



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									
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.

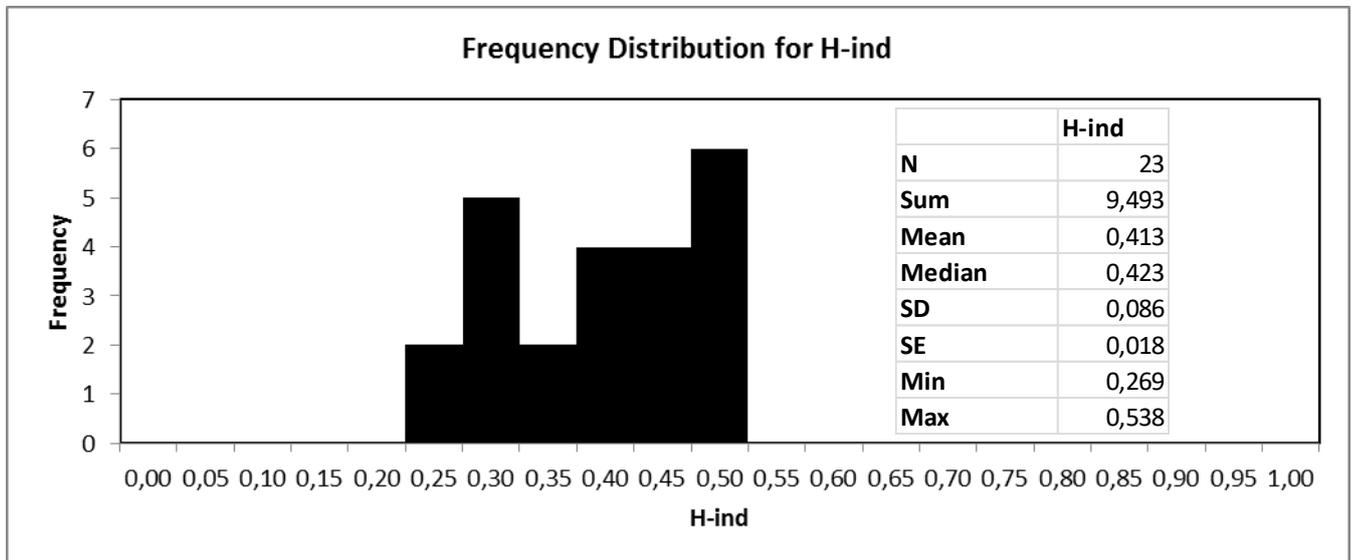


Figura 2: distribuzione della consanguineità molecolare individuale (H-ind)

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).

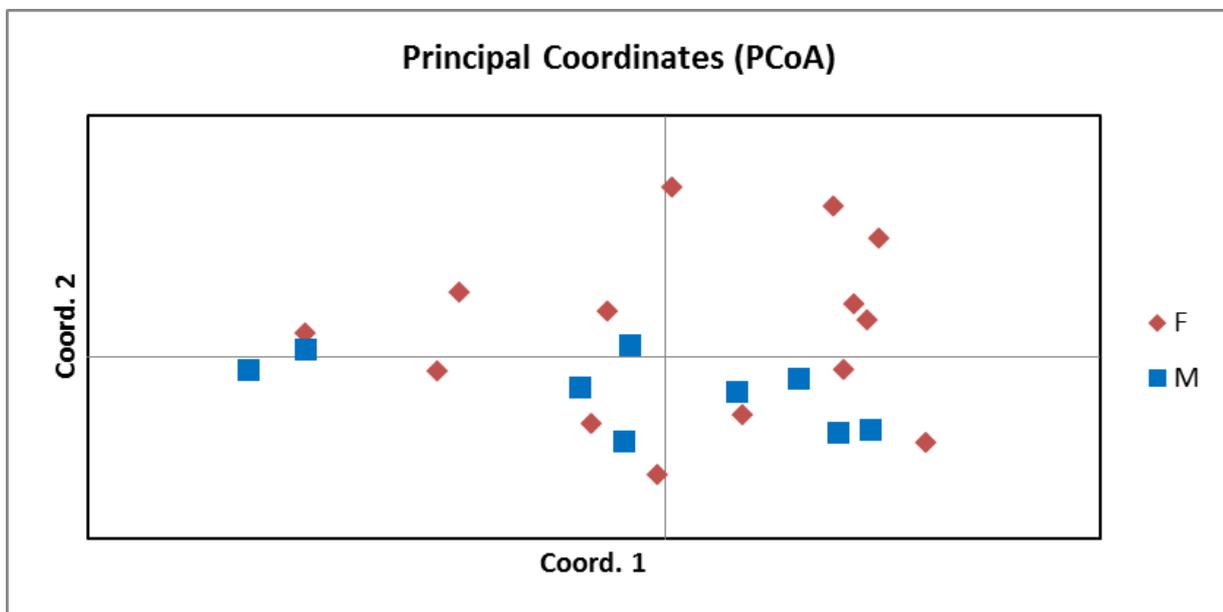


Figura 1: distribuzione dei soggetti in termini di diversità genetica:
M=maschi; F=femmine.

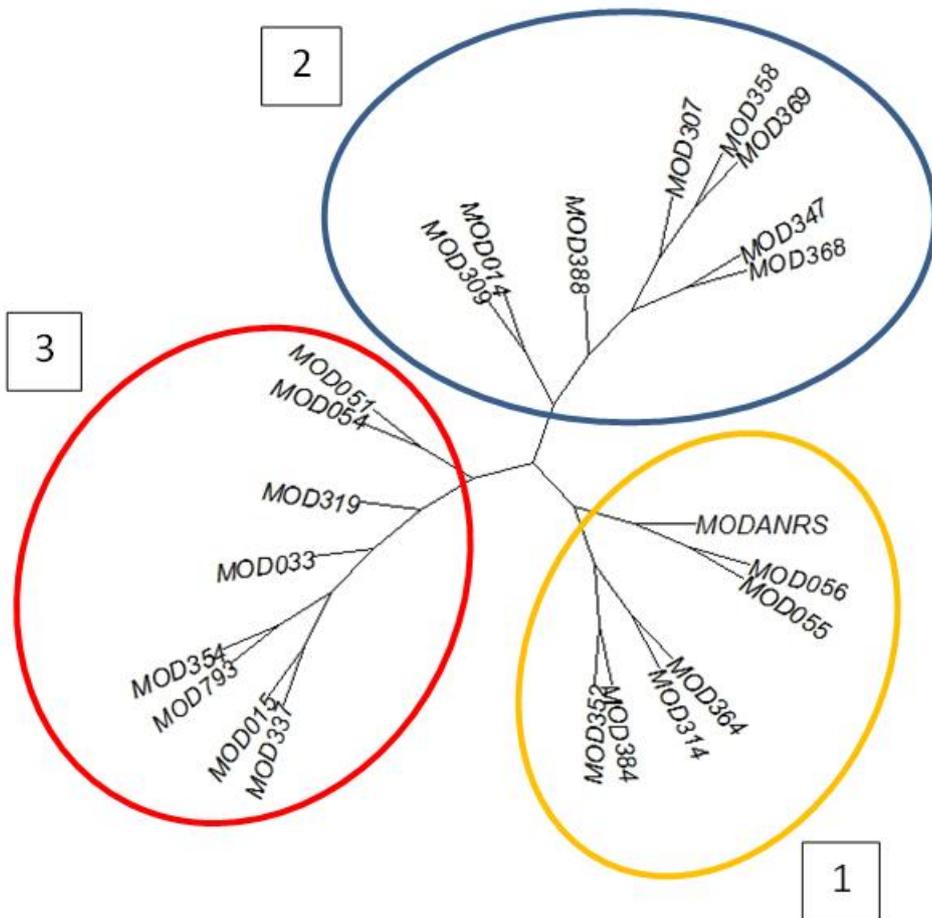
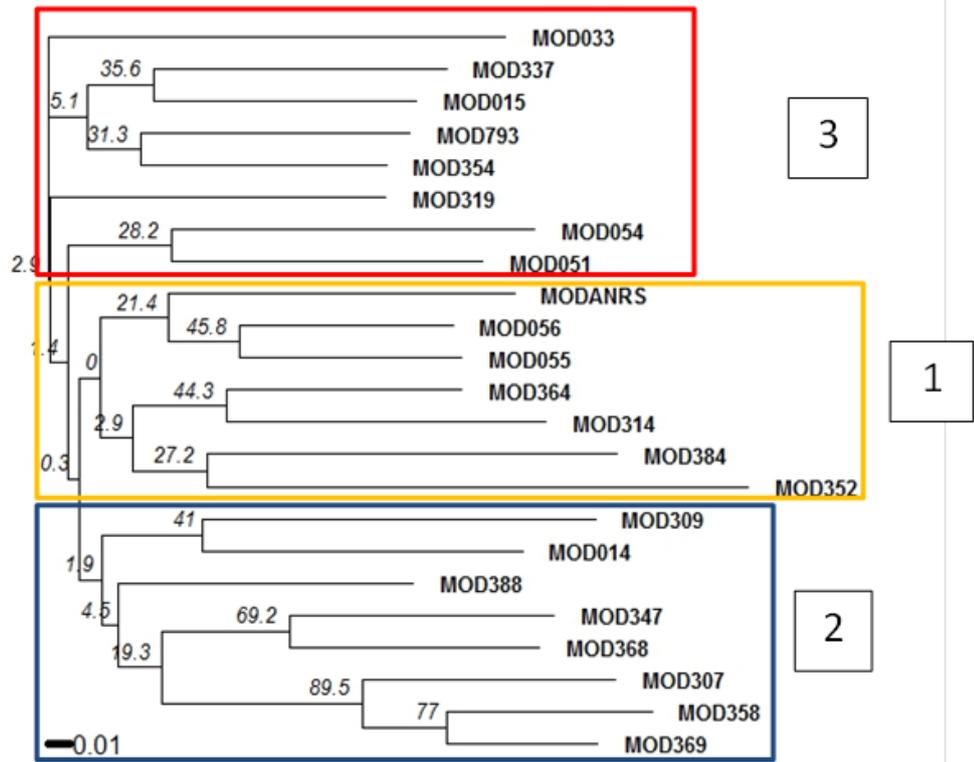


Figura 2: rappresentazione grafica delle distanze genetiche

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