

Analisi genomica di 14 razze caprine italiane.

L. NICOLOSO¹, F. PILLA², P. CREPALDI¹ E ITALIAN GOAT CONSORTIUM*

¹Università degli Studi di Milano, Dipartimento di Scienze Veterinarie e sanità pubblica, Milano, Italia;

²Università degli Studi del Molise, Dipartimento Agricoltura, Ambiente e Alimenti, Campobasso, Italia.

PAROLE CHIAVE: SNP, *Capra hircus*, variabilità genetica.

INTRODUZIONE: L'*Italian Goat Consortium* (IGC) è stato costituito nell'ambito del progetto Innovagen per raggruppare Università e Centri di Ricerca Italiani (www.goatit.eu) allo scopo di analizzare il patrimonio genetico caprino italiano. L'Italia conta 40 popolazioni caprine (www.assonapa.it) con Libri Genealogici o Registri Anagrafici. Tra i 176 interventi regionali di tutela intrapresi in Italia sulle specie d'interesse zootecnico (Council Regulation 1257/99 nel Commission Regulation 817/2004) il 16% riguarda la specie caprina, per un totale di 25 diverse popolazioni (Panella *et al.*, 2011).

Nell'ambito dell'IGC si è condotta una ricerca volta a caratterizzare con i nuovi strumenti genomici 14 razze caprine allevate in Italia. È stato utilizzato il 50K Goat SNP Chip (Tosser-Klopp *et al.*, 2014), un chip a media densità sviluppato recentemente dall'*International Goat Genome Consortium*. Fra le razze analizzate, 8 hanno goduto degli interventi di salvaguardia sopra descritti.

MATERIALI E METODI: L'analisi è stata svolta su un campione di 354 esemplari appartenenti alle seguenti razze (fig. 1): Bionda dell'Adamello (BIO, n.24), Camosciata delle Alpi (CAM, n.30), Orobica (ORO, n.23), Saanen (SAA, n.24), Valpassiria (VPS, n.24), Valdostana (VAL, n.24), Ciociara Grigia (GCI, n.19), Dell'Aspromonte (ASP, n.24), Nicastrese (NIC, n. 24), Girgentana (GIR, n.24), Argentata dell'Etna (ARG, n.24), Sarda (SAR, n.32), Di Teramo (TER, n.23), Maltese campionata in Sicilia (MAL, n.16) e in Sardegna (SAM, n.15).

Il DNA genomico è stato inviato al Laboratorio Genetica e Servizi (LGS) per la genotipizzazione con il 50K Goat SNP Chip.

I dati di genotipizzazione ottenuti sono stati sottoposti a editing, con il software PLINK (Purcell *et al.* 2007). Sono stati esclusi i marcatori con caratteristiche qualitative insufficienti secondo i seguenti criteri: frequenza dell'allele minore (MAF) inferiore all'1%; genotipo mancante in un numero di esemplari superiore al 5% e animali con una percentuale di dati mancanti superiore al 5%. I dati molecolari sono stati sottoposti all'analisi delle componenti principali con il programma Adegenet 1.3-9 package (Jombart, 2008).

RISULTATI E CONSIDERAZIONI: La fase di editing ha portato all'esclusione di 2211 marcatori e di 4 animali.

Sul dataset costituito da 51136 SNP e 350 animali sono state condotte le analisi di genetica di popolazione.

Il chip ha dimostrato di essere altamente informativo per la caratterizzazione delle razze analizzate, con una percentuale di marcatori polimorfici per razza compresa tra il 95,13% e il 99,70% e un numero di SNP con MAF superiore allo 0,05 molto alta (Fig. 1).

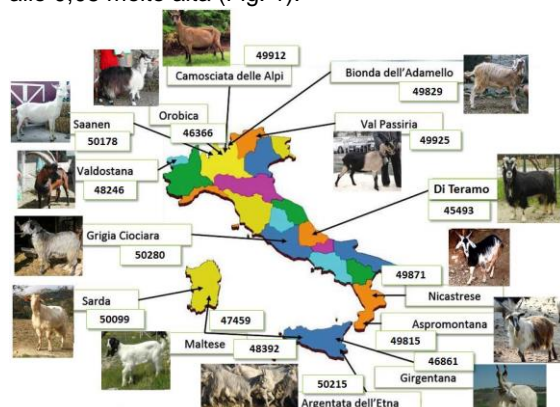


Figura 1 - Numero di SNP con MAF>0.05 nelle razze studiate.

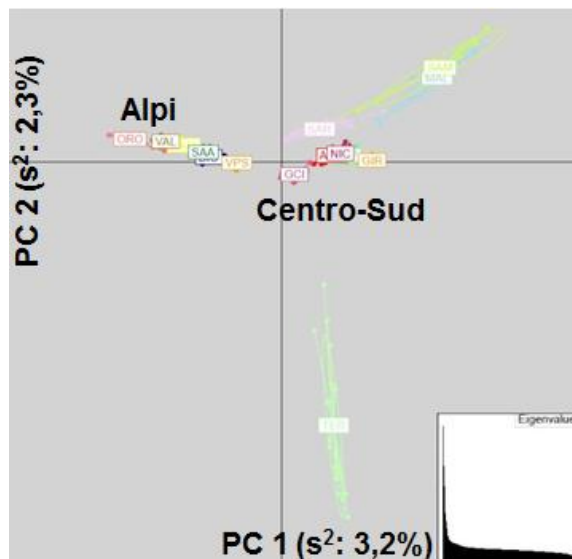


Figura 2 - Rappresentazione grafica della localizzazione delle razze sulle prime due componenti principali.

Dall'analisi delle componenti principali si evidenzia un pattern geografico ed un livello variabile di *admixture* genetica. Si evidenzia inoltre l'originalità genetica di alcune razze, quali la Valpassiria, l'Orobica, la Maltese, la Di Teramo, la Girgentana e la Sarda (Fig. 2).

L'analisi con pannelli di SNP a media densità può quindi essere utilizzata per analizzare e caratterizzare la struttura genetica delle 40 razze caprine attualmente riconosciute e per eventuali nuove razze che intendono richiedere l'attivazione di un registro anagrafico. Vista la rilevante importanza della specie caprina nella valorizzazione di aree marginali e nello sviluppo economico dei prodotti locali, si ritiene che progetti di valorizzazione della biodiversità italiana possano dare nuovo impulso a questo settore.

**Italian Goat Consortium*: P. Crepaldi (coordinatrice), L. Nicoloso, B. Coizet, S. Frattini e G. Pagnacco (Università degli Studi di Milano); F. Pilla e M.S. D'Andrea (Università degli Studi del Molise, Campobasso); P. Ajmone-Marsan, L. Bomba, M. Milanese, L. Colli e N. Bacciu (Università Cattolica del S. Cuore, Piacenza), R. Negrini e R. Mazza (Associazione Italiana Allevatori), S. Murre (Associazione Nazionale della Pastorizia); S. Chessa e B. Castiglioni (Consiglio Nazionale delle Ricerche); A. Carta, T. Sechi, S. Sechi, G. Usai, S. Casu, S. Miari e S. Solaris (AGRI Sardegna); G. Ptak, L. Loi, M. Czernik, F. Zacchini, P. Toschi, A. Fidanza, D. Iuso, S. Sampino, D.A. Anzalone e B. Ilaria (Università degli Studi di Teramo); D. Marletta, S. Bordonaro e A. Criscione (Università degli Studi di Catania); A. Valentini, S. Bongiorno, F. Gabbianelli, M. Gargani, F. Iacoponi e C. Gruber (Università degli Studi della Tuscia, Viterbo).

Genomic analysis of 14 italian goat breeds.

KEY WORDS: SNP, *Capra hircus*, genetic variability.

Bibliografia

Purcell S, *et al.* (2007); PLINK: a toolset for whole-genome association and population-based linkage analysis. *American Journal of Human Genetics*, 81.
Tosser-Klopp G, *et al.* (2014); Design and Characterization of a 52K SNP Chip for Goats. *PLoS One*, 9(1): e86227.
Jombart T (2008); Adegenet: a R package for the multivariate analysis of genetic markers. *Bioinformatics* 2008, 24(11):1403-1405.
Panella *et al.*, (2011); Interventi regionali a favore delle razze autoctone italiane minacciate, *Fondazione Iniziative Zooprofilattiche e Zootecniche Brescia*, 84, 161 – 178.
Ringraziamenti: Il lavoro è stato possibile grazie ai finanziamenti del progetto INNOVAGEN (MIPAAF).