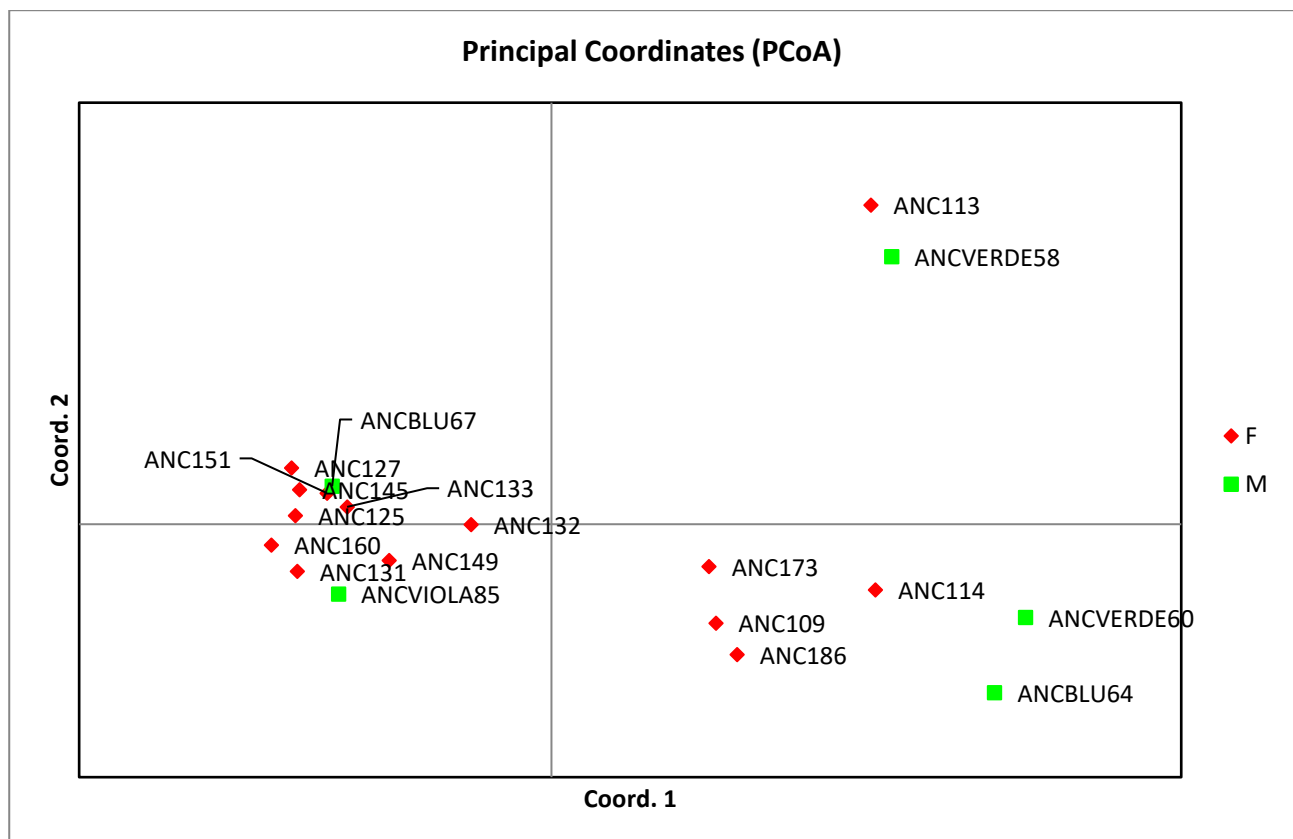




Servizio di Analisi Laboratorio di Genetica Molecolare Animale

ANCONA UNIPG 2023 Valutazione Variabilità GENETICA

Sono stati caratterizzati geneticamente 19 soggetti appartenenti alla razza Ancona (ANC), suddivisi in 14 femmine e 5 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).



Si noti come le femmine si dividano bene in due gruppi. Il gruppo a destra composto da 9 femmine e il gruppo di sinistra composto da 5 femmine

Dalla valutazione delle distanze, si propone di raggruppare le femmine in due famiglie:

FAMIGLIA A: ANC151, ANC127, ANC145, ANC133, ANC132, ANC125, ANC160, ANC131, ANC149

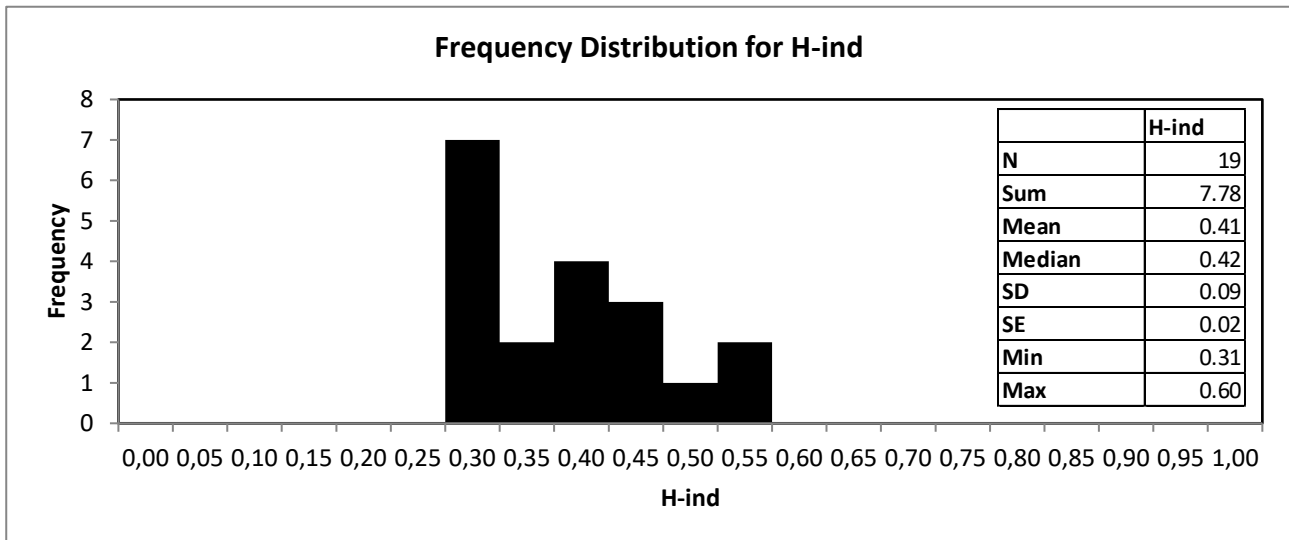
FAMIGLIA B: ANC173, ANC109, ANC114, ANC109, ANC186, ANC113

Valutazione CONSANGUINEITA'

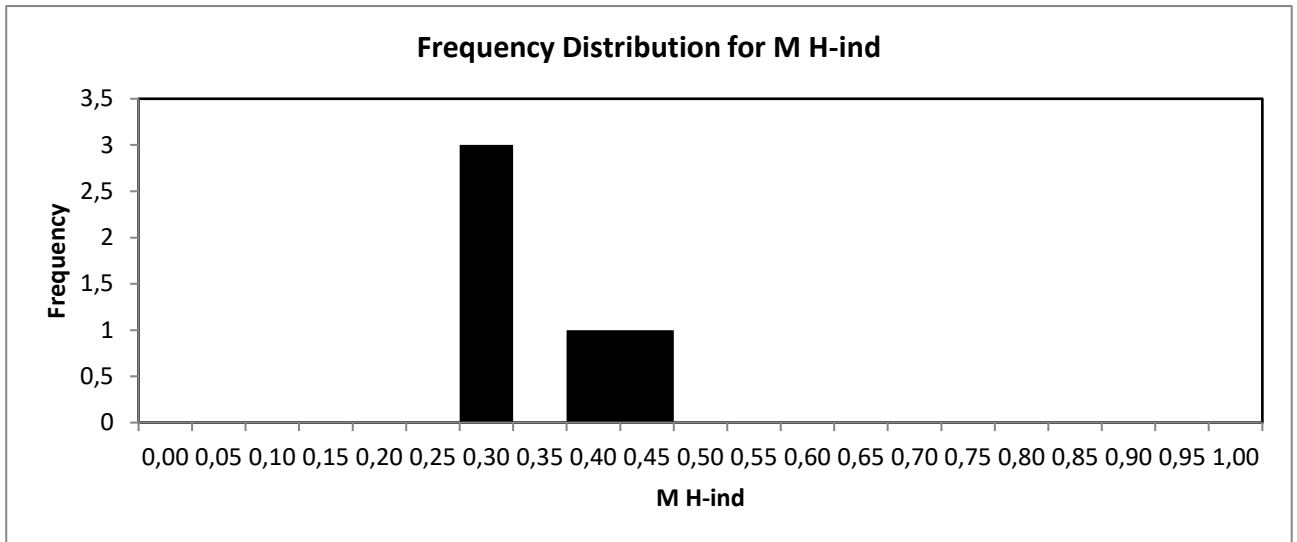
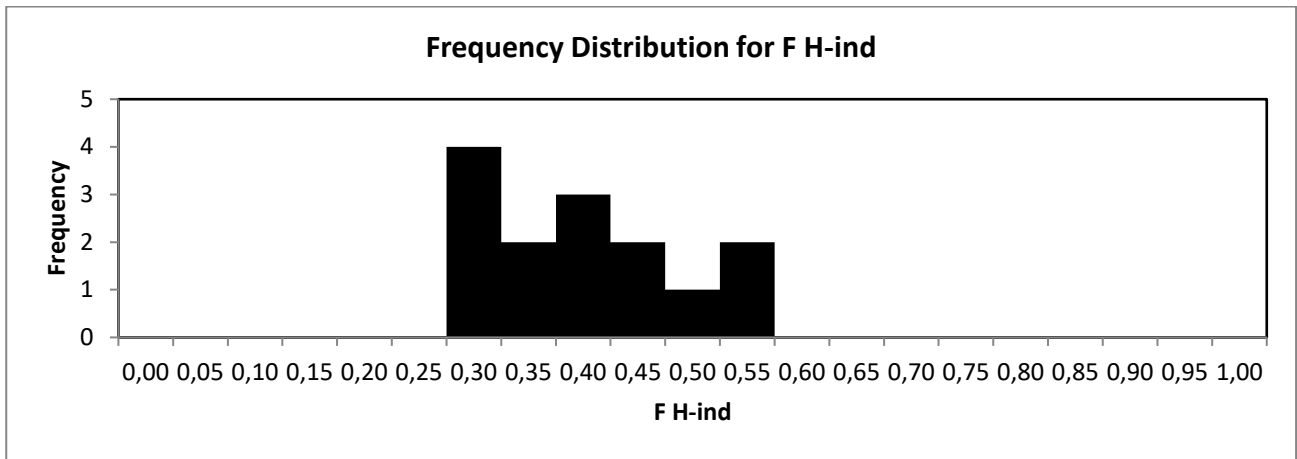
Come stima della consanguineità è stata analizzata l'**eterozigosi media osservata (Ho)**, riportata nel grafico sottostante, insieme al numero di campioni (N), n° alleli diversi (Na), n° effettivo di alleli (Ne), Shannon Index (I), eterozigosi effettiva (He), indice di fissazione (F) e Parentele molecolare media (P). L'eterozigosi osservata (Ho= 0.40) ha un valore medio. La percentuale di loci polimorfi risulta essere elevata (90.38%), sebbene la parentela risulta abbastanza contenuta con un valore medio è di 0.58

		N	Na	Ne	I	Ho	He	F	P
2023	Mean	9.40	2.77	2.00	0.73	0.40	0.43	0.09	0.59
	SE	0.62	0.16	0.10	0.05	0.04	0.03	0.05	0.10

Per la consanguineità si valuta anche la distribuzione della **consanguineità molecolare individuale (H-ind)** nella popolazione analizzata. La distribuzione complessiva non segue un andamento a campana, ma presenta valori che vanno da 0.3 a 0.55 con media 0.41, indici di buona eterozigosi individuale. Dal grafico si può però notare che la maggior parte dei soggetti presenta un'elevata omozigosi (H-ind= 0,30).



Di seguito sono riportate le distribuzioni della consanguineità della popolazione di FEMMINE e MASCHI.



Il test dell'equilibrio di Hardy-Weinberg mostra che la popolazione è prevalentemente in equilibrio, ad eccezione di 6 loci (segnati con *).

Locus	DF	ChiSq	Prob	Signif
ADL0278	3	0.624	0.891	ns
LEI094	6	3.451	0.750	ns
MCW014	Monomorphic			
MCW016	6	13.534	0.035	*
MCW0165	3	1.140	0.767	ns
MCW020	6	5.654	0.463	ns
MCW0206	1	0.001	0.970	ns
MCW0222	1	0.294	0.588	ns
MCW0248	1	0.014	0.906	ns
MCW037	1	3.971	0.046	*
MCW067	3	11.927	0.008	**
MCW081	3	1.574	0.665	ns
PAX7	1	0.436	0.509	ns
ADL0112	3	0.436	0.933	ns
ADL0268	6	7.798	0.253	ns
LEI0166	1	1.815	0.178	ns
LEI0192	10	8.003	0.629	ns
LEI0228	3	15.664	0.001	**
LEI0258	15	9.648	0.841	ns

MCW0104	10	2.423	0.992	ns
MCW0111	1	16.000	0.000	***
MCW0183	6	2.908	0.820	ns
MCW0216	3	0.911	0.823	ns
MCW034	10	17.239	0.069	ns
MCW069	6	9.167	0.164	ns
MCW078	1	17.000	0.000	***

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

Accoppiamenti

Dai risultati ottenuti dalle diverse analisi, possiamo considerare che la popolazione ha un basso grado di parentela e una buona media di variabilità genetica sia per quanto riguarda le femmine che i maschi.

OPZIONE 1: selezionare le femmine con un H-ind maggiore della media (0.41) e selezionare i maschi con un basso grado di parentela (PFS). Nella tabella a destra sono segnati in verde i due maschi selezionati per le femmine con H-ind maggiore (evidenziate in giallo nella tabella a sinistra).

Sample	Pop	N Loci	N Hets	H-indiv
ANC186	F	25	15	0.60
ANC114	F	25	14	0.56
ANC109	F	26	14	0.54
ANC132	F	26	12	0.46
ANC173	F	26	12	0.46
ANC125	F	26	11	0.42
ANC133	F	26	11	0.42
ANC149	F	26	11	0.42
ANC131	F	25	9	0.36
ANC160	F	25	9	0.36
ANC151	F	26	9	0.35
ANC113	F	25	8	0.32
ANC127	F	26	8	0.31
ANC145	F	26	8	0.31

MASCHI	H-ind	PFS
ANCBLU64	0.46	0.52
ANCBLU67	0.35	0.64
ANCVERDE58	0.31	0.50
ANCVERDE60	0.35	0.56
ANCVIOLA85	0.42	0.65

OPZIONE 2: suddividere le femmine nelle due famiglie proposte (famiglia A e famiglia B). Considerare i valori di H-indiv e di parentela con le famiglie (PA e PB) per la selezione dei maschi.

I maschi ANCBLU64 e ANCVIOLA85 risultano essere migliori per la famiglia A, mentre ANCVERDE58 e ANCVERDE60 sono migliori per la famiglia B.

Sample	H-indiv	PA	PB	note
ANCBLU64	0.46	0.55	0.46	selezionare per fam A
ANCBLU67	0.35	0.55	0.68	
ANCVERDE58	0.31	0.56	0.50	selezionare per fam B
ANCVERDE60	0.35	0.59	0.50	selezionare per fam B
ANCVIOLA85	0.42	0.55	0.69	selezionare per fam A