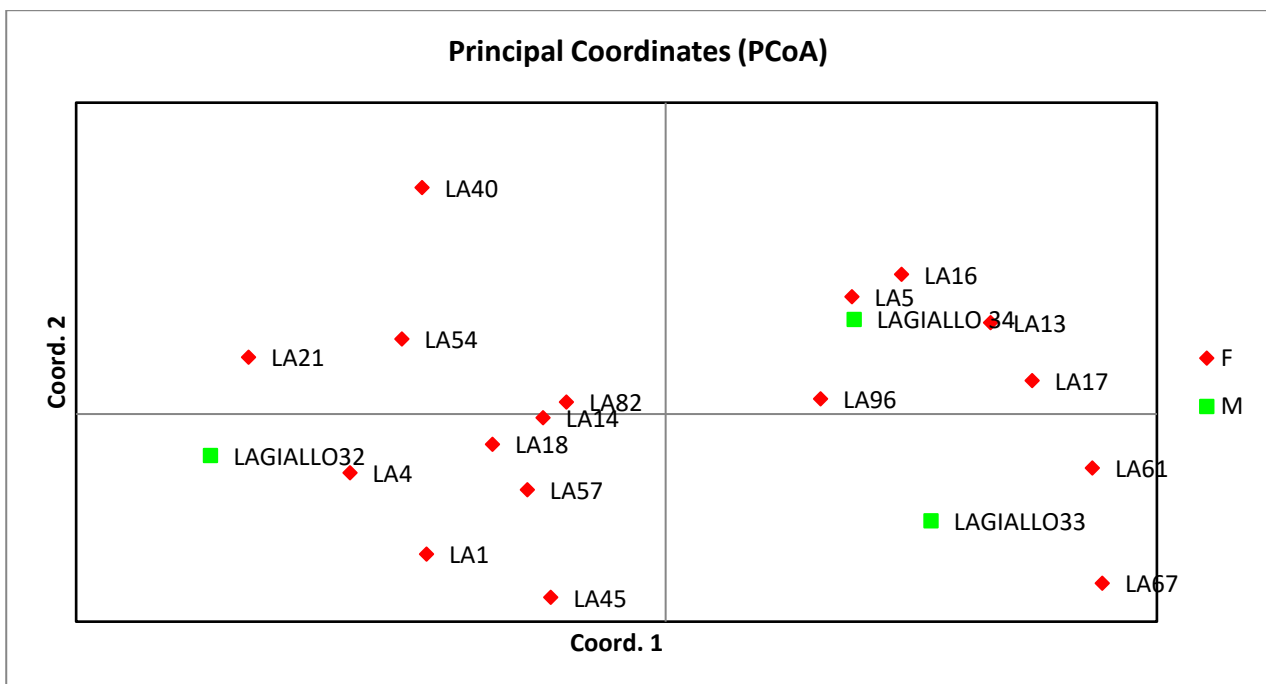




Servizio di Analisi Laboratorio di Genetica Molecolare Animale

Livorno Argentata 2023 UNIPG Valutazione Variabilità GENETICA

Sono stati caratterizzati geneticamente 20 soggetti appartenenti alla razza Livorno Argentata, suddivisi in 17 femmine e 3 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 7 femmine e il gruppo di sinistra composto da 10 femmine.

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

FAMIGLIA A: LA40, LA54, LA21, LA82, LA14, LA18, LA4, LA57, LA1, LA45

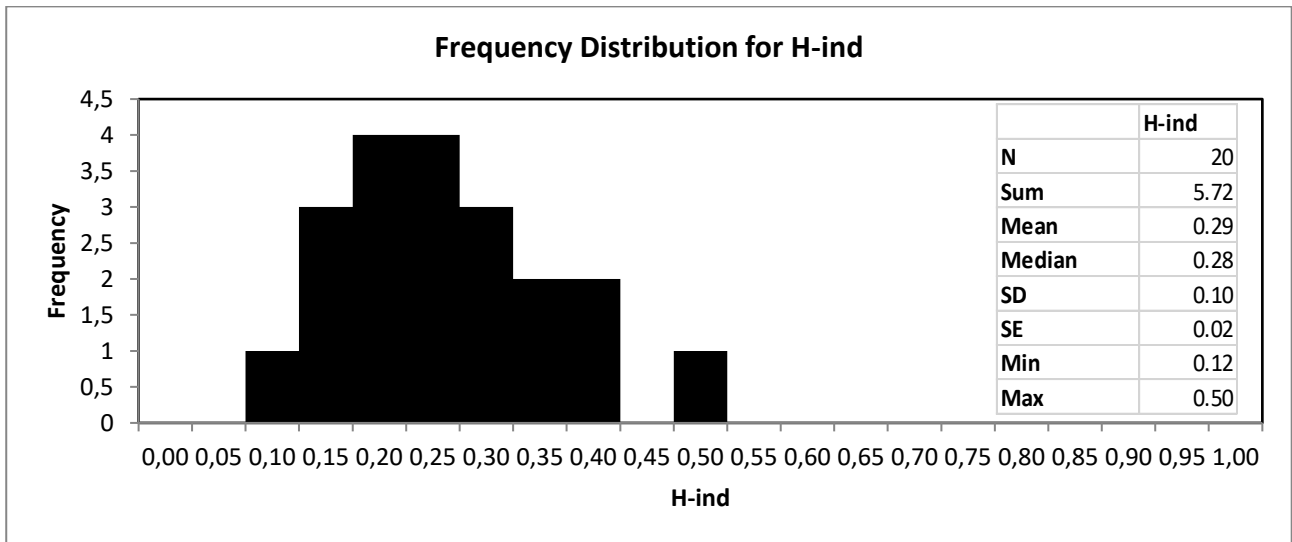
FAMIGLIA B: LA16, LA5, LA13, LA96, LA17, LA61, LA67

Valutazione CONSANGUINEITA'

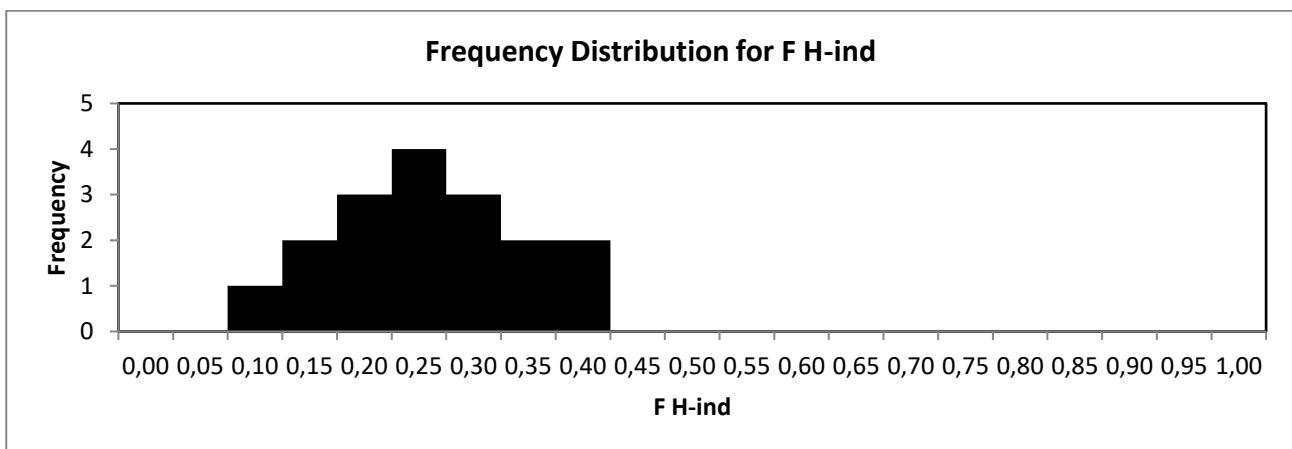
Come stima della consanguineità è stata analizzata l'**eterozigosi media osservata (Ho)**, riportata nel grafico sottostante, insieme al numero di campioni (N), n° alleli diversi (Na), n° effettivo di alleli (Ne), Shannon Index (I), eterozigosi effettiva (He) e indice di fissazione (F). L'eterozigosi osservata (Ho= 0.27) è molto bassa. La percentuale di loci polimorfi risulta essere del 57.69%. La parentela media è di 0.75, risulta essere alta.

		N	Na	Ne	I	Ho	He	F
Total	Mean	9.63	1.88	1.50	0.40	0.27	0.25	-0.10
	SE	0.98	0.13	0.08	0.05	0.04	0.03	0.06

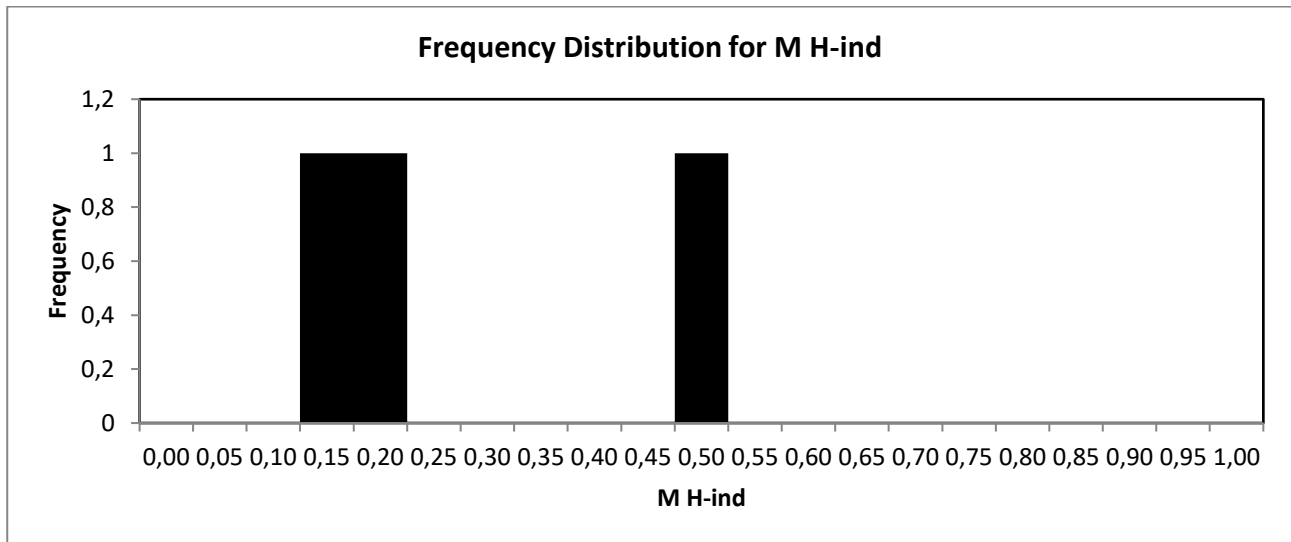
Per la consanguineità si valuta anche la distribuzione della **consanguineità molecolare individuale (H-ind)** nella popolazione analizzata. La distribuzione complessiva segue un andamento a campana, con uno spostamento della distribuzione verso sinistra (valori bassi di variabilità individuale) indice di consanguineità.



Anche nelle femmine la distribuzione della consanguineità della popolazione segue un andamento a campana, con spostamento verso sinistra, indice di elevata consanguineità.



La distribuzione della consanguineità della popolazione di MASCHI non segue un andamento a campana, in quanto sono presenti solo 3 soggetti. Il soggetto LAGIALLO34 presenta una maggiore eterozigosi individuale (H-ind =0,50) e può essere usato per mantenere la variabilità genetica.



Il test dell'equilibrio di Hardy-Weinberg mostra la presenza di 6 loci monomorfi, ovvero con la presenza di un singolo allele, indice di bassa variabilità genetica. Insieme ai loci monomorfi è possibile osservare una carenza di significativa deviazione dall'equilibrio (segnata con *, solo 3 loci nei maschi e 4 nelle femmine).

Summary by locus for M					Summary by locus for F			
Locus	ChiSquare	DF	Prob		ChiSquare	DF	Prob	
ADL0278	0.750	3	0.861	ns	1.582	3	0.663	ns
LEI094	Monomorphic							
MCW014	6.000	1	0.014	*	6.000	1	0.014	*
MCW016	13.642	6	0.034	*	13.642	6	0.034	*
MCW0165	Monomorphic							
MCW020	0.750	1	0.386	ns	0.746	1	0.388	ns
MCW0206	Monomorphic							
MCW0222	17.000	1	0.000	***	17.000	1	0.000	***
MCW0248	Monomorphic							
MCW037	0.750	1	0.386	ns	1.638	3	0.651	ns
MCW067	0.159	1	0.690	ns	0.159	1	0.690	ns
MCW081	3.333	3	0.343	ns	0.528	3	0.913	ns
PAX7	Monomorphic							
ADL0112	Monomorphic							
ADL0268	0.750	1	0.386	ns	0.781	1	0.377	ns
LEI0166	0.750	3	0.861	ns	2.634	3	0.452	ns
LEI0192	3.000	1	0.083	ns	3.553	1	0.059	ns
LEI0228	0.750	3	0.861	ns	19.057	6	0.004	**
LEI0258	0.120	1	0.729	ns	6.515	3	0.089	ns
MCW0104	0.120	1	0.729	ns	0.060	1	0.807	ns
MCW0111	2.766	3	0.429	ns	2.766	3	0.429	ns
MCW0183	0.120	1	0.729	ns	1.143	1	0.285	ns
MCW0216	0.016	1	0.901	ns	0.016	1	0.901	ns
MCW034	0.750	1	0.386	ns	3.116	6	0.794	ns

Key: ns=not significant, * P<0.05, ** P<0.01, *** P<0.001

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

Per la scelta dei riproduttori sono state suddivise le femmine in due famiglie, tenendo conto delle distanze genetiche. Per ciascun maschio si è tenuto conto dell'H-ind e della parentela con le due famiglie proposte (PA e PB). Il maschio che presenta un H-ind elevato (LAGIALLO34) presenta una parentela maggiore o uguale rispetto alla parentela media tra i soggetti della popolazione (0.75). Si potrebbe usare il maschio LAGIALLO33 nella famiglia A. Mentre il maschio LAGIALLO32 nella famiglia B. L'H-ind però di questi due maschi è davvero bassa. Se si vuole mantenere alta la variabilità genetica si potrebbe usare il maschio LAGIALLO34 nella famiglia A, tenendo conto che la parentela stimata della prole non abbassa la media della popolazione.

campione	H-ind	PA	PB
LAGIALLO32	0.15	0.79	0.74
LAGIALLO33	0.20	0.74	0.76
LAGIALLO34	0.50	0.75	0.78

In conclusione, meglio utilizzare dei maschi esterni all'allevamento per evitare la consanguineità e per aumentare la variabilità genetica.