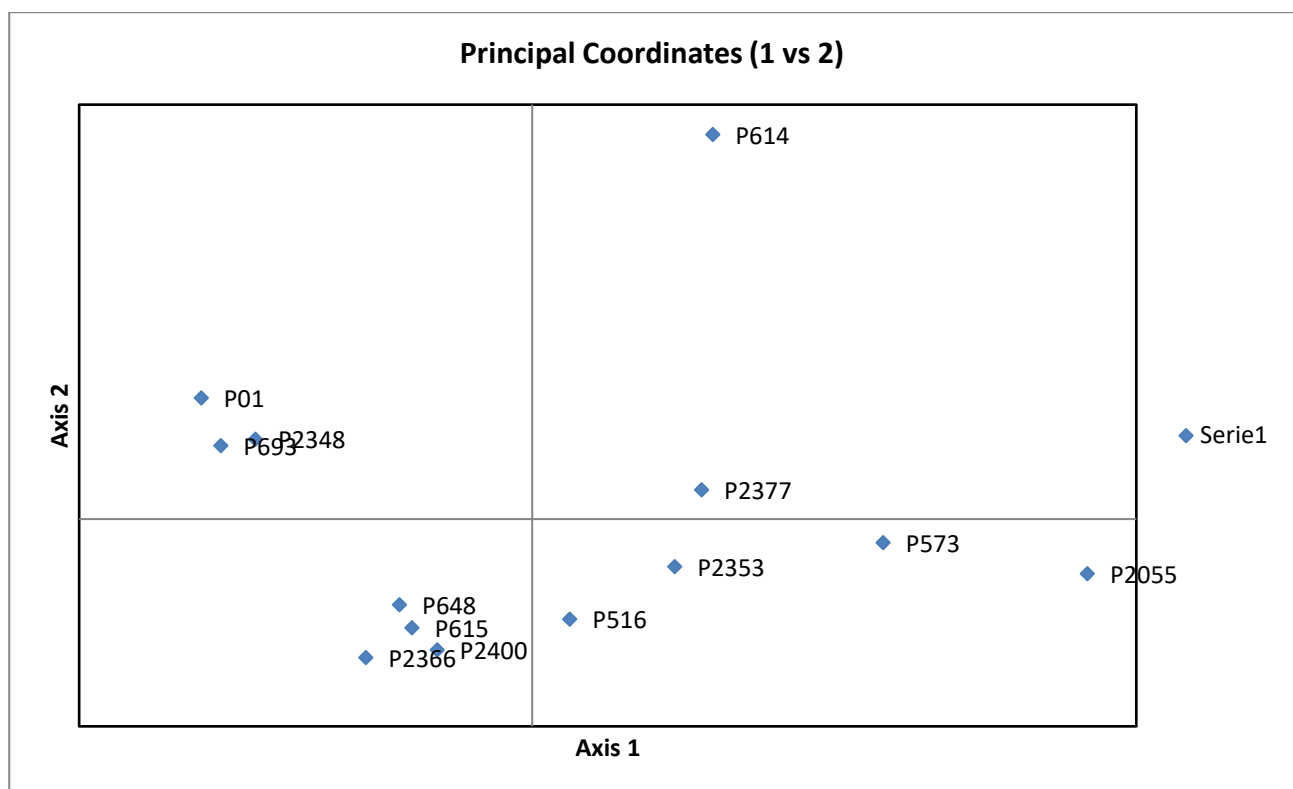




## Servizio di Analisi Laboratorio di Genetica Molecolare Animale

# PEPOI Valutazione Variabilità Genetica

Sono stati caratterizzati geneticamente 13 soggetti maschi appartenenti alla razza Pepoi (P). 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).



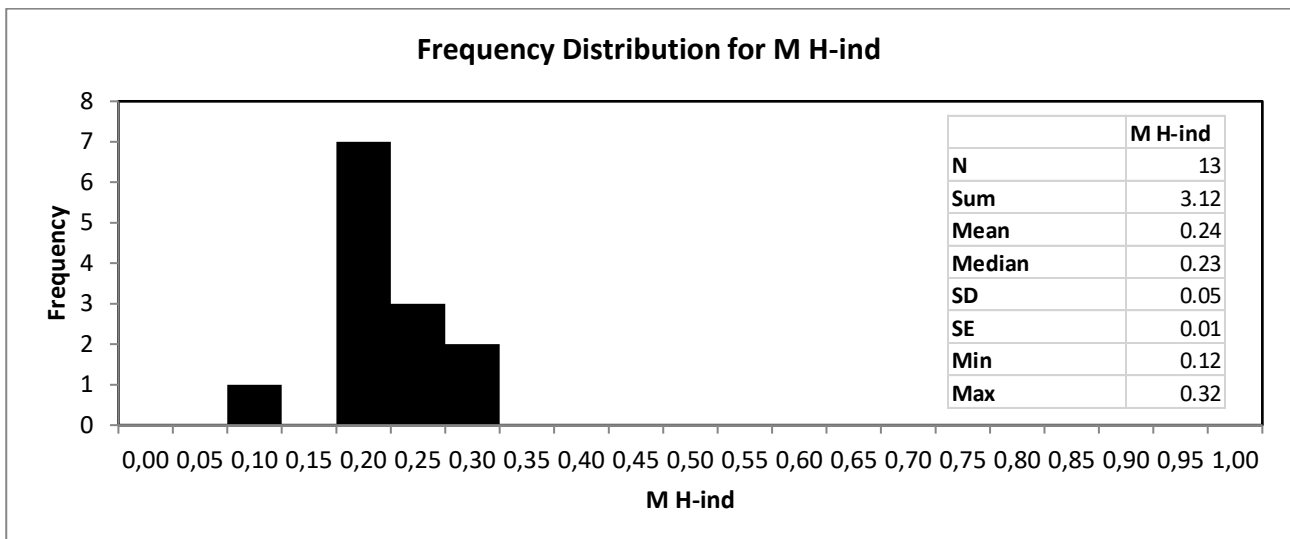
Dalla valutazione delle distanze, si noti come i soggetti P2055 e P614 si distanziano bene dagli altri.

# Valutazione CONSANGUINEITA'

Come stima della consanguineità è stata analizzata l'eterozigosi media osservata ( $H_o = 0.24$ ), riportata nella tabella sottostante, insieme al numero 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 molto bassa (0.24) e la percentuale di loci polimorfi risulta essere del 53.85%. La parentela totale media è di 0,78.

Pop		N	Na	Ne	I	Ho	He	F
M	Mean	12.65	1.69	1.47	0.37	0.24	0.24	0.00
	SE	0.17	0.14	0.10	0.07	0.05	0.05	0.07

Il grafico sottostante mostra la distribuzione della eterozigosi individuale (H-ind) nella popolazione analizzata. La distribuzione complessiva si aggira tra i valori 0.10 e 0.30, valori non molto alti per quanto riguarda la variabilità genetica.



Il test dell'equilibrio di Hardy-Weinberg mostra un'elevata presenza di loci monomorfi, ovvero loci che presentano un singolo allele, indice di bassa variabilità genetica. Tutti i loci polimorfi sono in equilibrio di HW, ad eccezione di due (ADL0278 e MCW034).

Pop	Locus	DF	ChiSq	Prob	Signif
M	ADL0278	1	8.592	0.003	**
M	LEI094	Monomorphic			
M	MCW014	Monomorphic			
M	MCW016	1	0.090	0.764	ns
M	MCW0165	Monomorphic			
M	MCW020	Monomorphic			
M	MCW0206	Monomorphic			
M	MCW0222	Monomorphic			
M	MCW0248	Monomorphic			
M	MCW037	3	7.259	0.064	ns
M	MCW067	1	0.231	0.631	ns
M	MCW081	Monomorphic			

M	PAX7	1	0.294	0.588	ns
M	ADL0112	Monomorphic			
M	ADL0268	Monomorphic			
M	LEI0166	1	0.245	0.621	ns
M	LEI0192	1	0.737	0.391	ns
M	LEI0228	Monomorphic			
M	LEI0258	3	1.162	0.762	ns
M	MCW0104	1	0.090	0.764	ns
M	MCW0111	1	0.001	0.977	ns
M	MCW0183	3	2.311	0.510	ns
M	MCW0216	1	0.008	0.928	ns
M	MCW034	1	8.957	0.003	**
M	MCW069	Monomorphic			
M	MCW078	3	2.941	0.401	ns

In conclusione i soggetti di questa razza presentano una bassa variabilità genetica sia dalla valutazione dell'eterozigosi individuale (H-ind) che dall'elevata presenza di loci monomorfi, indice di consanguineità elevata.

# Piano di selezione dei maschi

Per i piani di selezione dei maschi, sono stati stimati l'**indice di variabilità individuale (H-ind)**, e la **distanza genetica (DPS)**.

**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

**DPS**= (1-grado di parentela), valori da 0 a 1, valori alti indicano una distanza genetica maggiore tra i soggetti, valori bassi indicano un grado di parentela elevato quindi soggetti più vicini geneticamente

Considerando i valori di H-ind o DPS maggiori della media (media H-ind= 0.24; media DPS=0.22), abbiamo individuato 8 soggetti risultati essere migliori per almeno uno dei due valori (evidenziati in grassetto in tabella).

**Il soggetto migliore è quello che presenta entrambi i valori elevati (in grassetto rosso in tabella).**

Sample	Pop	H-indiv	DPS
<b>P01</b>	M	<b>0.24</b>	0.22
<b>P2055</b>	M	<b>0.26</b>	0.26
P2348	M	0.20	0.21
<b>P2353</b>	M	<b>0.27</b>	0.21
P2366	M	0.12	0.22
<b>P2377</b>	M	<b>0.31</b>	0.20
P2400	M	0.23	0.18
P516	M	0.23	0.21
P573	M	0.23	0.22
<b>P614</b>	M	0.22	<b>0.24</b>
<b>P615</b>	M	<b>0.27</b>	0.19
<b>P648</b>	M	0.23	<b>0.25</b>
<b>P693</b>	M	<b>0.32</b>	0.22
media		0.24	0.22

Sulla base dei risultati delle analisi riportati precedentemente, per massimizzare la selezione dei maschi, abbiamo combinati gli indici di variabilità individuale (H-ind) e il grado di parentela (PS) in un nuovo indice di conservazione (C) calcolato come la differenza tra H-ind e PS. L'indice varia da 1 a -1, valori elevati indicano bassa consanguineità e maggiore variabilità genetica.

Sample	Pop	H-ind	PS	C
<b>P693</b>	M	<b>0.32</b>	0.78	-0.46
<b>P2055</b>	M	<b>0.26</b>	0.74	-0.47
<b>P2377</b>	M	<b>0.31</b>	0.80	-0.50
<b>P2353</b>	M	<b>0.27</b>	0.79	-0.52
P648	M	0.23	0.75	-0.52
<b>P615</b>	M	<b>0.27</b>	0.81	-0.54
<b>P01</b>	M	<b>0.24</b>	0.78	-0.54
P573	M	0.23	0.78	-0.54
P614	M	0.22	0.76	-0.55

P516	M	0.23	0.79	-0.56
P2400	M	0.23	0.82	-0.59
P2348	M	0.20	0.79	-0.59
P2366	M	0.12	0.78	-0.67

**I soggetti migliori risultano essere quelli evidenziati in verde, seguendo l'ordine della tabella: P693, P2055, P2377, P2353, P648.**

Di seguito viene riportata la figura dell'analisi delle componenti principali, in verde si possono identificare le posizioni dei soggetti selezionati.

