

CARATTERIZZAZIONE GENETICA

Gene	Capi	Alleli		Genotipi		
		E ^{D1}	E ^{D2}	E ^{D1} /E ^{D1}	E ^{D1} /E ^{D2}	E ^{D2} /E ^{D2}
MC1R	96	4%	96%	0%	3%	97%
KIT dupl.break All.I2	29	3 capi con alleli duplicazione				
	N.	C	T	CC	CT	TT
RYR1	35	91%	9%	83%	17%	0%

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^{D1} e E^{D2} determinano il colore nero dominante del mantello (il primo di origine asiatica il secondo di origine europea), E^P in genere presente nei suini con diverse pezzature del mantello o completamente bianchi, l'allele e recessivo determina il colore rosso del mantello.
- Marcatore KIT con duplicazione CNV (Copy Number Variation), alleli con duplicazioni responsabili pezzature e mantelli bianchi.
- Mutazione del gene RYR1 recettore della rianodina (allele T) determina la sindrome dell'ipertermia maligna e le carni PSE (pallide soffici essudative).

INBREEDING GENOMICO

Capi	FROH		ROH N.		ROH (kb) Lunghezza	
	Media	d.s.	Media	d.s.	Media	d.s.
38	0,09	0,08	24,47	10,11	6634,15	4350,87

Legenda:

- Consanguineità genomica stimata individuando regioni genomiche omozigoti, dette Runs Homozygosity (ROH). Il coefficiente di consanguineità genomico, FROH, si basa sulla percentuale del genoma autosomico di ROH in un animale (somma ROH > 1000 kb). Gli animali sono stati genotipizzati con pannello SNPchip 70 K.