# Caratterizzazione genetica di diverse razze bovine tramite un set di 128 SNPs

## DNA fingerprinting of different cattle breeds using a set of 128 SNPs

A. Pozzi[1], S. Arabi[1], C. Previtali[1], R. Capoferri[1], A. Galli[2], M. Montedoro[1] e G. Bongioni[1]

[1] Istituto Sperimentale Italiano "L. Spallanzani" Rivolta d'Adda (Cremona), IT
anna.pozzi@istitutospallanzani.it
[2] CREA Centro di ricerca Zootecnia e Acquacoltura (Lodi, IT)

L'Italia grazie alla sua storia, alle sue tradizioni ed alla tipologia del territorio è un Paese particolarmente ricco di biodiversità: si contano oltre 200 razze zootecniche adattatesi nei secoli a produrre in ambienti diversificati per clima e vegetazione. La conservazione della biodiversità delle specie zootecniche è universalmente riconosciuta come una priorità importante, sia per aspetti ecologici, sociali e culturali, sia per il mantenimento del territorio, delle comunità rurali e delle tradizioni.
La ricerca in ambito genetico-molecolare e le innovazioni tecnologiche possono essere un valido strumento a tutela della biodiversità.
Oggetto di questo studio è stata la caratterizzazione di 20 razze bovine presenti in Italia, al fine di valutarne la diversità genetica tramite approccio molecolare, con l'utilizzo di un chip a 128 SNPs su piattaforma Open Array: 88 SNPs sono stati individuati nel pannello proposto per ISAG Bovine Comparison Test 2011 e, i restanti 40, nel database dbSNP dell'NCBI. Complessivamente sono stati analizzati 513 soggetti appartenenti alle 20 razze (25 campioni per razza) di seguito elencate: Bruna Alpina, Frisona, Valdostana Pezzata Rossa, Pezzata Rossa Italiana, Piemontese, Reggiana, Rendena, Grigia, Pinzgauer, Jersey, Valdostana Pezzata Nera, Charolaise, Marchigiana, Chianina, Limousine, Romagnola, Castana, Blue Belga, Montbeillarde, Blonde d'Aquitaine.
I campioni sono stati processati tramite piattaforma OpenArray NT Imager e genotipizzati con il software TaqMan Genotyper.
I dati ottenuti dall'analisi degli SNPs indagati sono stati utilizzati per la stima della variabilità genetica mediante software PAF (Chavanne et al., 2012), per l'analisi dell'equilibrio di Hardy-Weinberg con il software GENEPOP 3.4 (Raymond & Rousset, 1995) e per la valutazione della variabilità genetica intra e inter razza mediante STRUCTURE (Pritchard et al., 2000).
Dei 128 SNPs testati ne sono stati eliminati 15, con valori di MAF inferiori al 5%. In particolare, al fine di valutarne il grado di differenziazione, è stato calcolato l'indice $F_{ST}$ per ciascuna coppia di razze. Il valore di $F_{ST}$ più elevato (0,1529) è stato osservato fra la razza

Jersey e la razza Romagnola, mentre il valore più basso (0,0160) era quello tra la razza Castana e la razza Valdostana Pezzata Nera.
I risultati ottenuti confermano che anche gli SNPs, come i microsatelliti, rappresentano un valido strumento di indagine per lo studio di popolazioni con svariati vantaggi nelle fasi di processamento, qualora vengano fatte le dovute valutazioni in termini di numerosità e informatività degli stessi.