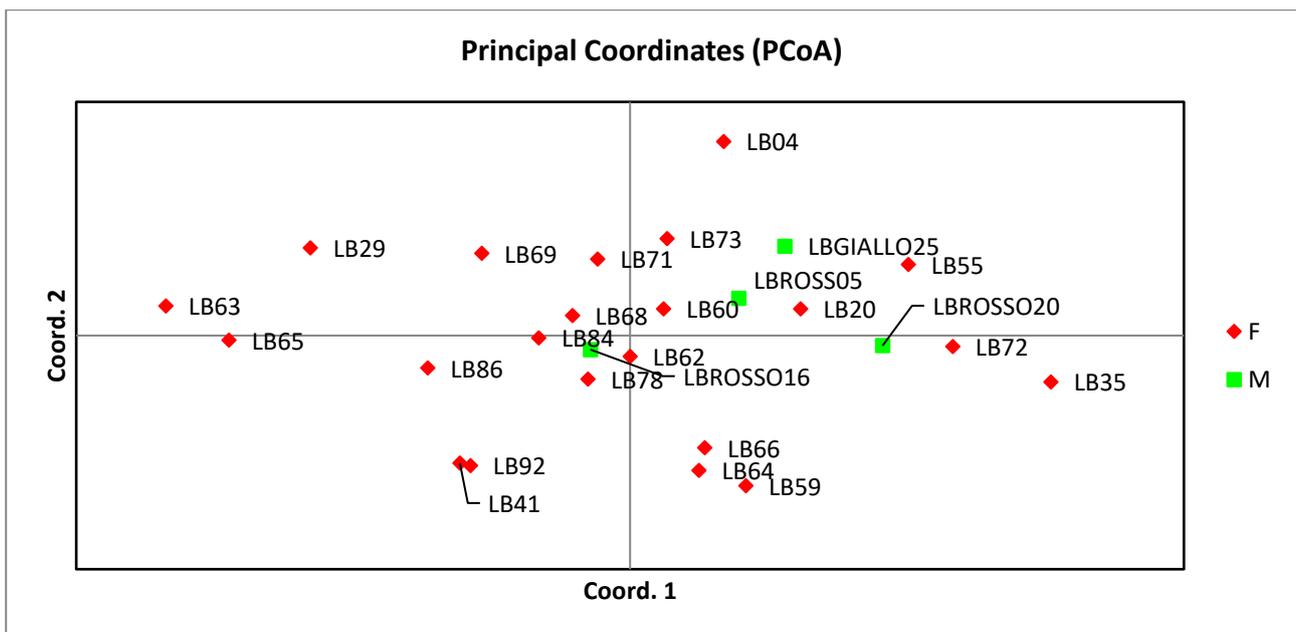




Servizio di Analisi Laboratorio di Genetica Molecolare Animale

LIVORNO BIANCA UNIPG 2023 Valutazione Variabilità Genetica

Sono stati caratterizzati geneticamente 26 soggetti appartenenti alla razza Livorno Bianca (LB), suddivisi in 22 femmine e 4 maschi. L'analisi delle componenti principali (PCoA) 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 più vicini nel grafico e quelli più distanti sono geneticamente lontani).



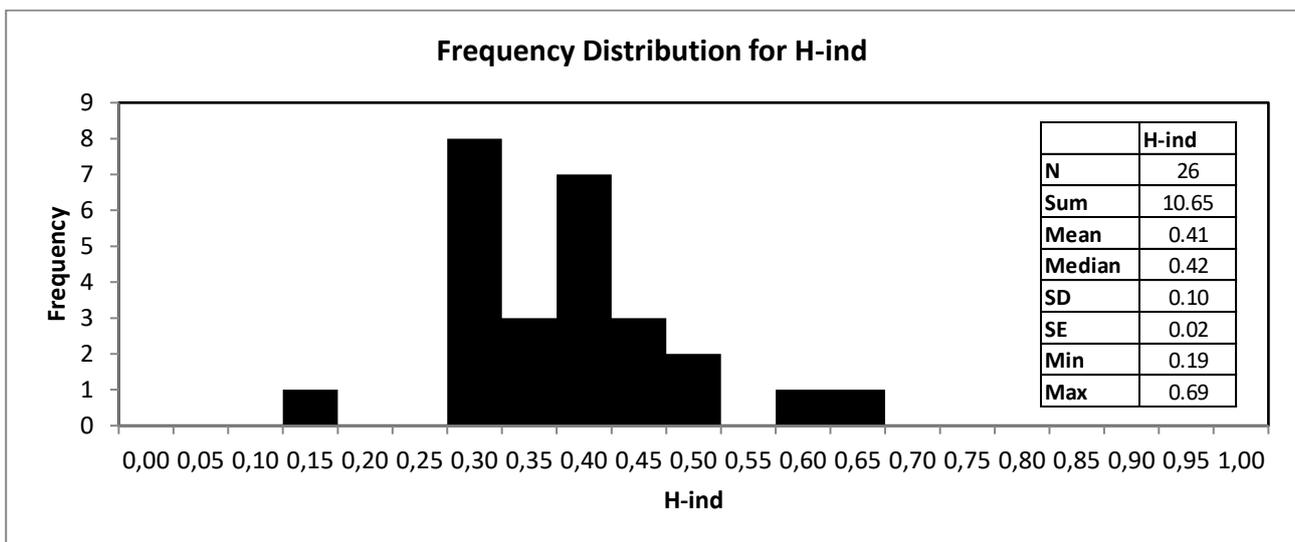
Dalla valutazione delle distanze, si noti come i soggetti si distribuiscono uniformemente.

Valutazione CONSANGUINEITA'

Come stima della consanguineità è stata analizzata l'eterozigosi media osservata (H_o), riportata nella tabella sottostante, insieme alla media del n° di campioni (N), n° alleli diversi (N_a), n° alleli effettivo (N_e), Shannon Index (I), eterozigosi effettiva (H_e) e indice di fissazione (F). L'eterozigosi osservata ($H_o=0.40$) è più alta di quella attesa ($H_e=0.35$), indicando che c'è un eccesso di eterozigosi ($F=-0.147$). La percentuale di loci polimorfi risulta essere del 82.69%. La parentela media è di 0.69

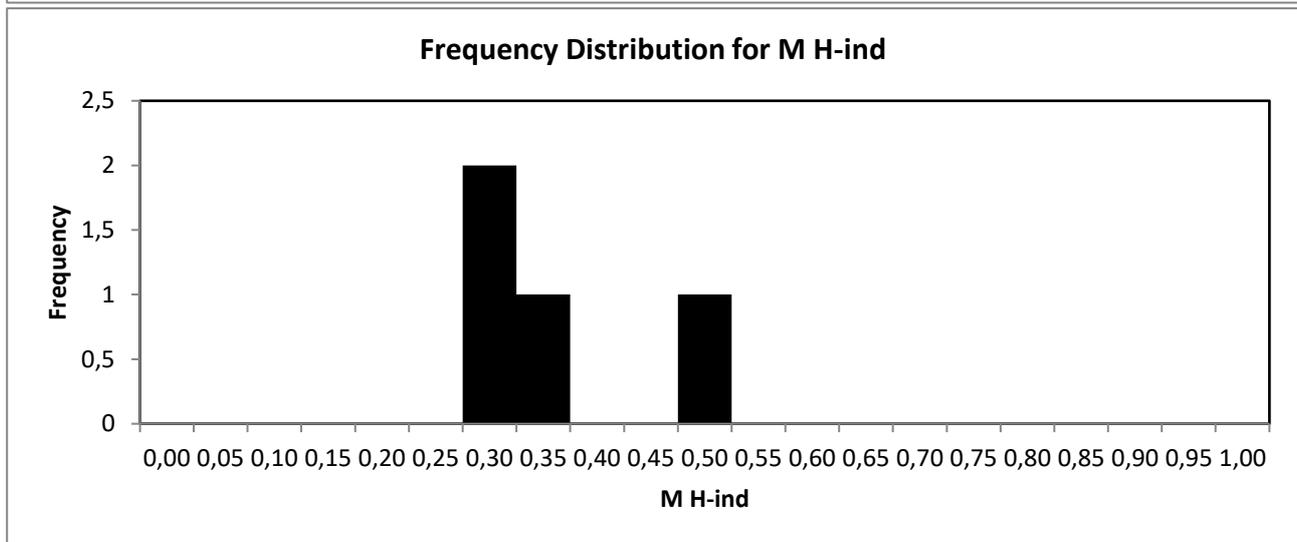
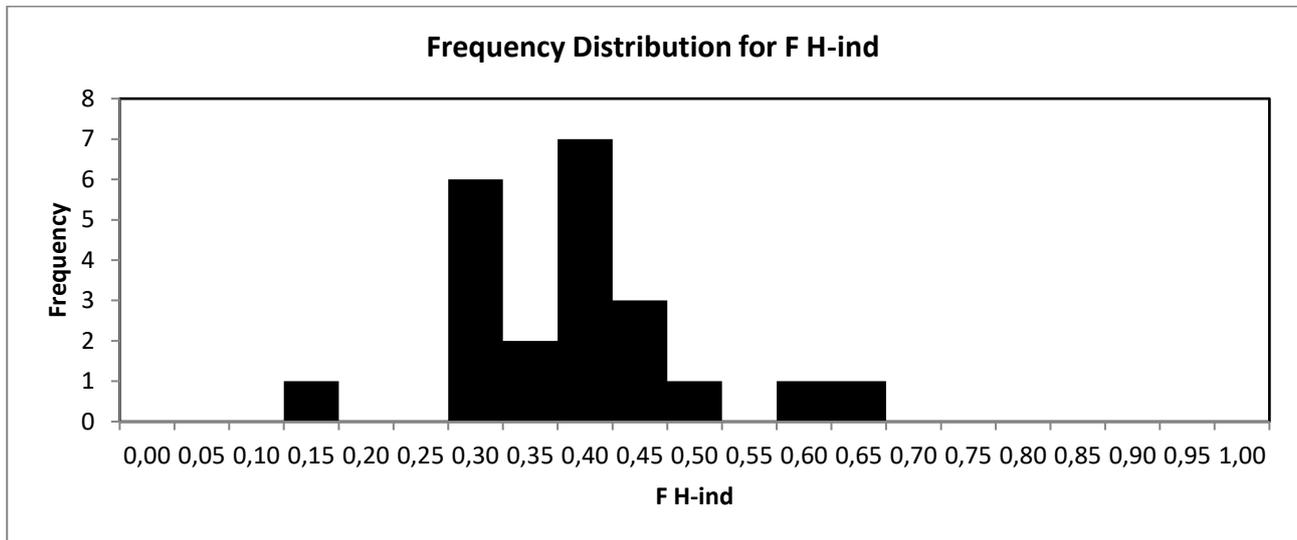
		N	Na	Ne	I	Ho	He	F
Total	Mean	13.00	2.10	1.70	0.55	0.40	0.35	-0.15
	SE	1.26	0.09	0.08	0.05	0.04	0.03	0.04

Per la consanguineità si valuta anche la distribuzione della **variabilità genetica individuale (H-ind)** nella popolazione analizzata. La distribuzione complessiva segue un andamento a campana, con valori medi intorno al 0.41



Di seguito si riporta anche la distribuzione della consanguineità della popolazione di FEMMINE e quella dei MASCHI. Le femmine presentano un andamento a campana con una media dei valori di H-ind uguale a 0.41, mentre quella dei maschi risulta più bassa (0.39).

	F H-ind	M H-ind
N	22	4
Sum	9.08	1.58
Mean	0.41	0.39
Median	0.42	0.37
SD	0.10	0.10
SE	0.02	0.05
Min	0.19	0.31
Max	0.69	0.54



Il test dell'equilibrio di Hardy-Weinberg mostra che la popolazione è in equilibrio.

Locus	DF	ChiSq	Prob	Signif
ADL0278	3	6.286	0.098	ns
LEI094	3	4.070	0.254	ns
MCW014	1	0.181	0.671	ns
MCW016	1	1.474	0.225	ns
MCW0165	1	0.934	0.334	ns
MCW020	3	4.467	0.215	ns
MCW0206	3	0.897	0.826	ns
MCW0222	1	2.006	0.157	ns
MCW0248	1	0.860	0.354	ns
MCW037	Monomorphic			
MCW067	3	1.139	0.768	ns
MCW081	1	0.442	0.506	ns
PAX7	1	0.588	0.443	ns
ADL0112	Monomorphic			
ADL0268	3	1.381	0.710	ns
LEI0166	1	6.134	0.013	*
LEI0192	1	4.273	0.039	*
LEI0228	3	0.954	0.812	ns

LEI0258	1	0.629	0.428	ns
MCW0104	1	0.629	0.428	ns
MCW0111	1	0.010	0.920	ns
MCW0183	3	6.857	0.077	ns
MCW0216	Monomorphic			
MCW034	3	1.845	0.605	ns
MCW069	1	0.010	0.920	ns
MCW078	1	0.159	0.690	ns
Key: ns=not significant, * P<0.05, ** P<0.01, *** P<0.001				

Nonostante ci sia un eccesso di eterozigosi, i loci singolarmente risultano in equilibrio.

Piano di accoppiamento

Per i piani di accoppiamento sono stati stimati l'**indice di variabilità individuale (H-indiv)** e l'**indice di parentela (P)** medio rispetto a tutti i soggetti analizzati. I soggetti con H-indiv più elevato permettono di conservare una variabilità genetica maggiore mentre quelli con P più bassi permettono di contenere l'incremento di consanguineità.

H-indiv= 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

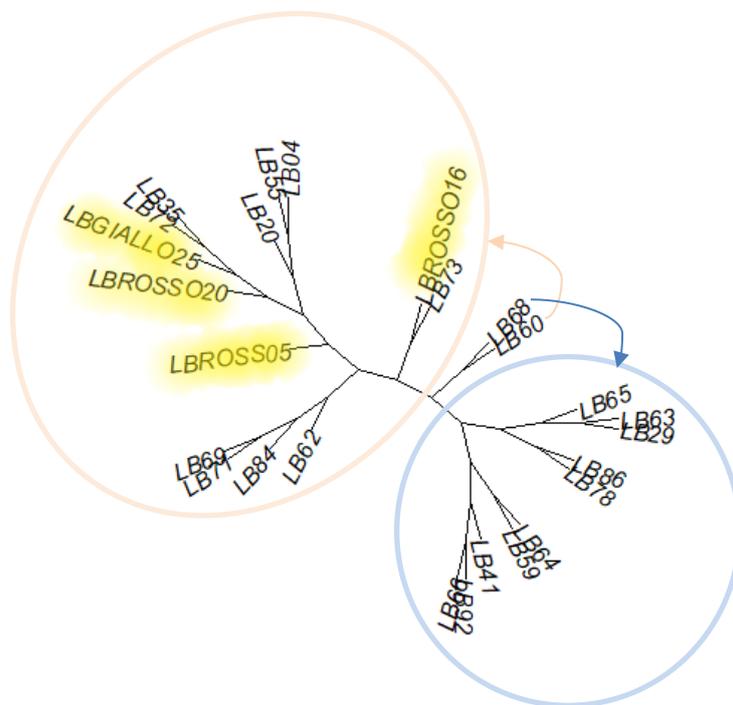
SELEZIONE FEMMINE

Di seguito si riporta la tabella che indica gli H-indiv delle femmine. Evidenziate in giallo ci sono le femmine che presentano una variabilità genetica maggiore rispetto alla media (0.41).

Sample	Pop	N Loci	N Hets	H-indiv
LB78	F	26	18	0.69
LB86	F	26	16	0.62
LB73	F	26	13	0.50
LB20	F	26	12	0.46
LB41	F	26	12	0.46
LB68	F	26	12	0.46
LB29	F	26	11	0.42
LB60	F	26	11	0.42
LB62	F	26	11	0.42
LB65	F	26	11	0.42
LB66	F	26	11	0.42
LB72	F	26	11	0.42
LB84	F	26	11	0.42
LB64	F	26	10	0.38
LB92	F	26	10	0.38
LB04	F	26	9	0.35
LB69	F	26	9	0.35
LB71	F	26	9	0.35
LB55	F	26	8	0.31
LB59	F	26	8	0.31
LB63	F	26	8	0.31
LB35	F	26	5	0.19

CREAZIONE FAMIGLIE

Valutando al meglio le distanze genetiche tra i soggetti, tramite l'albero filogenetico (in giallo sono evidenziati i maschi), si consiglia di suddividere le femmine in due famiglie: FAMIGLIA A composta da 11 soggetti e FAMIGLIA B da 11 soggetti.



FAMIGLIA A: LB62, LB84, LB71, LB69, LB72, LB35, LB20, LB55, LB04, LB73, LB60

FAMIGLIA B: LB68, LB65, LB63, LB29, LB86, LB78, LB64, LB59, LB41, LB92, LB66

Accoppiamenti

1) Opzione 1: CREAZIONE FAMIGLIE

I maschi sono stati selezionati sulla base dell'indice H-ind e al grado di parentela con la famiglia A (PA) e con la famiglia B (PB) proposte.

Sample	H-indiv	PA	PB		
LBGIALLO25	0.38	0.66	0.65	parentela	
LBROSSO5	0.31	0.71	0.68	fam A	0.71
LBROSSO20	0.35	0.74	0.68	fam B	0.73
LBROSSO16	0.54	0.72	0.71	parentela tot	0.69

Tenendo conto del grado di parentela delle famiglie create e della parentela totale (nella tabella a destra), il maschio migliore **per la famiglia A è il LBGIALLO25**, ma anche per la famiglia B, però **per la famiglia B si può usare anche il maschio LBROSSO20**.

Come si può notare dalla tabella a sinistra, le parentele stimate (in verde) della prole, selezionando i maschi migliori, non abbassano di molto il grado di parentela totale.

2) Opzione 2: SELEZIONE FEMMINE

Considerando le femmine selezionate per H-indiv maggiore della media (>0.41), il maschio con parentela più bassa (PFS) risulta essere LBGIALLO25.

	H-indiv	PFS
LBGIALLO25	0.38	0.66
LBROSSO5	0.31	0.69
LBROSSO16	0.54	0.73
LBROSSO20	0.35	0.70

In conclusione, si consiglia di selezionare dei maschi esterni all'allevamento per diminuire il grado di parentela e quindi di consanguineità della popolazione.