

Genomic insights on the history and selection trajectories of the Comune di Sicilia goat
Approfondimenti genomici sulla storia e sulle traiettorie di selezione della capra Comune di Sicilia

Viviana Floridia, Matteo Cortellari, Arianna Bionda, Katherine Daniela Arias, Antonino N. Virga, Paola Crepaldi, Luigi Liotta, Mario Barbato

Key words: Goat, Local ancestry, conservation

Parole chiave: Capra, Local ancestry, conservazione

Introduzione: La “Comune di Sicilia” (CCS) è una popolazione locale di capre a pelo lungo e taglia medio-grande allevata nella Sicilia occidentale. Già descritta come razza autoctona siciliana nel 1870, è attualmente oggetto di un progetto di recupero finalizzato alla sua caratterizzazione e relativo riconoscimento etnico (PSR SICILIA 2014-2020, MISURA 10, Sottomisura 10.2 - Operazione 10.2.b - Conservazione delle risorse genetiche animali in agricoltura: BIOSAVE). L’obiettivo di questo lavoro è descrivere nel dettaglio le componenti genetiche ancestrali e le traiettorie di selezione della CCS, per meglio comprenderne le origini e le strategie adattative

Materiali e metodi: Abbiamo utilizzato un dataset comprendente 67 razze caprine provenienti dall’area mediterranea e africana. Sono stati rimossi gli SNP con ‘minor allele frequency’ <0.05 e gli individui strettamente imparentati, ottenendo un dataset finale di 1.681 individui e 47.581 SNP. La salute genetica della popolazione è stata stimata attraverso parametri di variabilità genetica quali l’eterozigosità osservata (H_o), l’inbreeding basato sulle Runs of Homozygosity (F_{ROH}), e la dimensione della popolazione effettiva corrente (N_e). La struttura genetica della popolazione è stata esplorata con l’analisi delle componenti principali (PCA) e la determinazione delle proporzioni di ancestry. Le relazioni evolutive e gli eventi di migrazione genetica tra le popolazioni sono state valutate con TreeMix. L’analisi fine delle componenti ancestrali a livello cromosomico è stata effettuata con approcci di local ancestry inference (LAI).

Risultati: La CCS ha registrato $H_o = 0.408$, $F_{ROH} = 0.039$ ed $N_e = 96-185$. La PCA ha mostrato una chiara clusterizzazione in accordo con la posizione geografica.

L’analisi di global ancestry ha distinto la CCS dalle altre razze mediterranee pur mostrando possibili introgressioni con le popolazioni Maltese, Girgentana, Rossa Mediterranea e Saanen. A $K = 14$ è emersa una componente ancestrale comune alle razze mediterranee.

L’analisi Treemix ha evidenziato la posizione basale delle razze greche rispetto alle altre razze mediterranee, che sono state quindi utilizzate come referenza ancestrale della componente mediterranea nelle analisi successive. I risultati di entrambe le analisi hanno evidenziato la presenza nel cromosoma 6 di due geni sotto selezione (*FAM184B* e *LCORL*), associabili alla componente ancestrale mediterranea, noti per avere un ruolo nello sviluppo corporeo degli animali e descritti come discriminanti delle capre del nord e centro-sud Italia.

Conclusioni: I risultati di questo studio suggeriscono componenti genomiche comuni negli animali siciliani e greci ed evidenziano traiettorie selettive votate alla dimensione corporea. Ulteriori ricerche sono necessarie per aumentare la risoluzione ed esplorare nuovi aspetti sulla traccia genomica che caratterizza i rapporti fra le capre di queste due aree geografiche