

Caratterizzazione Genomica Delle Razze Bovine Autoctone Italiane

Genomic Characterization Of Italian Local Cattle Breeds

Salvatore Mastrangelo¹, Fabio Pilla², Progetto BOVITA

¹Dipartimento Scienze Agrarie, Alimentari e Forestali, Univ. Palermo, IT, salvatore.mastrangelo@unipa.it

²Dipartimento Agricoltura, Ambiente e Alimenti, Univ. Molise, IT, pilla@unimolo.it

Introduzione

Negli ultimi cinquant'anni, a causa della sostituzione con le razze cosmopolite, le razze zootecniche locali hanno subito una forte contrazione numerica. Tuttavia, esse rappresentano un'importante patrimonio, in grado, tra le altre cose, di valorizzare ambienti marginali. Sono spesso legate anche a produzioni tipiche di alta qualità. La loro caratterizzazione rappresenta un passo essenziale verso eventuali piani di recupero, conservazione e valorizzazione. Il presente studio è stato condotto al fine di caratterizzare a livello genomico le razze bovine locali allevate in Italia.

Materiali e Metodi

Sono stati campionati un totale di 814 animali appartenenti a 30 razze italiane e a 2 razze cosmopolite (Charolais e Limousin) (Tabella 1). Gli animali sono stati genotipizzati utilizzando l' Illumina BovineSNP50 v2 (54.609 marcatori). I dati, prima di essere utilizzati, sono stati sottoposti al controllo qualità. Sono stati stimati alcuni indici di diversità genetica: eterozigosità osservata e attesa (H_o e H_e) ed il coefficiente di consanguineità (F_{HOM}). È stata costruita una matrice di distanze genetiche rappresentata tramite multidimensional scaling (MDS), ed è stata valutata la presenza di sottostrutture.

Risultati e discussioni

I parametri di diversità genetica sono riportati nella Tabella 1. Le razze Mucca Pisa e Pontremolese hanno mostrato i valori più bassi, mentre la razza Sarda ha mostrato i valori più alti. Le razze a più ampia diffusione (Frisona Italiana, Bruna Italiana, Pezzata Rossa Italiana, Limousin e Charolaise) hanno mostrato livelli moderati. Alcune razze locali (Siciliana Rossa, Sardo-Bruna, Sardo-Modicana, Agerolese), nonostante la ridotta dimensione effettiva della popolazione, hanno evidenziato sufficienti livelli di diversità genetica, probabilmente a causa delle loro origini o di eventuali incroci con altre razze. Il MDS (C1) separava le razze in base alla loro origine e/o vicinanza geografica, fenomeno che facilita il flusso genico tra di esse. In particolare, le tre razze siciliane (Cinisara, Rossa Siciliana, Modicana) e le cinque razze di origine Podoliana (Romagnola, Marchigiana, Chianina, Maremmana e Podolica) si separavano dalle razze del Nord e del Centro-Nord (Figura 1). Queste, a loro volta, mostravano segni di mescolanza.

Tabella 1. Indici di diversità genetica.

Razza	Ho \pm s.d	He \pm s.d	F _{HOM} \pm s.d
AGEROLESE	0.346 \pm 0.176	0.338 \pm 0.150	0.058 \pm 0.051
BARA'-PUSTERTALER	0.349 \pm 0.167	0.342 \pm 0.145	0.051 \pm 0.055
BURLINA	0.353 \pm 0.169	0.344 \pm 0.147	0.041 \pm 0.044
CABANNINA	0.347 \pm 0.174	0.336 \pm 0.151	0.056 \pm 0.032
CALVANA	0.307 \pm 0.198	0.294 \pm 0.175	0.167 \pm 0.063
CHAROLAIS	0.353 \pm 0.166	0.346 \pm 0.144	0.039 \pm 0.066
CHIANINA	0.327 \pm 0.177	0.323 \pm 0.158	0.111 \pm 0.048
CINISARA	0.343 \pm 0.155	0.348 \pm 0.141	0.068 \pm 0.070
GARFAGNINA	0.312 \pm 0.199	0.300 \pm 0.177	0.151 \pm 0.053
IT - BRUNA	0.307 \pm 0.187	0.299 \pm 0.171	0.166 \pm 0.033
IT - FRISONA	0.344 \pm 0.171	0.338 \pm 0.154	0.064 \pm 0.036
IT – PEZZATA ROSSA	0.340 \pm 0.168	0.332 \pm 0.152	0.079 \pm 0.023
LIMOUSIN	0.345 \pm 0.177	0.335 \pm 0.152	0.062 \pm 0.024
MARCHIGIANA	0.339 \pm 0.173	0.333 \pm 0.151	0.078 \pm 0.023
MAREMMANA	0.325 \pm 0.192	0.311 \pm 0.167	0.118 \pm 0.049
MODENESE	0.341 \pm 0.174	0.332 \pm 0.153	0.073 \pm 0.045
MODICANA	0.329 \pm 0.171	0.328 \pm 0.156	0.105 \pm 0.067
MUCCA PISANA	0.301 \pm 0.225	0.267 \pm 0.187	0.183 \pm 0.058
PEZZATA R. D'OROPA	0.333 \pm 0.178	0.327 \pm 0.158	0.096 \pm 0.054
PIEMONTESE	0.358 \pm 0.167	0.347 \pm 0.141	0.027 \pm 0.011
PINZGAU	0.349 \pm 0.174	0.337 \pm 0.151	0.051 \pm 0.030
PODOLICA	0.343 \pm 0.157	0.349 \pm 0.140	0.066 \pm 0.073
PONTREMOLESE	0.297 \pm 0.194	0.292 \pm 0.176	0.195 \pm 0.101
PUSTERTALER	0.339 \pm 0.185	0.323 \pm 0.161	0.078 \pm 0.028
REGGIANA	0.346 \pm 0.175	0.336 \pm 0.150	0.059 \pm 0.040
RENDENA	0.332 \pm 0.178	0.325 \pm 0.158	0.096 \pm 0.024
ROMAGNOLA	0.325 \pm 0.184	0.317 \pm 0.163	0.117 \pm 0.026
ROSSA SICILIANA	0.356 \pm 0.166	0.345 \pm 0.143	0.032 \pm 0.023
SARDA	0.346 \pm 0.151	0.353 \pm 0.137	0.060 \pm 0.063
SARDO-BRUNA	0.338 \pm 0.193	0.334 \pm 0.153	0.082 \pm 0.086
SARDO-MODICANA	0.344 \pm 0.168	0.338 \pm 0.149	0.065 \pm 0.031
VARZESE-OTTONESE	0.351 \pm 0.160	0.343 \pm 0.145	0.046 \pm 0.071

K = 24 è stato assunto come il più probabile numero di popolazioni. La rappresentazione grafica della struttura genetica delle razze è riportata nella Figura 2. Nonostante i probabili flussi genici ed incroci, molte delle razze bovine italiane hanno conservato la propria identità genetica e sono altamente differenziate. Pertanto, considerando che alcune di esse evidenziano critici stati di conservazione, si dovrebbe prestare attenzione alla loro gestione. In questo contesto l'informazione genomica può svolgere un ruolo cruciale.

Figura 1. MDS delle distanze genetiche tra le razze bovine italiane

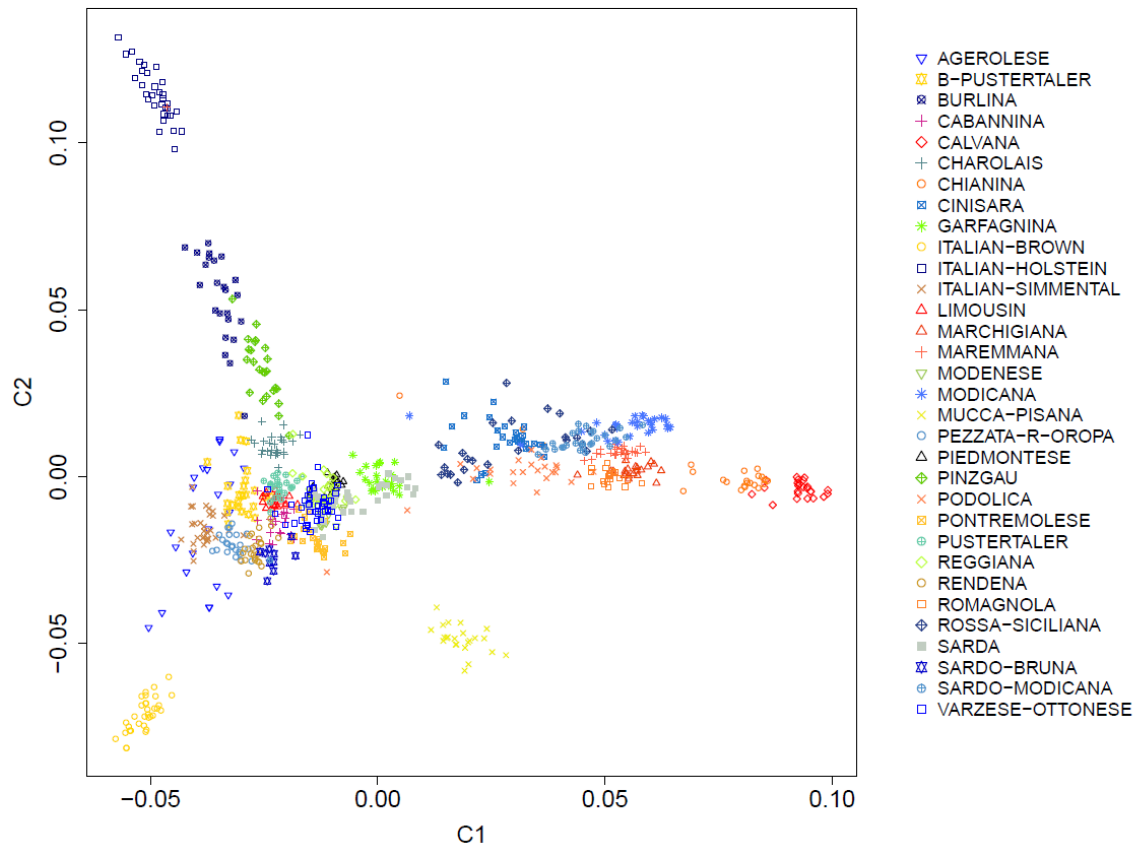
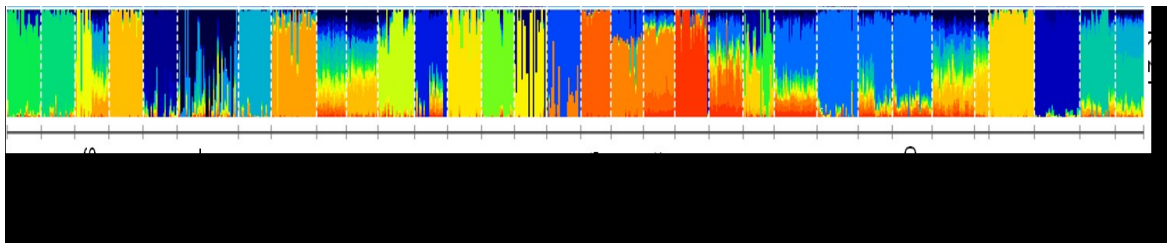


Figura 2 Rappresentazione grafica della struttura ed uniformità genetica a K=24



Sessione Tematica

2 – Biodiversità animale

Modalità di presentazione

ORALE