice genetico. Le informazioni disponibili per la stima di un indice genetico sono rappresentate da misurazioni fenotipiche del carattere quantitativo effettuate sull'animale e su soggetti parenti, dai rapporti di parentela intercorrenti tra gli animali con misurazione fenotipica disponibile e il soggetto di cui si vuol stimare l'indice genetico e il grado di ereditabilità del carattere che deve essere noto. Tutte queste informazioni sono sottoposte a elaborazione utilizzando una specifica metodologia statistica (BLUP Animal Model) che:

1. corregge il dato fenotipico di ogni individuo per l'effetto esercitato da una serie di fattori ambientali (esempio: se alcuni cani vengono sottoposti a controllo radiografico per la displasia a due anni di età e l'età media cui la radiografia per la displasia viene di norma effettuata è di un anno, il punteggio medio del grado di displasia di questi soggetti, vista la natura progressiva della patologia, sarà tendenzialmente più elevato (peggiore) di quello attribuito ad animali sottoposti a screening radiologico all'età di un anno. La procedura aggiusta il dato fenotipico dei cani controllati a due anni, riducendo il punteggio del grado di displasia di questi soggetti di una quantità pari alla differenza tra il punteggio medio del gruppo di cani radiografati a due anni e quello dei soggetti sottoposti a screening a un anno di età);
2. pondera il dato fenotipico corretto, ottenuto al punto 1, per il grado di ereditabilità del carattere (l'informazione fenotipica viene pesata in funzione dell'importanza relativa che gli effetti genetici hanno, rispetto a quelli non genetici, nel determinismo del fenotipo di un cane);
3. il dato fenotipico corretto e ponderato per il grado di ereditabilità, ottenuto al punto 2, viene ulteriormente ponderato per il rapporto di parentela intercorrente tra l'animale cui il dato fenotipico appartiene e il cane di cui viene stimato l'indice genetico (in questo modo, per la stima dell'indice genetico di uno specifico soggetto, vengono utilizzate, in modo corretto, tutte le valutazioni fenotipiche del grado di displasia di cani parenti del soggetto. A ogni dato fenotipico viene attribuita la giusta importanza, che dipende dal legame, cioè il rapporto di parentela, che esiste tra gli aspetti genetici del soggetto di cui si sta stimando l'indice e quelli dell'animale cui il dato fenotipico appartiene).

La procedura descritta fornisce anche una misura di precisione di un indice genetico, che dipende da diversi elementi, di cui il più importante è la quantità di informazioni fenotipiche disponibili per la stima dell'indice di un cane. Questa misura prende il nome di accuratezza dell'indice e rappresenta il grado di correlazione tra l'indice genetico e il vero valore genetico, ignoto, del cane. L'accuratezza dell'indice varia da zero (accuratezza

nulla: non esiste alcuna correlazione tra l'indice - la stima del valore genetico del cane - e il vero valore genetico dell'animale) a 1 (accuratezza massima: l'indice di fatto coincide con il vero valore genetico del cane). L'accuratezza aumenta all'aumentare del numero di informazioni fenotipiche disponibili per la stima dell'indice genetico: ad esempio, l'accuratezza dell'indice genetico stimato utilizzando il dato fenotipico del soggetto, quello di due mezzi fratelli e quello del padre e della madre è minore dell'accuratezza ottenibile quando a queste informazioni fenotipiche si aggiungono anche quelle di qualche figlio o altri collaterali del cane.

---

## [Il programma Happy Birthday](#)

Il programma Happy Birthday del Boxer Italiano Grazie alla collaborazione tra il Dipartimento di Scienze Animali dell'Università di Padova, la Centrale di Lettura delle Malattie Scheletriche, il Boxer Club Italia, e l'ENCI, è stato messo a punto uno specifico programma, denominato Happy Birthday, finalizzato a sviluppare le opportune conoscenze, metodologie, strumenti operativi e divulgativi, per attuare, in modo routinario, la valutazione genetica e il calcolo di indici, per le patologie scheletriche menzionate in precedenza (displasia e spondilosi deformante), dei cani di razza Boxer italiani. La stima degli indici genetici viene condotta due volte all'anno, utilizzando le valutazioni del grado di displasia e il punteggio del grado di sviluppo osteofitico fornite dalla Centrale di Lettura delle Malattie Scheletriche di Ferrara e le informazioni genealogiche aggiornate messe a disposizione dall'ENCI. Gli indici genetici stimati vengono messi a disposizione dei soci del Boxer Club Italia tramite un sito web appositamente sviluppato che può essere raggiunto a partire dal sito del Boxer Club Italia.

### **PROGRAMMA HB**

Accedendo al sito, gli utenti possono interrogare il database contenente gli indici genetici, utilizzando vari criteri di ricerca e di selezione delle informazioni, e reperire tutti i necessari strumenti informativi per la programmazione degli accoppiamenti all'interno dell'allevamento o per l'individuazione di idonei riproduttori disponibili presso altri allevamenti.

Il programma Happy Birthday rappresenta, di fatto, il primo esempio di utilizzazione di adeguati strumenti metodologici di natura tecnico scientifica per intervenire in modo efficace sulle patologie scheletriche a base ereditaria, contrastandone la diffusione e la gravità nella popolazione Boxer italiana.

Analoga valutazione dell'indice genetico è in corso di elaborazione per le cardiopatie congenite di incidenza significativa nella razza Boxer.

Alla luce di quanto illustrato in questo breve articolo, dovrebbe risultare evidente il ruolo di primaria importanza che assume, nel programma Happy Birthday, l'attività di screening radiologico che, di routine, viene praticata nel nostro paese per il Boxer e per altre popolazioni canine. L'intensificazione dell'attività di controllo fenotipico della popolazione, garantendo un maggior numero di informazioni utilizzabili nell'ambito delle procedure di stima del valore genetico degli animali, diviene pertanto un obiettivo prioritario del programma, raggiungibile solamente tramite una efficace politica di sensibilizzazione del mondo allevatorio. E' altrettanto auspicabile un'inversione di rotta nelle strategie selettive praticate dai club di razza e **l'abbandono di quelle norme che hanno introdotto la logica delle soglie fenotipiche per l'ammissione all'attività riproduttiva**. Allo stato attuale delle conoscenze scientifiche, tali norme non risultano tecnicamente vantaggiose.

---

### **Bibliografia**

Carnier P., Gallo L., Sturaro E., Piccinini P., Bittante G. 2004.

**Prevalence of spondylosis deformans and estimates of genetics parameters for the degree of osteophytes development in Italian Boxer dogs.**

[Journal of Animal Science. 82: 85-92](#)

Sturaro E., Menegazzo L., Piccinini P., Bittante G., Carnier P., Gallo L. 2005.

**Prevalence and genetic parameters for hip dysplasia in Italian populations of purebred dogs.**  
**Italian Journal of Animal Science. Sottomesso per la pubblicazione.**