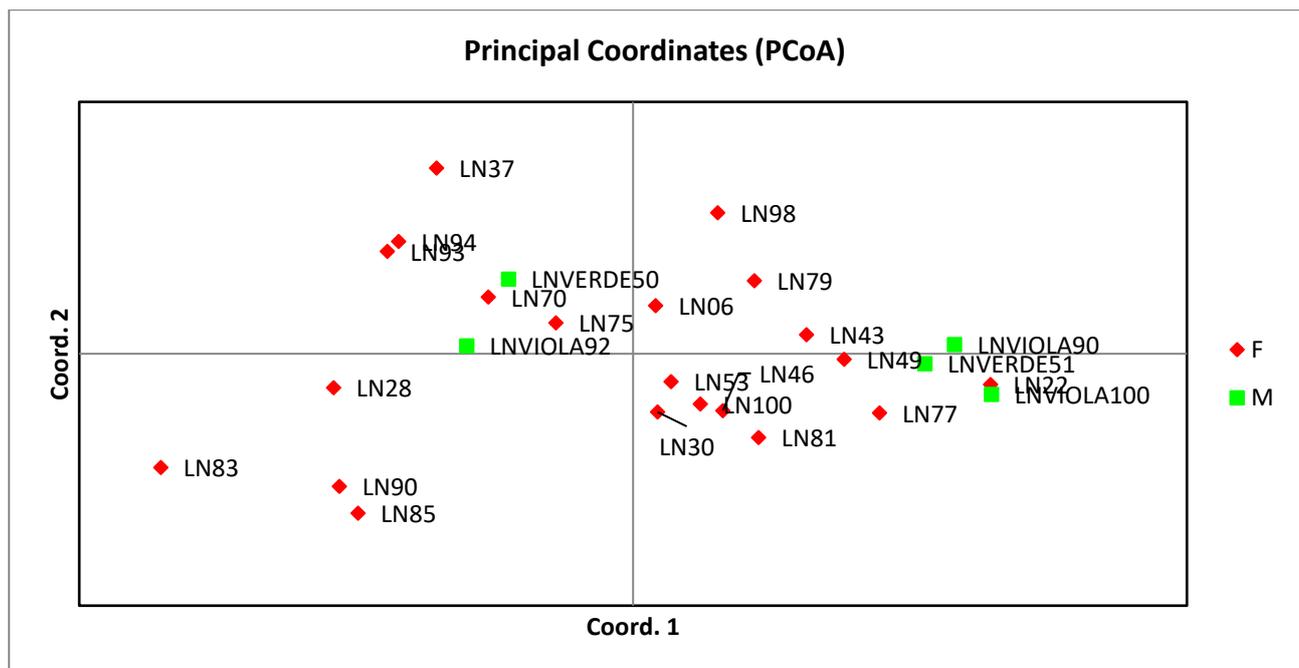




Servizio di Analisi Laboratorio di Genetica Molecolare Animale

LIVORNO NERA Valutazione Variabilità Genetica

Sono stati caratterizzati geneticamente 26 soggetti appartenenti alla razza Livorno Nera (LN), suddivisi in 21 femmine e 5 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).



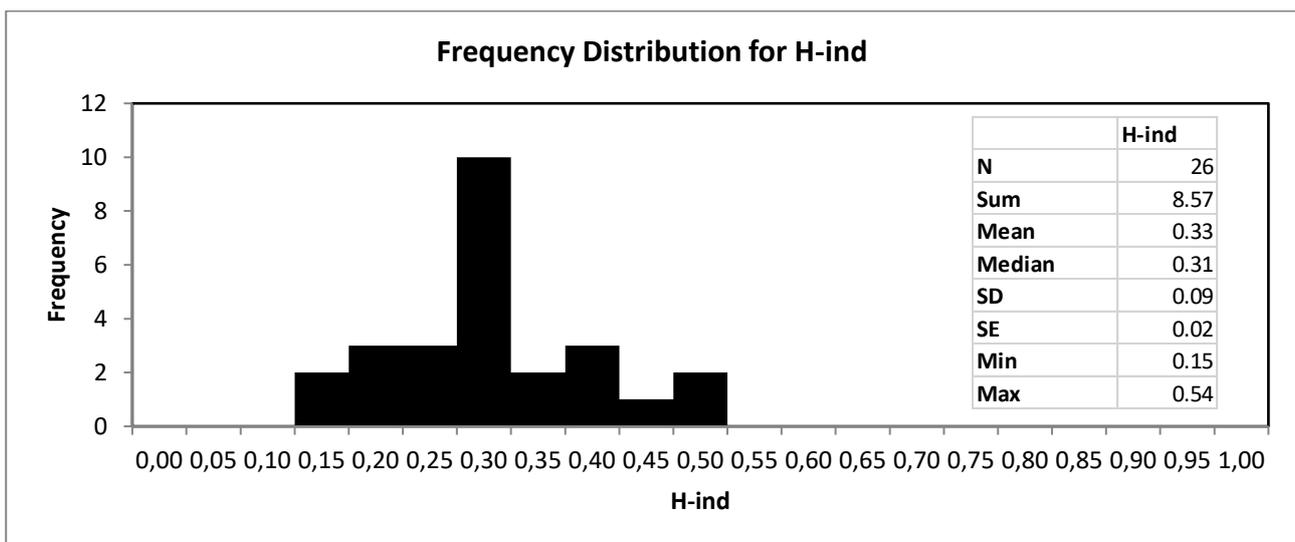
Dalla valutazione delle distanze, si noti come i soggetti distribuiscono in modo uniforme.

Valutazione CONSANGUINEITA'

Come stima della consanguineità è stata analizzata l'**eterozigosi media osservata (Ho)**, riportata nella tabella sottostante, insieme alla media del n° di campioni (N), n° alleli diversi (Na), n° alleli effettivo (Ne), Shannon Index (I), eterozigosi effettiva (He) e indice di fissazione (F). L'eterozigosi osservata (Ho=0.31) è più alta di quella attesa (He=0.30), indicando che c'è un eccesso di eterozigosi (F= -0.07). La percentuale di loci polimorfi risulta essere del 78.85%. La parentela media è di 0.72

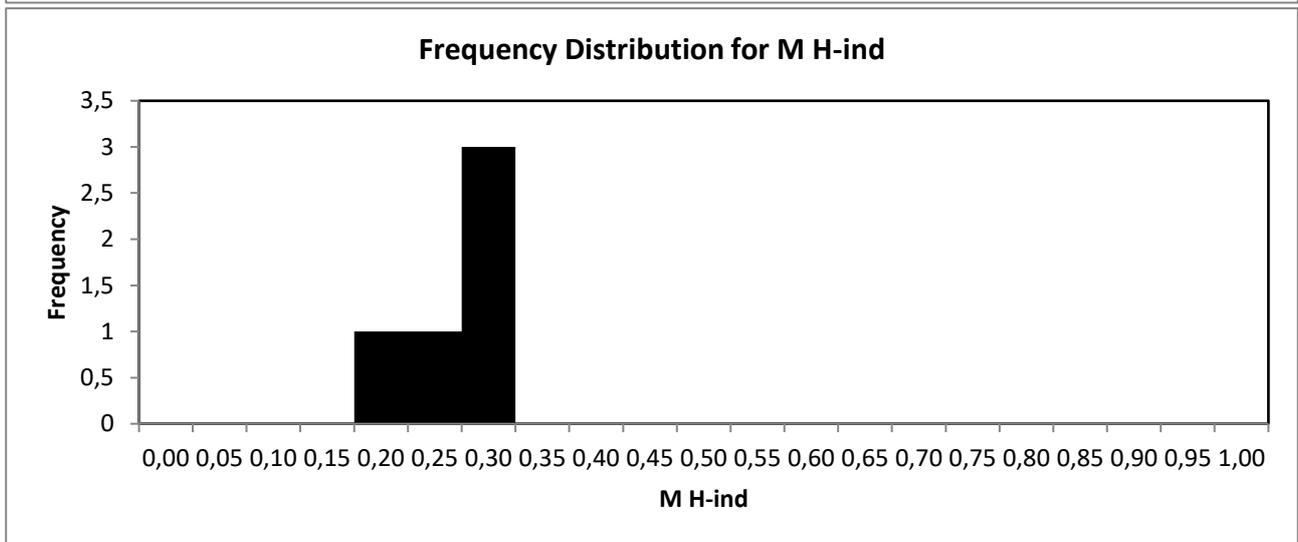
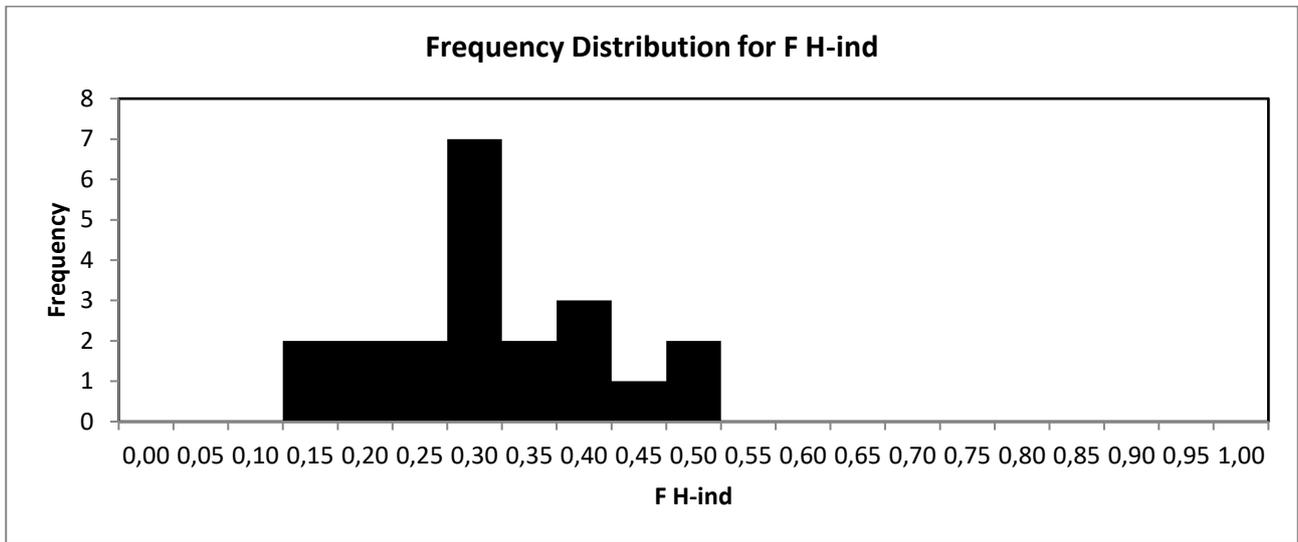
| | | N | Na | Ne | I | Ho | He | F |
|--------------|-------------|-------|------|------|------|------|------|-------|
| Total | Mean | 12.87 | 2.00 | 1.54 | 0.46 | 0.31 | 0.30 | -0.07 |
| | SE | 1.10 | 0.09 | 0.06 | 0.04 | 0.03 | 0.03 | 0.05 |

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 uno spostamento della distribuzione verso sinistra (valori bassi di variabilità individuale) indice di consanguineità.



Di seguito si riporta anche la distribuzione della consanguineità della popolazione di FEMMINE e quella dei MASCHI. I maschi presentano una distribuzione spostata molto a sinistra con valore massimo (Max) 0.35. Le femmine hanno anch'esse un andamento spostato verso sinistra, ma la media risulta essere maggiore rispetto a quella dei maschi.

| | F H-ind | M H-ind |
|---------------|---------|---------|
| N | 21 | 5 |
| Sum | 7.11 | 1.46 |
| Mean | 0.34 | 0.29 |
| Median | 0.31 | 0.31 |
| SD | 0.10 | 0.04 |
| SE | 0.02 | 0.02 |
| Min | 0.15 | 0.23 |
| Max | 0.54 | 0.35 |



Il test dell'equilibrio di Hardy-Weinberg che la popolazione è in equilibrio, quindi l'eccesso di eterozigosi osservato precedentemente non è significativo poiché i loci sono in equilibrio.

| Locus | DF | ChiSq | Prob | Signif |
|---------|-------------|-------|-------|--------|
| ADL0278 | 3 | 2.307 | 0.511 | ns |
| LEI094 | 1 | 1.474 | 0.225 | ns |
| MCW014 | Monomorphic | | | |
| MCW016 | 1 | 1.766 | 0.184 | ns |
| MCW0165 | 1 | 0.427 | 0.513 | ns |
| MCW020 | 3 | 2.864 | 0.413 | ns |
| MCW0206 | 3 | 0.442 | 0.931 | ns |
| MCW0222 | 1 | 0.005 | 0.945 | ns |
| MCW0248 | Monomorphic | | | |
| MCW037 | 1 | 0.336 | 0.562 | ns |
| MCW067 | 3 | 7.974 | 0.047 | * |
| MCW081 | 1 | 0.605 | 0.437 | ns |
| PAX7 | 1 | 0.663 | 0.416 | ns |
| ADL0112 | 3 | 2.955 | 0.399 | ns |
| ADL0268 | 1 | 0.482 | 0.488 | ns |
| LEI0166 | 1 | 0.066 | 0.797 | ns |
| LEI0192 | 3 | 1.390 | 0.708 | ns |

| | | | | |
|---------|-------------|--------|-------|----|
| LEI0228 | 1 | 0.010 | 0.919 | ns |
| LEI0258 | Monomorphic | | | |
| MCW0104 | 1 | 1.474 | 0.225 | ns |
| MCW0111 | 1 | 10.613 | 0.001 | ** |
| MCW0183 | 1 | 0.010 | 0.919 | ns |
| MCW0216 | 1 | 0.181 | 0.671 | ns |
| MCW034 | 3 | 1.035 | 0.793 | ns |
| MCW069 | Monomorphic | | | |
| MCW078 | 3 | 4.273 | 0.233 | ns |

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

Piano di accoppiamento

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

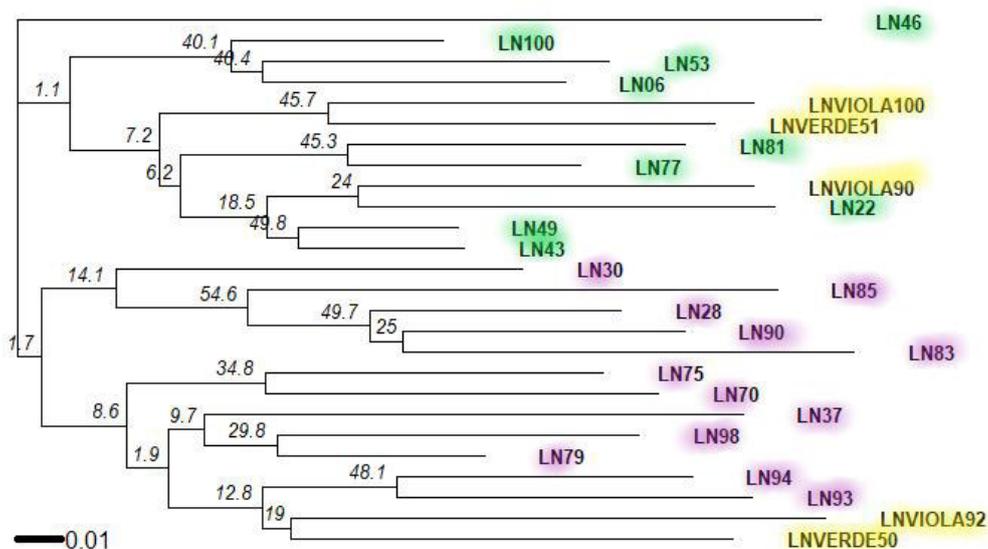
Di seguito si riporta la tabella che indica gli H-ind delle femmine. Evidenziate in giallo ci sono le femmine che presentano una variabilità genetica maggiore, sopra la media (0.34).

| Sample | Pop | N Loci | N Hets | H-ind |
|--------|-----|--------|--------|-------|
| LN46 | F | 26 | 14 | 0.54 |
| LN75 | F | 26 | 13 | 0.50 |
| LN70 | F | 26 | 12 | 0.46 |
| LN37 | F | 21 | 9 | 0.43 |
| LN79 | F | 26 | 11 | 0.42 |
| LN90 | F | 25 | 10 | 0.40 |
| LN28 | F | 26 | 10 | 0.38 |
| LN81 | F | 26 | 10 | 0.38 |
| LN30 | F | 26 | 9 | 0.35 |
| LN43 | F | 26 | 9 | 0.35 |
| LN49 | F | 26 | 8 | 0.31 |
| LN77 | F | 26 | 8 | 0.31 |
| LN83 | F | 26 | 8 | 0.31 |
| LN94 | F | 26 | 8 | 0.31 |
| LN98 | F | 26 | 8 | 0.31 |
| LN22 | F | 25 | 7 | 0.28 |
| LN93 | F | 26 | 7 | 0.27 |
| LN06 | F | 26 | 6 | 0.23 |
| LN85 | F | 26 | 6 | 0.23 |
| LN100 | F | 26 | 5 | 0.19 |
| LN53 | F | 26 | 4 | 0.15 |

Sulla base delle distanze genetiche, si consiglia di suddividere le femmine in due famiglie. Nell'albero filogenetico è possibile individuare i soggetti divisi per due famiglie (verde e viola).

FAMIGLIA A (verde): LN46, LN100, LN53, LN06, LN81, LN77, LN22, LN49, LN43

FAMIGLIA B (viola): LN30, LN85, LN28, LN90, LN83, LN75, LN70, LN37, LN98, LN79, LN94, LN93



Sulla base dei risultati delle analisi riportate precedentemente gli accoppiamenti sono stati fatti calcolando le parentele medie dei maschi con i soggetti di ciascuna famiglia che è stata proposta sulla base delle distanze genetiche e sulla base delle femmine selezionate per l'H-ind. Di seguito si riportano i valori di parentela con le famiglie consigliate (PA e PB), con le femmine selezionate (PS Fselezionate) e i maschi selezionati (tra quelli con minor consanguineità) sulla base della minor parentela con le famiglie proposte.

I maschi migliori per la famiglia A risultano essere LNVIOLA100 e LNVERDE51, mentre per la famiglia B sono LNVIOLA92 e LNVERDE50 che però non abbassano la stima della parentela nella prole rispetto alla media.

Se si selezionano le femmine in base all'H-ind, il maschio migliore da usare risulta essere esclusivamente LNVIOLA100.

| Sample | Pop | H-ind | PA | PB | PS Fselezionate | Parentela |
|------------|-----|-------------|------|------|-----------------|------------------|
| LNVIOLA92 | M | 0.23 | 0.71 | 0.70 | 0.70 | |
| LNVERDE50 | M | 0.35 | 0.76 | 0.72 | 0.74 | fam A |
| LNVIOLA100 | M | 0.31 | 0.67 | 0.73 | 0.69 | fam B |
| LNVERDE51 | M | 0.27 | 0.67 | 0.75 | 0.70 | fam Fselezionate |
| LNVIOLA90 | M | 0.31 | 0.68 | 0.75 | 0.72 | parentela tot |

Considerando gli elevati valori ottenuti di parentela, si consiglia di selezionare dei maschi esterni all'allevamento per diminuire il grado di parentela e quindi la consanguineità.