



Servizio di Analisi Laboratorio di Genetica Molecolare Animale

VALDARNESE BIANCA UNIFI 2023

Valutazione Variabilità GENETICA

Sono stati caratterizzati geneticamente 55 soggetti appartenenti alla razza Valdarnese Bianca: 23 maschi e 32 femmine.

I risultati dell'analisi di 26 marcatori mostrano la presenza di 147 alleli con un polimorfismo del 100%. Il 38,5% dei loci risultano non in equilibrio (10 su 26). Il numero medio di alleli è 5,7 e quello effettivo 3,2; l'eterozigosi osservata risulta essere 63,3. Nella tabella 1 si riportano i valori medi degli indici di variabilità.

Pop		N	Na	Ne	I	Ho	He	uHe	F
VALD B	Mean	54,538	5,654	3,191	1,250	0,569	0,633	0,639	0,090
	SE	0,284	0,597	0,262	0,085	0,029	0,030	0,031	0,029

Tabella 1: Valori medi degli indici di variabilità:

N= numero dei soggetti; **Na**= numero di alleli per locus; **Ne**= ricchezza allelica; **I**= indice di Shannon (indice di strutturazione della popolazione); **Ho**= eterozigosi osservata; **He**= eterozigosi attesa; **uHe**= eterozigosi corretta; **F**= indice di consanguineità

Per ciascun locus analizzato, sono state calcolate le frequenze alleliche (Tabella 2) e quelle genotipiche (grafico della Figura 1).

Locus	Allele	Freq	Locus	Allele	Freq	Locus	Allele	Freq	Locus	Allele	Freq	Locus	Allele	Freq
ADL0278	N	55	MCW0206	N	53	ADL0268	N	55	LEI0258	N	54	MCW0183	N	55
	113	0,664		223	0,028		104	0,145		195	0,139		296	0,509
	120	0,009		227	0,377		110	0,445		207	0,028		298	0,036
	121	0,245		231	0,425		112	0,073		217	0,009		302	0,009
	122	0,082		239	0,170		114	0,200		249	0,065		306	0,227
LEI094	N	53	MCW0222	N	55		116	0,136		275	0,074		310	0,136
	247	0,113		220	0,045	LEI0166	N	55		291	0,009		312	0,036
	249	0,142		222	0,691		356	0,127		297	0,056		318	0,045
	255	0,019		224	0,036		360	0,727		309	0,056	MCW0216	N	55
	261	0,104		226	0,227		366	0,145		311	0,019		141	0,009
	263	0,292	MCW0248	N	55	LEI0192	N	55		359	0,093		143	0,309
	265	0,132		215	0,900		255	0,464		371	0,287		144	0,036
	275	0,104		219	0,091		267	0,027		383	0,009		145	0,645
	279	0,019		223	0,009		271	0,155		393	0,019	MCW034	N	55
	287	0,075	MCW037	N	55		275	0,018		395	0,139		214	0,036
MCW014	N	55		154	0,282		287	0,027	MCW0104	N	55		220	0,118
	174	0,173		156	0,436		291	0,064		190	0,191		222	0,145
	176	0,036		157	0,036		295	0,073		196	0,118		224	0,045
	180	0,782		158	0,245		299	0,009		200	0,091		228	0,036
	184	0,009	MCW067	N	55		303	0,109		204	0,018		230	0,155
MCW016	N	55		174	0,273		309	0,009		206	0,427		232	0,455
	160	0,018		176	0,536		311	0,027		210	0,082		244	0,009
	172	0,036		180	0,191		323	0,009		220	0,036	MCW069	N	55
	174	0,145	MCW081	N	55		355	0,009		224	0,018		158	0,345
	178	0,518		108	0,282	LEI0228	N	48		226	0,018		164	0,145
	180	0,264		110	0,309		163	0,083	MCW0111	N	55		166	0,300
	206	0,018		124	0,036		197	0,177		96	0,227		168	0,164
MCW0165	N	55		130	0,373		201	0,073		98	0,445		170	0,045
	111	0,182	PAX7	N	55		205	0,333		100	0,300	MCW078	N	55
	113	0,309		253	0,464		209	0,031		106	0,018		135	0,245
	115	0,482		283	0,482		213	0,021		118	0,009		139	0,436
	119	0,027		315	0,055		217	0,104					141	0,291
MCW020	N	55	ADL0112	N	55		229	0,073					143	0,027
	179	0,309		124	0,164		231	0,094						
	181	0,191		126	0,245		263	0,010						
	183	0,100		130	0,309									
	185	0,400		132	0,282									

Tabella 2: frequenze alleliche

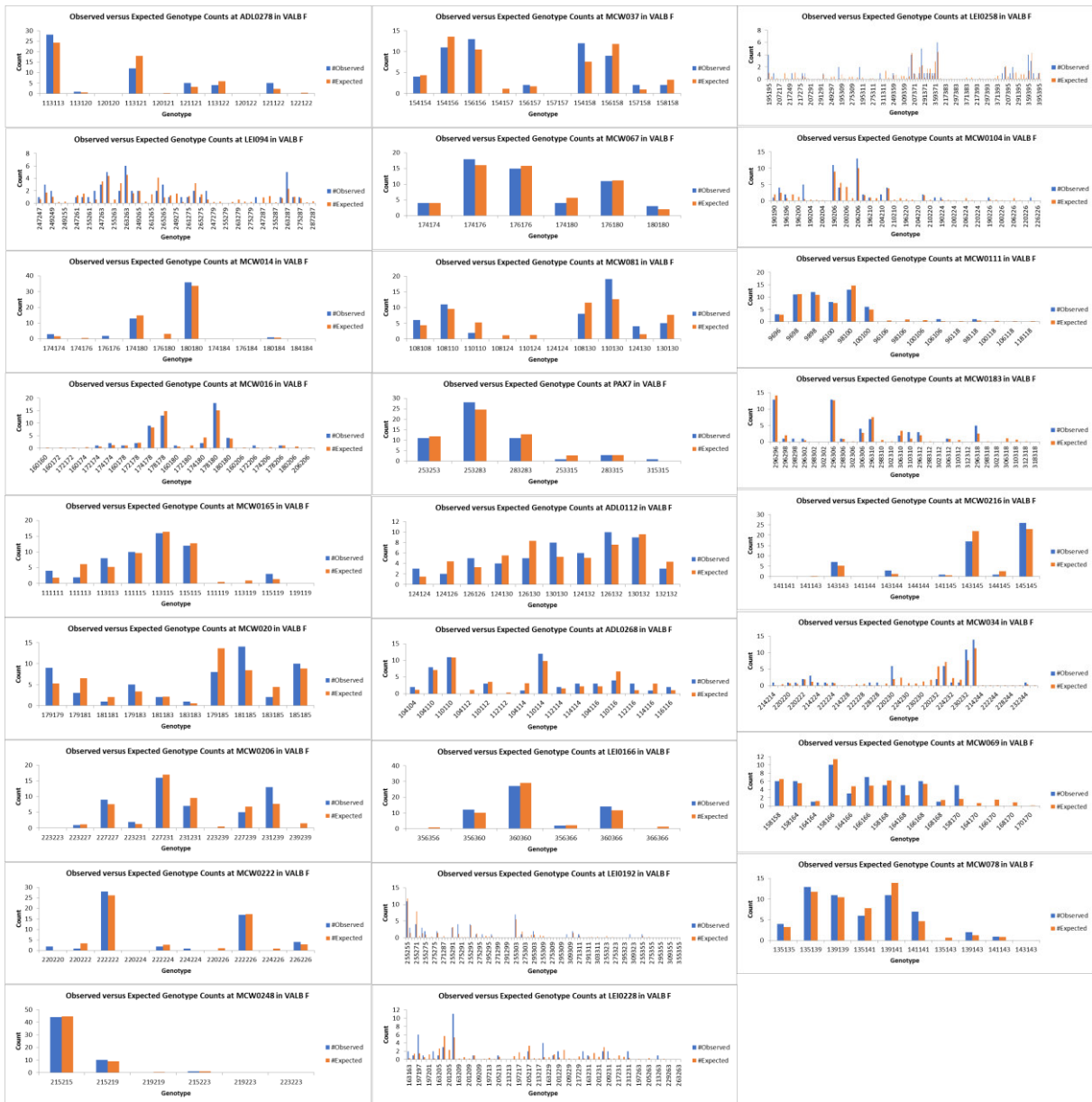


Figura 1: frequenza genotipiche

Valutazione CONSANGUINEITA'

Come stima della consanguineità è stata analizzata l'**eterozigosi media osservata** ($H_o=0,57$), riportata nel grafico sottostante, insieme alla mediana, deviazione standard (SD), errore standard (SE), valore massimo e minimo; i valori di media e mediana sono molto simili.

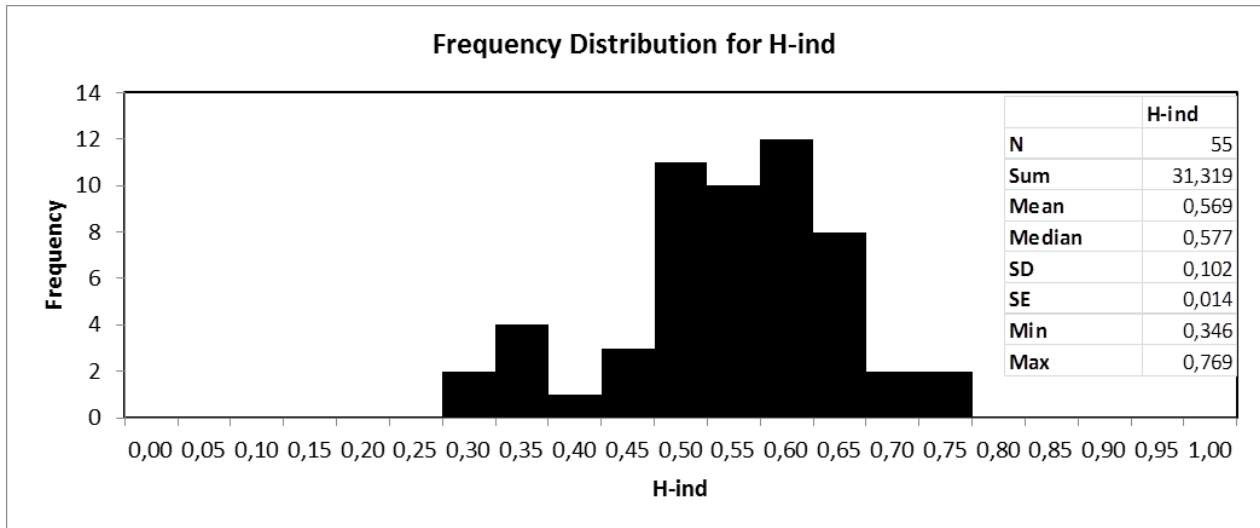


Figura 2: distribuzione della consanguineità molecolare individuale (H-ind)

Il grafico nella Figura 2 mostra la distribuzione della consanguineità molecolare individuale (H-ind) nella popolazione analizzata. La distribuzione complessiva segue un andamento a campana con spostamento della distribuzione verso destra (valori mediamente alti di variabilità individuale).

Struttura genetica della popolazione

I profili genetici dei soggetti analizzati sono stati utilizzati per lo studio della struttura genetica della popolazione. La matrice di distanza è stata calcolata utilizzando la parentela molecolare in termini di alleli condivisi. L'analisi delle componenti principali evidenzia la variabilità genetica esistente nel gruppo campionato. Il grafico nella Figura 3 illustra la distribuzione dei soggetti in termini di diversità genetica: i soggetti più simili sono vicini nel grafico e quelli più distanti geneticamente sono lontani. La rappresentazione grafica ad albero delle distanze genetiche (Figura 4) mette in evidenza l'esistenza di 4 linee familiari.

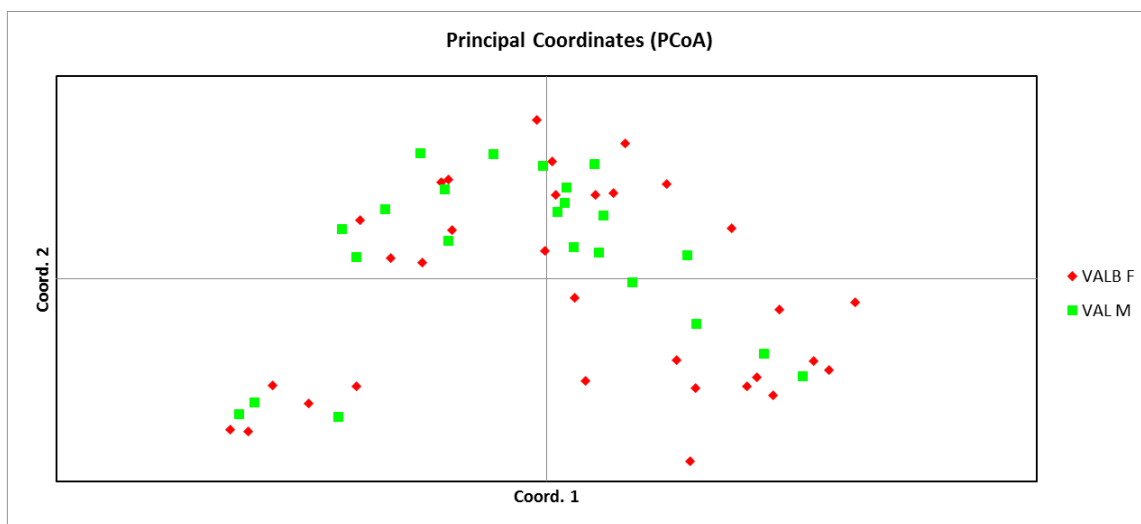


Figura 1: distribuzione dei soggetti in termini di diversità genetica:
VAL M=maschi; **VALB F**=femmine.

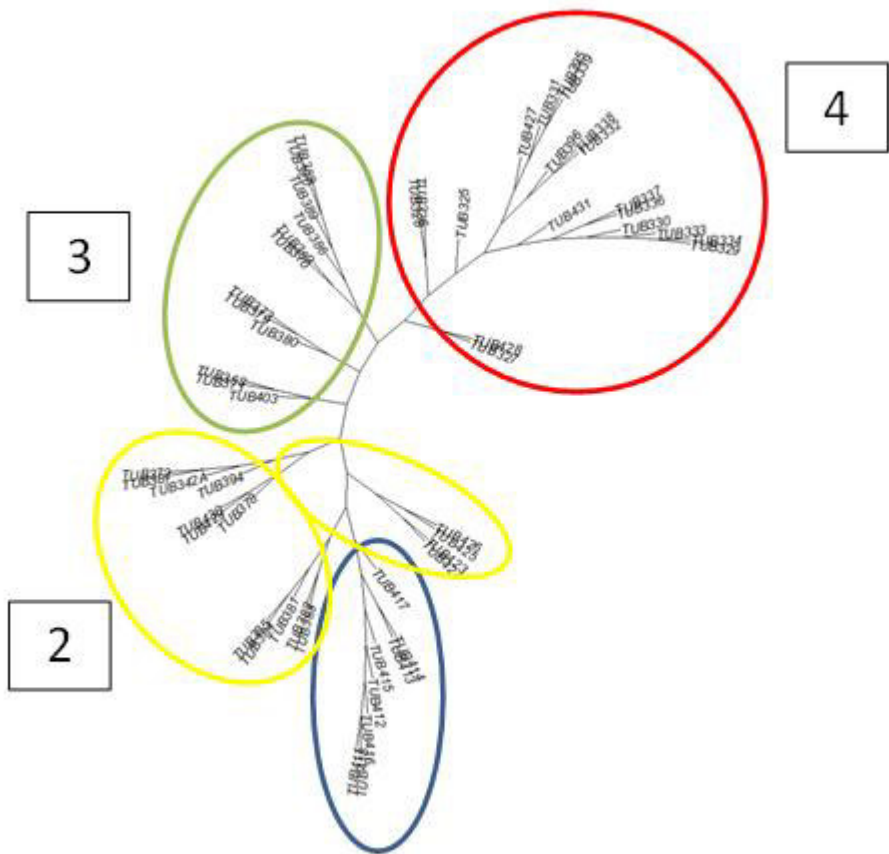
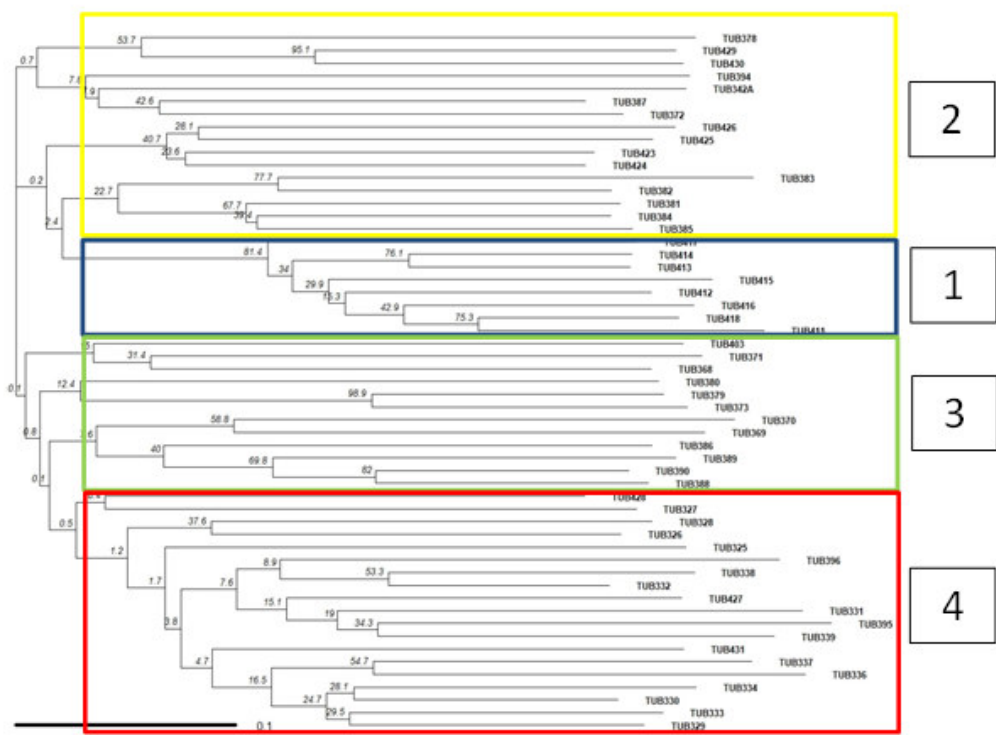


Figura 2: rappresentazione grafica delle distanze genetiche

INDICI di Variabilità

Per ciascun individuo, sono stati definiti l'indice di variabilità individuale (H-ind) e l'indice di parentela media (P) (Tabella 3).

	H-ind	P	FAM	SESSO		H-ind	P	FAM	SESSO
TUB411	0,50	0,43	1	F	TUB414	0,54	0,49	1	M
TUB412	0,58	0,48	1	F	TUB416	0,62	0,46	1	M
TUB413	0,54	0,49	1	F	TUB418	0,46	0,47	1	M
TUB415	0,50	0,45	1	F	TUB381	0,58	0,46	2	M
TUB417	0,62	0,48	1	F	TUB384	0,58	0,46	2	M
TUB382	0,54	0,46	2	F	TUB423	0,62	0,46	2	M
TUB383	0,39	0,40	2	F	TUB426	0,62	0,42	2	M
TUB385	0,39	0,46	2	F	TUB342A	0,54	0,41	2	M
TUB424	0,77	0,47	2	F	TUB372	0,73	0,43	2	M
TUB425	0,69	0,44	2	F	TUB378	0,48	0,42	2	M
TUB430	0,62	0,42	2	F	TUB387	0,77	0,44	2	M
TUB369	0,68	0,46	3	F	TUB394	0,62	0,40	2	M
TUB370	0,58	0,42	3	F	TUB429	0,65	0,42	2	M
TUB373	0,65	0,42	3	F	TUB368	0,54	0,44	3	M
TUB379	0,58	0,43	3	F	TUB371	0,54	0,44	3	M
TUB380	0,62	0,44	3	F	TUB390	0,62	0,47	3	M
TUB386	0,69	0,44	3	F	TUB325	0,72	0,47	4	M
TUB388	0,39	0,46	3	F	TUB326	0,65	0,46	4	M
TUB389	0,50	0,44	3	F	TUB327	0,69	0,47	4	M
TUB403	0,35	0,42	3	F	TUB328	0,62	0,46	4	M
TUB329	0,64	0,50	4	F	TUB427	0,58	0,47	4	M
TUB330	0,58	0,50	4	F	TUB428	0,65	0,48	4	M
TUB331	0,56	0,44	4	F	TUB431	0,40	0,48	4	M
TUB332	0,62	0,51	4	F					
TUB333	0,56	0,49	4	F					
TUB334	0,62	0,47	4	F					
TUB336	0,39	0,47	4	F					
TUB337	0,35	0,45	4	F					
TUB338	0,50	0,48	4	F					
TUB339	0,58	0,44	4	F					
TUB395	0,46	0,41	4	F					
TUB396	0,54	0,44	4	F					

Tabella 3: indici di variabilità individuale e indici di parentela media per ciascun individuo:

H-ind= indice di Variabilità Genetica individuale (eterozigosi 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 dei riproduttori sarebbero da preferire valori più bassi di P.

FAM= identificativo della linea genetica familiare.

La parentela media della popolazione risulta essere 0,45 (SE=0,00; SD=0,03). Per ciascuna linea familiare è stata calcolata la parentela media tra soggetti (Tabella 4).

F1	F2	F3	F4
0,67	0,45	0,45	0,51

Tabella 4: parentela media tra soggetti per ciascuna linea familiare

Piano di Accoppiamento

Scelta femmine

Per i piani di accoppiamento sono stati usati 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. Le femmine dovrebbero essere selezionate sulla base dell'indice H-ind per massimizzare la conservazione della variabilità genetica ma il numero esiguo per linea familiare non ha permesso la selezione.

Scelta maschi

Per i maschi sono state calcolate le parentele medie con le femmine di ciascuna linea familiare (Tabella 5).

	FAM	SESSO	F1	F2	F3	F4
TUB414	1	M	0,67	0,44	0,42	0,47
TUB416	1	M	0,67	0,42	0,40	0,41
TUB418	1	M	0,67	0,44	0,40	0,41
TUB381	2	M	0,49	0,52	0,42	0,39
TUB384	2	M	0,45	0,47	0,43	0,42
TUB423	2	M	0,40	0,50	0,41	0,43
TUB426	2	M	0,39	0,48	0,40	0,37
TUB342A	2	M	0,40	0,43	0,36	0,35
TUB372	2	M	0,37	0,40	0,42	0,39
TUB378	2	M	0,39	0,41	0,41	0,42
TUB387	2	M	0,43	0,45	0,44	0,39
TUB394	2	M	0,39	0,42	0,39	0,34
TUB429	2	M	0,34	0,43	0,38	0,39
TUB368	3	M	0,45	0,45	0,39	0,38
TUB371	3	M	0,41	0,41	0,42	0,42
TUB390	3	M	0,43	0,40	0,52	0,43
TUB325	4	M	0,43	0,39	0,44	0,52
TUB326	4	M	0,38	0,42	0,45	0,50
TUB327	4	M	0,43	0,41	0,45	0,49
TUB328	4	M	0,43	0,41	0,39	0,46
TUB427	4	M	0,42	0,40	0,41	0,58
TUB428	4	M	0,44	0,45	0,45	0,47
TUB431	4	M	0,41	0,42	0,42	0,55

Tabella 5: parentele medie dei maschi calcolate con le femmine di ciascuna linea familiare

Gli accoppiamenti sono stati proposti sulla base dei contributi ottimali, minimizzando la parentela tra i riproduttori: il gruppo femmine è stato formato tenendo in considerazione le famiglie identificate, mentre i maschi sono stati selezionati tenendo in considerazione l'indice H-ind e la parentela familiare mediante il calcolo dell'indice di conservazione (IC). In rosso i soggetti che presentano un IC inferiore alla media ed in verde i maschi da accoppiare con le rispettive famiglie (Tabella 6).

Sample	Fam	H-ind	F1	F2	F3	F4	IC%1	IC%2	IC%3	IC%4
TUB414	1	0,54	0,67	0,44	0,42	0,47	-0,17	0,06	0,08	0,03
TUB416	1	0,62	0,67	0,42	0,40	0,41	-0,17	0,08	0,10	0,08
TUB418	1	0,46	0,67	0,44	0,40	0,41	-0,17	0,06	0,10	0,08
TUB381	2	0,58	0,49	0,52	0,42	0,39	0,01	-0,02	0,08	0,10
TUB384	2	0,58	0,45	0,47	0,43	0,42	0,05	0,03	0,07	0,07
TUB423	2	0,62	0,40	0,50	0,41	0,43	0,09	0,00	0,08	0,07
TUB426	2	0,62	0,39	0,48	0,40	0,37	0,10	0,01	0,09	0,12
TUB342A	2	0,54	0,40	0,43	0,36	0,35	0,09	0,06	0,14	0,15
TUB372	2	0,73	0,37	0,40	0,42	0,39	0,12	0,09	0,07	0,11
TUB378	2	0,48	0,39	0,41	0,41	0,42	0,11	0,08	0,09	0,08
TUB387	2	0,77	0,43	0,45	0,44	0,39	0,06	0,04	0,05	0,11
TUB394	2	0,62	0,39	0,42	0,39	0,34	0,11	0,08	0,11	0,16
TUB429	2	0,65	0,34	0,43	0,38	0,39	0,15	0,07	0,11	0,11
TUB368	3	0,54	0,45	0,45	0,39	0,38	0,05	0,05	0,10	0,11
TUB371	3	0,54	0,41	0,41	0,42	0,42	0,09	0,09	0,07	0,07
TUB390	3	0,62	0,43	0,40	0,52	0,43	0,06	0,09	-0,02	0,06
TUB325	4	0,72	0,43	0,39	0,44	0,52	0,07	0,11	0,06	-0,02
TUB326	4	0,65	0,38	0,42	0,45	0,50	0,12	0,07	0,05	0,00
TUB327	4	0,69	0,43	0,41	0,45	0,49	0,07	0,09	0,05	0,01
TUB328	4	0,62	0,43	0,41	0,39	0,46	0,06	0,08	0,10	0,03
TUB427	4	0,58	0,42	0,40	0,41	0,58	0,08	0,10	0,08	-0,07
TUB428	4	0,65	0,44	0,45	0,45	0,47	0,06	0,05	0,04	0,03
TUB431	4	0,40	0,41	0,42	0,42	0,55	0,08	0,07	0,08	-0,05

Tabella 6: accoppiamenti proposti sulla base dei contributi ottimali.

IC= indice di conservazione; IC%= indice di conservazione basato sulla parentela media familiare