

# Analisi della variabilità genetica della razza Gentile di Puglia mediante microsatelliti



F. D'ANGELO<sup>1</sup>, M. ALBENZIO<sup>1</sup>, A. SANTILLO<sup>1</sup>, E. CIANI<sup>2</sup>, R. CIAMPOLINI<sup>3</sup>, F. CECCHI<sup>3</sup>, A. MUSCIO<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Dipartimento PRIME, Università di Foggia

<sup>2</sup> Dipartimento di Fisiologia Generale ed Ambientale, Università di Bari

<sup>3</sup> Dipartimento di Produzioni Animali, Università di Pisa

**Parole chiave:** Gentile di Puglia, microsatelliti, variabilità genetica.

**INTRODUZIONE** - La razza Gentile di Puglia conta circa 2813 soggetti allevati in 29 aziende distribuite sui territori di Puglia, Abruzzo, Calabria e Molise (dati Asso.Na.Pa del 2006); da decenni si sta verificando una costante e preoccupante contrazione numerica degli esemplari appartenenti alla razza. La pecora Gentile presenta una produzione di latte modesta in termini quantitativi, sebbene l'elevato contenuto in grasso e proteine lo rendono particolarmente idoneo alla lavorazione casearia. In tale contesto la caratterizzazione genetica della razza Gentile di Puglia, attraverso lo studio della variabilità genetica con approccio di tipo molecolare, potrebbe rappresentare un valido strumento per la salvaguardia della razza e per la valorizzazione delle sue produzioni.

**MATERIALI E METODI** - Sono stati effettuati prelievi di sangue su 84 pecore di razza Gentile di Puglia, provenienti da sei allevamenti, situati nelle province di Foggia e Campobasso. Sono stati analizzati 19 marcatori microsatelliti raccomandati nel panel ISAG/FAO (2004). Per le analisi statistiche sono stati utilizzati il software Molkin (Gutiérrez e Goyache, 2004) ed il software Arlequin (Excoffier et al., 2005). La popolazione in esame è stata considerata sia come popolazione totale, che come popolazione costituita da sei sottopopolazioni, rappresentate dai sei allevamenti analizzati, suddivisi in due province di appartenenza: Foggia (4 allevamenti) e Campobasso (2 allevamenti).

**RISULTATI E CONSIDERAZIONI** - Come illustrato in Tabella 1, per la popolazione della provincia di Foggia è emersa la presenza di una maggiore omozigotità individuale. Il valore più elevato di distanza di *kinship* (Caballero e Toro, 2002), accompagnato dal valore inferiore del coefficiente di *molecular coancestry* medio di popolazione nella provincia di Foggia sembra deporre per una maggiore differenziazione ancestrale di questa popolazione, rispetto a quella di Campobasso. Dalle statistiche *F* di Wright (1978) sulla popolazione totale, sembra emergere che la varianza maggiore all'interno della popolazione totale sia da attribuire a presenza di *inbreeding*. In Tabella 2 vengono riportati il numero di alleli e le eterozigotità attese ed osservate per ogni marcatore. Su 19 loci analizzati, quattro loci sono risultati essere in disequilibrio rispetto alle proporzioni di Hardy-Weinberg ( $P < 0,01$ ), con un eccesso di omozigoti. La razza Gentile di Puglia risulta essere caratterizzata da due tendenze contrapposte. Infatti, la popolazione ha evidenziato, da un lato, un eccesso di omozigoti, dall'altro una elevata eterogeneità genetica, testimoniata dall'elevato numero di alleli dei marcatori, dalla bassa similarità genetica (Ciampolini et al., 1995) e dai bassi livelli di *linkage disequilibrium* (4%). Le cause della eterogeneità osservata potrebbero risiedere nel fatto che, in tempi non recenti, la razza Gentile di Puglia è stata sottoposta ad incroci con diverse razze maggiormente produttive. La strut-

**Tabella 1** - Coefficiente di *inbreeding*, *molecular coancestry*, distanze genetiche e coefficienti di Wright nella razza Gentile di Puglia: elaborazioni per provincia e confronto tra le due province.

Parametri	Foggia	Campobasso	Foggia-Campobasso
Self Molecular Coancestry	0,663	0,652	0,659
Inbreeding	0,326	0,304	0,319
Molecular Coancestry medio di popolazione	0,237	0,262	0,234
Distanza di Kinship	0,426	0,39	0,414
FIS			0,098
FST			0,015
FIT			0,111
Similarità genetica			0,318

**Tabella 2** - Parametri di diversità genetica nella razza Gentile di Puglia.

Locus	Cromosoma	N° alleli	H oss.	H att.	P*
AE129	5	6	0,357	0,710	0,000
BM1824	1	4	0,524	0,670	0,014
BM8125	17	6	0,524	0,591	0,277
FCB128	2	8	0,714	0,776	0,374
FCB193	11	6	0,536	0,547	0,568
FCB304	19	11	0,762	0,765	0,145
ILSTS11	9	8	0,702	0,756	0,584
ILSTS28	3	11	0,452	0,827	0,000
ILSTS5	7	9	0,690	0,841	0,001
INRA63	14	12	0,795	0,822	0,912
JMP29	24	15	0,805	0,841	0,624
JMP58	26	12	0,843	0,792	0,399
MAF214	16	12	0,786	0,796	0,905
MAF209	17	11	0,869	0,832	0,977
MAF33	9	10	0,690	0,833	0,000
MAF65	15	9	0,663	0,729	0,519
MAF70	4	15	0,774	0,883	0,217
MCM140	6	11	0,750	0,801	0,043
VH72	25	8	0,738	0,768	0,122
<b>Media</b>		<b>9,68</b>	<b>0,683</b>	<b>0,767</b>	

\*Significatività

turazione in sottopopolazioni sembrerebbe invece imputabile ad effetti di deriva genetica e di *inbreeding*, considerata la drastica contrazione numerica subita dalla popolazione e l'esiguo numero di arieti.

## ■ Analysis of the Gentile di Puglia sheep breed variability through microsatellite markers

**Key words:** Gentile di Puglia, microsatellites, genetic variability.

## Bibliografia

- Caballero A., Toro M.A. (2002) - Analysis of genetic diversity for the management of conserved subdivided populations. *Conserv. Genet.* 3: 289-299.
- Ciampolini R., Moazami-Goudarzi K., Vaiman D., Dillman C., Mazzanti E., Foulley J.L., Leveziel H., Cianci D. (1995) - Individual multilocus genotype using microsatellite polymorphism permits the analysis of the genetic variability within and between Italian beef cattle breeds. *J. Anim. Sci.* 73: 3259-3268.
- Excoffier L., Schneider, G. (2005) - Arlequin ver. 3.0: An integrated software package for population genetics data analysis. *Evolutionary Bioinformatics Online.* 1: 47-50.
- Gutiérrez J.P., Goyache F. (2004) - MolKin (version 2.0) A Computer Program for Genetic Analysis of Populations Using Molecular Coancestry Information. Universidad Complutense de Madrid, Spain.
- ISAG/FAO Standing Committee. 2004 - Secondary Guidelines for Development of National Animal Genetic Resources Management Plans. Measurement of Domestic Animal Diversity (MoDAD): Recommended Microsatellite Markers. Recommendations of joint ISAG/FAO Standing Committee. <http://dad.fao.org/en/refer/library/guidelin/marker.pdf>.
- Wright S. (1978) - Variability within and among natural populations. *Evolution and the genetics of populations* 4. Chicago: University of Chicago Press.