

Caratterizzazione genetica della razza Bracco Francese “Varietà dei Pirenei” allevato in Italia ed analisi comparative con le principali razze canine

Genetic characterization of Braque Français breed “Type Pyrénées” reared in Italy and comparative analysis with the major canine breeds

Salvatore Mastrangelo¹, Filippo Biscarini², Marco Tolone³, Roberta Ciampolini⁴

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

²CNR, IBBA, IT, filippo.biscarini@ibba.cnr.it

³Dipartimento Scienze Agrarie, Alimentari e Forestali, Univ. Palermo, IT, marco.tolone@unipa.it

⁴Dipartimento di Scienze Veterinarie, Univ. Pisa, IT, roberta.ciampolini@unipi.it

Introduzione

Il sequenziamento del genoma canino ha contribuito a migliorare l'accuratezza delle stime di diversità genetica ed ha anche generato diversi studi sulle relazioni tra le diverse razze allevate (Vaysse *et al.*, 2011; Parker *et al.*, 2017). Tuttavia, alcune razze rimangono ancora poco caratterizzate. È il caso del Bracco Francese “Varietà dei Pirenei”. Lo scopo di questo lavoro è stato quello di caratterizzare a livello genomico la razza e studiarne le relazioni con altre razze allevate nel mondo.

Materiali e Metodi

Sono stati raccolti i campioni di sangue da 48 individui. La genotipizzazione è stata condotta mediante l'Illumina CanineHD BeadChip (173.662 marcatori). Diversi parametri di variabilità genetica sono stati calcolati, come l'eterozigosità osservata (H_o) ed attesa (H_e). La consanguineità (F) è stata stimata con il metodo delle Runs of homozygosity (ROH). La relazione genetica tra il Bracco Francese e altre razze canine è stata studiata utilizzando i dati genotipici di 532 individui appartenenti a 48 razze canine e 15 lupi, ottenuti dal progetto LUPA (Vaysse *et al.*, 2011). È stata costruita una matrice di distanze genetiche per generare un albero filogenetico (neighbor joining). Il controllo di qualità dei dati genotipici, la stima degli indici di diversità genetica, il rilevamento dei segmenti ROH e la stima delle distanze genetiche sono state condotte utilizzando il software PLINK (Purcell *et al.*, 2007).

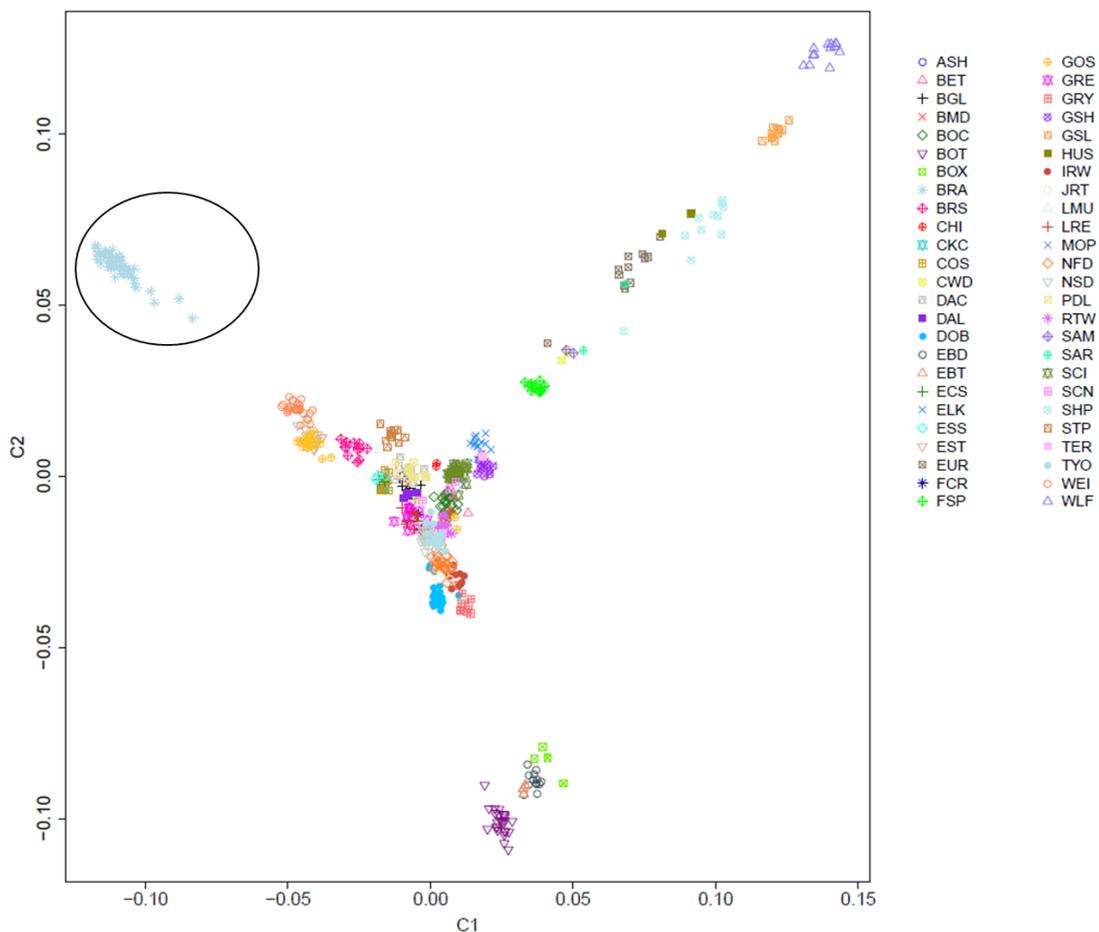
Risultati e discussioni

I valori medi di H_o e H_e erano di $0,371 \pm 0,142$ e $0,359 \pm 0,124$. La consanguineità media stimata su base ROH (F_{ROH}) era di $0,112 \pm 0,023$. Comparando questi valori con quelli

riportati in letteratura, è emerso che la razza conserva ancora sufficienti livelli di variabilità genetica, utili per predisporre piani di conservazione e di miglioramento genetico.

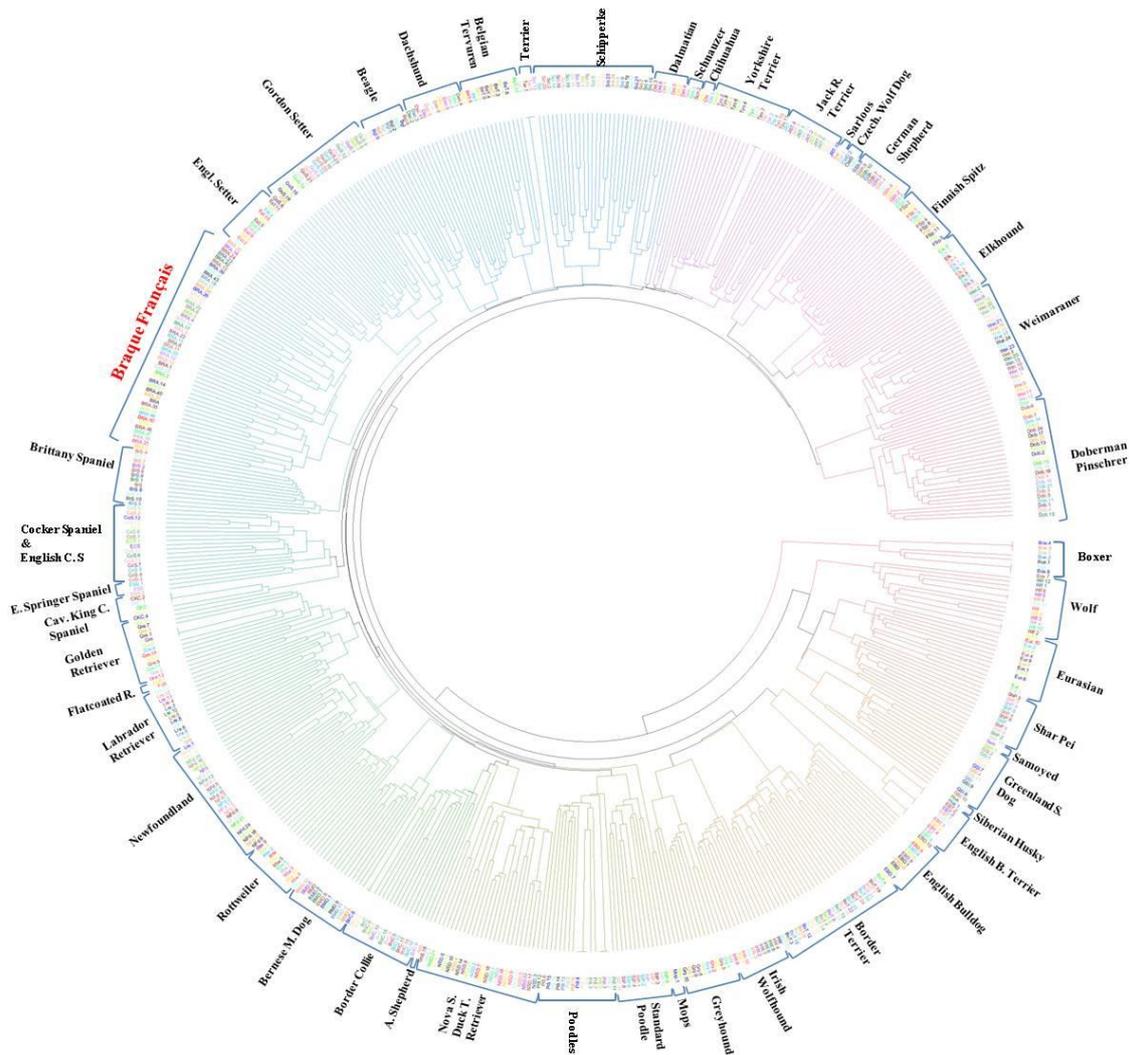
Il multidimensional scaling (MDS) della matrice di distanze genetiche (C1) (Figura 1) ha rivelato tre cluster principali, con il Bracco Francese (BRA) altamente differenziato dalle altre razze. In particolare, la maggior parte delle moderne razze europee sono raggruppate insieme e parzialmente sovrapposte nel centro del grafico, suggerendo un flusso genico relativamente alto.

Figura 1: MDS plot delle distanze genetiche tra il Bracco Francese e altre 48 razze canine



Si ritiene che il BRA sia imparentato con altre razze da ferma europee, ma la relazione esatta tra queste razze rimane poco chiara. Sulla base dei risultati qui riportati, alcune razze come Weimaraner (WEI), Setter Inglese (EST) e Gordon Setter e (GOS) risultano geneticamente più vicine al BRA. Simili risultati sono evidenziati in Figura 2, dove l'albero filogenetico ha confermato la stretta relazione tra BRA, EST e GOS.

Figura 2: Neighbor joining tra il Bracco Francese e altre 48 razze canine



L'albero ha anche mostrato che le razze con caratteristiche venatorie tendono a raggrupparsi insieme, come i Retriever, Setter, Spaniel e Terrier.

Sessione Tematica

2 – Biodiversità animale

Modalità di presentazione

ORALE