



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

## Razza MODENESE UNIMI

# Valutazione Variabilità GENETICA BIODIVERSITA'

Sono stati caratterizzati geneticamente 23 soggetti appartenenti alla razza Milanino: 9 maschi e 14 femmine.

I risultati dell'analisi di 26 marcatori mostrano la presenza di 76 alleli con un polimorfismo del 92,3% (2 loci risultano monomorfi). Il 16,7% dei loci risultano non in equilibrio (4 su 24). Il numero medio di alleli è 2,7 e quello effettivo 1,9; l'eterozigosi osservata risulta essere 41,1. Nella tabella 1 si riportano i valori medi degli indici di variabilità.

POP		N	Na	Ne	I	Ho	He	uHe	F
Modenesi	Mean	11,327	2,731	1,975	0,718	0,411	0,431	0,452	0,034
	SE	0,337	0,138	0,091	0,050	0,032	0,029	0,030	0,036

*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	Locus	Allele	Freq	Locus	Allele	Freq
ADL0278	N	23	MCW0222	N	23	LEI0166	N	23	MCW0111	N	23
	113	0,283		220	0,043		356	0,500		96	0,043
	119	0,087		222	0,696		360	0,435		98	0,587
	121	0,630		224	0,261		366	0,065		100	0,087
LEI094	N	23	MCW0248	N	23	LEI0192	N	23		106	0,283
	261	0,783		215	1,000		255	0,500	MCW0183	N	23
	263	0,043	MCW037	N	23		267	0,478		296	0,978
	285	0,174		154	0,413		271	0,022		310	0,022
MCW014	N	19		155	0,022	LEI0228	N	21	MCW0216	N	22
	180	1,000		156	0,565		163	0,405		143	0,273
MCW016	N	23	MCW067	N	23		197	0,214		145	0,614
	172	0,022		174	0,543		213	0,262		147	0,114
	174	0,304		176	0,109		237	0,119	MCW034	N	23
	178	0,674		180	0,348	LEI0258	N	23		220	0,065
MCW0165	N	23	MCW081	N	23		249	0,022		224	0,196
	111	0,435		108	0,696		261	0,022		230	0,022
	113	0,043		110	0,261		297	0,022		232	0,717
	115	0,522		118	0,043		311	0,783	MCW069	N	23
MCW020	N	23	PAX7	N	23		381	0,130		158	0,261
	179	0,348		253	0,500		383	0,022		164	0,196
	181	0,326		283	0,435	MCW0104	N	22		168	0,478
	183	0,239		315	0,065		190	0,023		174	0,065
	185	0,087	ADL0112	N	22		196	0,386	MCW078	N	23
MCW0206	N	23		126	0,750		206	0,318		135	0,413
	223	0,022		130	0,250		210	0,045		139	0,587
	231	0,978	ADL0268	N	23		222	0,227			
				110	0,543						
				114	0,457						

Tabella 2: frequenze alleliche



## Valutazione CONSANGUINEITA'

Come stima della consanguineità è stata analizzata l'**eterozigosi media osservata** ( $H_o=0,41$ ), 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.

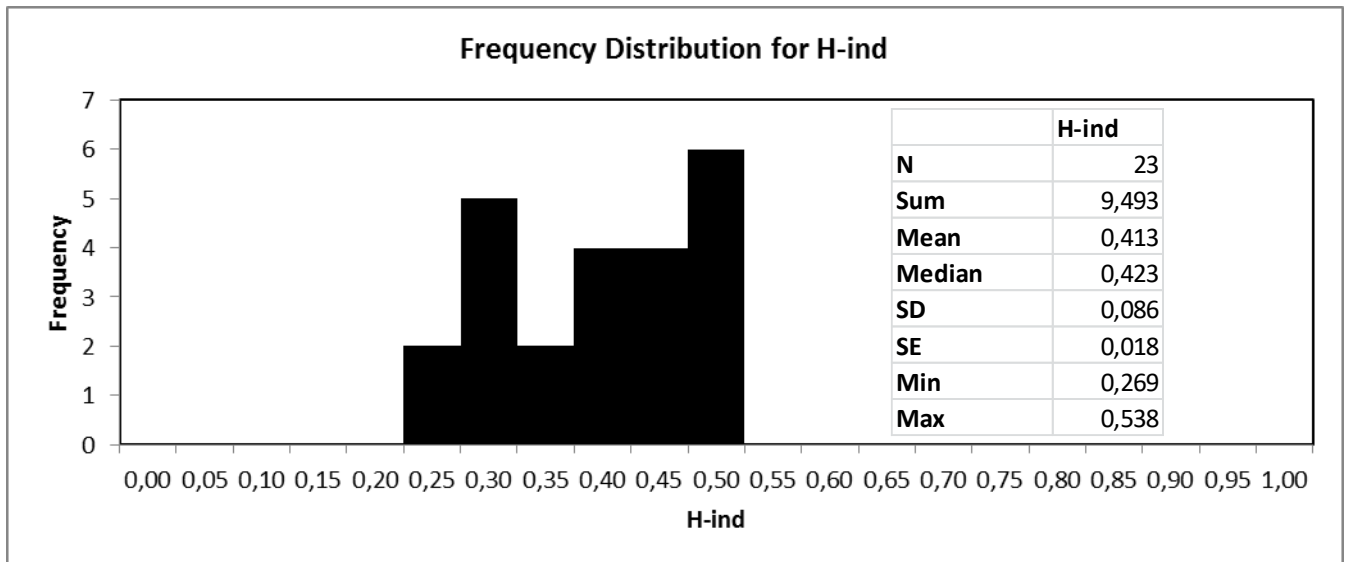


Figura 2: distribuzione della consanguineità molecolare individuale (H-ind)

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 destra (valori mediamente alti 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. Nella rappresentazione grafica ad albero delle distanze genetiche, è possibile identificare 3 gruppi genetici (Figura 4).

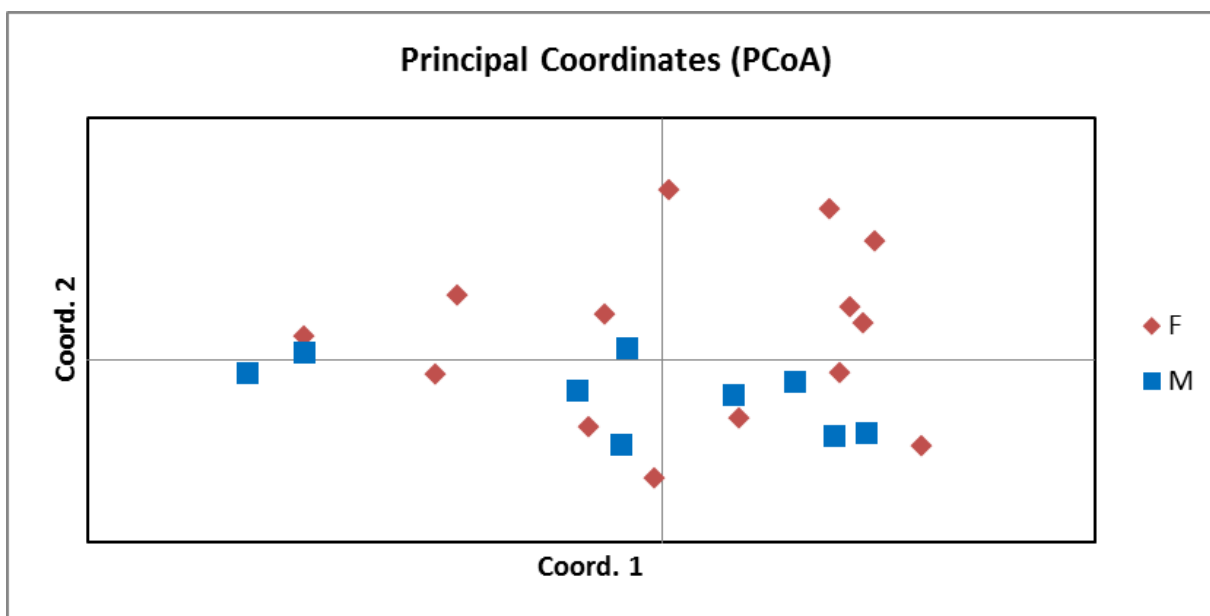


Figura 1: distribuzione dei soggetti in termini di diversità genetica:  
M=maschi; F=femmine.

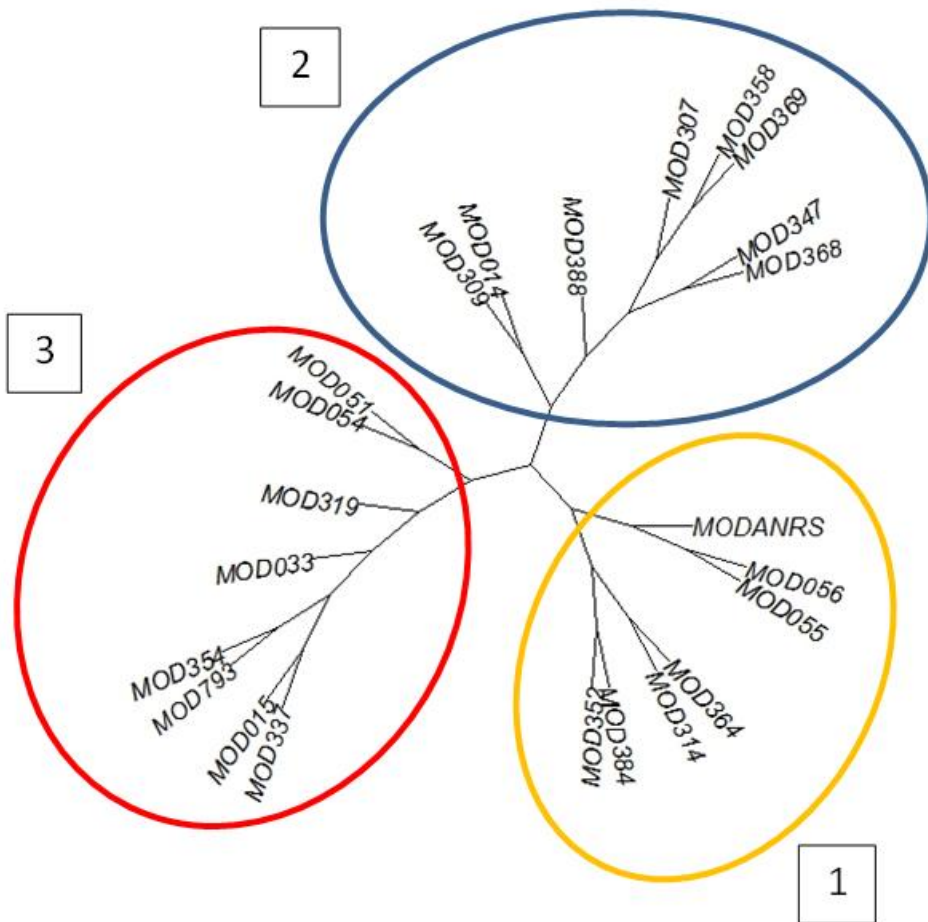
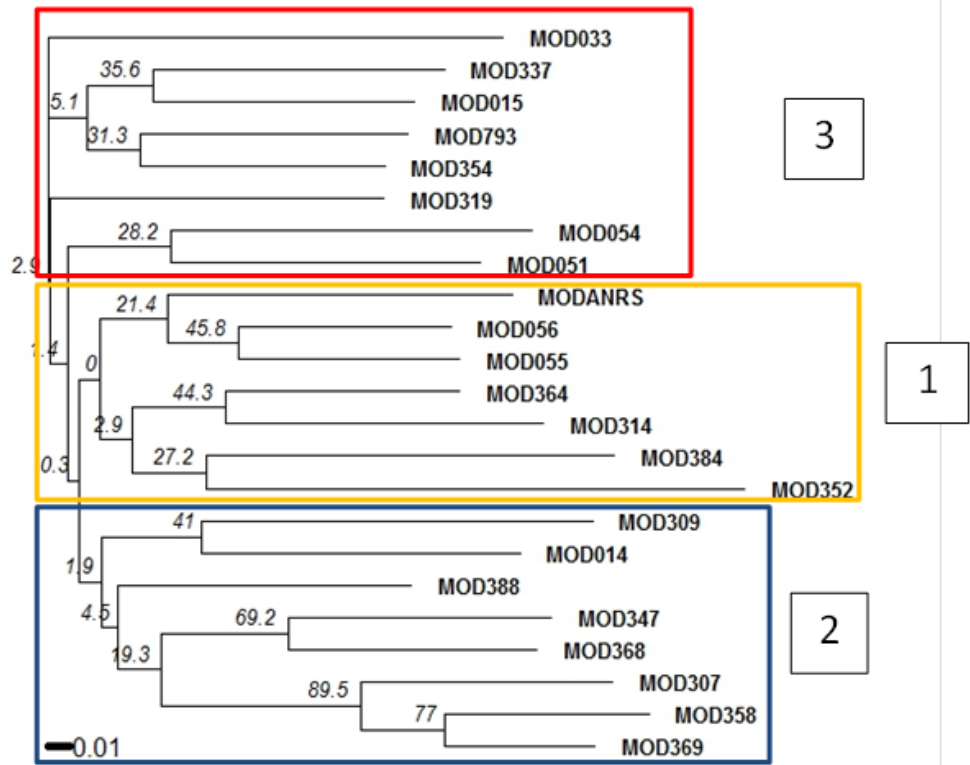


Figura 2: rappresentazione grafica delle distanze genetiche

## 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	Sample	H-ind	P	FAM	SESSO
MOD314	0,40	0,61	1	F	MOD055	0,54	0,63	1	M
MOD352	0,48	0,54	1	F	MOD056	0,50	0,64	1	M
MOD384	0,50	0,58	1	F	MOD364	0,31	0,64	1	M
MODANRS	0,46	0,61	1	F	MOD307	0,35	0,60	2	M
MOD014	0,50	0,61	2	F	MOD309	0,31	0,58	2	M
MOD368	0,38	0,62	2	F	MOD347	0,38	0,61	2	M
MOD369	0,27	0,61	2	F	MOD358	0,42	0,58	2	M
MOD015	0,46	0,64	3	F	MOD388	0,50	0,66	2	M
MOD033	0,54	0,58	3	F	MOD319	0,46	0,64	3	M
MOD051	0,27	0,62	3	F					
MOD054	0,31	0,58	3	F					
MOD337	0,43	0,64	3	F					
MOD354	0,32	0,63	3	F					
MOD793	0,40	0,63	3	F					

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 0,61 (SE=0,01; SD=0,03). Per ciascuna linea familiare è stato calcolata la parentela media tra soggetti (Tabella 4).

F1	F2	F3
0,62	0,63	0,58

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).

Sample	Fam	Sex	F1	F2	F3
MOD055	1	M	0,59	0,57	0,61
MOD056	1	M	0,59	0,56	0,64
MOD364	1	M	0,64	0,60	0,59
MOD307	2	M	0,55	0,64	0,53
MOD309	2	M	0,49	0,59	0,56
MOD347	2	M	0,55	0,65	0,55
MOD358	2	M	0,56	0,64	0,52
MOD388	2	M	0,58	0,64	0,66
MOD319	3	M	0,59	0,59	0,65

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 la famiglia 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. In verde i maschi da accoppiare con le rispettive famiglie (Tabella 6).

Sample	FAM	H-ind	F1	F2	F3	IC%1	IC%2	IC%3
MOD055	1	0,54	0,59	0,57	0,61	-0,03	-0,01	-0,06
MOD056	1	0,50	0,59	0,56	0,64	-0,03	0,00	-0,08
MOD364	1	0,31	0,64	0,60	0,59	-0,08	-0,04	-0,03
MOD307	2	0,35	0,55	0,64	0,53	0,01	-0,08	0,03
MOD309	2	0,31	0,49	0,59	0,56	0,07	-0,03	0,00
MOD347	2	0,38	0,55	0,65	0,55	0,01	-0,09	0,01
MOD358	2	0,42	0,56	0,64	0,52	0,00	-0,08	0,05
MOD388	2	0,50	0,58	0,64	0,66	-0,02	-0,08	-0,10
MOD319	3	0,46	0,59	0,59	0,65	-0,03	-0,03	-0,09

Tabella 6: accoppiamenti proposti sulla base dei contributi ottimali.

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