

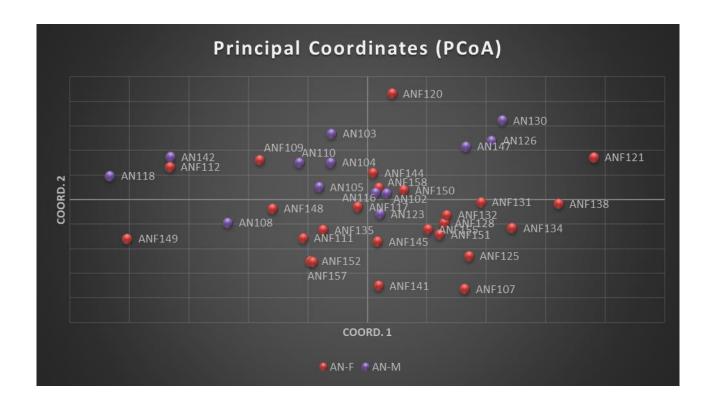
Servizio di Analisi

Laboratorio di Genetica Molecolare Animale

ANCONA 2021 UNIPI Valutazione Variabilità GENETICA

Sono stati caratterizzati geneticamente 38 soggetti appartenetti alla razza Ancona, 25 Femmine e 13 maschi.

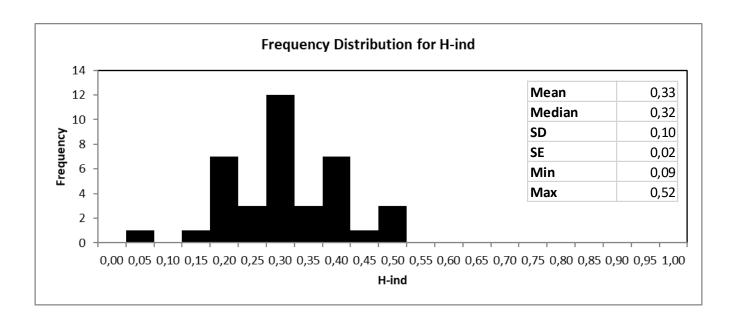
L'analisi delle componenti principali evidenzia la variabilità genetica esistente nel gruppo campionato. Il grafico illustra la distribuzione dei soggetti in termini di diversità genetica (i soggetti più simili sono vicini nel grafico e quelli più distanti geneticamente sono lontani).



Valutazione CONSANGUINEITA'

Come stima della consanguineità è stata analizzata l'**eterozigosi media osservata** (Ho=0.33), 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 segue un andamento a campana, con spostamento della distribuzione verso sinistra (valori bassi di variabilità individuale), indice di elevata consanguineità, tasso di omozigosi elevato, ed un conseguente rischio di depressione dei caratteri riproduttivi e di capacità di resilienza ai cambiamenti.



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. 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

F= identificativo della linea genetica familiare

Sample	Razza	Sesso	ANNO	H-ind	Р	F				
ANF107	Ancona	F	2021	0,09	0,70	Α				
ANF109	Ancona	F	2021	0,32	0,71	Α				
ANF111	Ancona	F	2021	0,17	0,59	Α				
ANF112	Ancona	F	2021	0,31	0,70	Α				
ANF117	Ancona	F	2021	0,36	0,68	Α				
ANF120	Ancona	F	2021	0,31	0,63	Α				
ANF121	Ancona	F	2021	0,39	0,70	В				
ANF125	Ancona	F	2021	0,44	0,71	В				
ANF128	Ancona	F	2021	0,30	0,71	В				
ANF131	Ancona	F	2021	0,28	0,73	В				
ANF132	Ancona	F	2021	0,52	0,74	В				
ANF134	Ancona	F	2021	0,24	0,70	В				
ANF135	Ancona	F	2021	0,24	0,74	В				
ANF138	Ancona	F	2021	0,31	0,68	В				
ANF141	Ancona	F	2021	0,40	0,70	С				
ANF144	Ancona	F	2021	0,20	0,72	С				
ANF145	Ancona	F	2021	0,40	0,70	С				
ANF148	Ancona	F	2021	0,40	0,72	С				
ANF149	Ancona	F	2021	0,36	0,72	С				
ANF150	Ancona	F	2021	0,40	0,71	С				
ANF151	Ancona	F	2021	0,52	0,66	С				
ANF152	Ancona	F	2021	0,35	0,71	С				
ANF155	Ancona	F	2021	0,32	0,72	С				
ANF157	Ancona	F	2021	0,35	0,67	С				
ANF158	Ancona	F	2021	0,33	0,68	С	Pfem	PfA	PfB	PfC
AN102	Ancona	M	2021	0,32	0,72	Α	0,69	0,63	0,72	0,69
AN103	Ancona	M	2021	0,23	0,74	Α	0,71	0,60	0,72	0,71
AN104	Ancona	M	2021	0,44	0,72	Α	0,69	0,62	0,70	0,69
AN105	Ancona	М	2021	0,24	0,71	Α	0,68	0,62	0,68	0,68
AN108	Ancona	М	2021	0,24	0,71	Α	0,68	0,59	0,68	0,68
AN110	Ancona	М	2021	0,40	0,73	Α	0,70	0,60	0,71	0,70
AN116	Ancona	М	2021	0,28	0,73	Α	0,71	0,62	0,73	0,71

AN118	Ancona	M	2021	0,20	0,69 A	0,67	0,56	0,63	0,67
AN123	Ancona	M	2021	0,32	0,73 B	0,71	0,65	0,77	0,71
AN126	Ancona	M	2021	0,46	0,68 B	0,65	0,61	0,71	0,65
AN130	Ancona	M	2021	0,28	0,68 B	0,66	0,60	0,74	0,66
AN142	Ancona	M	2021	0,31	0,66 C	0,64	0,49	0,60	0,64
AN147	Ancona	М	2021	0,52	0,70 C	0,68	0,58	0,71	0,68

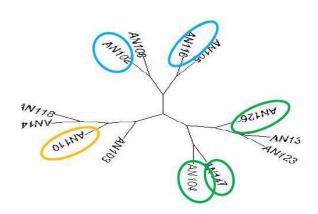
PIANO DI ACCOPPIAMENTO 2022

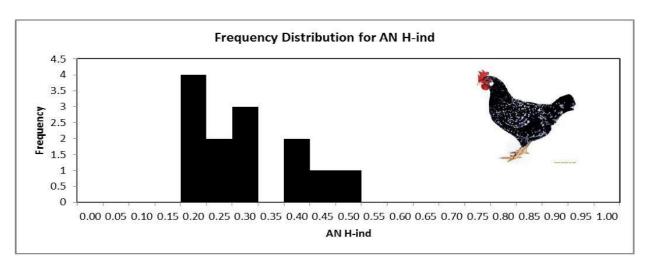
SCELTA MASCHI

I maschi sono stati selezionati sulla base dell'indice H-indiv per massimizzare la conservazione della variabilità genetica e tenendo in considerazione le distanze genetiche e il gruppo familiare di origine.

ANCONA 2021

Sample	Pop	N Loci	N Hets	H-indiv
AN147	AN	25	13	0.520
AN126	AN	25	12	0.480
AN104	AN	25	11	0.440
AN110	AN	25	10	0.400
AN102	AN	25	8	0.320
AN123	AN	25	8	0.320
AN142	AN	25	8	0.320
AN116	AN	25	7.	0.280
AN130	AN	25	7	0.280
AN103	AN	25	6	0.240
AN105	AN	25	6	0.240
AN108	AN	25	6	0.240
AN118	AN	25	5	0.200





FAMIGLIE

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 di origine e i maschi sono stati identificati sulla base delle parentele molecolari.

	FAM	padre							
ANF107	Α	AN126 (B)		AN102	AN104	AN110	AN116	AN126	AN147
ANF109	Α	P=0.60		Α	Α	Α	Α	В	С
ANF111	Α		Α	0,66	0,69	0,67	0,67	0,60	0,64
ANF112	Α		В	0,72	0,70	0,71	0,73	0,71	0,7
ANF117	Α		С	0,66	0,59	0,78	0,66	0,59	0,53
ANF120	Α								
ANF121	В	AN110 (A)							
ANF125	В	P=0.59							
ANF128	В								
ANF131	В								
ANF132	В								
ANF134	В								
ANF135	В								
ANF138	В								
ANF141	С	AN147 (C) ????							
ANF144	С	P=0.53							
ANF145	С	AN104 (A)							
ANF148	С	P=0.59							
ANF149	С								
ANF150	С								
ANF151	С								
ANF152	С								
ANF155	С								
ANF157	С								
ANF158	С								