



Firenze, 17 settembre 2020

Oggetto: analisi distanze genetiche razze progetto I-BEEF

L'analisi sulle distanze genetiche è stata eseguita su 14 razze bovine da carne italiane. Il numero totale di campioni ammonta a 1797 animali genotipizzati con il chip GeneSeek GGP-LDv4 33k (Illumina Inc., San Diego, California, USA). Il numero di campioni per razza è riportato in dettaglio nella tabella 1.

Tabella 1.

Razza	Acronimo	N. campioni
Calvana	CAL	115
Charolaise	CHA	97
Chianina	CHI	50
Limousine	LIM	95
Maremmana	MAR	39
Marchigiana	MRG	50
Mucca Pisana	MUP	254
Piemontese	PIE	50
Podolica	POD	50
Pontremolese	PON	19
Romagnola	ROM	50
Sardo Bruna	SAB	238
Sardo Modicana	SAM	101
Sarda	SAR	589

Metodi

Sono stati applicati due diversi metodi per l'analisi delle distanze genetiche: l'analisi delle componenti principali (PCA) e l'analisi Admixture, al fine di evidenziare la presenza di popolazioni distinte basandosi sui dati genomici. L'analisi PCA è stata eseguita con il software PLINK 1.9 mentre la proporzione di discendenza nelle 14 razze è stata valutata dal software ADMIXTURE 1.22. Il numero di ascendenze (K) considerate nell'analisi Admixture (K = da 2 a 14) è stato valutato tramite una cross-validazione (CV) di 10 volte. La selezione finale sul numero di ascendenze è stata effettuata valutando l'errore CV.



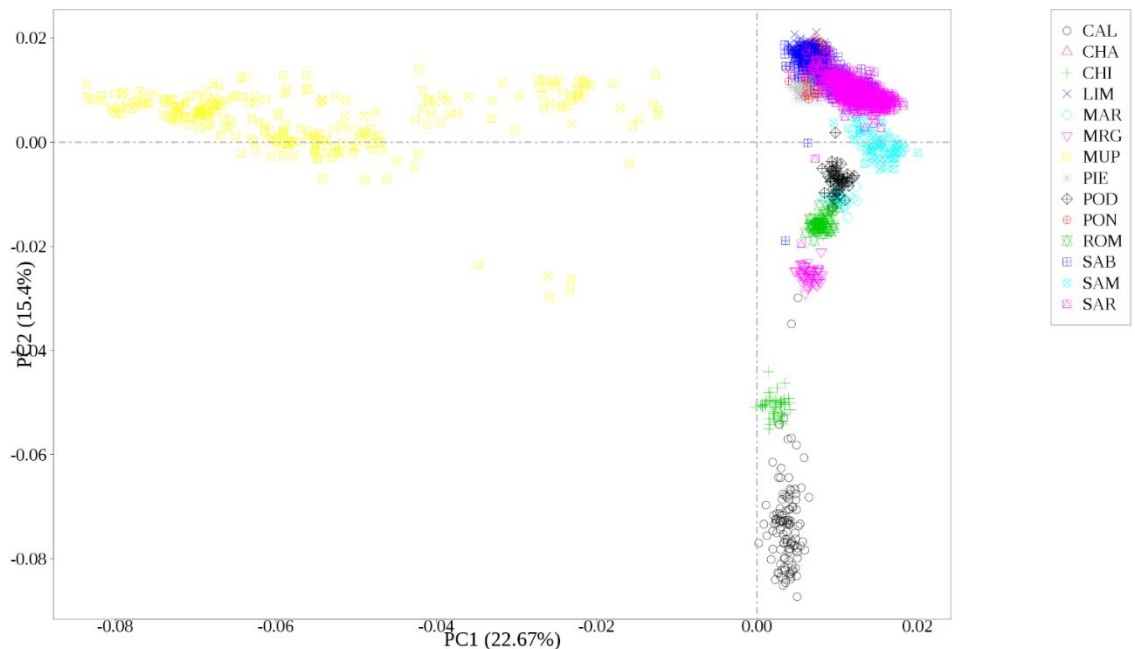
Risultati

Le Figure 2A e 2B mostrano la distribuzione delle razze in base alla componente principale 1 (PC1) e la componente principale 2 (PC2), le quali spiegano circa il 30% della variabilità fra razze.

La Figura 2A include la Mucca Pisana, la quale però, essendo caratterizzata da un'alta variabilità entro razza, comprime le altre razze che si contraddistinguono in modo meno accentuato; per questo motivo è stata proposta una seconda PCA con l'esclusione della Mucca Pisana (Figura 2B).

Le razze che presentano maggior somiglianza dal punto di vista genetico sono LIM, CHA, SAB, SAR, PIE e PON. La SAM si distanzia leggermente dal gruppo appena descritto, possedendo esemplari molto simili alla SAR. POD e MAR tendono in parte a sovrapporsi, posizionandosi molto vicino alla ROM che si presenta comunque come un gruppo ben definito. Anche la MRG è riconoscibile e separata dalle altre razze, seppur vicina alla ROM. La CAL presenta animali che si sovrappongono alla CHI, derivati da probabili incroci con essa, ma in linea generale queste due razze risultano distinte (Figura 2A).

Figura 2A.



CAL = Calvana, CHA = Charolaise; CHI = Chianina; LIM = Limousine; MAR = Maremmana; MRG = Marchigiana; MUP = Mucca Pisana; PIE = Piemontese; POD = Podolica; PON = Pontremolese; ROM = Romagnola; SAB = Sardo Bruna; SAM = Sardo Modicana; SAR = Sarda.



UNIVERSITÀ
DEGLI STUDI
FIRENZE

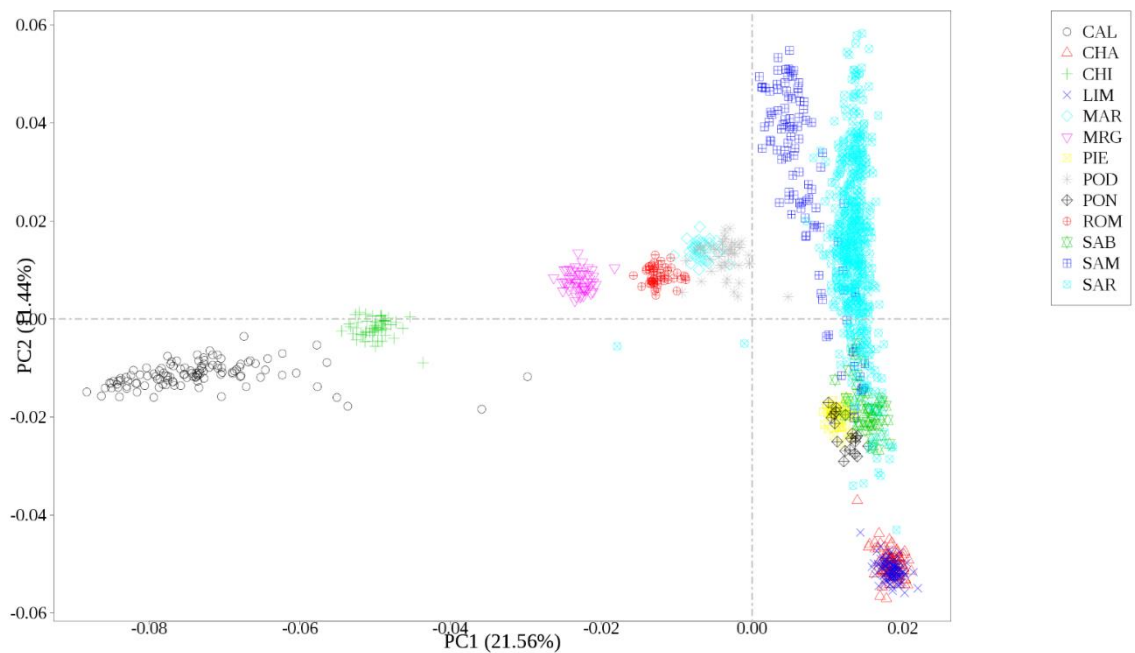
DAGRI

DIPARTIMENTO DI SCIENZE
E TECNOLOGIE AGRARIE,
ALIMENTARI, AMBIENTALI E FORESTALI

Come descritto in precedenza la MUP occupa il quadrante di sinistra della PC1, mentre tutte le altre razze si trovano nella parte opposta del quadrante, determinando come questa componente sia in grado di distinguere la MUP da tutte le altre razze; la PC2 invece vede agli estremi CAL e CHI rispetto a LIM, CHA, SAB, PON e PIE.

In Figura 2B si nota come la SAM si separi leggermente dalla SAR, mentre resta invariata la somiglianza tra SAB, PIE e PON. La CHA e la LIM si sovrappongono, probabilmente perché sono le due razze maggiormente selezionate per la produzione da carne. Le ultime due razze che tendono a sovrapporsi sono la MAR e la POD, trovandosi vicine alla MRG. CHI e CAL risultano due gruppi distinti anche con l'esclusione della MUP.

Figura 2B.

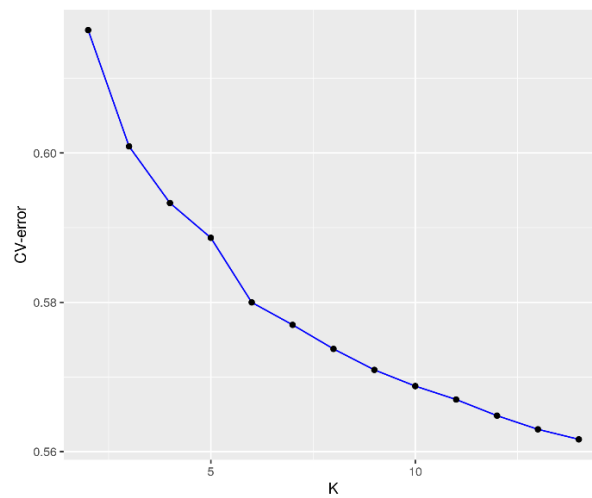


CAL = Calvana; CHA = Charolaise; CHI = Chianina; LIM = Limousine; MAR = Maremmana; MRG = Marchigiana; MUP = Mucca Pisana; PIE = Piemontese; POD = Podolica; PON = Pontremolese; ROM = Romagnola; SAB = Sardo Bruna; SAM = Sardo Modicana; SAR = Sarda.



L'analisi Admixture è stata condotta in modo da completare e definire l'analisi PCA. Il numero di ascendenze (K) investigate varia da 2 a 14. In base al grafico dell'errore ottenuto in cross-validazione sotto riportato, è stato scelto il modello con $K = 5$ (in cui si trova il maggior punto di flesso) e con $K = 14$, cioè il numero totale delle razze analizzate.

Figura3.





UNIVERSITÀ
DEGLI STUDI
FIRENZE

DAGRI

DIPARTIMENTO DI SCIENZE
E TECNOLOGIE AGRARIE,
ALIMENTARI, AMBIENTALI E FORESTALI

I risultati dell'Admixture sono in accordo con quelli riscontrati con la PCA; con K=5 (Figura 4A) si vede chiaramente come PIE, PON e SAB mostrino comuni proporzioni di ascendenze e come la CHA e LIM risultino derivare da un'unica ascendenza, differenziandosi dalle altre razze Italiane. Come la PCA ha descritto, anche con l'Admixture la MAR e la POD condividono simili proporzioni di ascendenze.

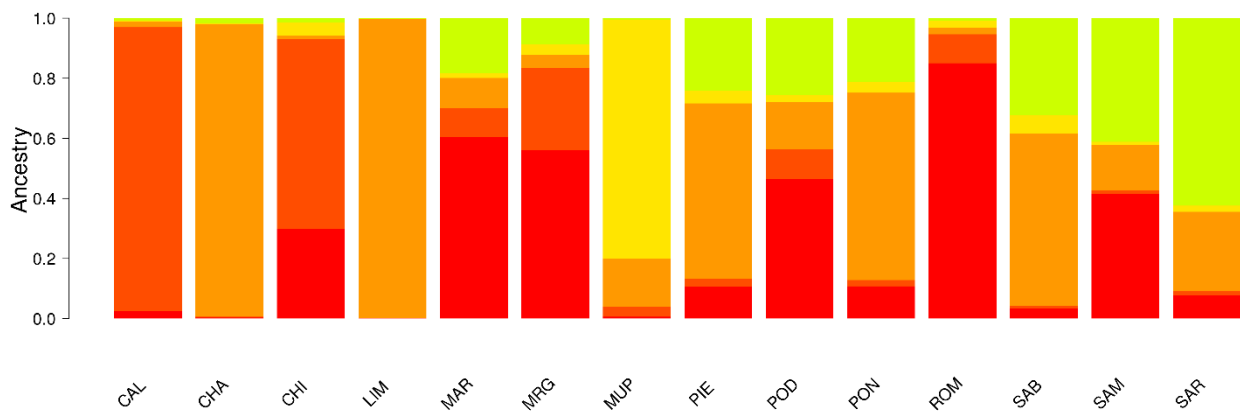


Figura4A.

CAL = Calvana, CHA = Charolaise; CHI = Chianina; LIM = Limousine; MAR = Maremmana; MRG = Marchigiana; MUP = Mucca Pisana; PIE = Piemontese; POD = Podolica; PON = Pontremolese; ROM = Romagnola; SAB = Sardo Bruna; SAM = Sardo Modicana; SAR = Sarda.

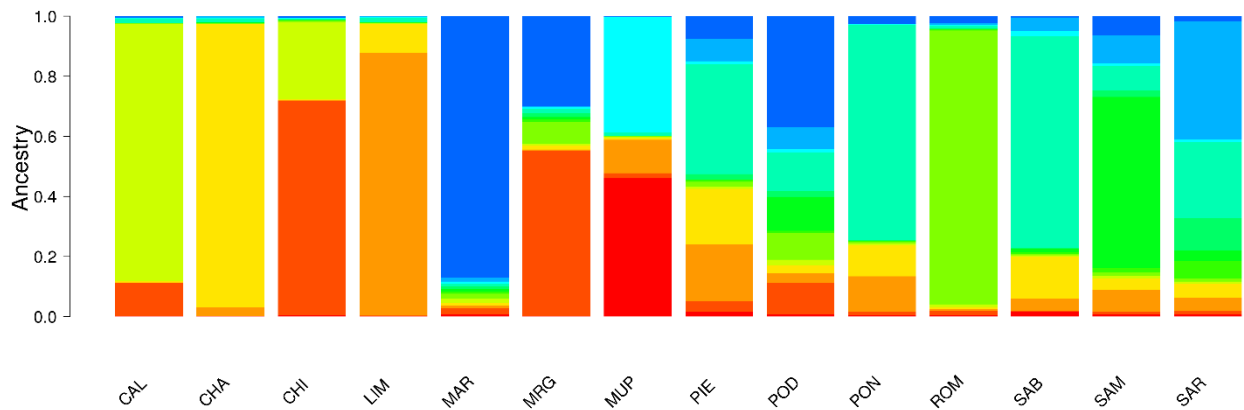


UNIVERSITÀ
DEGLI STUDI
FIRENZE

DAGRI
DIPARTIMENTO DI SCIENZE
E TECNOLOGIE AGRARIE,
ALIMENTARI, AMBIENTALI E FORESTALI

Con $K=14$ (Figura 4B) ogni razza risulta essere definita dalle altre, mostrando la diversità genetica anche di quelle razze che risultavano strettamente simili; tuttavia i gruppi di ascendenze che caratterizzano le razze geneticamente simili, sono mantenute condivisi.

Figura 4B.



CAL = Calvana; CHA = Charolaise; CHI = Chianina; LIM = Limousine; MAR = Maremmana; MRG = Marchigiana; MUP = Mucca Pisana; PIE = Piemontese; POD = Podolica; PON = Pontremolese; ROM = Romagnola; SAB = Sardo Bruna; SAM = Sardo Modicana; SAR = Sarda.