

# Caratterizzazione genetica mediante microsatelliti di una popolazione caprina siciliana



S. MASTRANGELO, M. TOLONE, M.T. SARDINA, B. PORTOLANO

Dipartimento DEMETRA, Università degli Studi di Palermo

**Parole chiave:** caratterizzazione genetica, microsatelliti, popolazione caprina.

**INTRODUZIONE** - Negli ultimi anni c'è stato un grande interesse per il recupero e la conservazione di razze e popolazioni locali. La Mascaruna è una capra allevata in piccoli nuclei nelle province di Palermo e Agrigento per la produzione di latte, non è soggetta a schemi di miglioramento genetico e non è ufficialmente riconosciuta come razza o popolazione. I microsatelliti sono ad oggi i marcatori molecolari maggiormente utilizzati per la caratterizzazione genetica nei caprini. Lo scopo del presente lavoro è stato quello di caratterizzare la struttura genetica della capra Mascaruna per verificare se può essere definita come una popolazione o deve essere considerata semplicemente come un gruppo di animali derivanti da incroci tra diverse razze e popolazioni.

**MATERIALI E METODI** - L'analisi è stata condotta utilizzando un pannello di 18 microsatelliti. Il DNA è stato estratto da 60 individui di cui 20 Mascaruna (MAS), 20 Girgentana (GIR) e 20 animali derivanti da diversi incroci (MIX), al fine di paragonare la struttura genetica della Mascaruna con quella di una razza ben definita, come la Girgentana e con quella di un gruppo di individui non definiti. Il numero medio di alleli (MNA), l'eterozigosità osservata ed attesa ( $H_o$ ,  $H_e$ ) e il coefficiente di consanguineità ( $F_{is}$ ) per popolazione sono stati calcolati col software *FSTAT* (Goudet, 1995). Il contenuto di informazione polimorfica (PIC) e l'equilibrio HW sono stati calcolati col software *Cervus* (Marshall e coll., 1998). Le distanze di Nei (Nei, 1987) e Reynolds (Reynolds e coll., 1983) sono state calcolate per stimare le differenze genetiche tra le popolazioni. L'analisi delle corrispondenti fattoriali (ACF) è stata eseguita col software *GENETIX* (Belkhir e coll., 1996), mentre il dendrogramma *neighbor-joining* (NJ) è stato costruito con il software *PHYLIP* (Felsenstein, 2009). *STRUCTURE* (Pritchard e coll., 2000) è stato utilizzato per analizzare la struttura genetica delle popolazioni.

**RISULTATI E DISCUSSIONE** - Un totale di 148 alleli sono stati osservati di cui 106 in GIR, 107 in MAS e 129 in MIX; il valore del PIC è di 0,69 e tutti i marcatori hanno mostrato un numero di alleli superiori a 4 (soglia minima per utilizzare un microsatellite negli studi di diversità genetica). Solo il microsatellite BM321 non è risultato in equilibrio HW. I parametri di diversità genetica per ciascun gruppo sono riportati in Tabella 1. I valori più alti di MNA,  $H_o$  e  $H_e$  sono stati trovati in MIX (MNA=7,17,  $H_o$ =0,700 e  $H_e$ =0,731), seguito da MAS (MNA=5,94,  $H_o$ =0,697 e  $H_e$ =0,703) e GIR (MNA=5,89,  $H_o$ =0,590 e  $H_e$ =0,666). Il più alto valore del  $F_{is}$ , che misura il livello di *inbreeding* all'interno di ciascuna popolazione, è stato trovato in GIR, mentre MAS ha mostrato il più basso valore. Alleli privati, in particolare in MAS, sono stati trovati con frequenza relativamente alta (13% e 20%). Questi alleli rappresentano importanti elementi di differenziazione

**Tabella 1** - Parametri di diversità genetica.

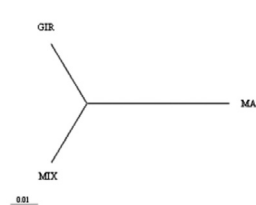
Breed	MNA	$H_o$	$H_e$	$F_{is}$
GIR	5,89	0,590	0,666	0,140
MAS	5,94	0,697	0,703	0,045
MIX	7,17	0,700	0,731	0,068

**Tabella 2** - Distanze genetiche di Nei (sotto la diagonale) e Reynolds (sopra la diagonale).

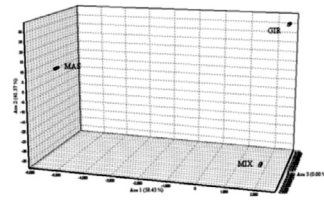
Breed	GIR	MAS	MIX
GIR	-	0,044	0,018
MAS	0,055	-	0,020
MIX	0,034	0,041	-

**Tabella 3** - Test di assegnazione di ogni popolazione ad ognuno dei clusters trovati.

Breed	1	2	3	4	5
GIR	0,506	0,154	0,033	0,220	0,087
MAS	0,098	0,131	0,476	0,085	0,210
MIX	0,240	0,365	0,018	0,147	0,230



**Figura 1** - Dendrogramma NJ.



**Figura 2** - Analisi delle corrispondenti fattoriali.

tra le popolazioni al fine di potere distinguere MAS dalle altre razze/popolazioni. L'analisi delle distanze genetiche di Nei e Reynolds, stimate utilizzando le frequenze alleliche, indicano una maggiore distanza tra MAS e GIR (Tab. 2). Le distanze genetiche di Reynolds sono state utilizzate per costruire il dendrogramma NJ (Fig. 1), dove MAS forma un cluster definito, differenziandosi dagli altri gruppi. Anche l'ACF (Fig. 2) mostra una chiara separazione di MAS rispetto agli altri due gruppi. Questi risultati mostrano quindi che MAS è il gruppo più distante, sottolineando l'ipotesi che potrebbe essere una popolazione con una struttura genetica definita, nonostante l'assenza di registro anagrafico, la possibilità di scambio con altri genomi e, in alcuni casi, la mancata disponibilità di maschi riproduttori puri. Il test di assegnazione effettuato con *STRUCTURE* (per K compreso tra 2 e 5) mostra per MAS un cluster meno definito rispetto a quello di GIR, ma più definito rispetto a MIX; infatti MAS vede l'assegnazione al cluster 3 con una percentuale quasi del 50%, confermando l'ipotesi di una probabile popolazione con un certo grado di unicità e distinzione.

**CONCLUSIONI** - Questo studio riporta i primi risultati sulla caratterizzazione genetica della capra MAS. I dati ottenuti mostrano una uniformità genetica confrontabile con quella riportata per altre razze o popolazioni ufficialmente riconosciute. Ulteriori studi verranno condotti al fine di confermare i risultati ottenuti e definire le origini della capra MAS.

## Genetic characterization of Sicilian autochthonous goat population using microsatellite markers

**Key words:** local goat population, Genetic characterization, Microsatellite markers.

## Bibliografia

- Belkhir K, Borsa P, Goudet J, Chikhi L, Bonhomme F. (1996). GENETIX 4.05, logiciel sous Windows<sup>TM</sup> pour la génétique des populations. Université de Montpellier II.
- Felsenstein J. (2009). Phylogeny Inference Package PHYLIP. Version 3.69. Department of Genome Sciences and Department of Biology, University of Washington, USA.
- Goudet J. (1995). Journal of Heredity 8:485-486.
- Marshall TC, Slate J, Kruuk LEB, Pemberton JM. (1998). Molecular Ecology 7:639-655.
- Nei M. (1987). Molecular Evolutionary Genetics. Columbia University Press, New York.
- Pritchard JK, Stephens M, Donnelly P. (2000). Genetics 155:945-959.
- Reynolds J, Weir BS, Cockerham C. (1983). Genetics 105: 767-779.