

## CARATTERIZZAZIONE GENETICA

Gene	Capi	Alleli			Genotipi			
		e	E <sup>D1</sup>	E+	e/e	e/ E <sup>D1</sup>	e/E+	E+/E+
<b>MC1R</b>	70	69%	1%	30%	47%	1%	43%	9%

**Legenda:** Mutazioni nel gene MC1R determinano diversi alleli al locus Extension che determina il colore del mantello nei suini. Tra i principali alleli: E+ (allele selvatico o “wild type”) presente nel cinghiale europeo, E<sup>D1</sup> e E<sup>D2</sup> determinano il colore nero dominante del mantello (il primo di origine asiatica il secondo di origine europea), E<sup>P</sup> in genere presente nei suini con diverse pezzature del mantello o completamente bianchi, l'allele e recessivo determina il colore rosso del mantello.

## INBREEDING GENOMICO

Capi	FROH		ROH		N.	ROH (kb)	Lunghezza
	Media	d.s.	Media	d.s.			
182	0,41	0,08	75,87	8,96		13284,33	2642,91

**Legenda:** La consanguineità genomica è stata stimata individuando lunghe regioni genomiche omozigoti, dette Runs Homozygosity (ROH). Il coefficiente di consanguineità genomico, FROH, si basa sulla percentuale del genoma di ROH in un animale. Gli animali sono stati genotipizzati con pannello SNPChip 70 K.