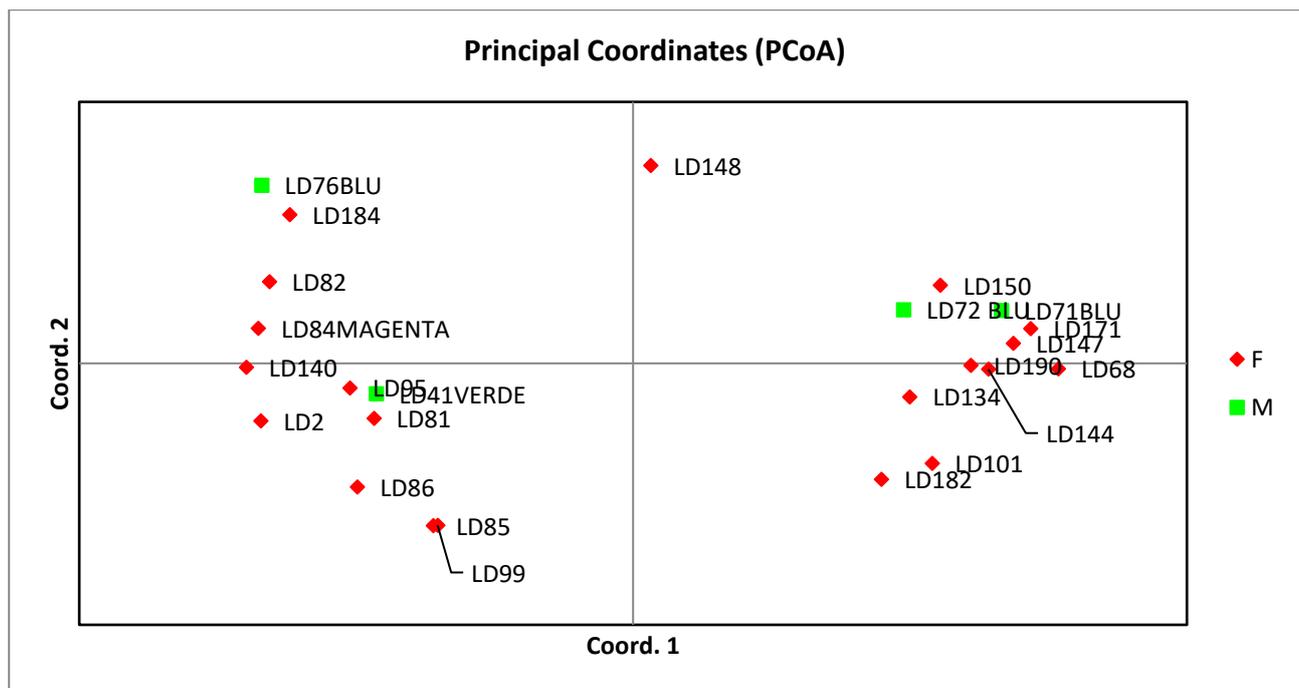




## Servizio di Analisi Laboratorio di Genetica Molecolare Animale

# LIVORNO DORATA UNIPG 2023 Valutazione Variabilità Genetica

Sono stati caratterizzati geneticamente 24 soggetti appartenenti alla razza Livorno Dorata (LD), suddivisi in 20 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 dividono molto bene in due gruppi. Il gruppo di destra formato da 10 femmine e il gruppo di sinistra formato da 10 femmine.

Si consiglia quindi di dividere le femmine in due famiglie, tenendo conto delle distanze ottenute dall'analisi PCoA:

**FAMIGLIA A:** LD148, LD150, LD171, LD147, LD190, LD68, LD144, LD134, LD101, LD182

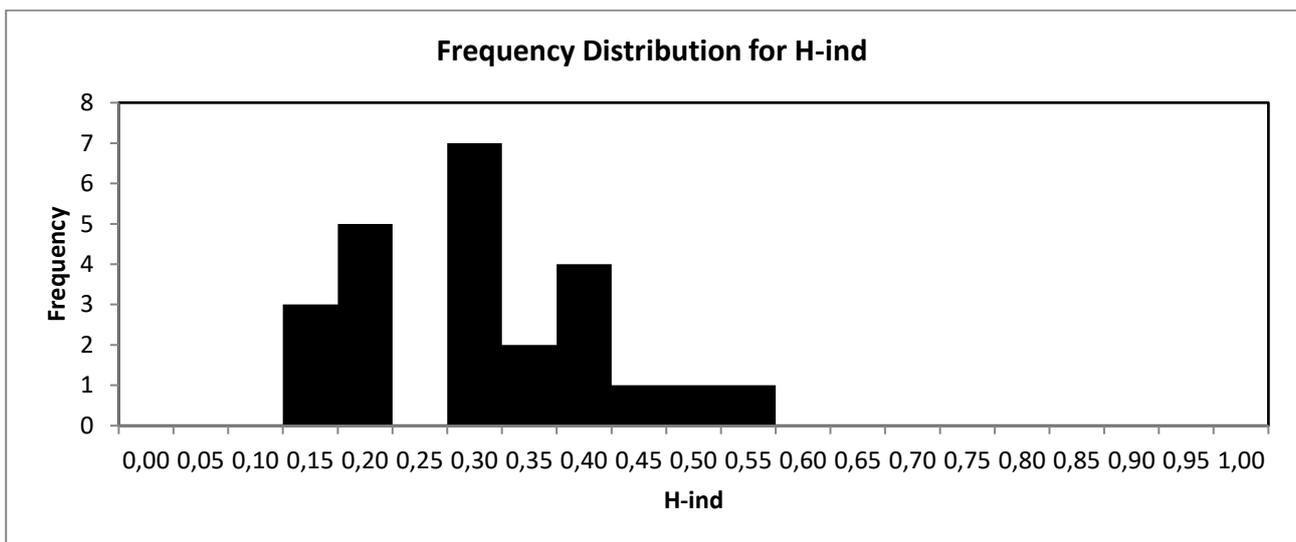
**FAMIGLIA B:** LD184, LD82, LD84MAGENTA, LD140, LD95, LD2, LD81, LD86, LD85, LD99

# 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 è media (0.35) e la percentuale di loci polimorfi risulta essere del 82.69%. La parentela media risulta essere 0.59

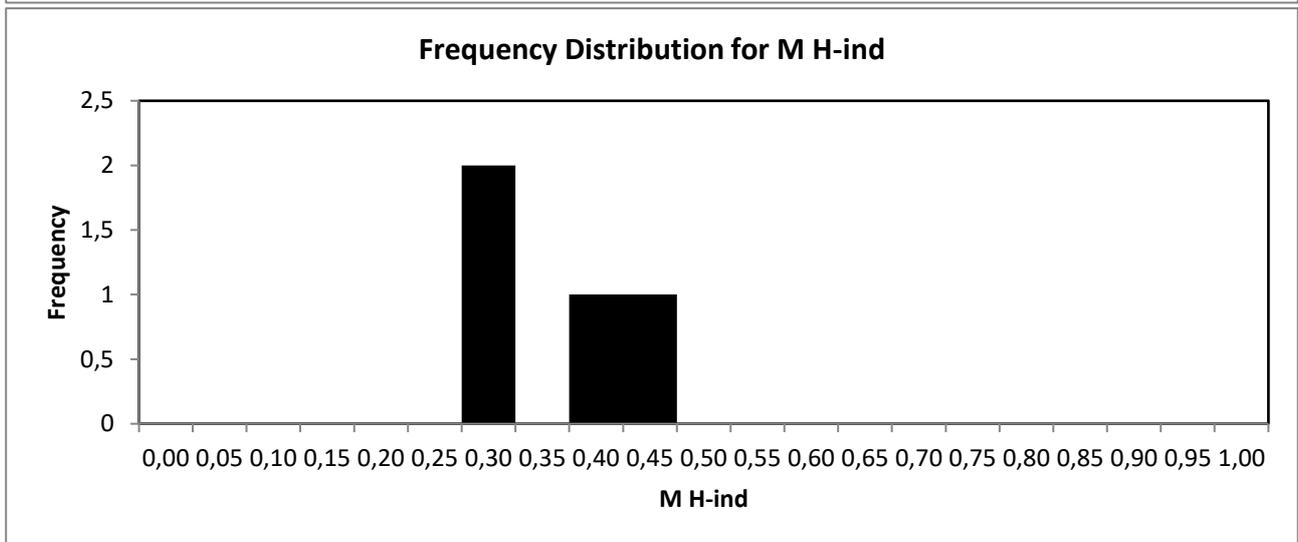
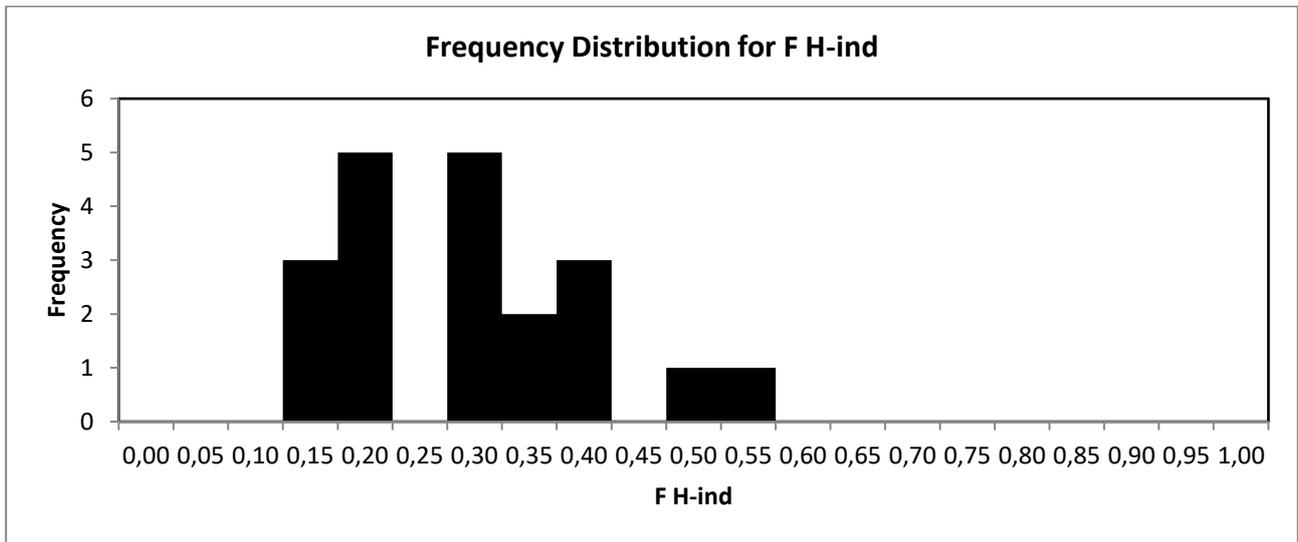
		N	Na	Ne	I	Ho	He	F
<b>Total</b>	<b>Mean</b>	11.54	2.77	2.04	0.72	0.35	0.42	0.14
	<b>SE</b>	1.10	0.16	0.12	0.06	0.04	0.03	0.06

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. Alcuni soggetti presentano un H-ind molto bassa 0.15-0.20 e altri soggetti con H-ind elevata 0.4-0.55.



Di seguito si riporta anche la distribuzione della consanguineità della popolazione di FEMMINE e quella dei MASCHI. Si noti come l'H-ind dei maschi è mediamente alta.

	F H-ind	M H-ind
<b>N</b>	20	4
<b>Sum</b>	6.4	1.6
<b>Mean</b>	0.3	0.4
<b>Median</b>	0.3	0.4
<b>SD</b>	0.1	0.1
<b>SE</b>	0.0	0.0
<b>Min</b>	0.2	0.3
<b>Max</b>	0.6	0.5



Il test dell'equilibrio di Hardy-Weinberg mostra una significativa deviazione dall'equilibrio nella maggior parte dei loci.

Summary by locus for M				Summary by locus for F			
Locus	ChiSquare	DF	Prob	Locus	ChiSquare	DF	Prob
ADL0278	0.444	3	0.931 ns	8.889	3	0.031 *	
LEI094	2.222	3	0.528 ns	13.359	6	0.038 *	
MCW014	Monomorphic						
MCW016	0.444	1	0.505 ns	15.740	3	0.001 **	
MCW0165	0.444	1	0.505 ns	5.346	3	0.148 ns	
MCW020	4.000	3	0.261 ns	1.000	3	0.801 ns	
MCW0206	2.222	3	0.528 ns	49.106	10	0.000 ***	
MCW0222	0.222	1	0.637 ns	16.157	3	0.001 **	
MCW0248	Monomorphic						
MCW037	4.000	6	0.677 ns	17.258	10	0.069 ns	
MCW067	4.444	3	0.217 ns	3.284	3	0.350 ns	
MCW081	7.111	6	0.311 ns	14.977	6	0.020 *	
PAX7	0.014	1	0.906 ns	0.014	1	0.906 ns	
ADL0112	0.082	1	0.775 ns	8.274	3	0.041 *	
ADL0268	8.000	3	0.046 *	10.850	6	0.093 ns	
LEI0166	4.000	1	0.046 *	0.800	1	0.371 ns	

<b>LEI0192</b>	4.000	3	0.261	ns	14.739	10	0.142	ns
<b>LEI0228</b>	6.000	3	0.112	ns	25.335	10	0.005	**
<b>LEI0258</b>	1.440	3	0.696	ns	7.314	6	0.293	ns
<b>MCW0104</b>	6.667	6	0.353	ns	8.583	6	0.198	ns
<b>MCW0111</b>	Monomorphic							
<b>MCW0183</b>	0.082	1	0.775	ns	4.700	3	0.195	ns
<b>MCW0216</b>	Monomorphic							
<b>MCW034</b>	4.000	1	0.046	*	22.278	6	0.001	**
<b>MCW069</b>	0.444	3	0.931	ns	8.056	3	0.045	*
<b>MCW078</b>	4.000	1	0.046	*	3.951	1	0.047	*

**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

## Accoppiamenti

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 identificata (PA e PB) sulla base delle distanze genetiche. Di seguito si riportano i valori di parentela e i maschi selezionati (tra quelli con minor consanguineità) con le famiglie proposte.

Nella tabella in basso a destra, si riporta la parentela media delle famiglie proposte e quella totale. Si noti come la parentela stimata sulla prole in base degli accoppiamenti proposti, risulta essere minore (in verde, tabella a sinistra) se si usano i maschi LD71BLU e LD72BLU nella famiglia A e LD41VERDE e LD76BLU nella famiglia B.

Sample	Pop	H-ind	PA	PB	note		
LD41VERDE	M	0.44	0.69	0.55	selezionato per famiglia B	Parentela	
LD71BLU	M	0.33	0.48	0.78	selezionato per famiglia A	fam A	0.67
LD72 BLU	M	0.48	0.45	0.68	selezionato per famiglia A	fam B	0.74
LD76BLU	M	0.32	0.62	0.45	selezionato per famiglia B	parentela tot	0.59