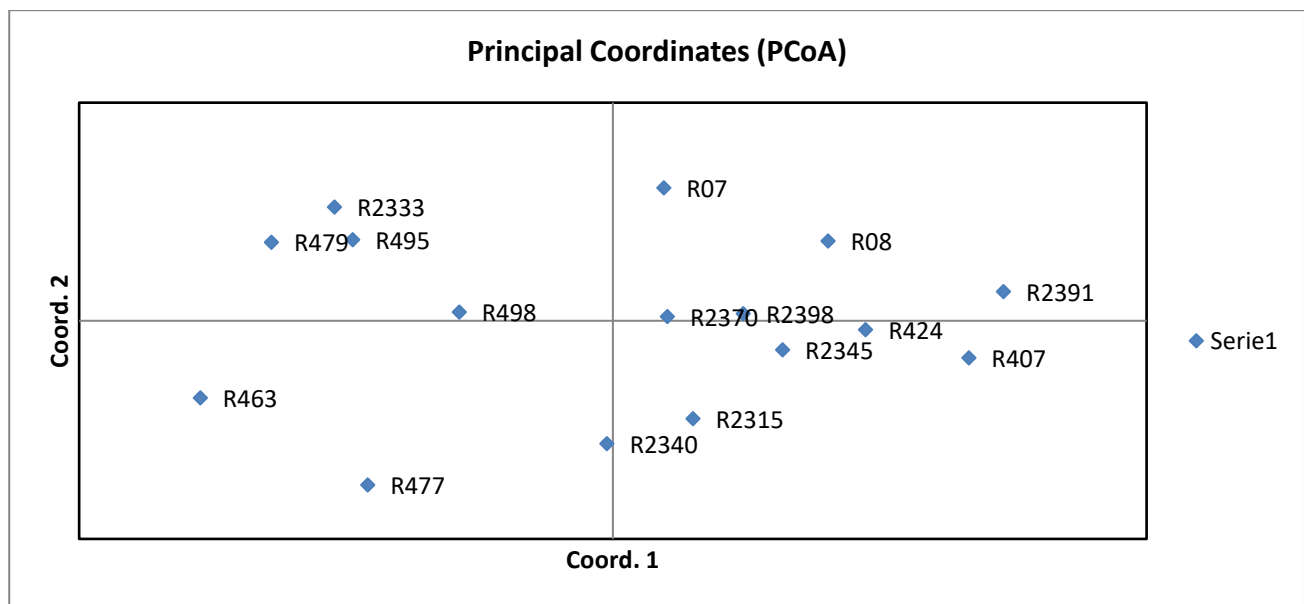




Servizio di Analisi Laboratorio di Genetica Molecolare Animale

ROBUSTA Maculata UNIMI 2022 Valutazione Variabilità Genetica

Sono stati caratterizzati geneticamente 16 soggetti maschi appartenenti alla razza Robusta Maculata (RM). 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).



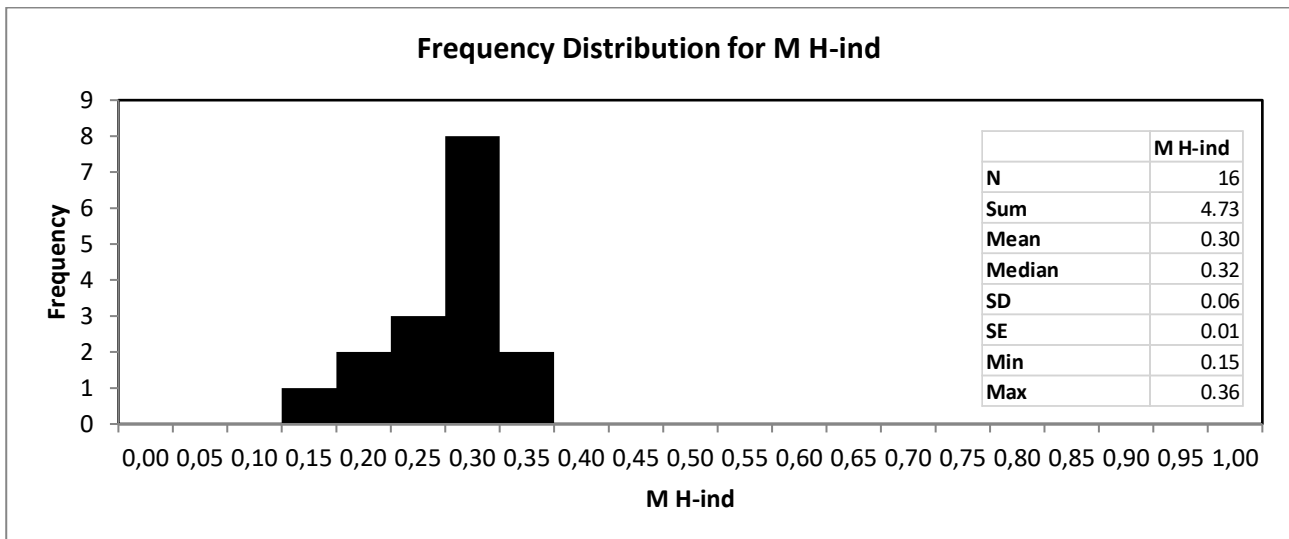
Dalla valutazione delle distanze, si noti come i soggetti si distribuiscano in modo uniforme.

Valutazione CONSANGUINEITA'

Come stima della consanguineità è stata analizzata l'eterozigosi media osservata ($H_o = 0.28$), 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), ma la percentuale di loci polimorfi risulta essere del 73.08%. La parentela totale media è alta (0.80).

Pop		N	Na	Ne	I	Ho	He	F
M	Mean	15.38	1.88	1.50	0.41	0.28	0.26	-0.05
	SE	0.43	0.13	0.10	0.07	0.06	0.04	0.10

Il grafico sottostante mostra la distribuzione della eterozigosi individuale (H-ind) nella popolazione analizzata. La distribuzione complessiva si aggira tra i valori 0.15 e 0.35, valori non molto alti per quanto riguarda la variabilità genetica.



Il test dell'equilibrio di Hardy-Weinberg mostra la presenza di 7 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 quattro (ADL0278, LEI0228, MCW0104 e MCW0111).

Pop	Locus	DF	ChiSq	Prob	Signif
M	ADL0278	3	12.457	0.006	**
M	LEI094	1	0.327	0.568	ns
M	MCW014	Monomorphic			
M	MCW016	Monomorphic			
M	MCW0165	1	2.450	0.118	ns
M	MCW020	Monomorphic			
M	MCW0206	1	0.907	0.341	ns
M	MCW0222	1	2.450	0.118	ns
M	MCW0248	1	2.939	0.086	ns
M	MCW037	Monomorphic			
M	MCW067	1	0.171	0.679	ns

M	MCW081	Monomorphic			
M	PAX7	1	2.450	0.118	ns
M	ADL0112	Monomorphic			
M	ADL0268	Monomorphic			
M	LEI0166	1	0.071	0.790	ns
M	LEI0192	3	6.486	0.090	ns
M	LEI0228	3	14.000	0.003	**
M	LEI0258	1	0.549	0.459	ns
M	MCW0104	1	16.000	0.000	***
M	MCW0111	1	16.000	0.000	***
M	MCW0183	3	3.748	0.290	ns
M	MCW0216	1	2.221	0.136	ns
M	MCW034	1	0.171	0.679	ns
M	MCW069	1	0.441	0.507	ns
M	MCW078	1	0.017	0.897	ns
Key: ns=not significant, * P<0.05, ** P<0.01, *** P<0.001					

In conclusione i soggetti di queste razze presentano una bassa variabilità genetica sia dalla valutazione dell'eterozigosi individuale (H-ind) che dalla presenza di loci in equilibrio di HW.

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 valori di H-ind o DPS maggiori della media (media H-ind = 0.30; media DPS= 0.20), abbiamo individuato 12 soggetti risultati essere migliori per almeno uno dei due valori (evidenziati in grassetto e evidenziati in verde in tabella).

I soggetti migliori sono quelli che presentano entrambi i valori elevati (in grassetto rosso in tabella).

Sample	Pop	H-ind	DPS
R07	M	0.32	0.17
R08	M	0.36	0.19
R2315	M	0.32	0.19
R2333	M	0.15	0.20
R2340	M	0.32	0.18
R2345	M	0.32	0.21
R2370	M	0.29	0.16
R2391	M	0.32	0.21
R2398	M	0.33	0.15
R407	M	0.33	0.19
R424	M	0.29	0.21
R463	M	0.20	0.24
R477	M	0.36	0.26
R479	M	0.31	0.20
R495	M	0.23	0.17
R498	M	0.27	0.18
media		0.30	0.20

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-indiv	PS	C
R477	M	0.36	0.74	-0.38
R08	M	0.36	0.81	-0.45
R2345	M	0.32	0.79	-0.47
R2391	M	0.32	0.79	-0.47
R407	M	0.33	0.81	-0.47
R2315	M	0.32	0.81	-0.49
R479	M	0.31	0.80	-0.49
R424	M	0.29	0.79	-0.50
R2340	M	0.32	0.82	-0.50

R07	M	0.32	0.83	-0.51
R2398	M	0.33	0.85	-0.52
R498	M	0.27	0.82	-0.55
R2370	M	0.29	0.84	-0.55
R463	M	0.20	0.76	-0.56
R495	M	0.23	0.83	-0.60
R2333	M	0.15	0.80	-0.64

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

