



**Servizio di Analisi**  
**Laboratorio di**  
**Genetica Molecolare Animale**

## Razza BRIANZOLO UNIMI

### Valutazione Variabilità GENETICA BIODIVERSITA'

Sono stati caratterizzati geneticamente 20 soggetti appartenenti alla razza di tacchini Brianzolo: 9 maschi e 11 femmine.

Sono stati inizialmente analizzati 19 marcatori, di cui 11 scartati a causa della percentuale troppo elevata di dati mancanti. I risultati dell'analisi dei restanti 8 marcatori mostrano la presenza di 17 alleli con un polimorfismo del 50% (4 loci risultano monomorfi). Tutti i loci risultano in equilibrio. Il numero medio di alleli è 2,8 e quello effettivo 1,5; l'eterozigosi osservata risulta essere 27,9. Nella tabella 1 si riportano i valori medi degli indici di variabilità.

Pop		N	Na	Ne	I	Ho	He	uHe	F
Brianzoli	Mean	19,875	2,750	1,508	0,466	0,279	0,250	0,256	-0,114
	SE	0,125	0,796	0,199	0,182	0,111	0,095	0,098	0,084

Tabella 1: Valori medi degli indici di variabilità:

**N**= numero dei soggetti; **Na**= numero di alleli per locus; **Ne**= ricchezza allelica; **I**= indice di Shannon (indice di strutturazione della popolazione); **Ho**= eterozigosi osservata; **He**= eterozigosi attesa; **uHe**= eterozigosi corretta; **F**= indice di consanguineità

Per ciascun locus analizzato, sono state calcolate le frequenze alleliche (Tabella 2) e quelle genotipiche (grafico della Figura 1).

Locus	Allele	Freq	Locus	Allele	Freq
ADL268	N	20	MCW69	N	20
	94	1,000		158	0,750
LEI258	N	20		160	0,025
	308	1,000		162	0,025
MCW216	N	20		164	0,125
	138	0,625		166	0,025
	146	0,200	172	0,050	
	148	0,150	MCW98	N	20
	150	0,025		226	0,450
MCW206	N	20	230	0,550	
MCW81	N	20			
	113	1,000			
MCW295	N	19			
	85	0,053			
	87	0,658			
	89	0,079			
	91	0,132			
	97	0,026			
	99	0,053			

Tabella 2: frequenze alleliche

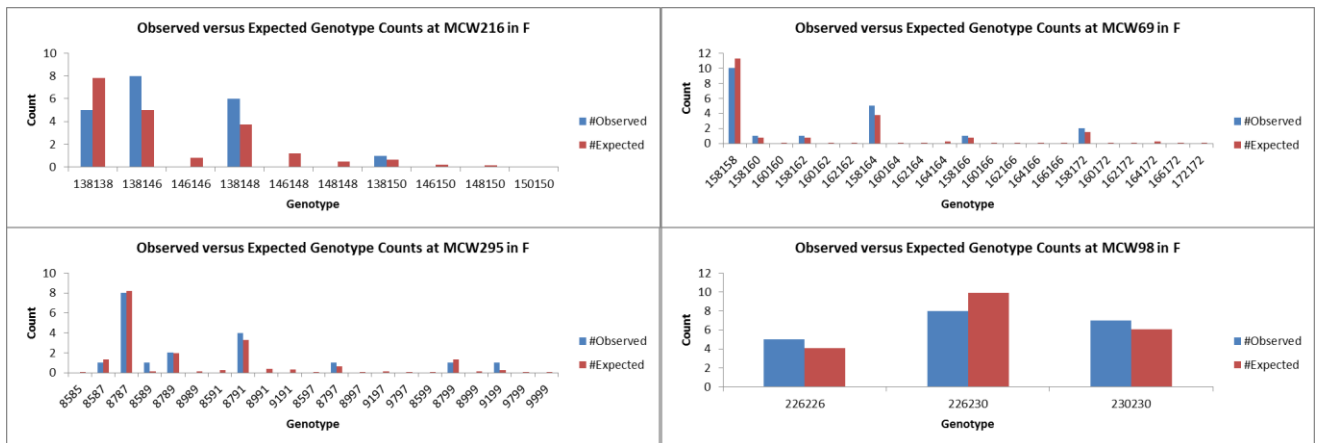


Figura 1: frequenze genotipiche

## Valutazione CONSANGUINEITA'

Come stima della consanguineità è stata analizzata l'**eterozigosi media osservata** ( $H_o=0,28$ ), riportata nel grafico sottostante, insieme alla mediana, deviazione standard (SD), errore standard (SE), valore massimo e minimo; i valori di media e mediana sono molto simili.

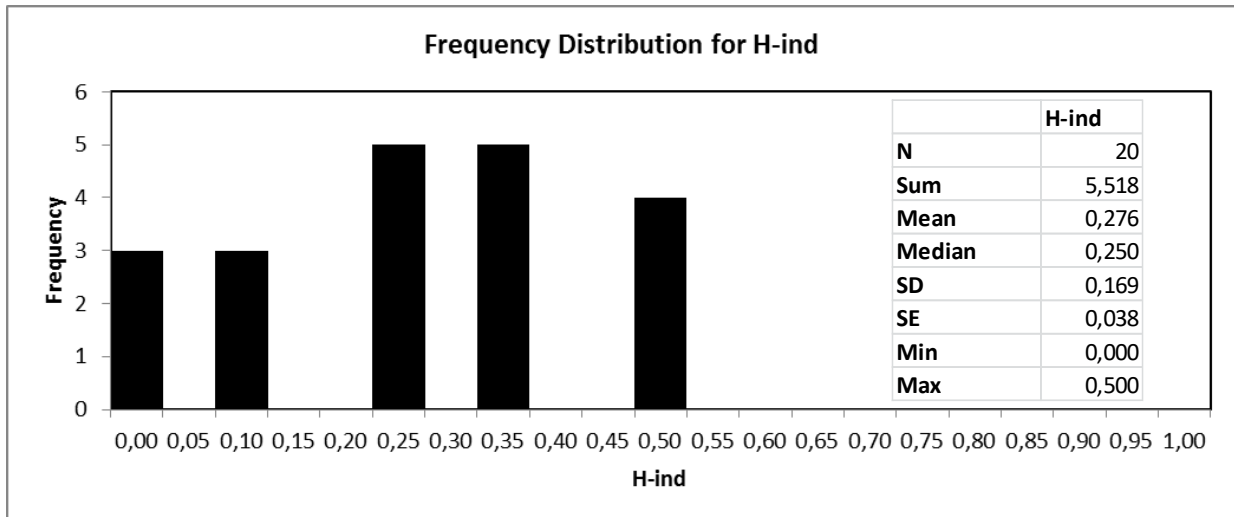


Figura 2: distribuzione della consanguineità molecolare individuale (H-ind)

Il grafico nella Figura 2 mostra la distribuzione della consanguineità molecolare individuale (H-ind) nella popolazione analizzata. La distribuzione complessiva segue un andamento a campana con spostamento della distribuzione verso sinistra (valori mediamente bassi di variabilità individuale).

# Struttura genetica della popolazione

---

I profili genetici dei soggetti analizzati sono stati utilizzati per lo studio della struttura genetica della popolazione. La matrice di distanza è stata calcolata utilizzando la parentela molecolare in termini di alleli condivisi. L'analisi delle componenti principali evidenzia la variabilità genetica esistente nel gruppo campionato. Il grafico nella Figura 3 illustra la distribuzione dei soggetti in termini di diversità genetica: i soggetti più simili sono vicini nel grafico e quelli più distanti geneticamente sono lontani. La rappresentazione grafica ad albero delle distanze genetiche (Figura 4) mette in evidenza l'esistenza di 4 linee familiari.

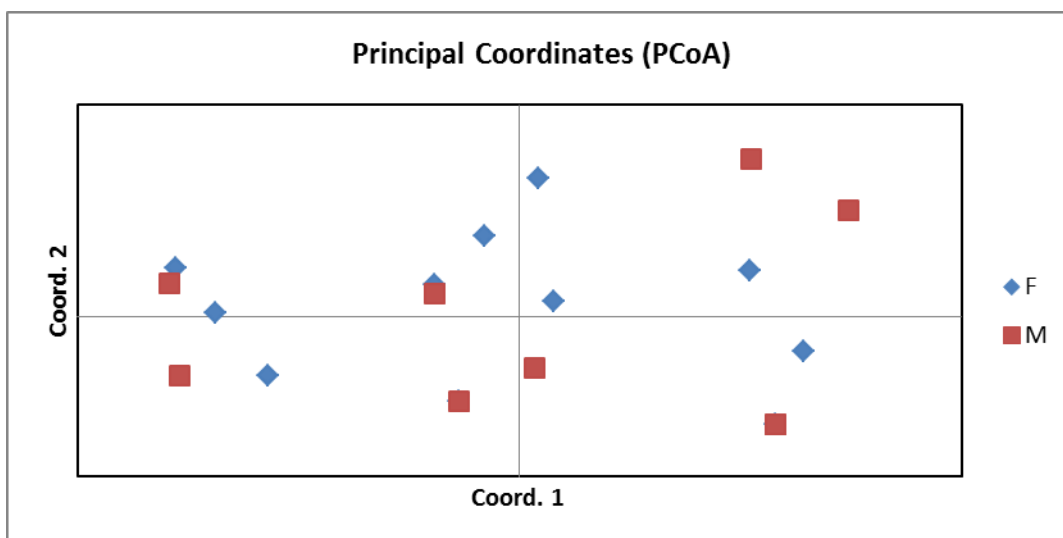


Figura 1: distribuzione dei soggetti in termini di diversità genetica:  
VAL M=maschi; VALB F=femmine.

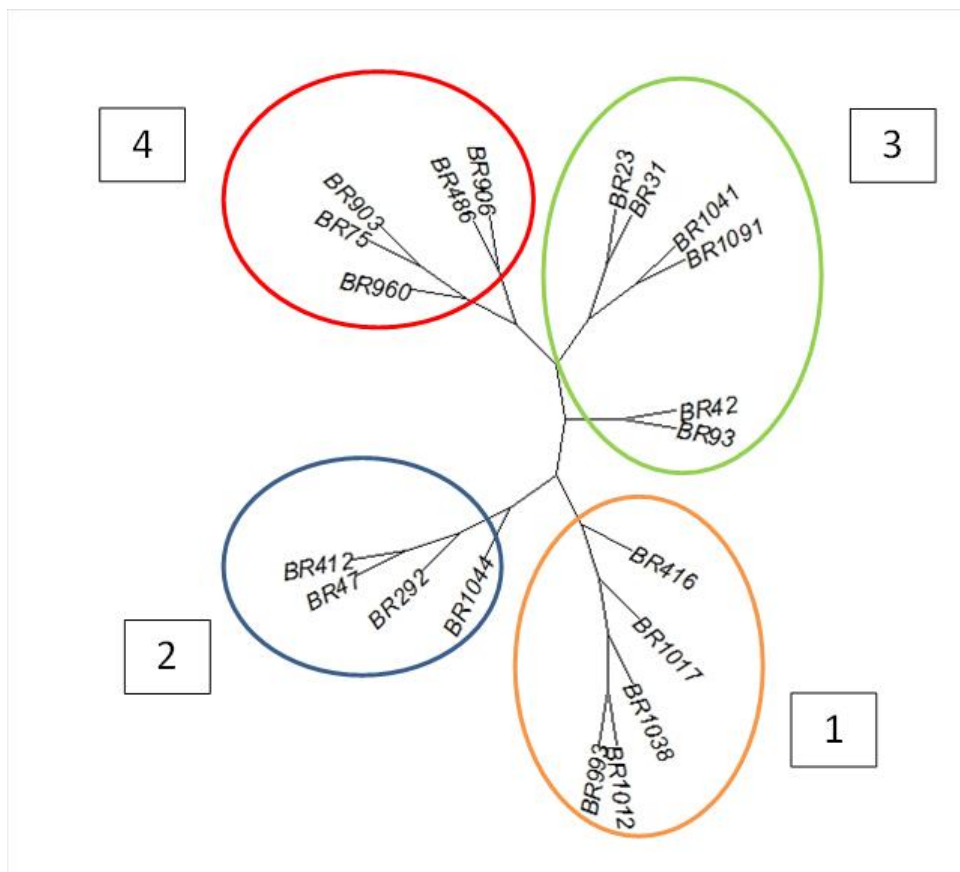
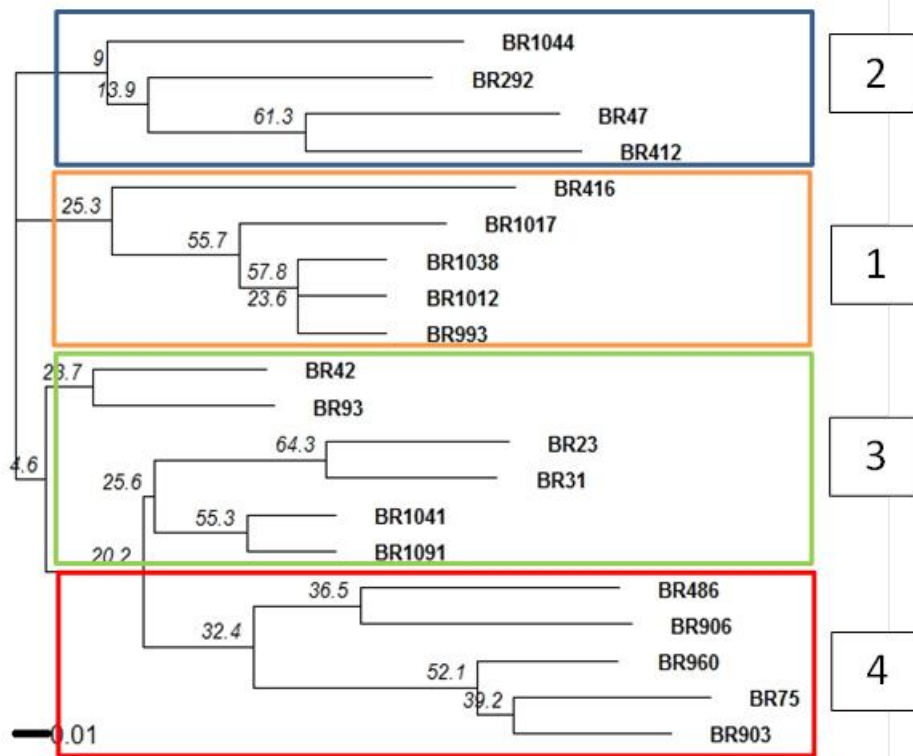


Figura 2: rappresentazione grafica delle distanze genetiche

## INDICI di Variabilità

Per ciascun individuo, sono stati definiti l'indice di variabilità individuale (H-ind) e l'indice di parentela media (P) (Tabella 3).

Sample	H-ind	P	FAM	SESSO
BR1017	0,13	0,76	1	F
BR993	0,00	0,78	1	F
BR1044	0,50	0,73	2	F
BR292	0,50	0,75	2	F
BR412	0,38	0,72	2	F
BR31	0,50	0,76	3	F
BR93	0,38	0,79	3	F
BR1091	0,25	0,80	3	F
BR903	0,38	0,73	4	F
BR906	0,13	0,75	4	F
BR960	0,25	0,75	4	F
BR416	0,14	0,81	1	M
BR1012	0,00	0,78	1	M
BR1038	0,00	0,78	1	M
BR47	0,38	0,72	2	M
BR42	0,25	0,80	3	M
BR23	0,50	0,76	3	M
BR1041	0,25	0,80	3	M
BR75	0,38	0,72	4	M
BR486	0,25	0,75	4	M

Tabella 3: indici di variabilità individuale e indici di parentela media per ciascun individuo:

**H-ind**= indice di Variabilità Genetica individuale (eterozigosi individuale), varia da 0 a 1. Valori alti indicano una più alta variabilità genetica del soggetto e sono preferibili nella scelta dei riproduttori.

**P**= indice di Parentela Media, varia da 0 a 1. Valori alti indicano un elevato grado di parentela del soggetto con gli altri soggetti appartenenti alla stessa razza. Nella scelta dei riproduttori sarebbero da preferire valori più bassi di P.

**FAM**= identificativo della linea genetica familiare.

La parentela media della popolazione risulta essere 0,76 (SE=0,01; SD=0,03). Per ciascuna linea familiare è stata calcolata la parentela media tra soggetti (Tabella 4).

F1	F2	F3	F4
0,90	0,80	0,85	0,81

Tabella 4: parentela media tra soggetti per ciascuna linea familiare

# Piano di Accoppiamento

---

## Scelta femmine

Per i piani di accoppiamento sono stati usati l'indice di variabilità individuale (H-ind) e l'indice di parentela (P) medio rispetto a tutti i soggetti analizzati. I soggetti con H-ind più elevato permettono di conservare una variabilità genetica maggiore mentre quelli con P più bassi permettono di contenere l'incremento di consanguineità. Le femmine dovrebbero essere selezionate sulla base dell'indice H-ind per massimizzare la conservazione della variabilità genetica ma il numero esiguo per linea familiare non ha permesso la selezione.

## Scelta maschi

Per i maschi sono state calcolate le parentele medie con le femmine di ciascuna linea familiare (Tabella 5).

	<b>Fam</b>	<b>Sex</b>	<b>F1</b>	<b>F2</b>	<b>F3</b>	<b>F4</b>
BR416	1	M	0,88	0,81	0,81	0,71
BR1012	1	M	0,92	0,69	0,78	0,69
BR1038	1	M	0,92	0,69	0,78	0,69
BR47	2	M	0,72	0,80	0,70	0,65
BR42	3	M	0,81	0,74	0,85	0,72
BR23	3	M	0,69	0,74	0,81	0,72
BR1041	3	M	0,81	0,70	0,87	0,76
BR75	4	M	0,61	0,70	0,72	0,83
BR486	4	M	0,69	0,65	0,78	0,80

*Tabella 5: parentele medie dei maschi calcolate con le femmine di ciascuna linea familiare*

Gli accoppiamenti sono stati proposti sulla base dei contributi ottimali, minimizzando la parentela tra i riproduttori: il gruppo femmine è stato formato tenendo in considerazione le famiglie identificate, mentre i maschi sono stati selezionati tenendo in considerazione l'indice H-ind e la parentela familiare mediante il calcolo dell'indice di conservazione (IC). In rosso i soggetti che presentano un IC inferiore alla media ed in verde i maschi da accoppiare con le rispettive famiglie (Tabella 6).

Sample	Fam	H-indiv	P1	P2	P3	P4	IC%1	IC%2	IC%3	IC%4
BR416	1	0,14	0,88	0,81	0,81	0,71	-0,26	-0,08	-0,08	0,21
BR1012	1	0,00	0,92	0,69	0,78	0,69	-0,37	0,27	0,01	0,27
BR1038	1	0,00	0,92	0,69	0,78	0,69	-0,37	0,27	0,01	0,27
BR47	2	0,38	0,72	0,80	0,70	0,65	0,17	-0,04	0,22	0,37
BR42	3	0,25	0,81	0,74	0,85	0,72	-0,06	0,12	-0,19	0,17
BR23	3	0,50	0,69	0,74	0,81	0,72	0,24	0,12	-0,09	0,17
BR1041	3	0,25	0,81	0,70	0,87	0,76	-0,06	0,22	-0,24	0,06
BR75	4	0,38	0,61	0,70	0,72	0,83	0,48	0,22	0,17	-0,14
BR486	4	0,25	0,69	0,65	0,78	0,80	0,24	0,37	0,01	-0,04

Tabella 6: accoppiamenti proposti sulla base dei contributi ottimali.

IC= indice di conservazione; IC%= indice di conservazione basato sulla parentela media familiare