



## Servizio di Analisi Laboratorio di Genetica Molecolare Animale

# VALDARNO NERA UNIFI 2023

## Valutazione Variabilità GENETICA

Sono stati caratterizzati geneticamente 52 soggetti appartenenti alla razza Valdarno Nera: 24 maschi e 28 femmine.

I risultati dell'analisi di 26 marcatori mostrano la presenza di 116 alleli con un polimorfismo del 100%. Il 23,1% dei loci risultano non in equilibrio (6 su 26). Il numero medio di alleli è 4,5 e quello effettivo 2,6; l'eterozigosi osservata risulta essere 49,9. Nella tabella 1 si riportano i valori medi degli indici di variabilità.

Pop		N	Na	Ne	I	Ho	He	uHe	F
VALDN	Mean	51,154	4,462	2,586	1,004	0,499	0,544	0,549	0,082
	SE	0,660	0,478	0,244	0,086	0,039	0,036	0,037	0,034

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
ADL0278	N	52	MCW0248	N	52	LEI0192	N	52	MCW0111	N	52
	113	0,510		215	0,981		255	0,096		98	0,212
	119	0,058		219	0,019		271	0,452		100	0,788
	121	0,317	MCW037	N	52		275	0,010	MCW0183	N	52
	122	0,115		154	0,317		279	0,356		296	0,327
LEI094	N	50		156	0,471		291	0,029		298	0,019
	261	0,410		157	0,077		295	0,029		302	0,125
	263	0,580		158	0,135		379	0,029		306	0,510
	275	0,010	MCW067	N	52	LEI0228	N	35		318	0,019
MCW014	N	49		174	0,712		163	0,086	MCW0216	N	52
	180	0,724		176	0,202		197	0,043		143	0,490
	182	0,276		180	0,087		201	0,086		145	0,510
MCW016	N	52	MCW081	N	52		205	0,129	MCW034	N	52
	172	0,029		108	0,356		217	0,171		220	0,212
	174	0,904		110	0,442		221	0,014		224	0,010
	178	0,067		124	0,029		225	0,029		228	0,010
MCW0165	N	52		130	0,173		229	0,029		230	0,010
	111	0,481	PAX7	N	52		231	0,229		232	0,442
	113	0,125		253	0,750		237	0,029		242	0,163
	115	0,394		283	0,231		247	0,029		244	0,125
MCW020	N	52		315	0,019		263	0,129		246	0,029
	179	0,317	ADL0112	N	52	LEI0258	N	52	MCW069	N	52
	181	0,481		124	0,029		195	0,010		158	0,375
	183	0,038		126	0,298		207	0,010		162	0,010
	185	0,163		130	0,663		261	0,308		164	0,298
MCW0206	N	52		132	0,010		297	0,077		166	0,067
	223	0,077	ADL0268	N	52		309	0,038		168	0,115
	227	0,288		110	0,423		311	0,452		170	0,019
	229	0,077		112	0,115		359	0,096		174	0,115
	231	0,558		114	0,202		371	0,010	MCW078	N	52
MCW0222	N	52		116	0,260	MCW0104	N	52		135	0,221
	220	0,096	LEI0166	N	52		190	0,433		139	0,731
	222	0,769		356	0,375		196	0,288		141	0,010
	224	0,135		360	0,385		200	0,010		143	0,038
				366	0,240		204	0,010			
							206	0,115			
							220	0,010			
							222	0,058			
							226	0,077			

Tabella 2: frequenze alleliche



Figura 1: frequenza genotipiche

## Valutazione CONSANGUINEITA'

Come stima della consanguineità è stata analizzata l'**eterozigosi media osservata** ( $H_o=0,50$ ), 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.

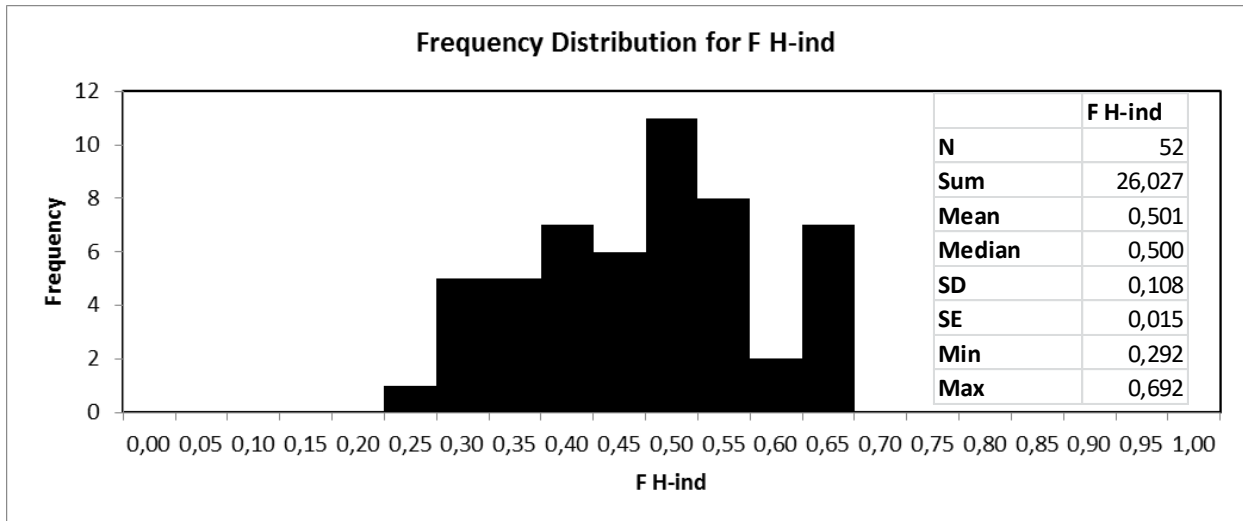


Figura 2: distribuzione della consanguineità molecolare individuale (H-ind)

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.

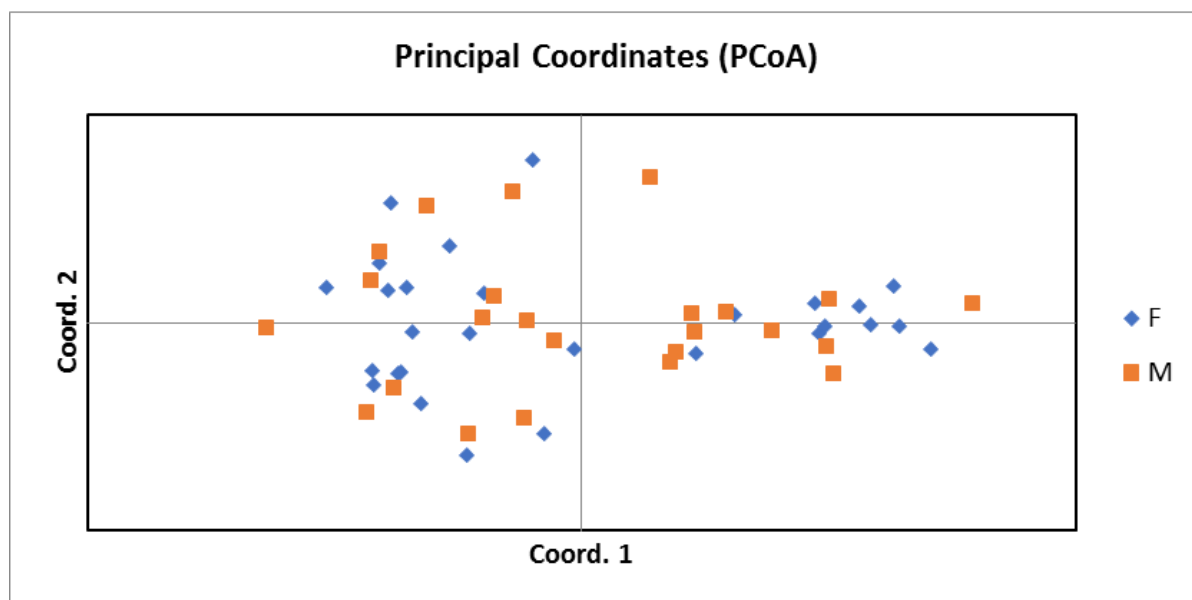


Figura 1: distribuzione dei soggetti in termini di diversità genetica:  
F=femmine; M=maschi.

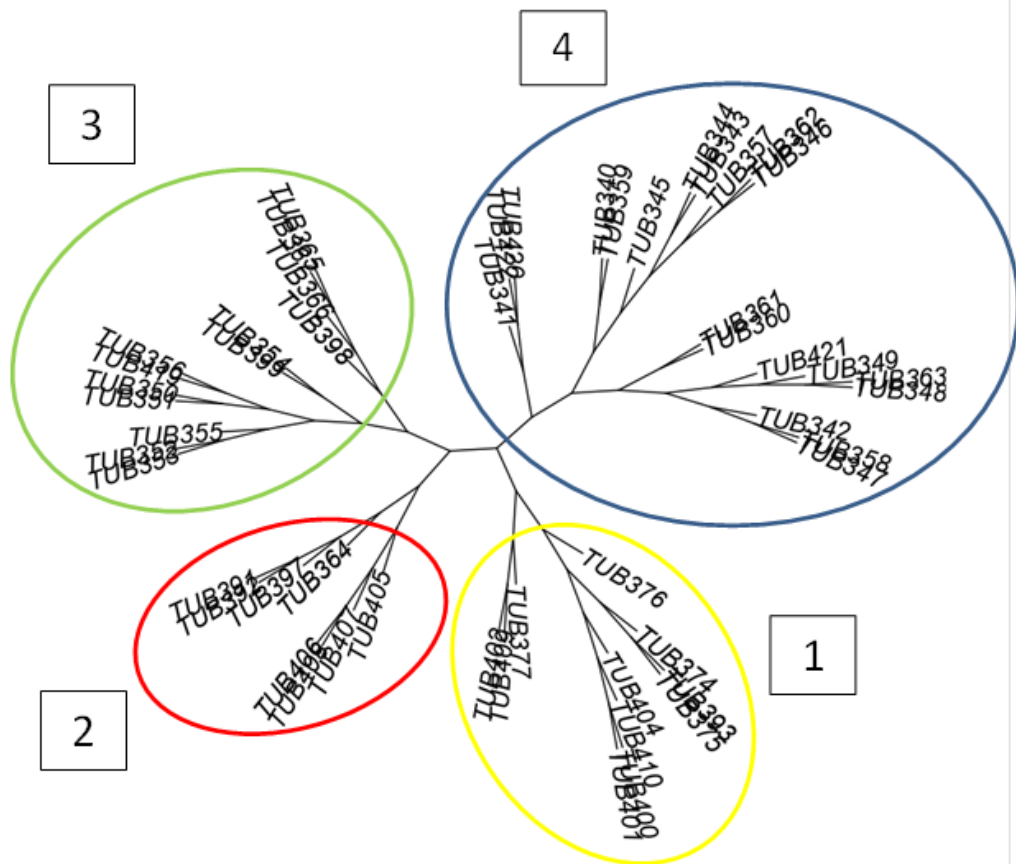
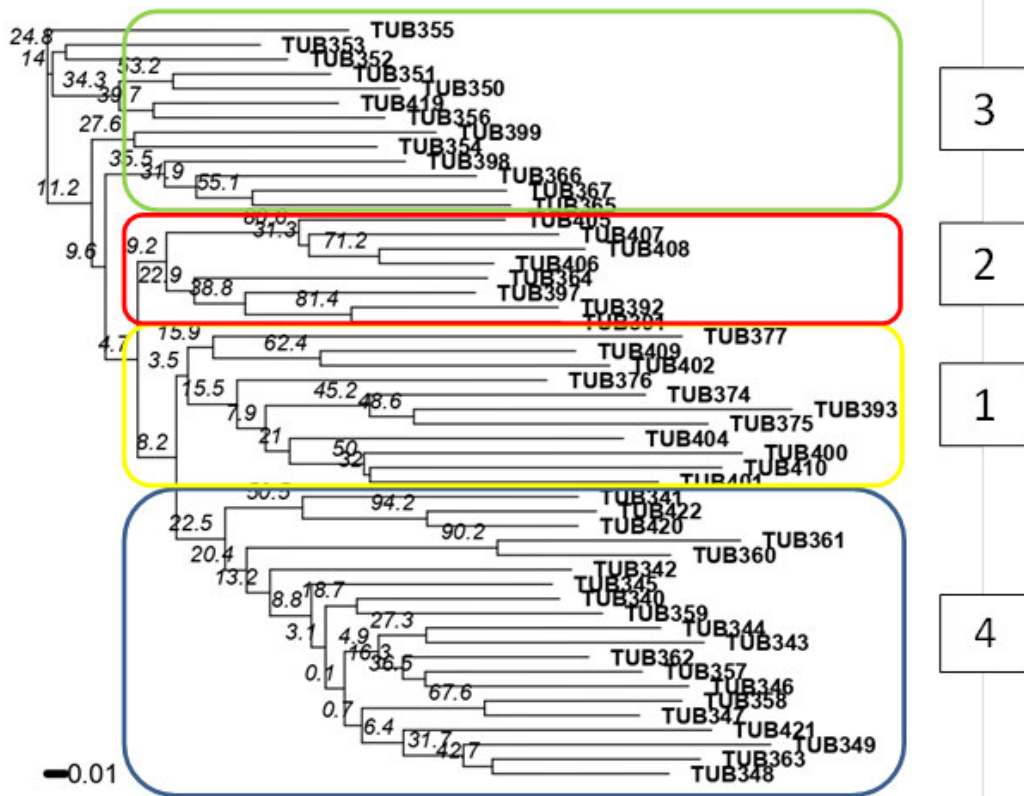


Figura 2: rappresentazione grafica delle distanze genetiche

## 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
TUB374	0,69	0,51	1	F	TUB375	0,46	0,48	1	M
TUB376	0,58	0,55	1	F	TUB393	0,38	0,44	1	M
TUB377	0,44	0,47	1	F	TUB400	0,58	0,45	1	M
TUB401	0,64	0,51	1	F	TUB402	0,56	0,54	1	M
TUB404	0,54	0,53	1	F	TUB409	0,54	0,53	1	M
TUB410	0,44	0,47	1	F	TUB364	0,36	0,53	2	M
TUB391	0,42	0,52	2	F	TUB397	0,38	0,57	2	M
TUB392	0,50	0,52	2	F	TUB405	0,60	0,57	2	M
TUB406	0,68	0,58	2	F	TUB408	0,48	0,52	2	M
TUB407	0,42	0,53	2	F	TUB350	0,35	0,53	3	M
TUB352	0,35	0,56	3	F	TUB351	0,46	0,57	3	M
TUB354	0,42	0,55	3	F	TUB353	0,65	0,58	3	M
TUB355	0,36	0,55	3	F	TUB398	0,54	0,56	3	M
TUB356	0,31	0,53	3	F	TUB419	0,50	0,56	3	M
TUB365	0,35	0,52	3	F	TUB340	0,48	0,60	4	M
TUB366	0,35	0,53	3	F	TUB341	0,54	0,56	4	M
TUB367	0,46	0,53	3	F	TUB347	0,62	0,56	4	M
TUB399	0,58	0,54	3	F	TUB349	0,42	0,49	4	M
TUB342	0,68	0,58	4	F	TUB358	0,65	0,53	4	M
TUB343	0,44	0,54	4	F	TUB360	0,54	0,51	4	M
TUB344	0,48	0,57	4	F	TUB361	0,58	0,47	4	M
TUB345	0,50	0,58	4	F	TUB420	0,58	0,56	4	M
TUB346	0,38	0,55	4	F	TUB421	0,54	0,51	4	M
TUB348	0,65	0,55	4	F	TUB422	0,54	0,55	4	M
TUB357	0,29	0,57	4	F					
TUB359	0,58	0,57	4	F					
TUB362	0,50	0,58	4	F					
TUB363	0,68	0,54	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 0,54 (SE=0,00; SD=0,04). Per ciascuna linea familiare è stato calcolata la parentela media tra soggetti (Tabella 4).

F1	F2	F3	F4
0,50	0,66	0,63	0,61

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
TUB375	1	M	0,53	0,39	0,47	0,47
TUB393	1	M	0,45	0,39	0,40	0,42
TUB400	1	M	0,55	0,43	0,43	0,39
TUB402	1	M	0,51	0,53	0,51	0,52
TUB409	1	M	0,48	0,51	0,53	0,53
TUB364	2	M	0,49	0,64	0,61	0,44
TUB397	2	M	0,52	0,64	0,58	0,55
TUB405	2	M	0,52	0,70	0,58	0,51
TUB408	2	M	0,50	0,68	0,50	0,47
TUB350	3	M	0,43	0,48	0,60	0,53
TUB351	3	M	0,48	0,45	0,61	0,60
TUB353	3	M	0,51	0,59	0,65	0,54
TUB398	3	M	0,50	0,57	0,65	0,50
TUB419	3	M	0,49	0,53	0,63	0,51
TUB340	4	M	0,53	0,54	0,55	0,70
TUB341	4	M	0,50	0,52	0,54	0,58
TUB347	4	M	0,48	0,50	0,45	0,70
TUB349	4	M	0,40	0,37	0,41	0,63
TUB358	4	M	0,47	0,42	0,44	0,65
TUB360	4	M	0,44	0,48	0,47	0,53
TUB361	4	M	0,40	0,38	0,41	0,51
TUB420	4	M	0,53	0,53	0,49	0,58
TUB421	4	M	0,43	0,43	0,44	0,59
TUB422	4	M	0,50	0,55	0,47	0,58

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
TUB375	1	0,46	0,53	0,39	0,47	0,47	-0,04	0,10	0,02	0,02
TUB393	1	0,38	0,45	0,39	0,40	0,42	0,04	0,10	0,09	0,06
TUB400	1	0,58	0,55	0,43	0,43	0,39	-0,06	0,05	0,06	0,10
TUB402	1	0,56	0,51	0,53	0,51	0,52	-0,03	-0,04	-0,03	-0,03
TUB409	1	0,54	0,48	0,51	0,53	0,53	0,01	-0,02	-0,04	-0,04
TUB364	2	0,36	0,49	0,64	0,61	0,44	0,00	-0,16	-0,12	0,05
TUB397	2	0,38	0,52	0,64	0,58	0,55	-0,03	-0,16	-0,09	-0,06
TUB405	2	0,60	0,52	0,70	0,58	0,51	-0,04	-0,22	-0,09	-0,03
TUB408	2	0,48	0,50	0,68	0,50	0,47	-0,02	-0,20	-0,02	0,02
TUB350	3	0,35	0,43	0,48	0,60	0,53	0,06	0,01	-0,12	-0,04
TUB351	3	0,46	0,48	0,45	0,61	0,60	0,01	0,03	-0,13	-0,12
TUB353	3	0,65	0,51	0,59	0,65	0,54	-0,03	-0,11	-0,17	-0,05
TUB398	3	0,54	0,50	0,57	0,65	0,50	-0,01	-0,09	-0,17	-0,01
TUB419	3	0,50	0,49	0,53	0,63	0,51	0,00	-0,04	-0,15	-0,02
TUB340	4	0,48	0,53	0,54	0,55	0,70	-0,04	-0,05	-0,06	-0,22
TUB341	4	0,54	0,50	0,52	0,54	0,58	-0,01	-0,03	-0,05	-0,10
TUB347	4	0,62	0,48	0,50	0,45	0,70	0,01	-0,01	0,04	-0,22
TUB349	4	0,42	0,40	0,37	0,41	0,63	0,09	0,12	0,08	-0,15
TUB358	4	0,65	0,47	0,42	0,44	0,65	0,01	0,07	0,05	-0,16
TUB360	4	0,54	0,44	0,48	0,47	0,53	0,05	0,01	0,02	-0,05
TUB361	4	0,58	0,40	0,38	0,41	0,51	0,09	0,11	0,08	-0,02
TUB420	4	0,58	0,53	0,53	0,49	0,58	-0,04	-0,05	-0,01	-0,09
TUB421	4	0,54	0,43	0,43	0,44	0,59	0,06	0,06	0,05	-0,10
TUB422	4	0,54	0,50	0,55	0,47	0,58	-0,01	-0,06	0,02	-0,09

Tabella 6: accoppiamenti proposti sulla base dei contributi ottimali.

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