



## Servizio di Analisi Laboratorio di Genetica Molecolare Animale

# SICILIANA UNIMOL 2023

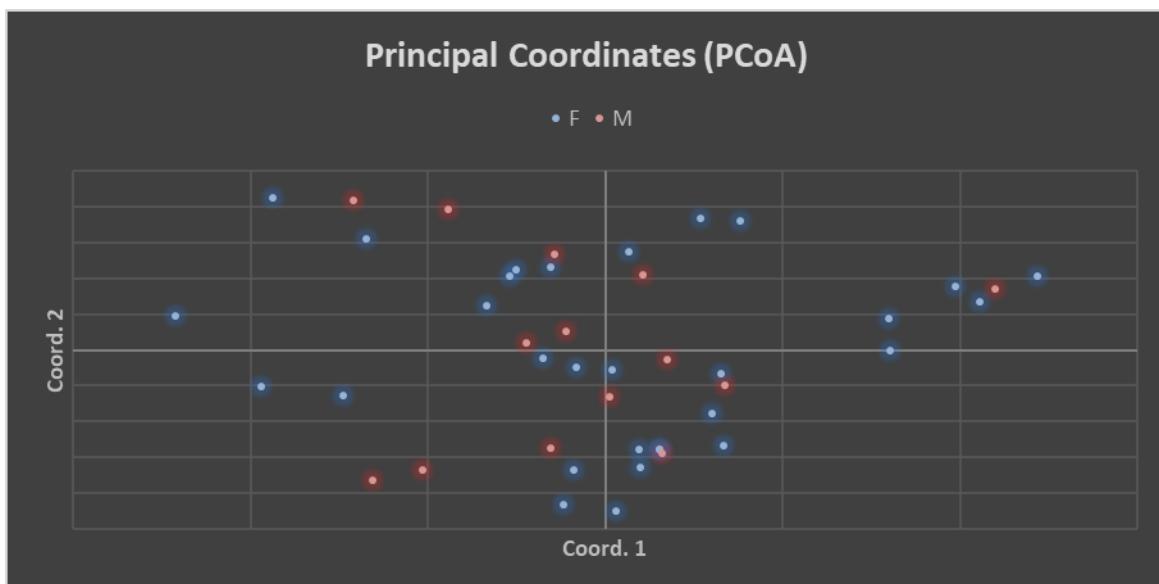
## Valutazione Variabilità GENETICA

Sono stati caratterizzati geneticamente 44 soggetti appartenenti alla razza SICILIANA: 30 femmine e 14 maschi

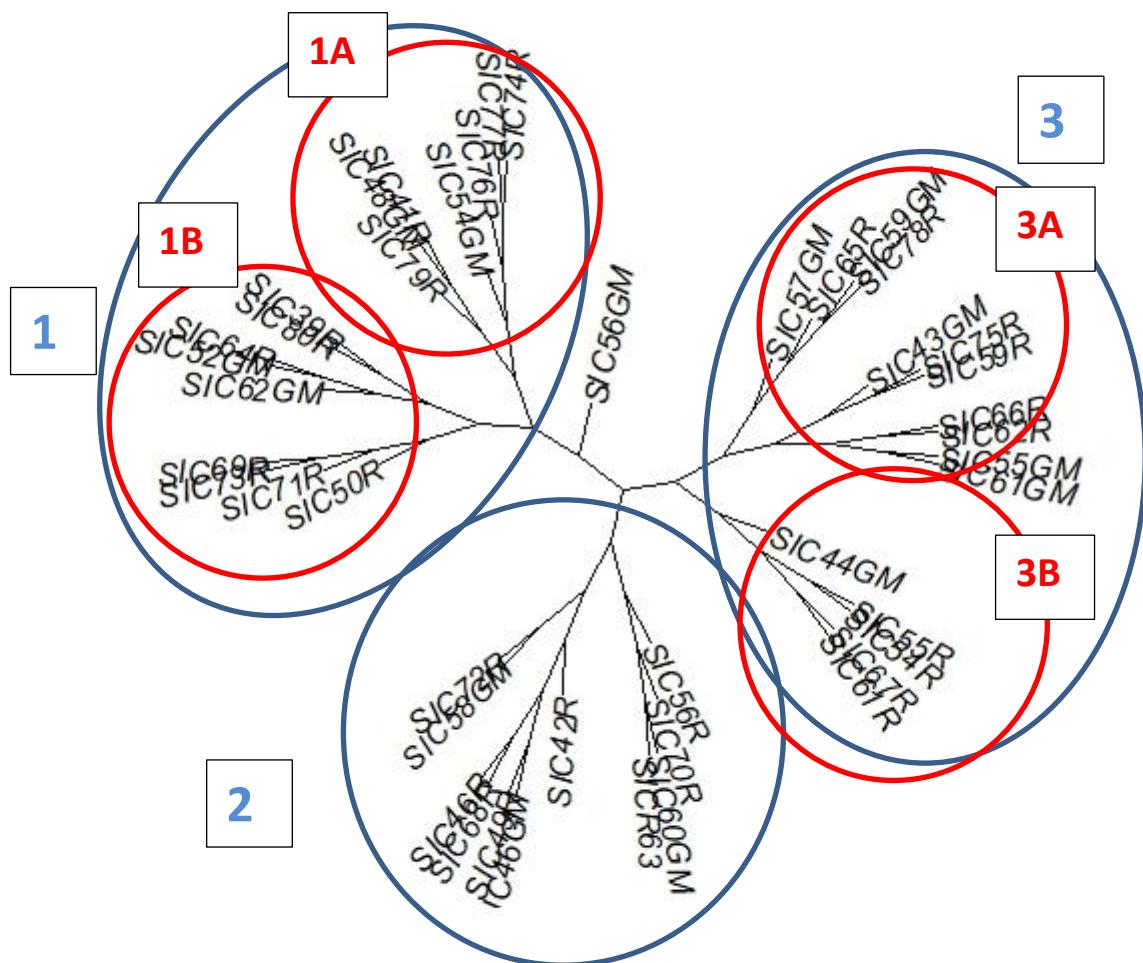
I risultati della caratterizzazione genetica con i marcatori microsatelliti sono riportati nella tabella sottostante.

	N	Na	Ne	I	Ho	He	uHe	F
<b>Mean</b>	44,00	3,19	2,26	0,82	0,44	0,46	0,46	0,03
<b>SE</b>	0,00	0,28	0,24	0,09	0,05	0,04	0,04	0,04

L'analisi delle componenti principali evidenzia la variabilità genetica esistente nel gruppo campionario. Il grafico 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).



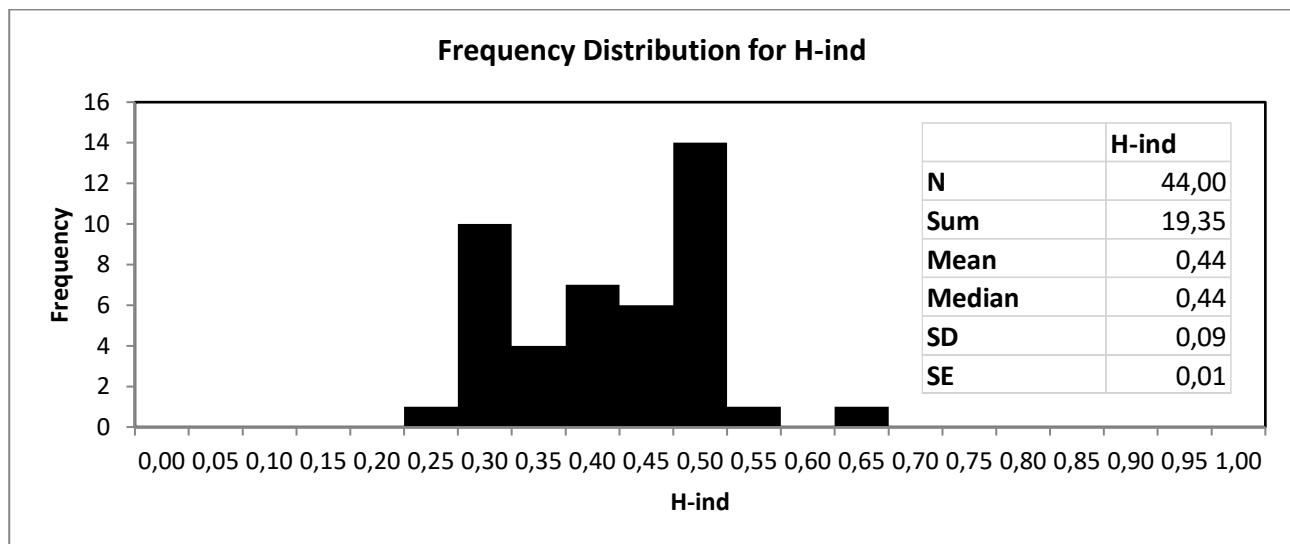
Dalla rappresentazione delle distanze genetiche è possibile separare i soggetti in tre gruppi. I gruppi 1 e 3 possono essere divisi in 2 sottogruppi (A e B)



# Valutazione CONSANGUINEITA'

Come stima della consanguineità è stata analizzata l'**eterozigosi media osservata** ( $H_o=0.44$ ), 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.

Il grafico mostra la distribuzione della consanguineità molecolare individuale (Hind) nella popolazione analizzata. La distribuzione complessiva non segue un andamento a campana, con valori che vanno da 0,25 a 0,65 anche se è possibile vedere frequenze elevate per i valori 0,30 (alta consanguineità) e 0,50 ; la media e la mediana hanno un valore di 0,44.



# INDICI di Variabilità

---

Per i piani di accoppiamento sono stati stimati l'indice di variabilità individuale (H-ind) e l'indice di parentela (P) medio rispetto a tutti i soggetti analizzati alla tre famiglie identificate. 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.

**H-ind**= indice di Variabilità Genetica 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 di riproduttori sarebbe da preferire valori più bassi di P

Sample	SEX	FAM	N Loci	N Hets	H-indiv	P	Pf1	Pf2	Pf3
SIC39R	F	1	26	13	0,50	0,61	0,66	0,58	0,60
SIC41R	F	1	26	14	0,54	0,61	0,62	0,57	0,62
SIC50R	F	1	26	12	0,46	0,59	0,62	0,58	0,58
SIC64R	F	1	26	11	0,42	0,56	0,64	0,52	0,49
SIC69R	F	1	26	8	0,31	0,56	0,63	0,50	0,53
SIC71R	F	1	26	14	0,54	0,60	0,63	0,55	0,61
SIC73R	F	1	26	11	0,42	0,57	0,61	0,52	0,58
SIC74R	F	1	26	8	0,31	0,54	0,60	0,50	0,53
SIC76R	F	1	26	11	0,42	0,56	0,56	0,62	0,54
SIC77R	F	1	26	14	0,54	0,57	0,61	0,52	0,57
SIC79R	F	1	26	13	0,50	0,58	0,59	0,56	0,58
SIC80R	F	1	26	17	0,65	0,59	0,60	0,59	0,61
SIC42R	F	2	26	10	0,38	0,56	0,51	0,65	0,57
SIC46R	F	2	26	12	0,46	0,58	0,52	0,71	0,61
SIC49R	F	2	26	8	0,31	0,57	0,52	0,68	0,58
SIC56R	F	2	26	12	0,46	0,58	0,57	0,63	0,56
SIC68R	F	2	26	9	0,35	0,59	0,53	0,70	0,60
SIC70R	F	2	26	12	0,46	0,61	0,54	0,64	0,66
SIC72R	F	2	26	15	0,58	0,61	0,63	0,62	0,60
SICR63	F	2	26	14	0,54	0,61	0,57	0,62	0,65
SIC54R	F	3	26	14	0,54	0,59	0,56	0,57	0,69
SIC55R	F	3	26	14	0,54	0,59	0,56	0,57	0,69
SIC59R	F	3	26	13	0,50	0,61	0,56	0,62	0,66
SIC61R	F	3	26	8	0,31	0,60	0,56	0,64	0,66
SIC62R	F	3	26	12	0,46	0,58	0,53	0,55	0,67
SIC65R	F	3	26	10	0,38	0,60	0,56	0,57	0,66
SIC66R	F	3	26	11	0,42	0,63	0,58	0,61	0,70
SIC67R	F	3	26	7	0,27	0,63	0,60	0,62	0,71
SIC75R	F	3	26	8	0,31	0,63	0,58	0,66	0,70
SIC78R	F	3	26	9	0,35	0,64	0,60	0,62	0,69
SIC48GM	M	1	26	14	0,54	0,60	0,62	0,57	0,59
SIC52GM	M	1	26	9	0,35	0,56	0,62	0,51	0,49
SIC54GM	M	1	26	13	0,50	0,60	0,60	0,57	0,59
SIC62GM	M	1	26	13	0,50	0,55	0,58	0,55	0,49
SIC60GM	M	2	26	14	0,54	0,60	0,52	0,66	0,63
SIC46GM	M	2	26	8	0,31	0,56	0,50	0,65	0,55
SIC56GM	M	2	26	10	0,38	0,58	0,59	0,56	0,58
SIC58GM	M	2	26	14	0,54	0,58	0,55	0,63	0,57
SIC61GM	M	3	26	11	0,42	0,61	0,59	0,56	0,67
SIC43GM	M	3	26	10	0,38	0,63	0,60	0,59	0,69
SIC44GM	M	3	26	11	0,42	0,56	0,52	0,56	0,58
SIC55GM	M	3	26	9	0,35	0,62	0,60	0,54	0,66
SIC57GM	M	3	26	12	0,46	0,61	0,57	0,59	0,63
SIC59GM	M	3	26	11	0,42	0,61	0,57	0,56	0,67
<b>media</b>					<b>0,44</b>	<b>0,59</b>			

# PIANO DI ACCOPPIAMENTO 2022

## SCELTA MASCHI

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 distanze genetiche: si propone di dividere la famiglia 1 e 3 nei sottogruppi A e B

N=5+7		
SIC41R	F	1A
SIC74R	F	1A
SIC76R	F	1A
SIC77R	F	1A
SIC79R	F	1A
SIC39R	F	1B
SIC50R	F	1B
SIC64R	F	1B
SIC69R	F	1B
SIC71R	F	1B
SIC73R	F	1B
SIC80R	F	1B

N=8			N=6+4		
SIC42R	F	2	SIC59R	F	3A
SIC46R	F	2	SIC62R	F	3A
SIC49R	F	2	SIC65R	F	3A
SIC56R	F	2	SIC66R	F	3A
SIC68R	F	2	SIC75R	F	3A
SIC70R	F	2	SIC78R	F	3A
SIC72R	F	2	SIC54R	F	3B
SICR63	F	2	SIC55R	F	3B
			SIC61R	F	3B
			SIC67R	F	3B

I maschi sono stati selezionati utilizzando l'indice di conservazione IC che tiene in considerazione sia l'Hindiv che la Parentela così da massimizzare la conservazione della variabilità genetica. Gli indici %IC positivi indicano soggetti con valori degli indici superiori alla media. In verde i maschi miglioratori da utilizzare come riproduttori e in arancione i riproduttori migliori per ciascuna famiglia.

Sample	SEX	FAM	N Loci	N Hets	H-indiv	P	IC	Pf1	Pf2	Pf3	IC1	IC2	IC3	%IC1	%IC2	%IC3
SIC62GM	M	1	26	13	0,50	0,55	0,95	0,58	0,55	0,49	0,92	0,95	1,01	0,07	0,11	0,21
SIC52GM	M	1	26	9	0,35	0,56	0,79	0,62	0,51	0,49	0,72	0,83	0,85	-0,16	-0,03	0,02
SIC54GM	M	1	26	13	0,50	0,60	0,90	0,60	0,57	0,59	0,90	0,93	0,91	0,04	0,08	0,08
SIC48GM	M	1	26	14	0,54	0,60	0,94	0,62	0,57	0,59	0,92	0,97	0,95	0,06	0,13	0,14
SIC46GM	M	2	26	8	0,31	0,56	0,75	0,50	0,65	0,55	0,80	0,66	0,76	-0,07	-0,23	-0,10
SIC56GM	M	2	26	10	0,38	0,58	0,80	0,59	0,56	0,58	0,80	0,82	0,80	-0,08	-0,04	-0,04
SIC58GM	M	2	26	14	0,54	0,58	0,96	0,55	0,63	0,57	0,99	0,91	0,97	0,15	0,06	0,16
SIC60GM	M	2	26	14	0,54	0,60	0,94	0,52	0,66	0,63	1,01	0,88	0,91	0,17	0,02	0,09
SIC44GM	M	3	26	11	0,42	0,56	0,86	0,52	0,56	0,58	0,90	0,86	0,84	0,04	0,01	0,01
SIC57GM	M	3	26	12	0,46	0,61	0,85	0,57	0,59	0,63	0,89	0,87	0,83	0,03	0,02	-0,01
SIC59GM	M	3	26	11	0,42	0,61	0,81	0,57	0,56	0,67	0,85	0,86	0,75	-0,01	0,00	-0,10
SIC61GM	M	3	26	11	0,42	0,61	0,81	0,59	0,56	0,67	0,84	0,87	0,75	-0,03	0,01	-0,10
SIC55GM	M	3	26	9	0,35	0,62	0,73	0,60	0,54	0,66	0,74	0,80	0,68	-0,14	-0,06	-0,18
SIC43GM	M	3	26	10	0,38	0,63	0,75	0,60	0,59	0,69	0,79	0,79	0,69	-0,09	-0,08	-0,17
media					0,44	0,59	0,85	0,57	0,58	0,60	0,86	0,86	0,84			