

Caratterizzazione genetica con marcatori molecolari SNPs di 7 razze italiane di tacchino (*Meleagris gallopavo*)

Responsabile scientifico Prof. Alessandro Bagnato
Università degli Studi di Milano

La caratterizzazione genetica delle sette razze italiane di tacchino, la cui consistenza numerica del campione utilizzato è riportata in Tabella 1, è stata realizzata attraverso la genotipizzazione con chip SNP ad alta densità (Axiom® Turkey Genotyping Array (Affimetrix)). Gli SNP sono allineati sull'assembly Turkey_5.01 (GCA_000146605.1).

Tabella 1. Consistenza delle razze di tacchino analizzate.

Razza	Acronimo	Numerosità	N. aziende
Brianzolo	BR	31	3
Bronzato Comune	BrCo	24	2
Colle Euganei	CoEu	22	2
Ermellinato di Rovigo	ErRo	24	2
Nero d'Italia	NI	31	3
Parma e Piacenza	PrPc	27	4
Romagnolo	RM	29	5

I dati della genotipizzazione, analizzati con il software SVS 8 di Golden Helix, hanno permesso di evidenziare la variabilità e le relazioni genetiche esistenti tra le razze analizzate. In particolare, l'analisi delle componenti principali (Figura 1A – PCA_1 vs. PCA2; Figura 1B PCA_2 vs. PCA_3) mostra chiaramente come i soggetti si raggruppino in clusters corrispondenti alla razza di appartenenza. ErRo e BrCo sono le due razze che maggiormente si separano dalle altre nello spazio grafico in base alla analisi delle componenti principali. Ciò significa una differenza genomica marcata sia tra loro che con le altre razze italiane di tacchino.

Questo risultato è anche confermato dai valori di F_{ST} riportati nella tabella in Figura 1C. La statistica F_{ST} misura il grado di differenziazione delle popolazioni in base alla variazione delle frequenze alleliche tra sottopopolazioni (confronto a coppie). F_{ST} può assumere valori compresi tra 0 e 1 con $F_{ST}=1$ massima differenziazione e $F_{ST}=0$ nessuna differenza. Tutti i valori di F_{ST} derivanti dal confronto tra ErRo con le altre razze sono superiori a 0,5 (ad eccezione di quello con la razza PrPc che risulta 0,47), indicando quindi un elevato grado di differenziazione dell'ErRo, che risulta massimo nel confronto con la razza CoEu.

PrPc e RM sono le due razze con più basso livello di differenziazione ($F_{ST} = 0.18$) (Figura 1C).

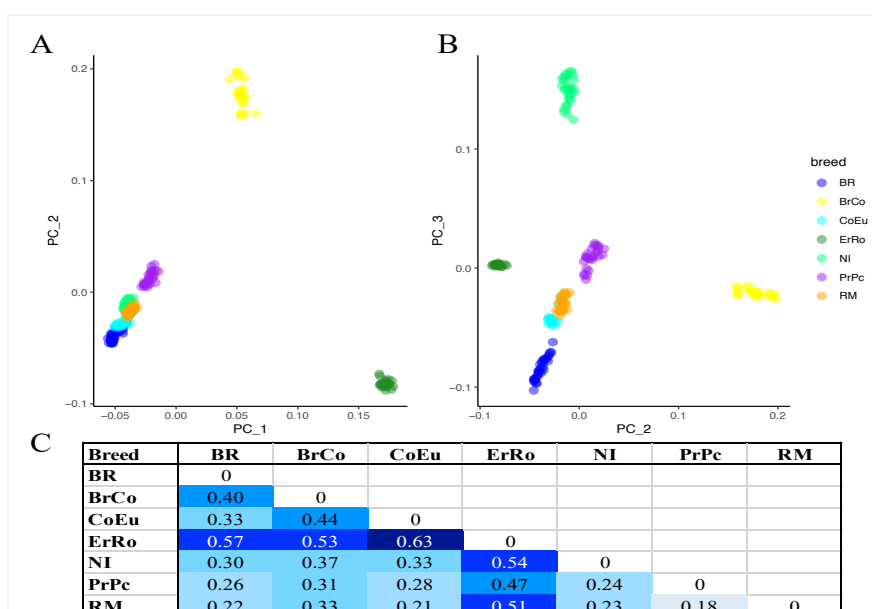


Figura 1. Risultati dell'analisi delle componenti Principali (PCA) (A e B) e della statistica F_{ST} (C).

Coefficienti di consanguineità (F_{HOM} e F_{ROH})

Per tutti i soggetti appartenenti alle 7 razze di tacchino sono stati calcolati (software SVS) due diversi coefficienti di consanguineità genomica:

- ✓ F_{HOM} : basato sul rapporto tra omozigosità osservata e omozigosità attesa entro razza;
- ✓ F_{ROH} : basato sulle Runs of Homozygosity (ROH), regioni del genoma in cui si susseguono ininterrottamente marcatori SNP con genotipo omozigote. Queste porzioni di omozigosi “continua” vengono ricevute dai genitori (per discendenza mendeliana) con maggior probabilità se questi sono imparentati tra loro. F_{ROH} esprime la proporzione tra lunghezza totale delle ROH di un individuo e quella del genoma coperto dagli SNP utilizzati nella caratterizzazione genetica.

Entrambi questi coefficienti sono risultati variabili intra e tra popolazioni e sono indicativi di un elevato livello di consanguineità (valori medi di razza riportati in Tabella 2) per le razze ErRo e CoEu e basso per la razza PrPc.

Tabella 2. Coefficienti di Consanguineità calcolati per ciascuna delle razze analizzate (valori medi)

Razza	HOM %	HET %	F_{HOM} medio (SD)	F_{HOM} MIN – MAX	F_{ROH} medio (SD)	F_{ROH} MIN – MAX
BR	78.73	21.27	0.283 (0.121)	0.005 – 0.497	0.309 (0.091)	0.095 – 0.488
BrCo	82.16	17.84	0.399 (0.076)	0.270 – 0.542	0.220 (0.035)	0.159 – 0.293
CoEu	83.69	16.31	0.450 (0.224)	-0.019 – 0.787	0.355 (0.153)	0.106 – 0.666
ErRo	91.96	8.04	0.729 (0.034)	0.660 – 0.789	0.401 (0.030)	0.321 – 0.455
NI	74.56	25.44	0.142 (0.228)	-0.290 – 0.698	0.193 (0.146)	0.007 – 0.636
PrPc	72.08	27.92	0.059 (0.128)	-0.221 – 0.258	0.121 (0.061)	0.001 – 0.259
RM	77.72	22.28	0.249 (0.114)	0.116 – 0.527	0.133 (0.063)	0.067 – 0.291