

Struttura genetica delle varietà di Castagno della regione Lariana

• Marta Cavallini¹, Gianluca Lombardo¹, Claudio Cantini² & Giorgio Binelli¹

• 1 - Dipartimento di Biotecnologie e Scienze della Vita – Università degli Studi dell'Insubria; 2 - IBE-CNR – Follonica

VIII Convegno Nazionale del Castagno

14-16 Settembre 2022

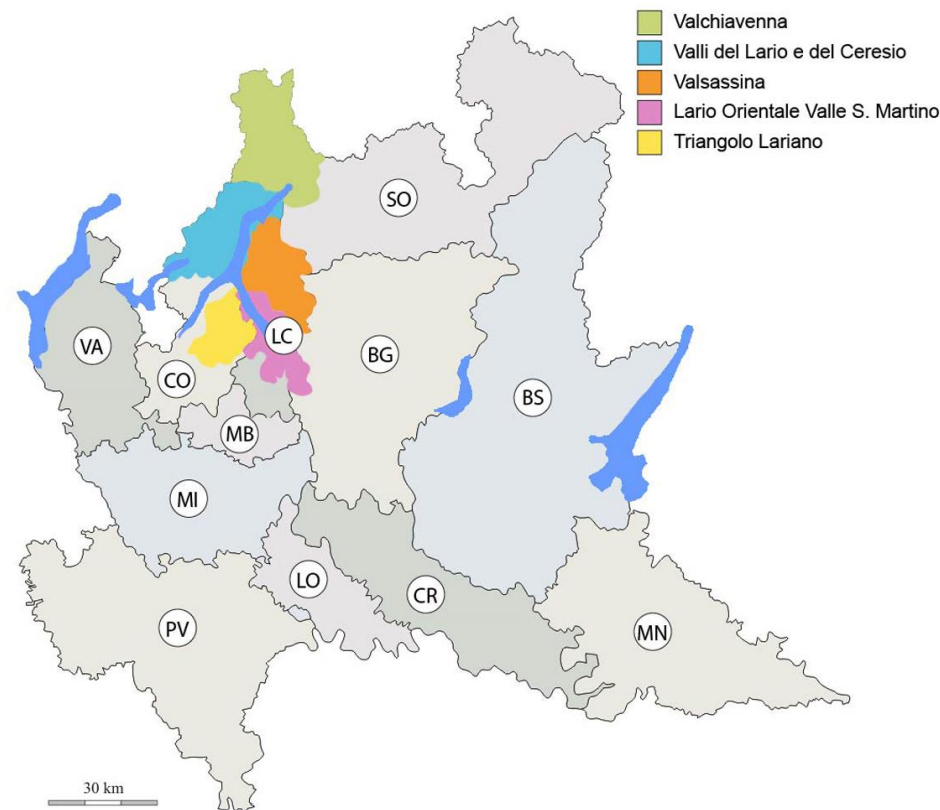
Portici - Napoli



COMUNITÀ MONTANA
VALLI DEL LARIO
E DEL CERESIO

Scopo del progetto di ricerca

- Determinazione della struttura genetica per varietà storiche di Castagno del Lario Orientale di interesse economico, paesaggistico e culturale.
- Analisi della storia demografica delle popolazioni per identificare variazioni avvenute nel passato.
- Realizzazione di schede di descrizione morfologica per le principali varietà di castagno autoctone.
- Pianificazione strategie di conservazione *in situ* delle risorse genetiche individuate.



Materiali e Metodi

- Estrazione DNA da 200 alberi utilizzando azoto liquido e kit di estrazione.
- Genotipizzazione di 96 campioni appartenenti a tre varietà utilizzando quattro marker della classe dei microsatelliti.
- Analisi dei dati con Genepop 4.7.5 e Genetix 4.05.2 per calcolare le *F-statistics* e stimare il livello e la distribuzione della variabilità genetica.
- Studio della struttura genetica delle popolazioni mediante l'approccio bayesiano implementato da STRUCTURE. Dati elaborati con Clumpak e Harvester.

Varietà	Localizzazione geografica
Marrone di Limonta	Triangolo Lariano
Bianchit	Triangolo Lariano
Agostana	Lario Orientale
Marronessa	Lario Orientale
Marrone di Perledo	Valsassina
Garavina	Valsassina
Gulpàt	Valchiavenna
Bunèla	Valchiavenna
Luina	Lario Settentrionale
Marronaia	Lario Settentrionale

Tab 1: Elenco delle varietà oggetto di indagine e localizzazione geografica.

Locus	Sequenze primer (5' → 3')	
	F	R
CsCAT3-TAMRA	F	CACTATTTTATCATGGACGG
	R	CGAATTGAGAGTTCATACTC
CsCAT6-HEX	F	AGTGCTCGTGGTCAGTGAG
	R	CAACTCTGCATGATAAC
CSCAT14-ROX	F	CGAGGTTGTTGTTTCATCATTAC
	R	GATCTCAAGTCAAAGGTGTC
CsCAT16-FAM	F	CTCCTTGACTTTGAAGTTGC
	R	CTGATCGAGAGTAATAAAG

Tab 2: Primer utilizzati per la genotipizzazione

Fig 1: Localizzazione geografica delle comunità montane

Risultati preliminari e Discussione

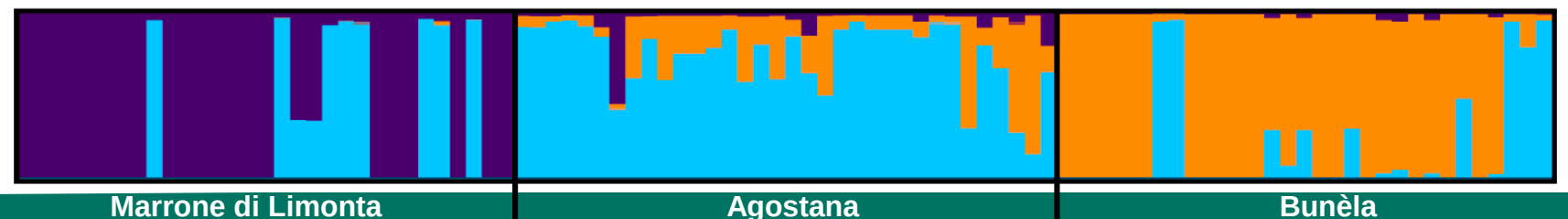
Locus	PIC	Varietà					
		Marrone Limonta		Agostana		Bunèla	
		H_e	F_{IS}	H_e	F_{IS}	H_e	F_{IS}
CsCAT3	0.845	0.743	-0.179	0.828	0.391	0.642	0.161
CsCAT6	0.742	0.618	-0.389	0.754	0.493	0.696	-0.207
CsCAT14	0.750	0.711	-0.301	0.753	-0.071	0.706	-0.219
CsCAT16	0.778	0.729	-0.313	0.750	-0.043	0.431	0.636
Media		0.700	-0.291	0.772	0.199	0.618	0.033

Tab 3. Variabilità genetica: Valori di eterozigosità attesa per ogni *locus* per ogni popolazione. Sono stati riportati anche i valori di F_{IS} per tutti i loci. I valori di F_{IS} in grassetto sono significativamente diversi da zero ($p \leq 0.05$), indicando che non sono all'equilibrio di Hardy-Weinberg.

	Cluster 1	Cluster 2	Cluster 3
Limonta	0.722	0.276	0.002
Agostana	0.049	0.757	0.199
Bunèla	0.007	0.209	0.784

Tab 4. Dati sulla proporzione di appartenenza delle varietà ai 3 *cluster* nel modello ADMIX.

Fig 2. Struttura delle popolazioni. Barplot per $K = 3$. Ogni colonna rappresenta il genoma di una singola pianta.



- Risultati preliminari ottenuti su tre varietà genotipizzate usando 4 SSR.
- Sono stati osservati alti livelli di variabilità genetica (Tab 3) come si può osservare dai valori di H_e che vanno da 0.618 a 0.772.
- Dai valori di F_{ST} (non riportati) e dall'Analisi delle Coordinate Principali (PCoA – Fig 3) si osserva differenziamento tra le popolazioni.
- Sono stati trovati tre *cluster* genetici ancestrali principali, da ciascuno dei quali proviene ciascuna popolazione (Tab 4).

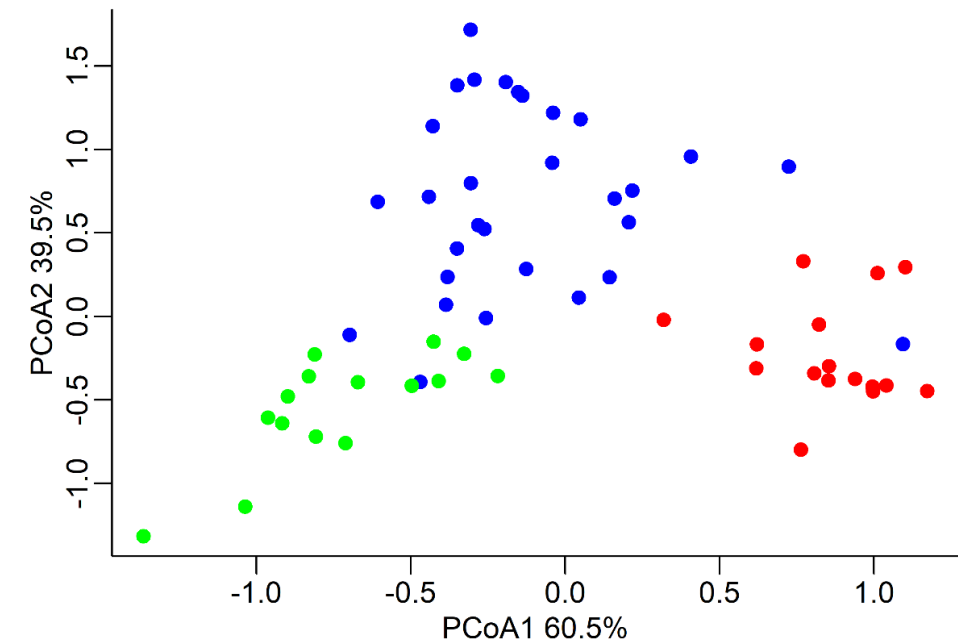


Fig 3. PCoA. Ogni pianta è rappresentata da un punto in uno spazio bidimensionale rappresentato dalle prime due PCo's. Rosso = Marrone di Limonta; Verde = Agostana; Blu = Bunèla.