

Identificazione delle firme di selezione nella razza caprina Girgentana

Identification of selection signatures in the Girgentana goat breed

Andrea Criscione¹, Slim Ben Jemaa², Giorgio Chessari^{1,3}, Silvia Riggio⁴, Serena Tumino¹, Gaetano Cammilleri⁵, Antonio Lastra⁵, Maria Teresa Sardina⁴, Baldassare Portolano⁴, Salvatore Bordonaro¹, Alberto Cesarani^{6,7}, Salvatore Mastrangelo⁴

¹Dipartimento di Agricoltura, Alimentazione e Ambiente, University of Catania, Catania, Italy, 95123

²Laboratoire des Productions Animales et Fourragères, Institut National de la Recherche Agronomique de Tunisie, Université de Carthage, 2049 Ariana, Tunisia.

³Department of Animal Sciences, Georg-August-University Göttingen, Göttingen, Germany

⁴Dipartimento di Scienze Agrarie, Alimentari e Forestali, University of Palermo, Palermo, Italy, 90128

⁵Istituto Zooprofilattico Sperimentale della Sicilia “A. Mirri”, Palermo, 90129, Italy

⁶Dipartimento di Agraria, University of Sassari, Sassari, Italy, 07100

⁷Department of Animal and Dairy Science, University of Georgia, Athens, USA, 30602

INTRODUZIONE

Nelle specie di interesse zootecnico, i processi di selezione naturale e artificiale hanno lasciato segni nel genoma comunemente identificati come firme di selezione (*selection signatures*) (Saravanan et al. 2020). La Girgentana è un'antica razza caprina siciliana, con peculiari caratteristiche morfologiche, adattative e produttive. La sua lunga storia di allevamento la rende un ottimo modello per rilevare regioni genomiche e geni sotto selezione implicati nei diversi processi biologici. Lo scopo del presente lavoro è stato quello di identificare le firme di selezione nella razza Girgentana.

MATERIALI E METODI

Sono stati genotipizzati un totale di 210 soggetti di razza Girgentana mediante Illumina Goat IGGC_65K v2 BeadChip. Inoltre, sono stati usati i genotipi di altre 13 razze caprine italiane (5 del sud e 8 del nord Italia) (Cortellari et al. 2021). Le firme di selezione sono state ricercate con metodi dentro razza (iHs e ROH) e tra razze (Rsb).

RISULTATI E CONCLUSIONI

Sulla base dei criteri utilizzati per il controllo di qualità, il dataset finale consisteva di 536 animali e 48.744 marcatori distribuiti su tutti i 29 autosomi. Le analisi sulle relazioni genetiche hanno rivelato una netta separazione tra la razza Girgentana e le altre razze caprine.

I due approcci aplotipici (iHs e Rsb) hanno identificato 14 regioni genomiche potenzialmente sotto selezione, mentre con l'approccio ROH sono state identificate sei regioni con elevata omozigosità. I tre metodi hanno rilevato una regione sotto forte pressione selettiva nel cromosoma 1 (CHI1), con diversi geni associati alla riduzione della taglia (*LEKRI* and *CCNLI*) (Andersson et al. 2011), mentre alcune regioni sono state identificate contemporaneamente da due metodi. Tra le regioni sotto selezione nella razza Girgentana, quella sul cromosoma 6, identificata con l'approccio iHS, include

geni candidati per la produzione del latte (*CSN2*, *CSNIS2*, *CSN3*) (Caroli et al. 2006). Altre firme di selezione nella razza comprendevano loci associati a diversi caratteri fenotipici (sfera riproduttiva, resistenza immunitaria e adattamento ambientale). Le regioni identificate con l'approccio ROH coincidevano con segnali di selezione rilevati in altri studi sulla stessa specie (Bertolini et al. 2018).

In generale, i risultati sono in linea con la selezione della razza e il suo sistema di allevamento, orientati verso l'attitudine alla produzione di latte, l'adattamento locale ed i tratti morfologici. La conservazione di queste caratteristiche è di fondamentale importanza nell'ottica di massimizzare le potenzialità produttive della razza Girgentana in sistemi di allevamento sostenibili, che devono tenere conto, tra gli altri fattori, degli effetti del cambiamento climatico.

Keywords local breed, SNP markers, candidate genes

Riferimenti bibliografici:

Andersson *et al.*, 2011. PLoS One, 6: e27096.

Bertolini *et al.*, 2018. Genet. Sel. Evol., 50, 1-24.

Caroli *et al.*, 2006. J. Dairy Sci., 89(8), 3178-3187.

Cortellari *et al.*, 2021. Genet. Sel. Evol., 53, 92.

Saravanan *et al.*, 2020. Livest Sci., 241:104257.