

# **GENETICA APPLICATA**

Piero Rivoira  
Istituto Agrario Penna – Asti  
[piero.rivoira@yahoo.it](mailto:piero.rivoira@yahoo.it)

# L'effetto additivo dei fattori genetici ed ambientali

gene normale A      ->      effetto fenotipico = 8      p = 0,5

allele mutante A'    ->      effetto fenotipico = 4      q = 0,5

omozigoti AA      ->      valore fenotipico = 16      F = 0,25

omozigoti A'A'    ->      valore fenotipico = 8      F = 0,25

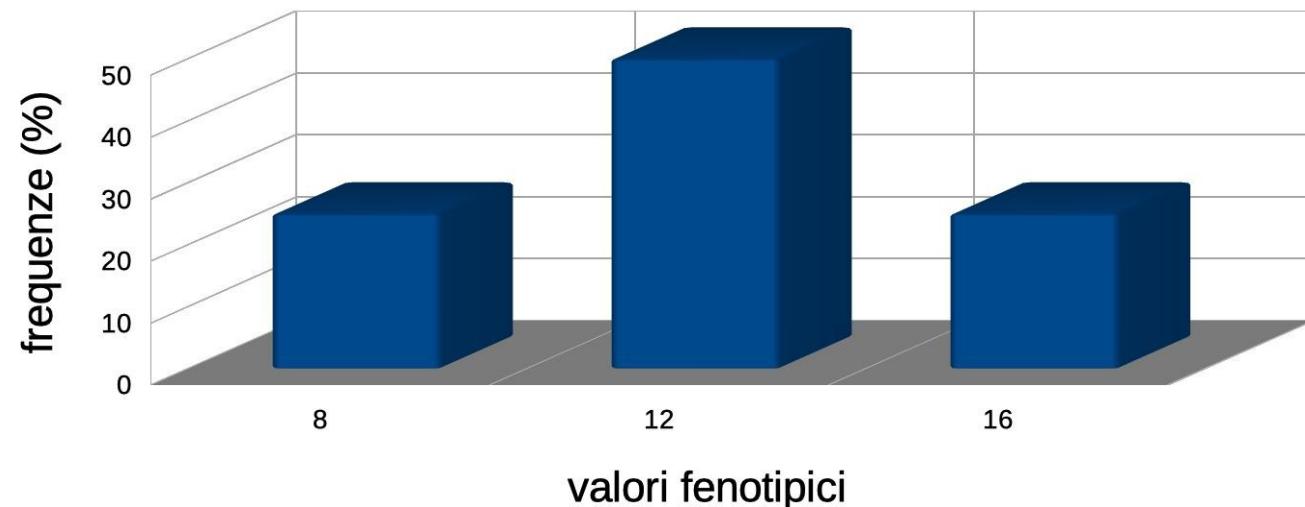
eterozigoti AA'    ->      valore fenotipico = 12      F = 0,25

eterozigoti A'A    ->      valore fenotipico = 12      F = 0,25

# L'effetto additivo dei fattori genetici ed ambientali

CLASSE GENOTIPICA	VALORE FENOTIPICO	FREQUENZA
AA	16	1/4 = 25%
AA' - A'A	12	2/4 = 50%
A'A'	8	1/4 = 25%

## DISTRIBUZIONE DEI VALORI FENOTIPICI CON 1 COPPIA ALLELICA



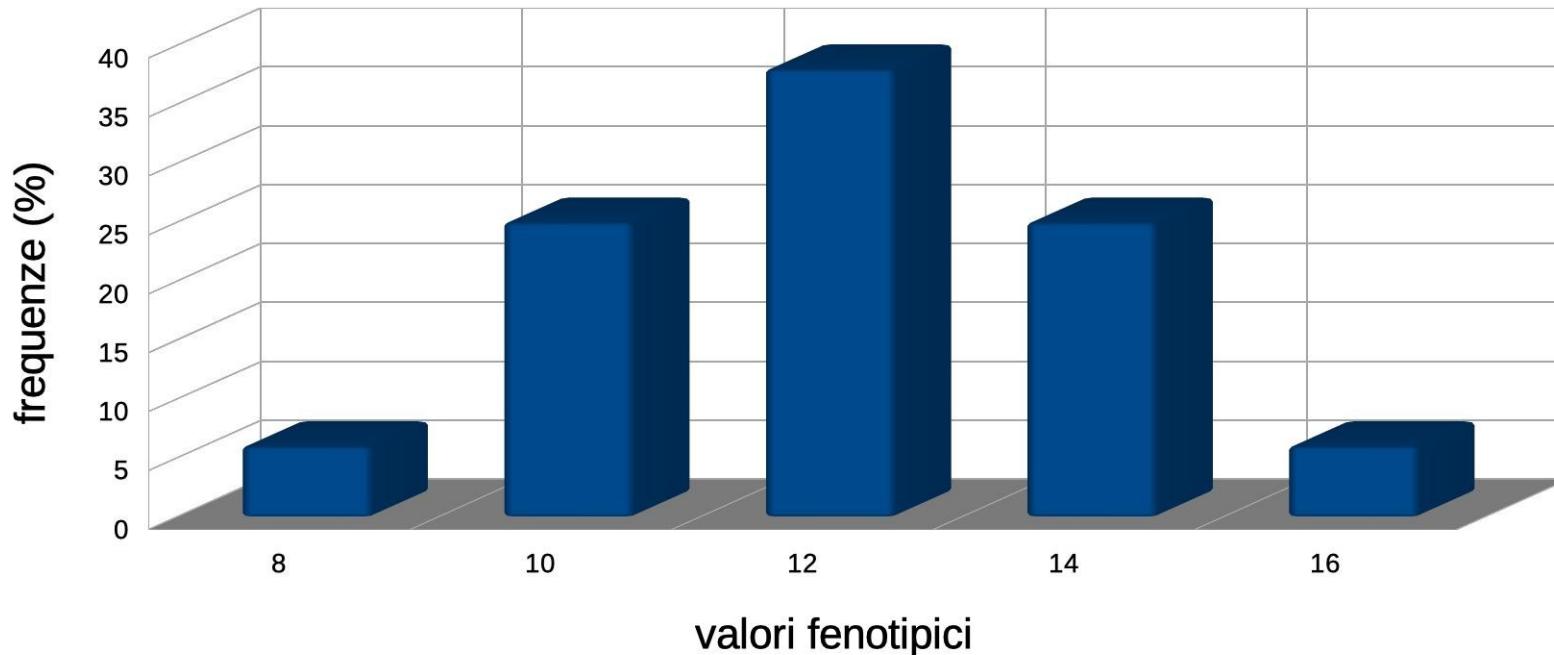
# Due loci

Se, a parità di altre condizioni, si considerano **due copie di geni**, A-A' e B-B', dove gli alleli "normali" A e B hanno effetto 4 e gli alleli "mutanti" A' e B' effetto 2, le classi genotipiche e i relativi valori fenotipici saranno:

CLASSE GENOTIPICA	VALORE FENOTIPICO	FREQUENZA
AABB	16	1/16 = 6%
AABB' - AAB'B - AA'BB - A'ABB	14	4/16 = 25%
AAB'B' - AA'BB' - AA'B'B - A'ABB' - A'AB'B - A'A'BB	12	6/16 = 38%
A'A'BB' - A'A'B'B - AA'B'B' - A'AB'B'	10	4/16 = 25%
A'A'B'B'	8	1/16 = 6%

# Due loci

## DISTRIBUZIONE DEI VALORI FENOTIPICI CON 2 COPPIE ALLELICHE



Valori e frequenze dei possibili genotipi nel caso in cui un carattere quantitativo è controllato da due/loci («A» e «B»)

## Tre loci

Aumentando ulteriormente il numero di coppie alleliche interessate, aumenta in numero delle classi di valori ma diminuiscono le differenze fra i valori delle varie classi

Se si considerano tre coppie di geni, A-A', B-B' e C-C', dove gli alleli «normali» A, B e C hanno effetto 2 e gli alleli «mutanti» A', B' e C' effetto 1, le classi genotipiche e i relativi valori fenotipici saranno:

# Tre loci

Quali sono i valori fenotipici intermedi?

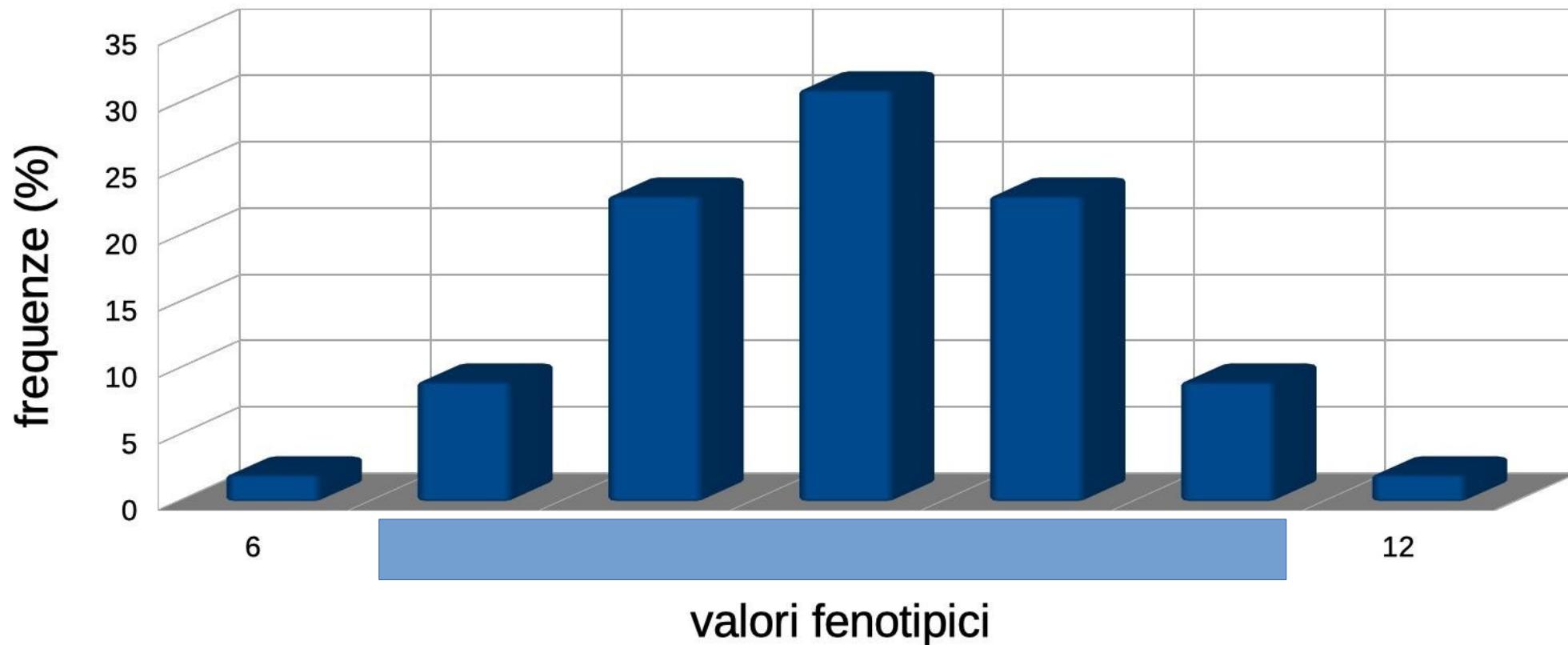
CLASSE GENOTIPICA	VALORE FENOTIPICO	FREQUENZA
AABBCC	12	1/64 = 2%
AABBCC' – AABBC'C – AABB'CC AAB'BCC – AA'BBCC – A'ABBCC		6/64 = 9%
AABBC'C' – AABB'CC' – AAB'BCC' AA'BBCC' – A'ABBCC' – AABB'C'C AAB'BC'C – AA'BBC'C – A'ABC'C AAB'B'CC – AA'BB'CC – A'ABB'CC AA'B'BCC – A'AB'BCC – A'A'BBCC		15/64 = 23%
AABB'C'C' – AAB'BC'C' – AAB'B'CC' AAB'B'C'C – AA'BBC'C' – AA'BB'CC' AA'B'BCC' – AA'BB'C'C – AA'B'BC'C AA'B'B'CC – A'ABBC'C' – A'ABB'CC' A'AB'BCC' – A'ABB'C'C – A'AB'BC'C A'AB'B'CC – A'A'B'BCC – A'A'BB'CC, A'ABBC'C – A'A'BBCC'		20/64 = 31%
AAB'B'C'C' – AA'BB'C'C' – A'ABB'C'C' A'ABBC'C' – AA'B'BC'C' – A'AB'BC'C' A'A'B'BCC' – AA'B'B'CC' – A'AB'B'CC' A'A'B'BC'C – AA'B'B'C'C – A'AB'B'C'C A'A'B'B'CC – A'A'BB'CC' – A'A'BB'C'C		15/64 = 23%
AA'B'B'C'C' – A'AB'B'C'C' – A'A'B'B'C'C A'A'B'B'CC' – A'A'BB'C'C' – A'A'BC'C'C		6/64 = 9%
A'A'B'B'C'C'	6	1/64 = 2%

# Tre loci

Quali sono i valori fenotipici intermedi?

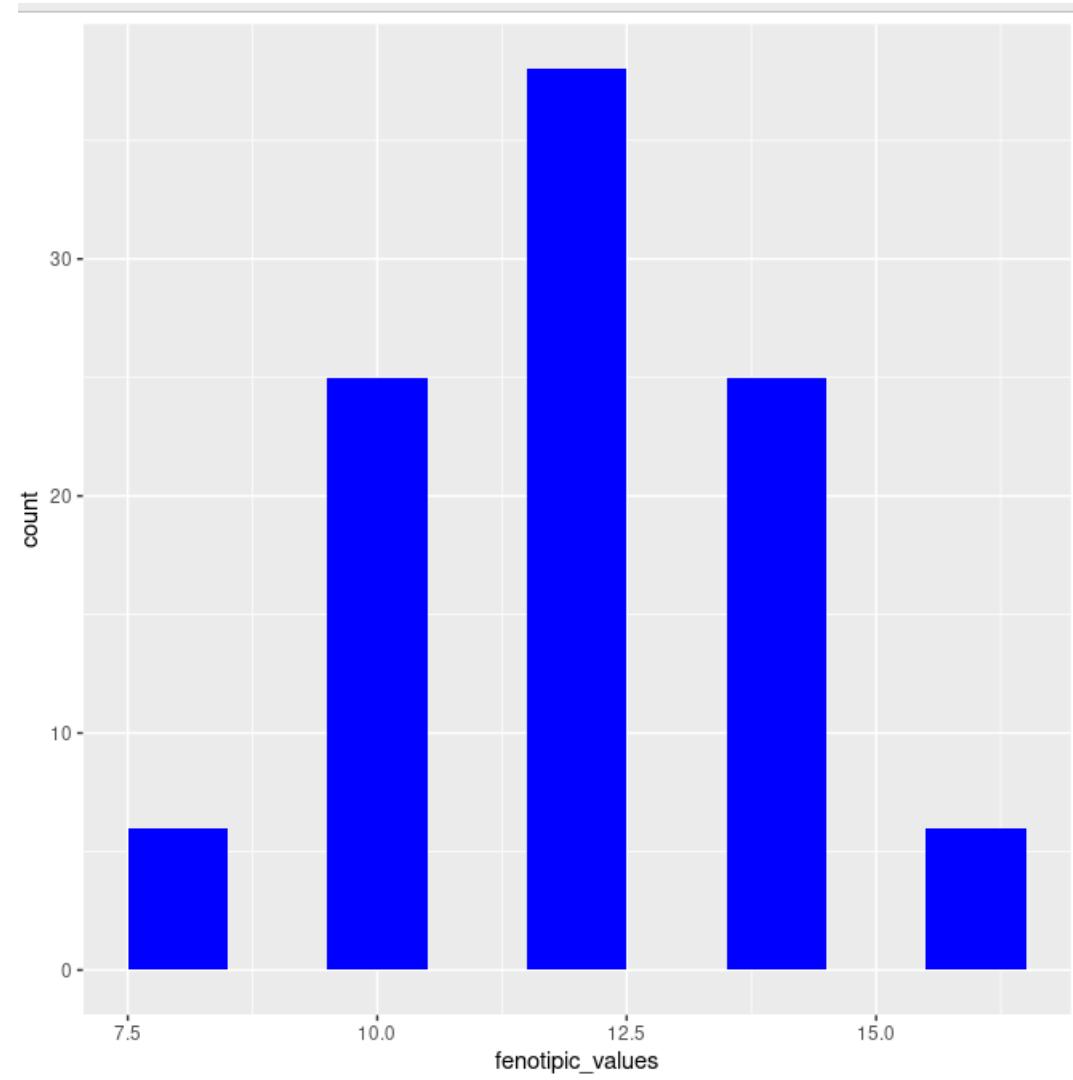
CLASSE GENOTIPICA	VALORE FENOTIPICO	FREQUENZA
AABBCC	12	1/64 = 2%
AABBCC' – AABBC'C – AABB'CC AAB'BCC – AA'BBCC – A'ABBCC	11	6/64 = 9%
AABBC'C' – AABB'CC' – AAB'BCC' AA'BBCC' – A'ABBCC' – AABB'C'C AAB'BC'C – AA'BBC'C – A'ABC'C AAB'B'CC – AA'BB'CC – A'ABB'CC AA'B'BCC – A'AB'BCC – A'A'BBCC	10	15/64 = 23%
AABB'C'C' – AAB'BC'C' – AAB'B'CC' AAB'B'C'C – AA'BBC'C' – AA'BB'CC' AA'B'BCC' – AA'BB'C'C – AA'B'BC'C AA'B'B'CC – A'ABBC'C' – A'ABB'CC' A'AB'BCC' – A'ABB'C'C – A'AB'BC'C A'AB'B'CC – A'A'B'BCC – A'A'BB'CC, A'ABBC'C – A'A'BBCC'	9	20/64 = 31%
AAB'B'C'C' – AA'BB'C'C' – A'ABB'C'C' A'ABBC'C' – AA'B'BC'C' – A'AB'BC'C' A'A'B'BCC' – AA'B'B'CC' – A'AB'B'CC' A'A'B'BC'C – AA'B'B'C'C – A'AB'B'C'C A'A'B'B'CC – A'A'BB'CC' – A'A'BB'C'C	8	15/64 = 23%
AA'B'B'C'C' – A'AB'B'C'C' – A'A'B'B'C'C A'A'B'B'CC' – A'A'BB'C'C' – A'A'BC'C'C	7	6/64 = 9%
A'A'B'B'C'C'	6	1/64 = 2%

## DISTRIBUZIONE DEI VALORI FENOTIPICI CON 3 COPPIE ALLELICHE



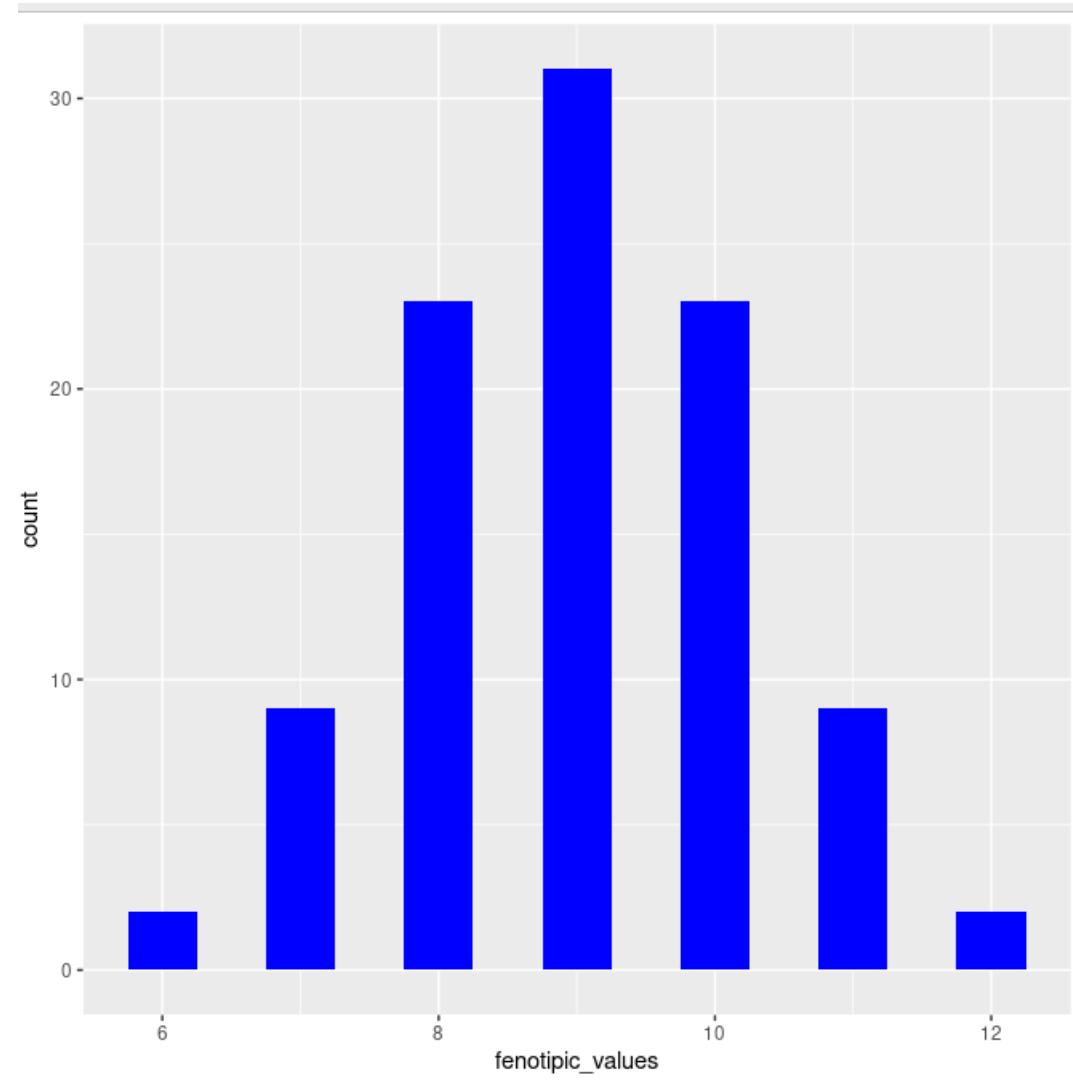




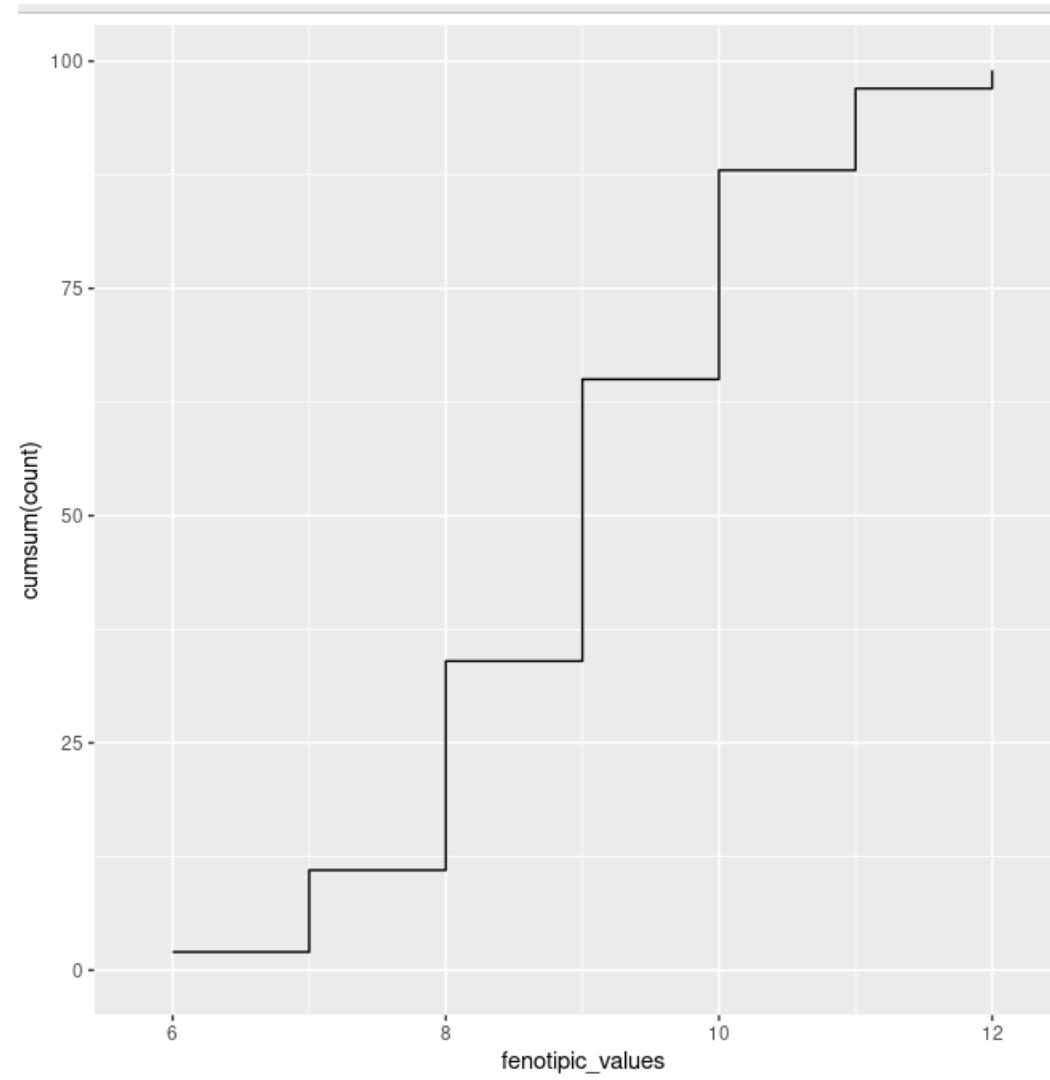


```
piero@piero-XPS-9320:~$ python3
Python 3.10.12 (main, Jan 17 2025, 14:35:34) [GCC 11.4.0] on linux
Type "help", "copyright", "credits" or "license" for more information.
>>> '6,*2+'7,*9+'8,*23+'9,*31+'10,*23+'11,*9+'12,'+'12'
'6,6,7,7,7,7,7,7,7,7,7,7,7,8,8,8,8,8,8,8,8,8,8,8,8,8,8,8,8,8,8,8,8,8,8,8,8,8,8,8,8,8,8,8,8,8,8,9,9,9,9
,9,9,9,9,9,9,9,9,9,9,9,9,9,9,9,9,9,9,9,9,9,9,9,9,9,9,9,9,9,9,9,9,9,9,9,9,10,10,10,10,10,10,10,10,10,1
0,10,10,10,10,10,10,10,10,10,10,10,10,10,10,10,11,11,11,11,11,11,11,11,11,11,11,12,12'
>>>
```

```
piero@piero-XPS-9320:~$ R
> fenotipic_values =
c(6,6,7,7,7,7,7,7,7,7,7,7,7,8,8,8,8,8,8,8,8,8,8,8,8,8,8,8,8,8,8,8,8,8,8,8,8,8,8,8,8,8,8,8,8,8,8,9,9,9,9
,9,9,9,9,9,9,9,9,9,9,9,9,9,9,9,9,9,9,9,9,9,9,9,9,9,9,9,9,9,9,9,9,9,9,10,10,10,10,10,10,10,10,10,10,1
0,10,10,10,10,10,10,10,10,10,10,10,10,10,10,10,10,10,11,11,11,11,11,11,11,11,11,11,11,12,12)
> data=data.frame(fenotipic_values=fenotipic_values)
> p = ggplot(data, aes(x=fenotipic_values)) +
  geom_histogram(binwidth=0.5, fill='blue')
> p
>
```



```
> cp = ggplot(data,aes(x=fenotipic_values)) +  
+ stat_bin(data=data,aes (y=cumsum(..count..)),geom="step", binwidth=0.5)  
> cp  
>
```



```
from tkinter.simpledialog import askinteger
n = askinteger('Entry', 'Inserisci il numero di termini da sommare')
N = n + 3
print('Il programma restituisce la riga del Triangolo di Tartaglia formata da %d numeri' % N)

sequenza_iniziale = [1,2,1]
unità = 1

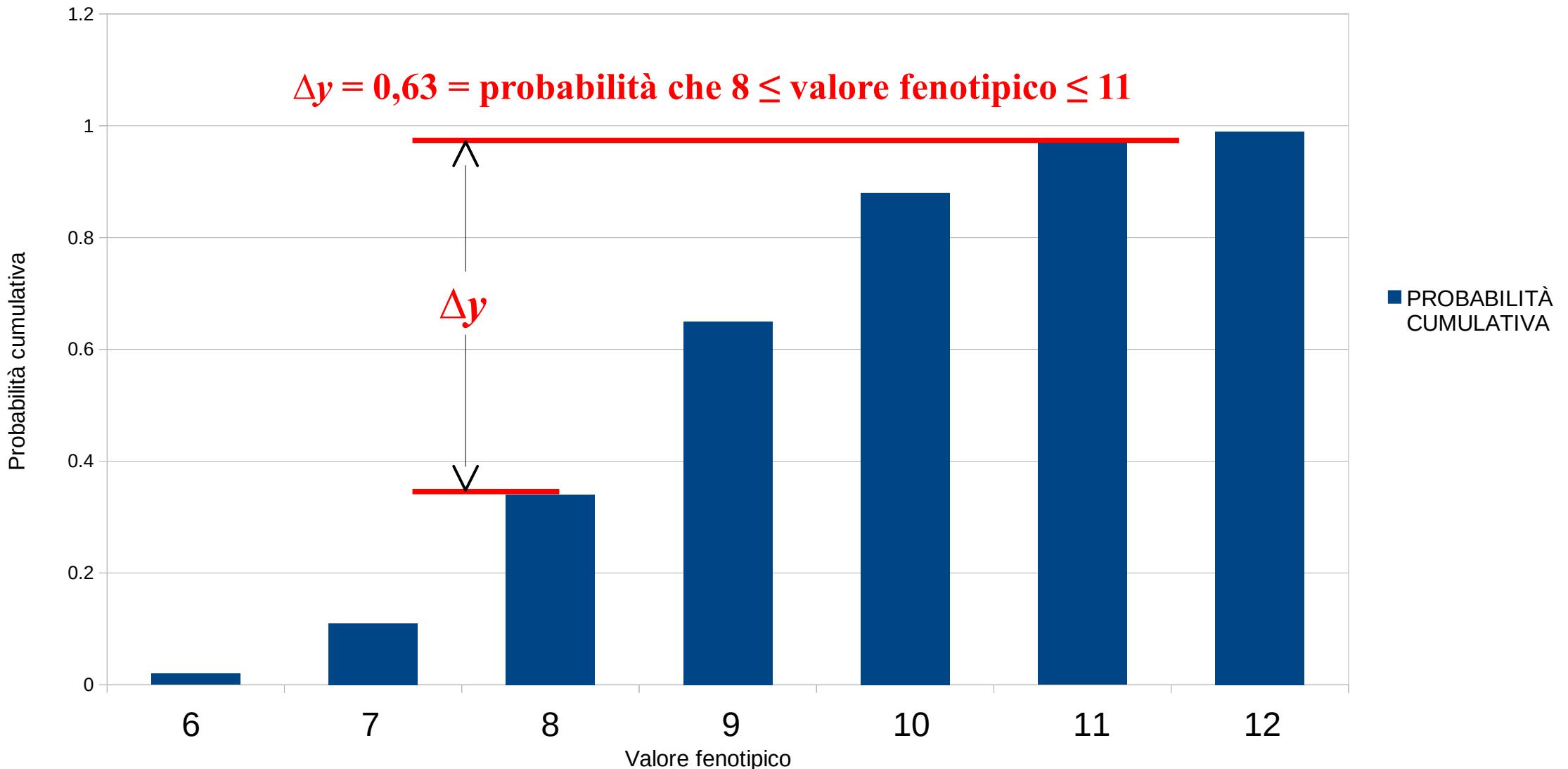
for j in range(n):
    sequenza_nuova = [1]
    for i in range(len(sequenza_iniziale)-1):
        sequenza_nuova.append(sequenza_iniziale[i]+sequenza_iniziale[i+1])
    sequenza_nuova.append(unità)
    sequenza_iniziale = sequenza_nuova

print(sequenza_nuova)
print(len(sequenza_nuova))
```

# Tre loci

## Distribuzione di probabilità cumulativa

Carattere quantitativo controllato da 3 loci

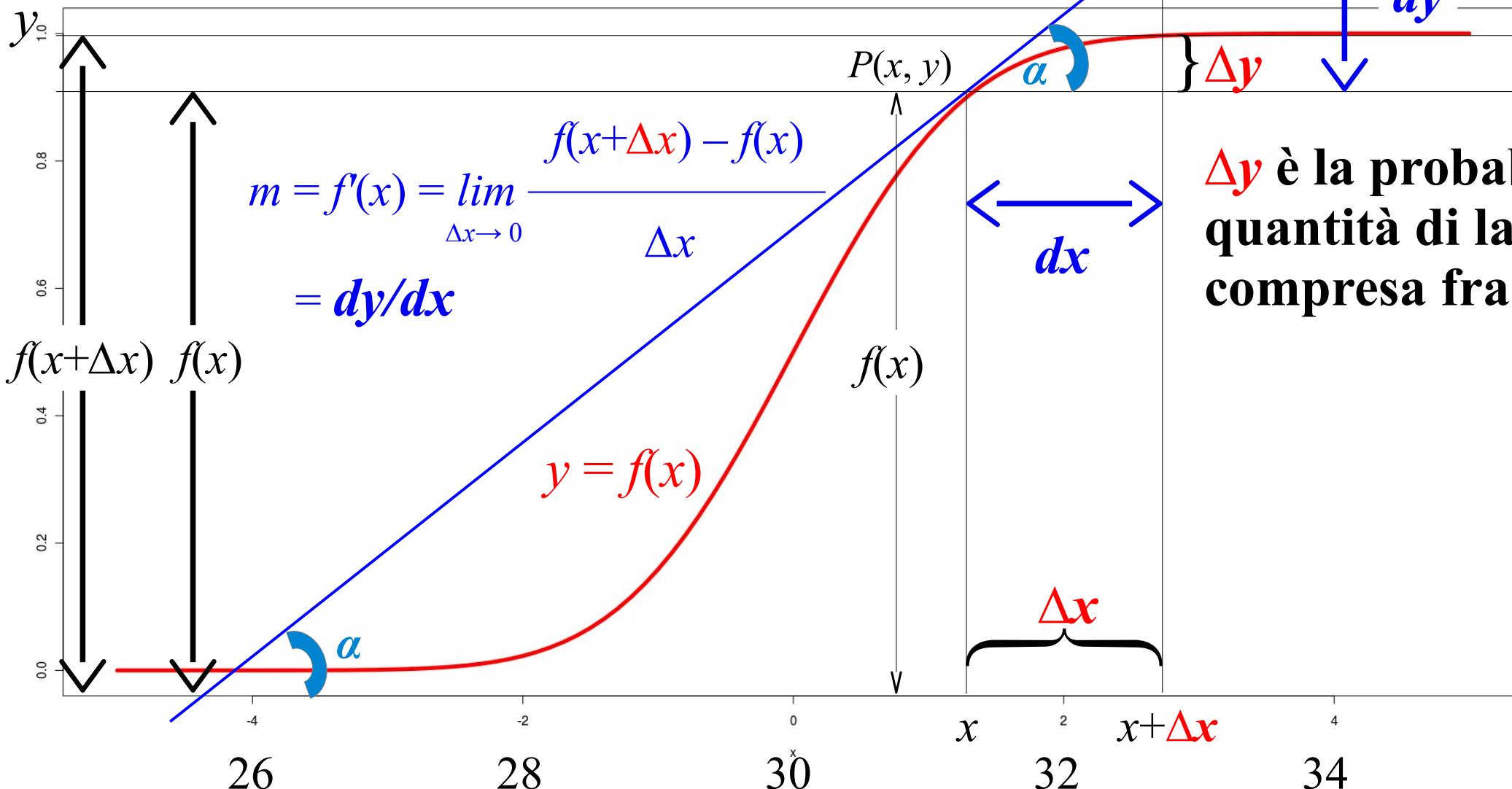


# Un numero (quasi) infinito di fattori ambientali e genetici

$$y = mx + q$$

$y = f(x)$  → distribuzione di probabilità cumulativa

```
> curve(pnorm(x), -5, 5, col="red", lwd=5")
```



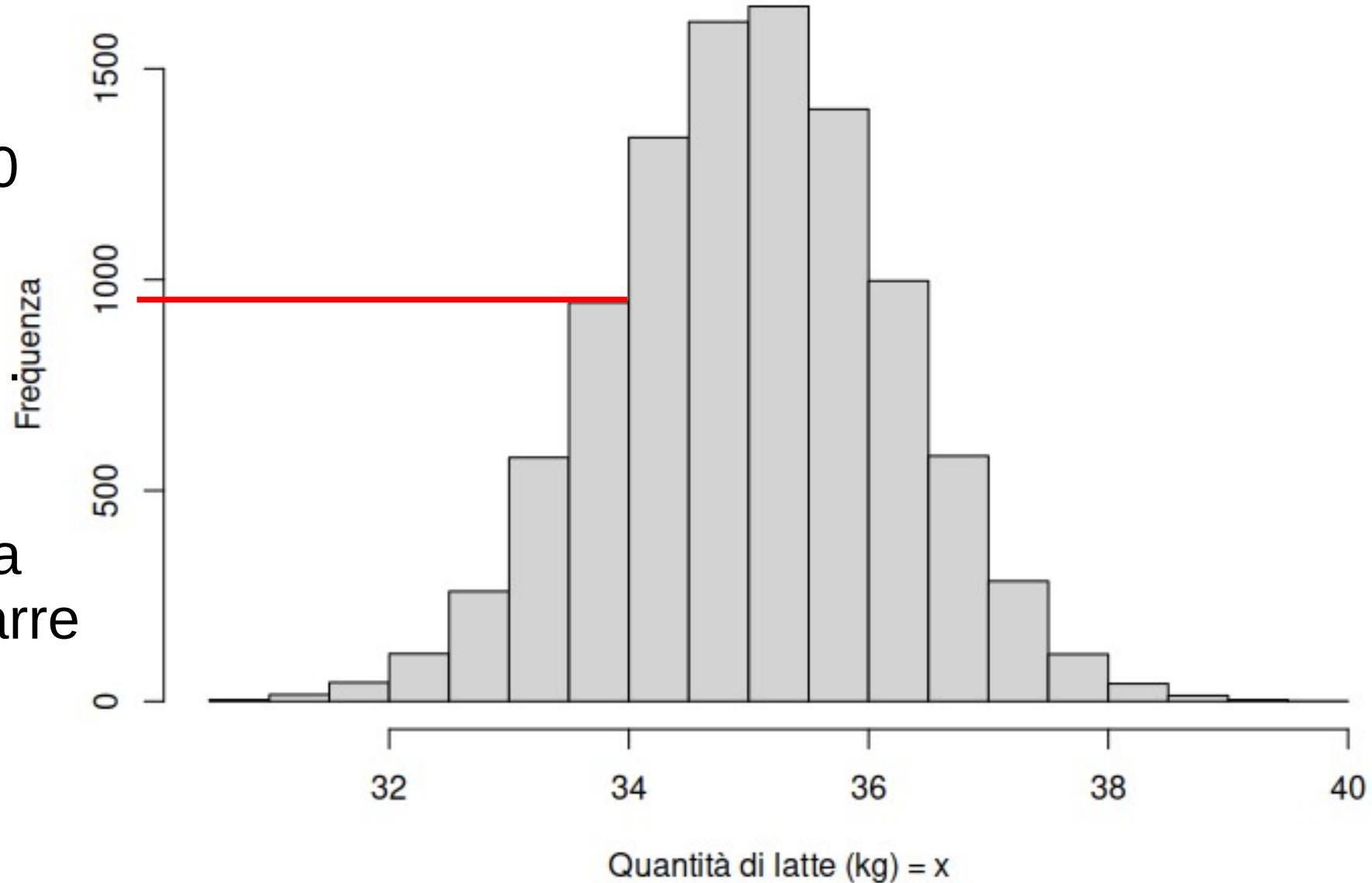
$\Delta y$  è la probabilità che la quantità di latte sia compresa fra  $x$  e  $x+\Delta x$

# Un numero (quasi) infinito di fattori ambientali e genetici

Il N° di campioni compresi fra 33,5 e 34 è uguale a  $\approx 950$

Quindi l'h di ogni barra rappresenta...

Se ci sono 10000 campioni, la somma delle h di tutte le barre sarà uguale a...

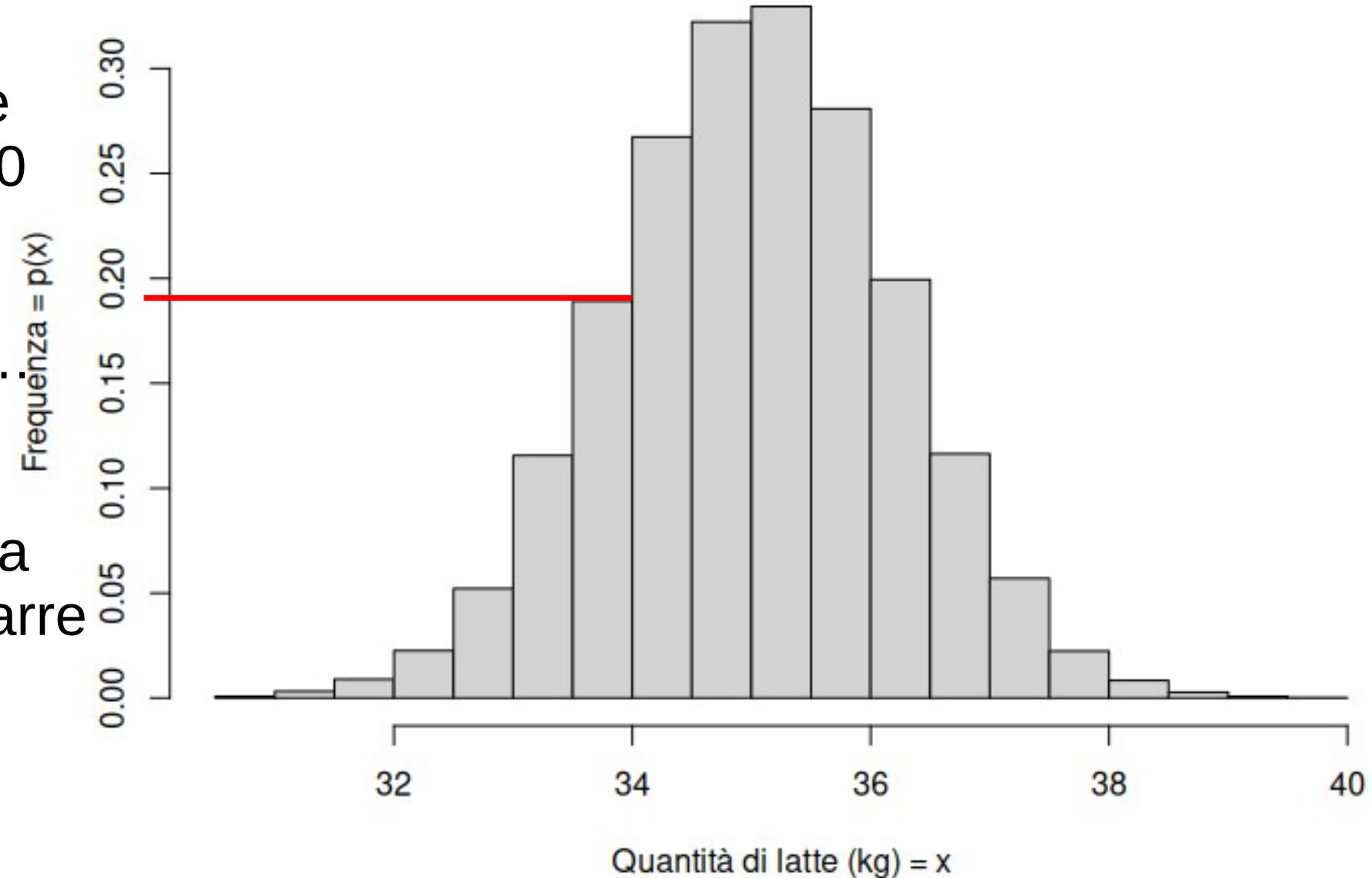


# Un numero (quasi) infinito di fattori ambientali e genetici

Il N° di campioni compresi fra 33,5 e 34 è uguale a  $\approx 950$

Quindi l'h di ogni barra rappresenta...

Se ci sono 10000 campioni, la somma delle h di tutte le barre sarà uguale a...

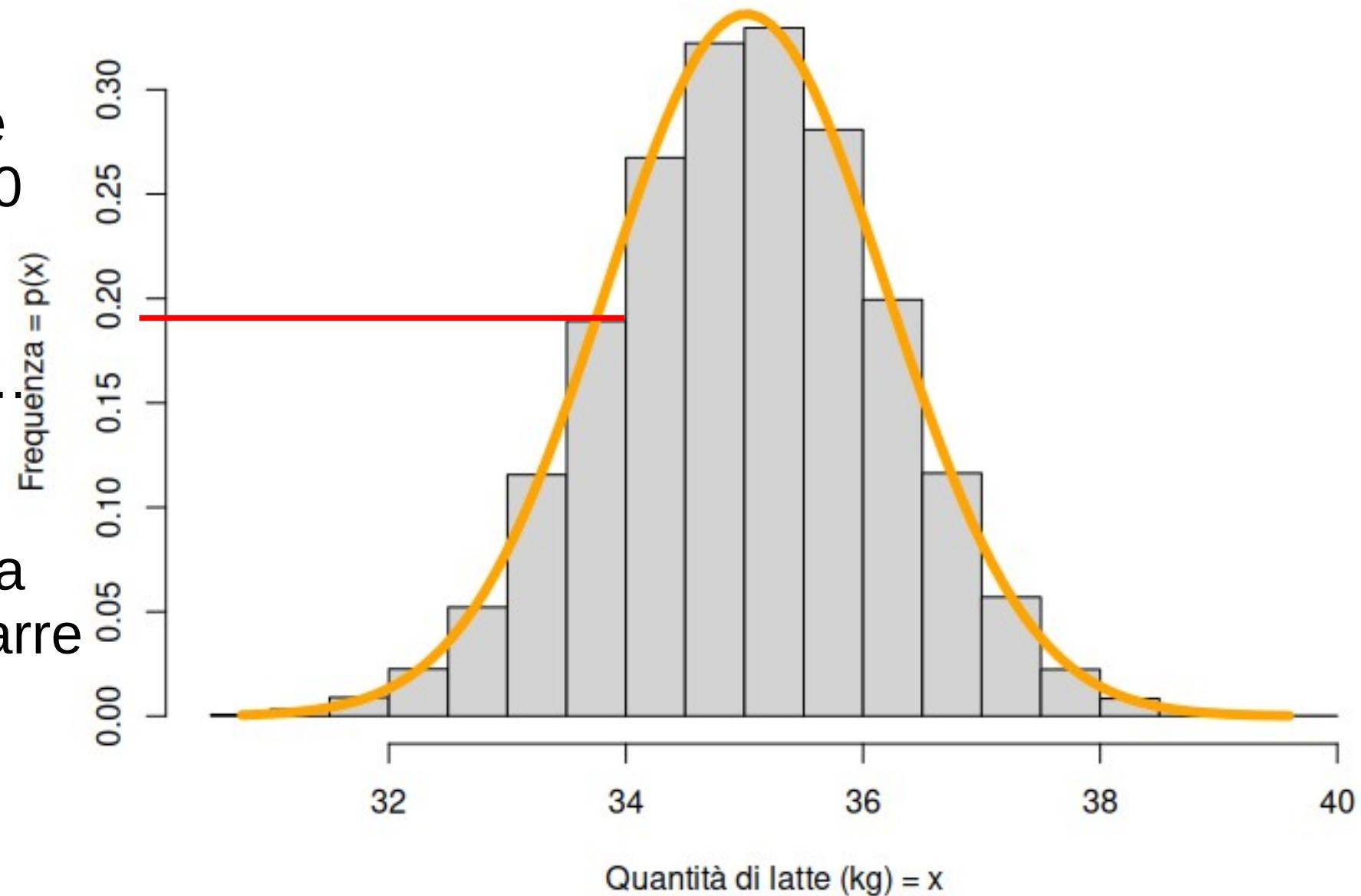


# Un numero (quasi) infinito di fattori ambientali e genetici

Il N° di campioni compresi fra 33,5 e 34 è uguale a  $\approx 950$

Quindi l'h di ogni barra rappresenta...

Se ci sono 10000 campioni, la somma delle h di tutte le barre sarà uguale a...



# Un numero (quasi) infinito di fattori ambientali e genetici

## # per disegnare l'istogramma

```
> x = rnorm(10000, mean = 35, sd = 1.2)
> hist(x, xlab = 'Quantità di latte (kg) = x', ylab = 'Frequenza')
> hist(x, prob = TRUE, xlab = 'Quantità di latte (kg) = x', ylab = 'Frequenza
= p(x)')
> x_values = seq(min(x), max(x), length = 100)
> fun = dnorm(x_values, mean = mean(x), sd = sd(x))
> lines(x_values, fun, col = 'orange', lwd = 5)
```

## # per disegnare la densità

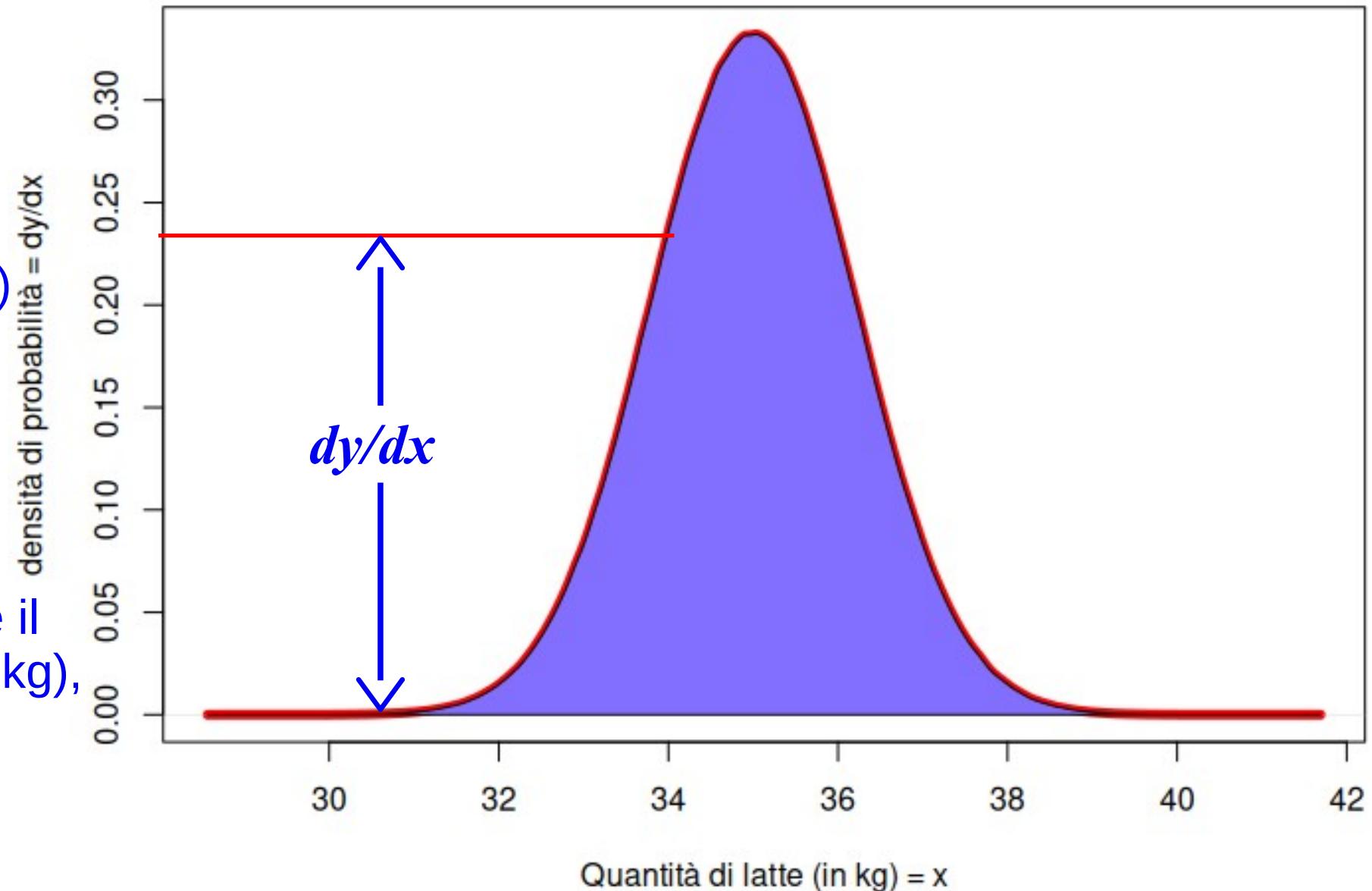
**# attenzione: x ha un significato diverso**

```
> y = rnorm(10000000, mean = 35, sd = 1.2)
> den = density(y)
> plot(den, col = 'red', lwd = 5.0, xlab = 'Quantità di latte (in kg) = x',
ylab = 'densità di probabilità = dy/dx')
> polygon(den, col = 'slateblue1')
> value1 = 33
> value2 = 34
> l = min(which(den$x >= value1))
> h = max(which(den$x < value2))
> polygon(c(den$x[c(l, l:h, h)]), c(0, den$y[l:h], 0), col = 'slateblue1')
```

# Un numero (quasi) infinito di fattori ambientali e genetici

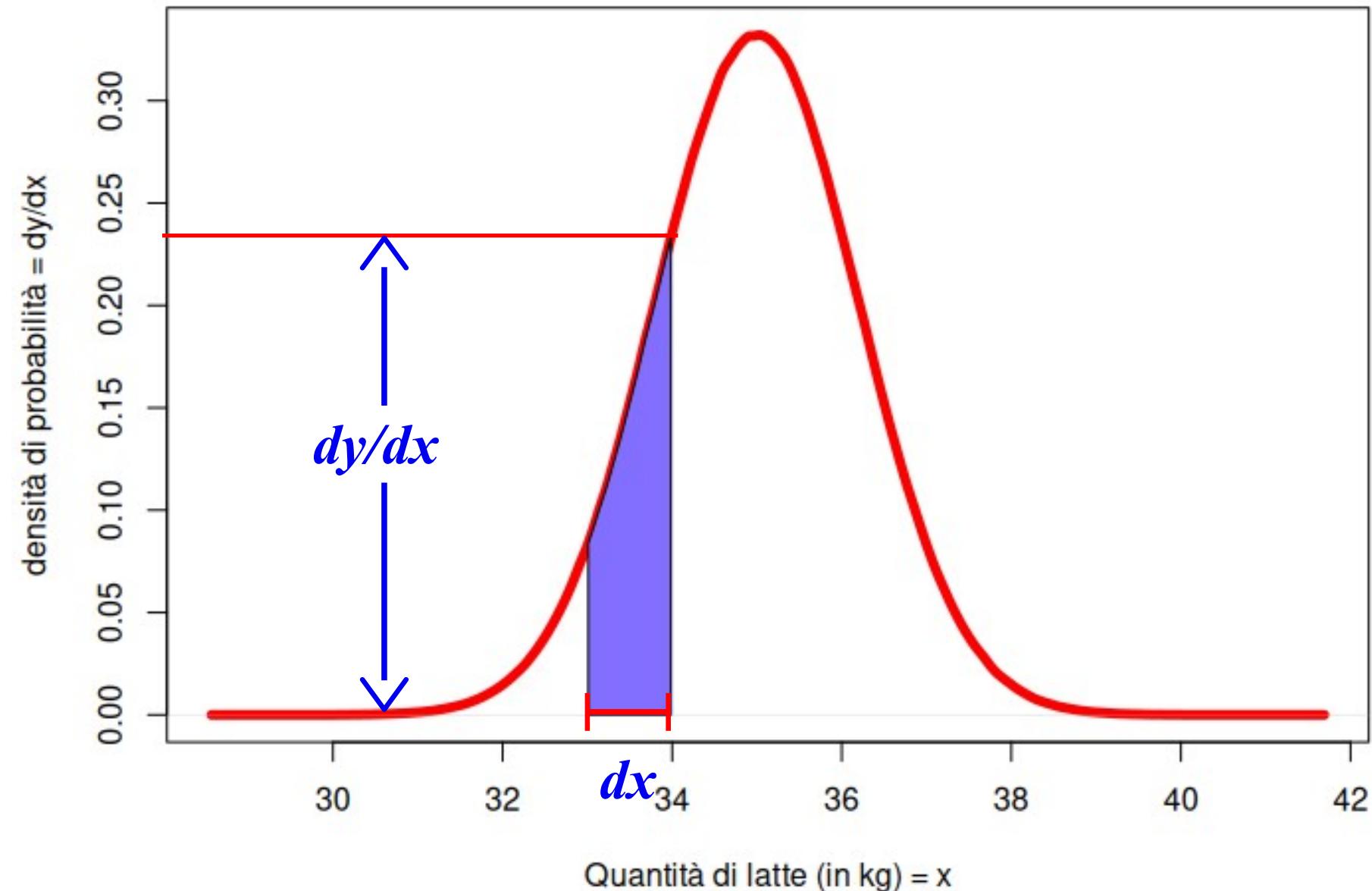
$dy$  = probabilità che la quantità di latte sia compresa fra due valori,  $x$  e  $x+dx$ , in cui  $dx \rightarrow 0$   
(densità di probabilità)

L'area sotto la curva rappresenta la probabilità che  $x$  sia compreso tra il suo valore min ( $\approx 30$  kg) e il suo valore max ( $\approx 40$  kg), che equivale al 100% (evento certo).



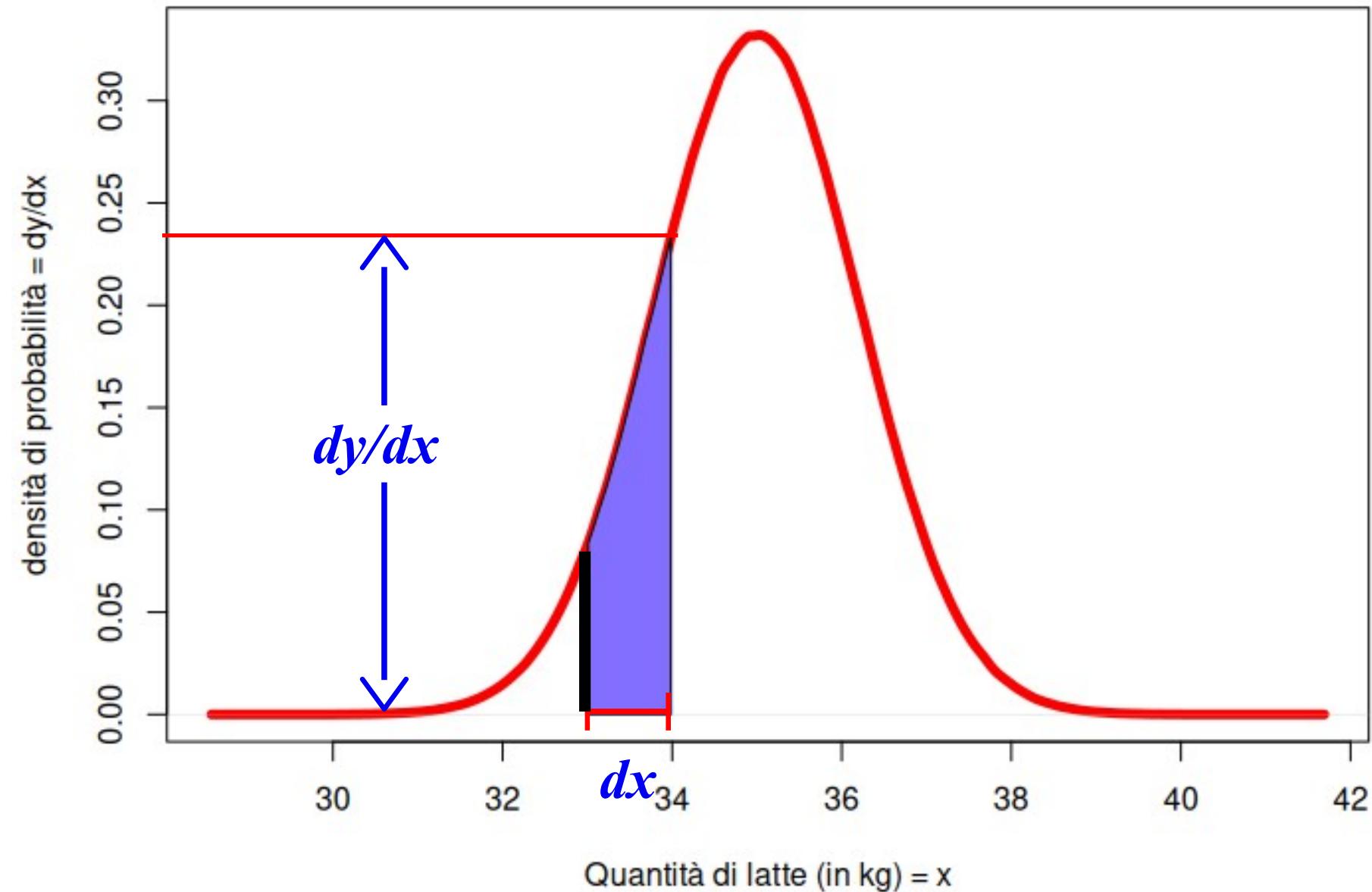
# Un numero (quasi) infinito di fattori ambientali e genetici

La probabilità che la quantità di latte sia compresa fra 33 e 34 Kg è data dall'area blu, che può essere calcolata utilizzando un'operazione che prende il nome di «integrazione».



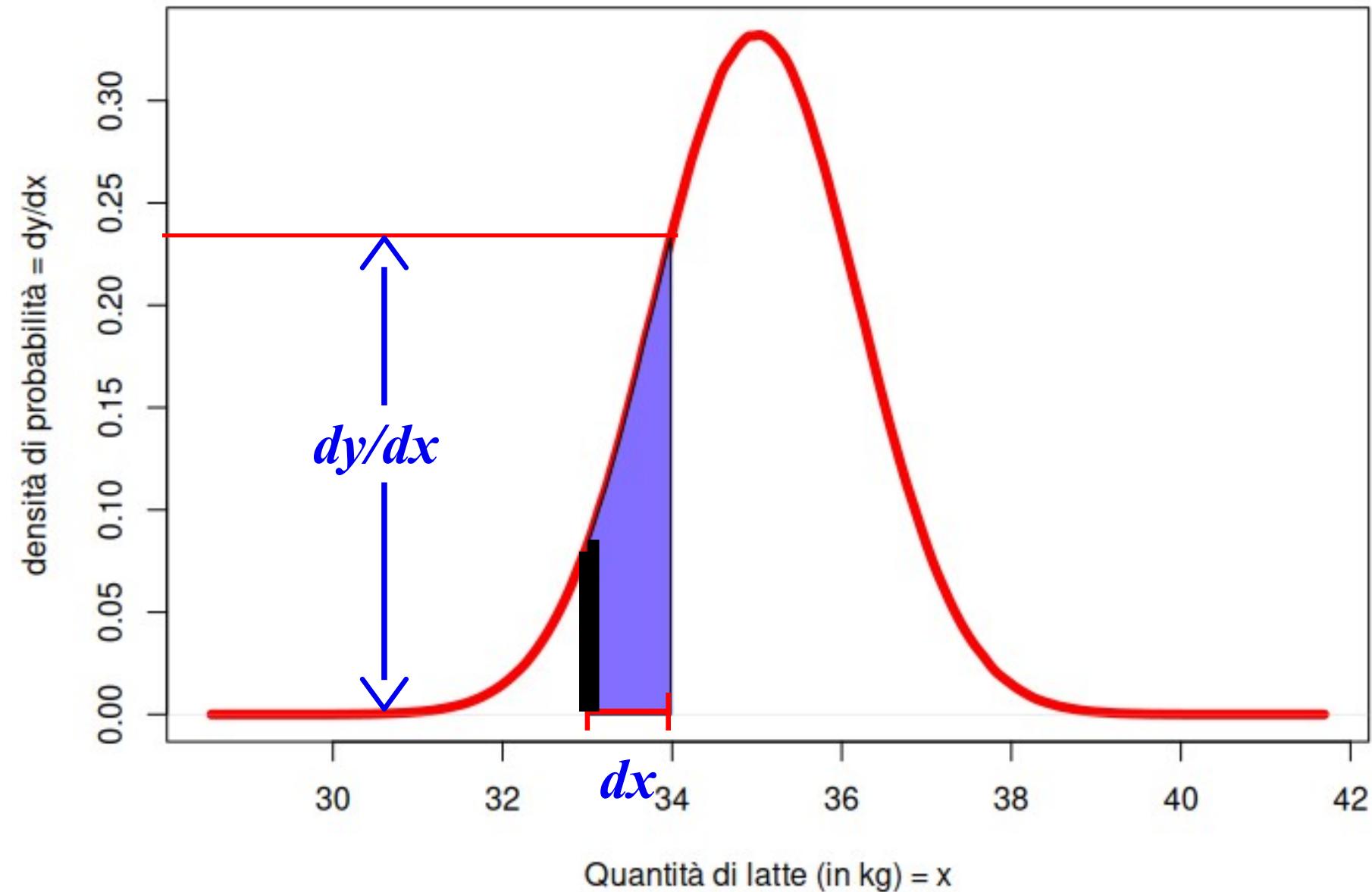
# Un numero (quasi) infinito di fattori ambientali e genetici

La probabilità che la quantità di latte sia compresa fra 33 e 34 Kg è data dall'area blu, che può essere calcolata utilizzando un'operazione che prende il nome di «integrazione».



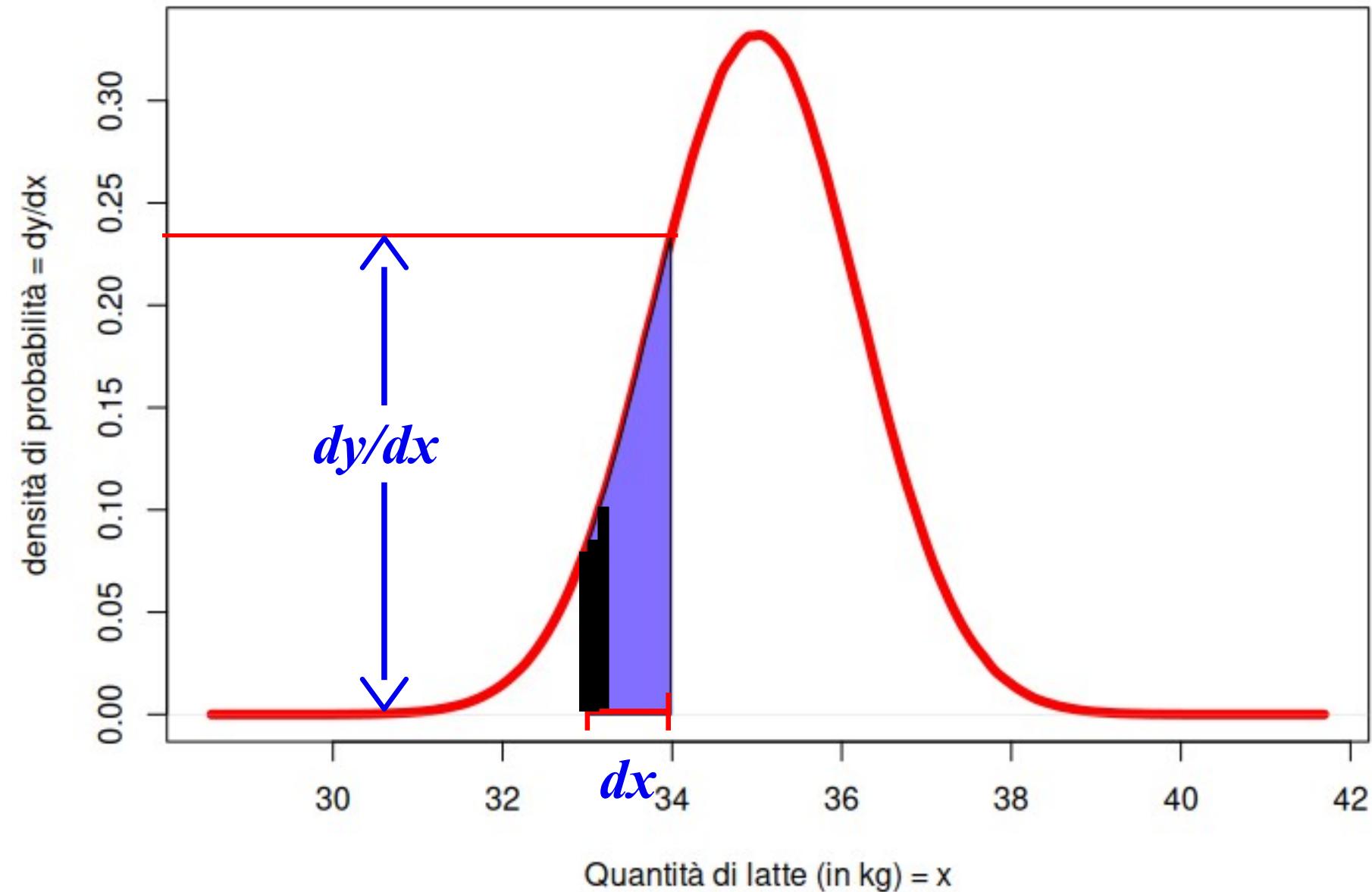
# Un numero (quasi) infinito di fattori ambientali e genetici

La probabilità che la quantità di latte sia compresa fra 33 e 34 Kg è data dall'area blu, che può essere calcolata utilizzando un'operazione che prende il nome di «integrazione».



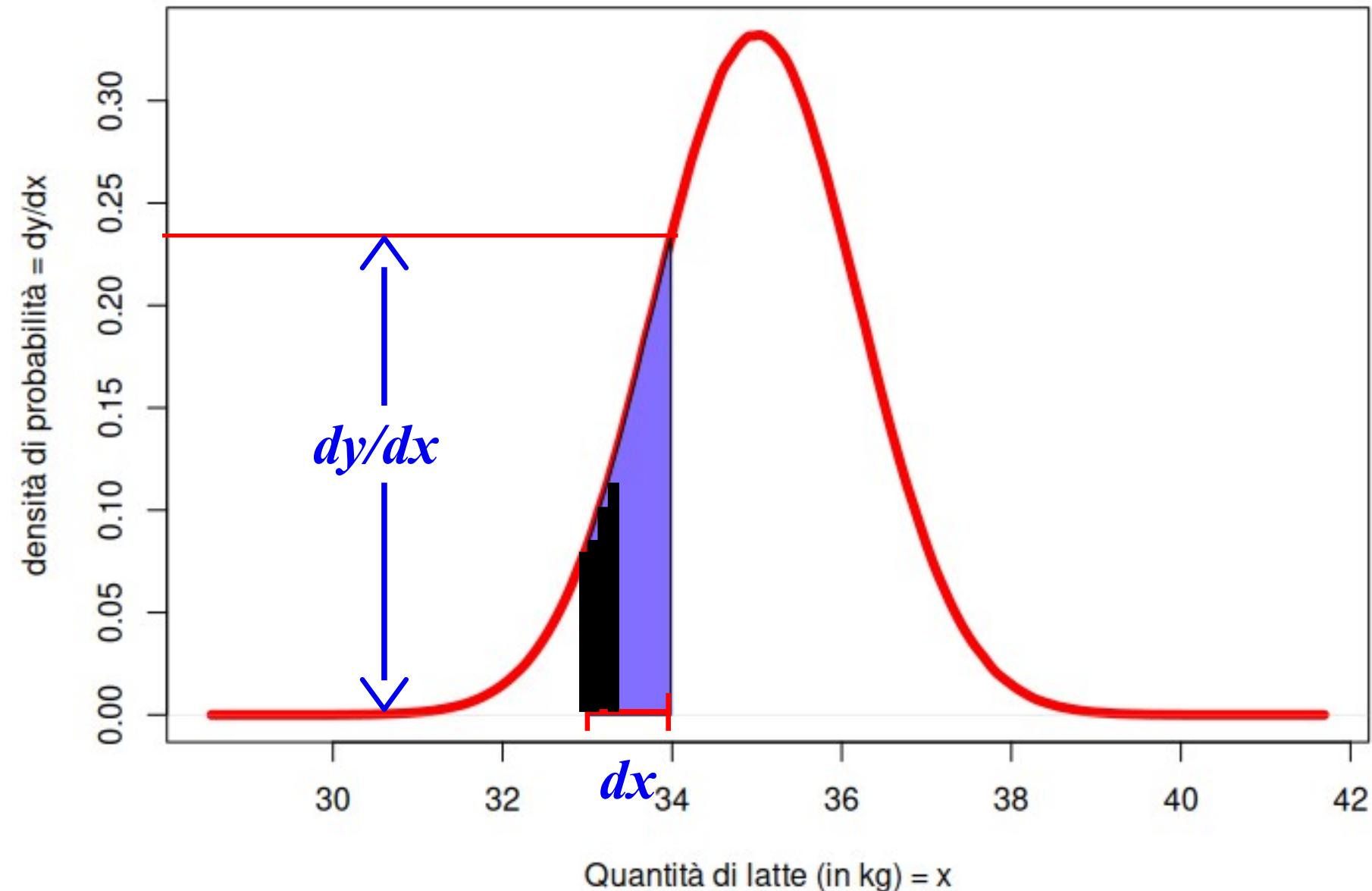
# Un numero (quasi) infinito di fattori ambientali e genetici

La probabilità che la quantità di latte sia compresa fra 33 e 34 Kg è data dall'area blu, che può essere calcolata utilizzando un'operazione che prende il nome di «integrazione».



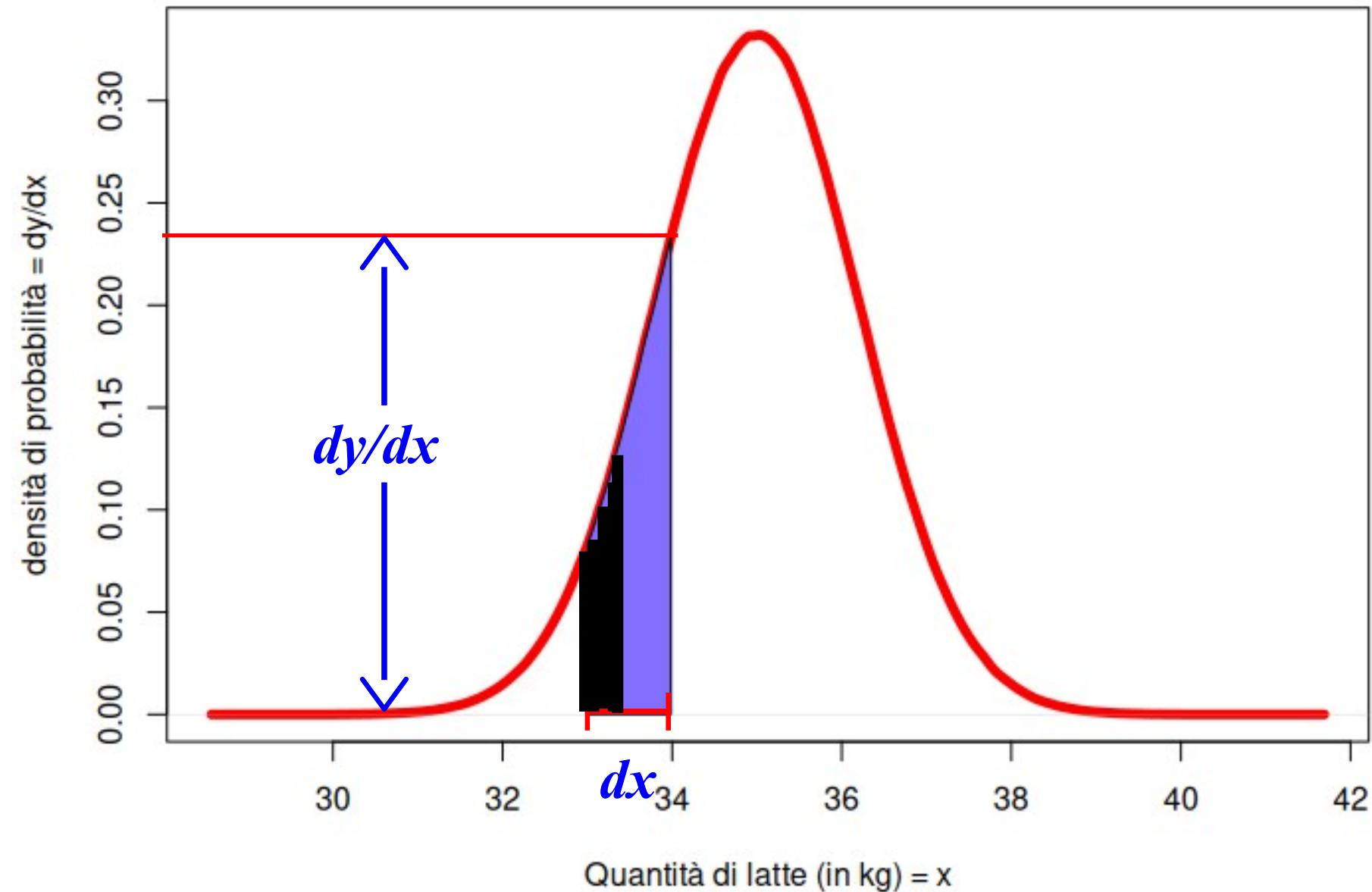
# Un numero (quasi) infinito di fattori ambientali e genetici

La probabilità che la quantità di latte sia compresa fra 33 e 34 Kg è data dall'area blu, che può essere calcolata utilizzando un'operazione che prende il nome di «integrazione».

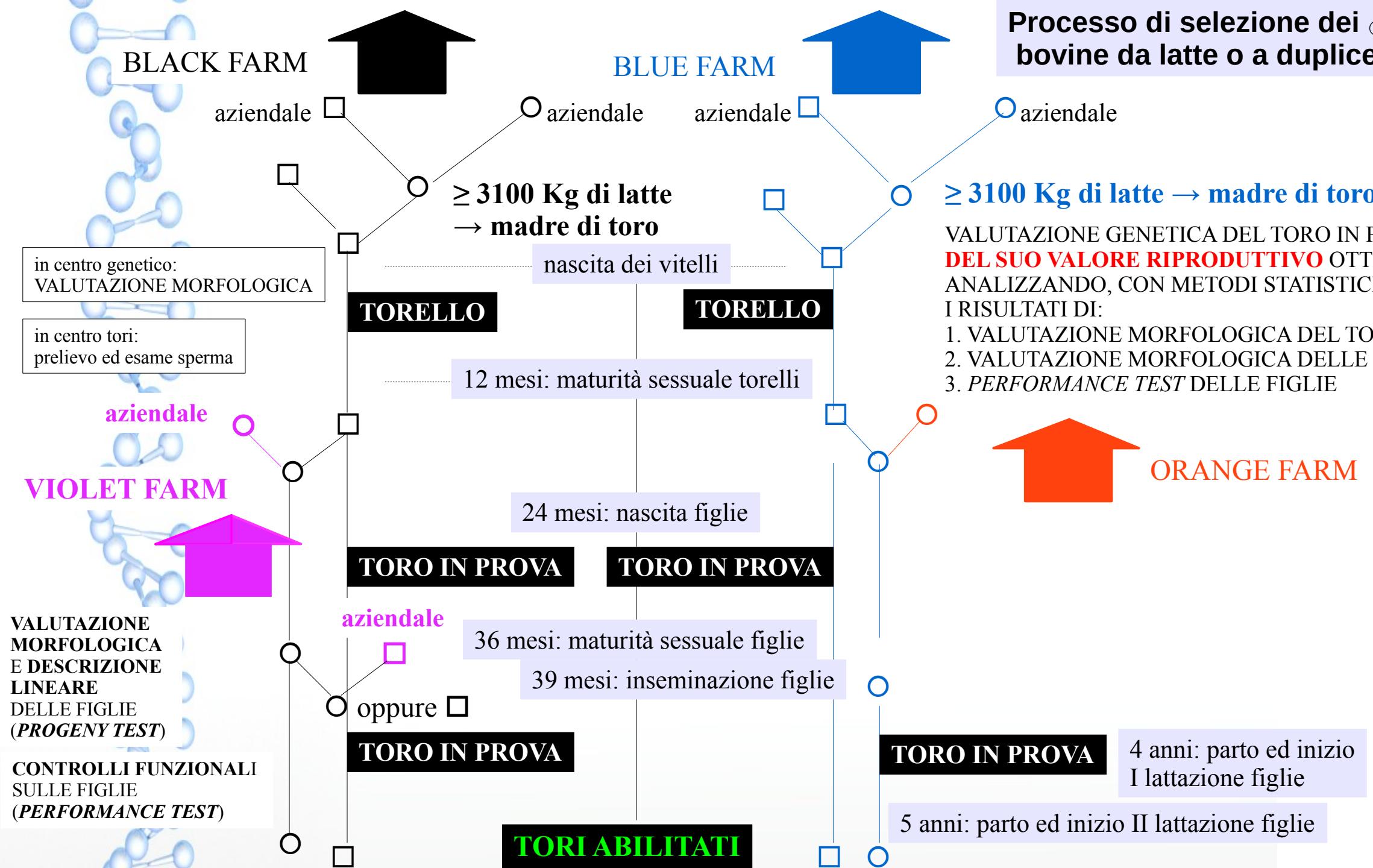


# Un numero (quasi) infinito di fattori ambientali e genetici

La probabilità che la quantità di latte sia compresa fra 33 e 34 Kg è data dall'area blu, che può essere calcolata utilizzando un'operazione che prende il nome di «integrazione».



## Processo di selezione dei ♂♂ di razze bovine da latte o a duplice attitudine



# Il valore riproduttivo

**Il Valore Riproduttivo (VR) di un animale ne esprime l'attitudine a migliorare una prestazione (ri)produttiva media degli individui di una popolazione nelle generazioni successive**, attraverso la trasmissione a questi ultimi di geni ad effetto favorevole di cui si presume che il soggetto che si candida ad essere abilitato per l'inseminazione strumentale sia portatore.

Il VR di un soggetto è la somma degli effetti di tutti i geni presenti a tutti i loci che controllano un determinato carattere quantitativo; esso, quindi, è direttamente  $\propto$  al numero di alleli favorevoli di cui l'animale è portatore.

Per sottolineare la sua *natura additiva*, il VR è indicato con la lettera A:

**Valore Riproduttivo = A**

## La stima del valore riproduttivo (calcolo degli indici genetici)

L'Indice Genetico (**IG**) rappresenta la migliore **stima del valore riproduttivo (A)** di un individuo in funzione delle informazioni utilizzate per il suo calcolo

A è legato al valore fenotipico (**P**) dell'animale che vogliamo valutare, espresso come deviazione dalla media della popolazione per il carattere esaminato, dalla relazione:

$$A = \textcolor{red}{b} \cdot P$$

in cui il coefficiente **b** rappresenta l'ereditabilità h<sup>2</sup>

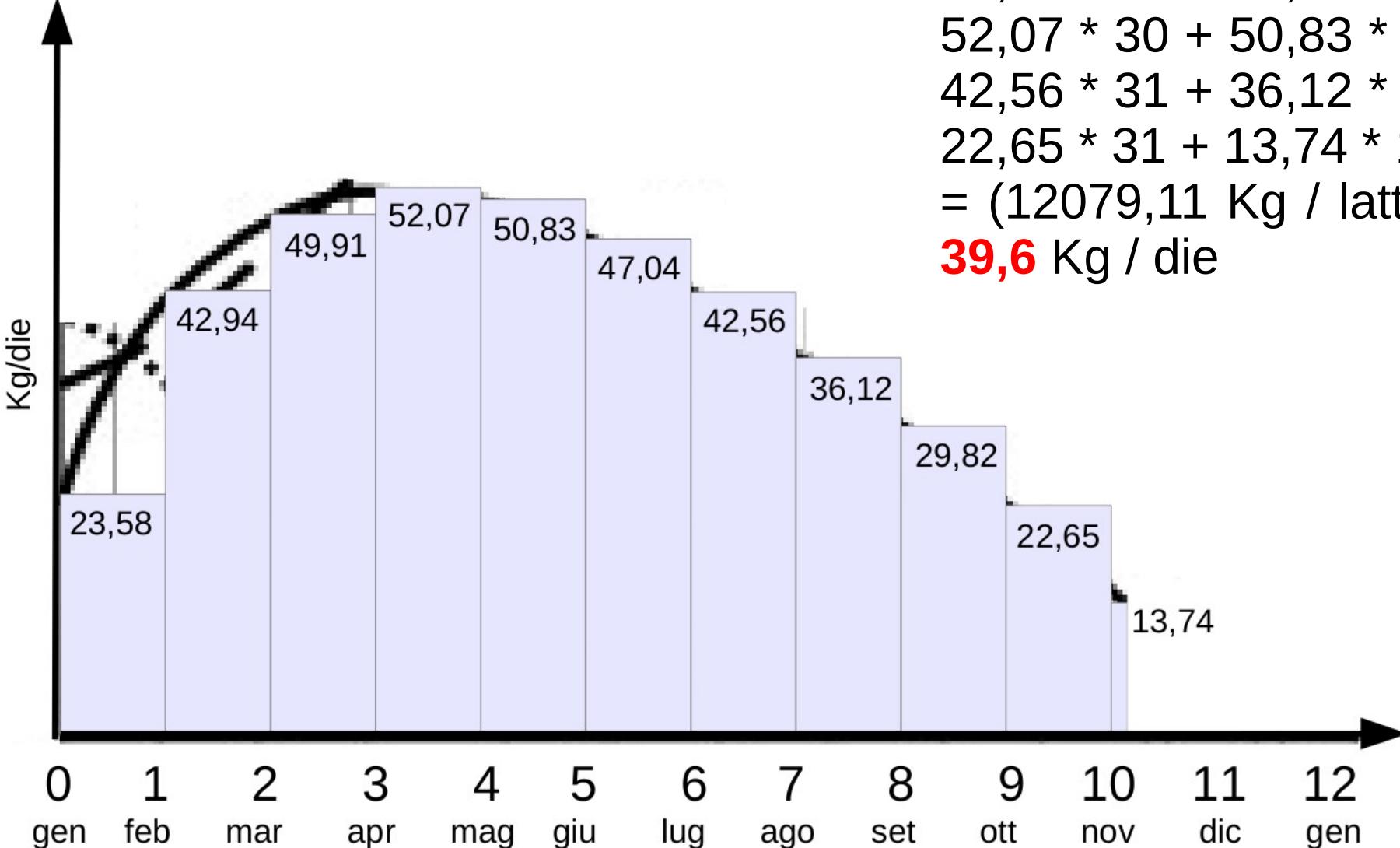
## La stima del valore riproduttivo (calcolo degli indici genetici)

Il caso più semplice è quello in cui si dispone soltanto del valore fenotipico (**P**) dell'animale che vogliamo valutare, espresso come deviazione dalla media della popolazione per il carattere esaminato

# Apparecchi per la misurazione della quantità di latte prodotta



# Il *performance test* delle figlie dei tori in prova di progenie: controlli funzionali della produzione di latte



$$\begin{aligned} & 23,58 * 31 + 42,94 * 28 + 49,91 * 31 + \\ & 52,07 * 30 + 50,83 * 31 + 47,04 * 30 + \\ & 42,56 * 31 + 36,12 * 31 + 29,82 * 30 + \\ & 22,65 * 31 + 13,74 * 1 = \\ & = (12079,11 \text{ Kg / latt}) / (305 \text{ gg/latt}) = \\ & \mathbf{39,6 \text{ Kg / die}} \end{aligned}$$

# Modello lineare nonne (madri di toro) - nipoti

```
> library(tidyverse)
> library(ggthemes)
> vantaggio_madri_di_toro = rnorm(1000, mean = 1000, sd = 200.0)
> coefficiente = rnorm(1000, mean = 0.25, sd = 0.1)
> vantaggio_figlie_dei_tori = vantaggio_madri_di_toro * coefficiente
> tabella_nonne_nipoti = tibble(vantaggio_madri_di_toro,
+ vantaggio_figlie_dei_tori)
> ggplot(data = tabella_nonne_nipoti, mapping = aes(x =
+ vantaggio_madri_di_toro, y = vantaggio_figlie_dei_tori)) +
+ geom_point() +
+ geom_smooth(method = 'lm', color = 'red') +
+ labs(title = "Modello lineare nonne (madri di toro) - nipoti",
+ subtitle = "Grammi di latte al giorno",
+ x = "Vantaggio delle madri di toro (g/die)", y = "Vantaggio delle nipoti
+ (g/die)") +
+ scale_color_colorblind()
```

# Modello lineare nonne (madri di toro) - nipoti

```
> modello_nonne_nipoti = tabella_nonne_nipoti %>%  
+   lm(vantaggio_figlie_dei_tori ~ vantaggio_madri_di_toro, data = .)  
> modello_nonne_nipoti
```

Call:

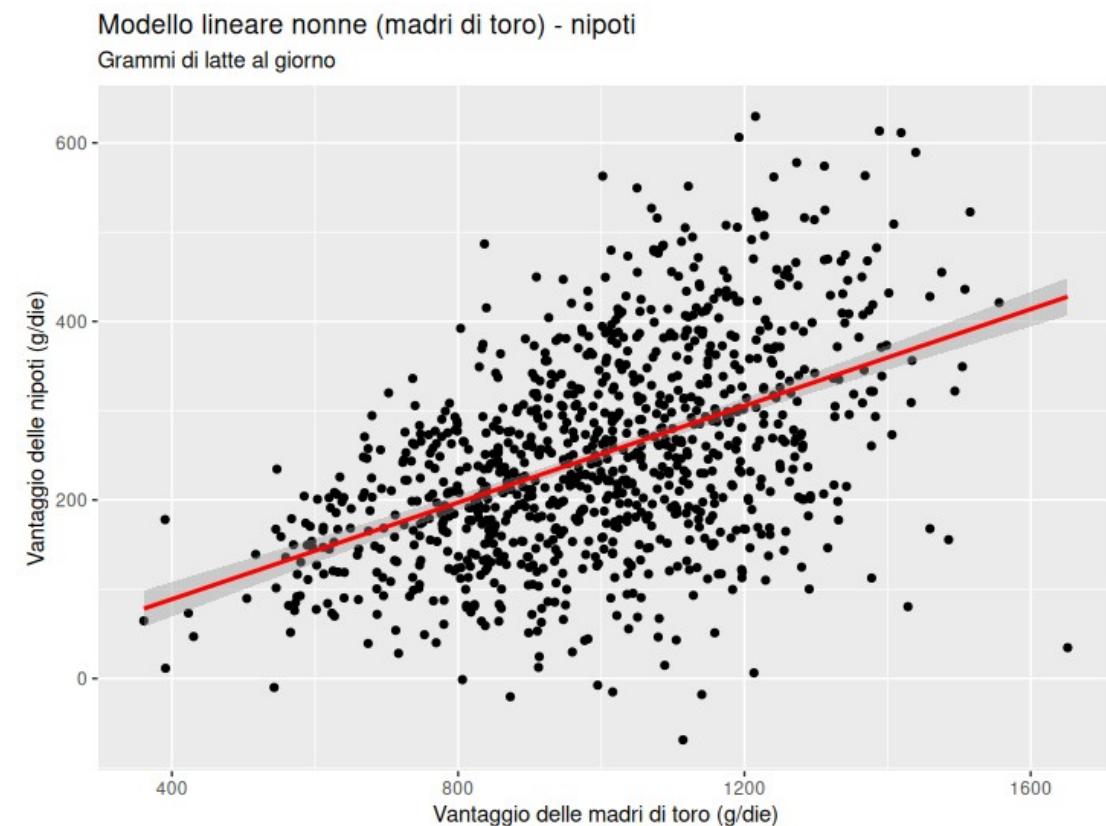
```
lm(formula = vantaggio_figlie_dei_tori ~ vantaggio_madri_di_toro,  
  data = .)
```

Coefficients:

(Intercept)	vantaggio_madri_di_toro
-19.4702	<b>0.2707</b>

>

Qual è l'equazione del modello?



## Esempio di calcolo dell'indice genetico

Media della popolazione: 3058 Kg / latt.;

deviazione fenotipica attesa (**Indice Genetico**) delle figlie del candidato:  
**0.403 Kg / die**;

valore fenotipico (prestazione produttiva) atteso delle figlie del candidato:

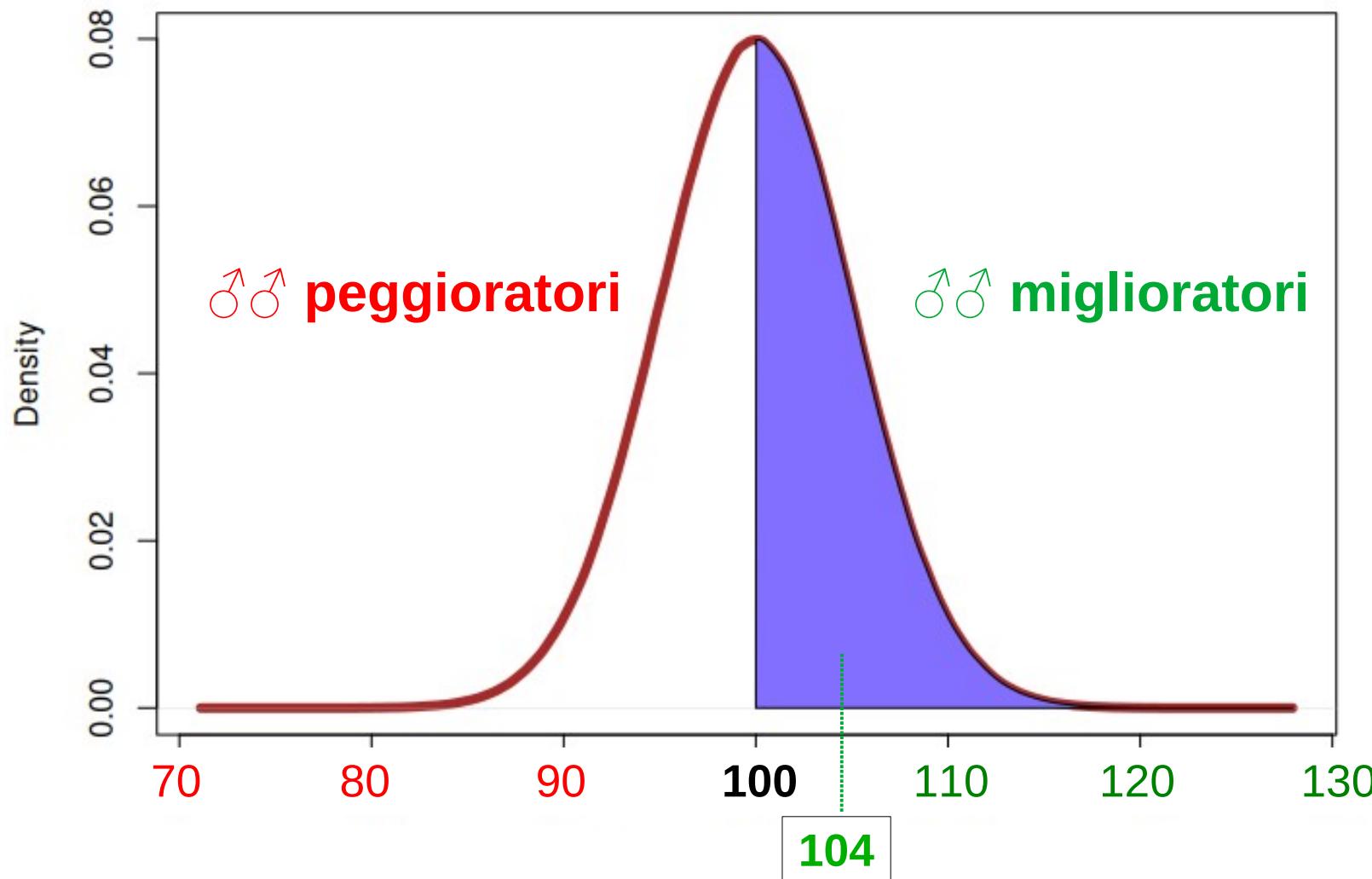
$$\begin{aligned} & 3058 \text{ Kg / latt.} + 0.403 \text{ Kg / die} * 305 \text{ gg / latt.} = \\ & = (3058 + 123.04) \text{ Kg / latt.} = 3181.04 \text{ Kg / latt.} \end{aligned}$$

$$3058 \text{ Kg / latt. : } 100 = 3181.04 \text{ Kg / latt. : } X$$

$$X = (100 * 3181.04 \text{ Kg / latt.}) / (3058 \text{ Kg / latt.}) = 104.02 \approx \textcolor{green}{104}$$

# La scala di misura degli indici genetici

**BASE GENETICA = 100**  
(media della popolazione)



# La scala di misura degli indici genetici

```
> y = rnorm(10000000, mean = 100, sd = 5.0)
> den = density(y)
> value = 100
> plot(den, col = 'brown', lwd = 5)
> polygon(c(den$x[den$x >= value], value),
  c(den$y[den$x >= value], 0),
  col = "slateblue1",
  border = 1)
```

## Qual è la popolazione di riferimento?

In genere non si considera la media generale della popolazione, in quanto costituita dalla sovraposizione di numerose generazioni, ma quella di soggetti della stessa età che abbiano prodotto in ambienti simili: questi animali prendono il nome di **contemporanei**.

## Qual è la popolazione di riferimento?

Il caso più comune riguarda il calcolo dell'IG dei tori di razze da latte o a duplice attitudine: esso si basa sul **confronto della produzione delle figlie del toro da valutare con la media dei controlli delle contemporanee** presenti nello stesso allevamento e che abbiano partorito da due mesi prima a due mesi dopo le figlie del toro in esame (**metodo del confronto contemporaneo**).

Il fenotipo delle figlie è, inoltre, corretto per le **deviazioni sistematiche** (intervallo parto-concepimento, durata della lattazione, numero delle mungiture).

# Complicazioni



Metodi più complessi consentono di tener conto di alcuni problemi insiti nel metodo del confronto contemporaneo:

- eventuale esistenza di rapporti di parentela fra il candidato e le bovine che vengono inseminate con il suo sperma;
- del fatto che la prestazione di ogni figlia del toro in prova di progenie viene confrontata con la media delle sue contemporanee che vivono nello stesso allevamento anziché con la media dell'intera popolazione, formata dalle contemporanee ospitate presso tutte le aziende.

# Ereditabilità e base genetica (media delle contemporanee) di alcuni caratteri sottoposti a selezione nella razza Frisona Italiana

Carattere lineare	Ereditabilità	Media delle contemporanee (5÷45)	Deviazione standard
<b>Statura</b>	<b>0,40</b>	31,86	<b>2,50</b>
<b>Forza e vigore</b>	<b>0,25</b>	27,72	<b>1,49</b>
Profondità ( <b>altezza del tronco</b> )	<b>0,30</b>	30,78	<b>1,67</b>
Angolosità	0,23	27,78	1,30
Angolo groppa	0,23	25,08	1,59
Larghezza groppa	0,22	26,68	1,56
Arti anteriori visti di lato	0,16	25,58	0,97
<b>Altezza del tallone</b>	<b>0,10</b>	24,51	<b>0,84</b>
Forza attacco anteriore	0,20	23,91	1,56
Altezza attacco posteriore	0,21	26,88	1,43
Larghezza attacco posteriore	0,24	29,55	1,14
Forza del legamento sospensore	0,16	29,04	1,18
<b>Profondità apparato mammario</b>	<b>0,30</b>	28,95	<b>2,33</b>
Posizione capezzoli	0,19	24,00	1,14
Dimensione capezzoli	0,19	22,77	1,18
<b>Arti posteriori visti da dietro</b>	<b>0,06</b>	24,93	<b>0,68</b>
<b>Funzionalità arti e piedi</b>	<b>0,10</b>	22,44	<b>0,87</b>
Posizione capezzoli posteriori	0,18	26,79	1,59
Conformazione	0,14	25,05	1,41

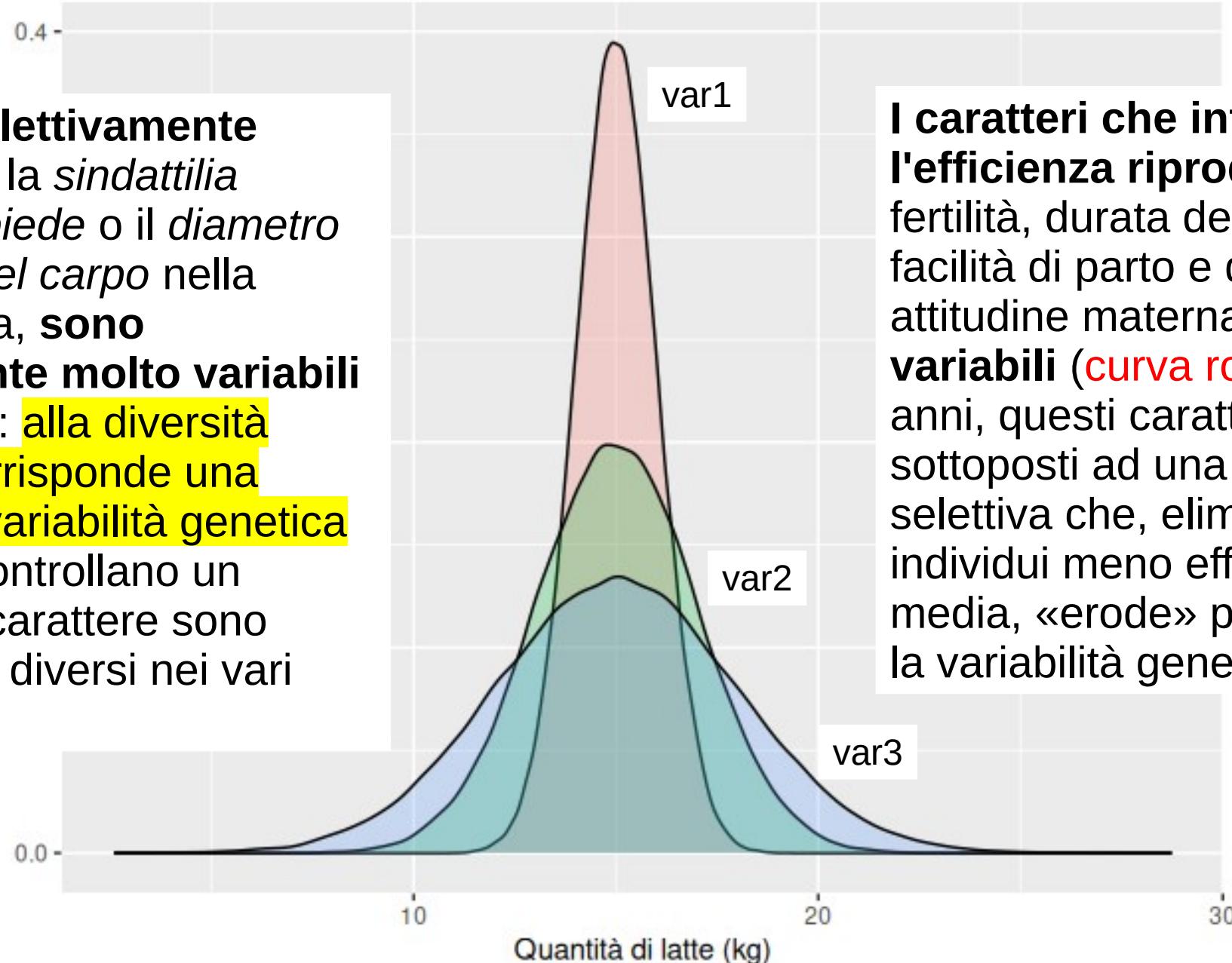
# Cos'è la deviazione standard?

```
> install.packages('reshape')
> library(reshape)
> library(tidyverse)
> df = data.frame(var1=rnorm(100000, mean=15, sd=1),
+                   var2=rnorm(100000, mean=15, sd=2),
+                   var3=rnorm(100000, mean=15, sd=3))
> data = melt(df)
> ggplot(data, aes(x=value, fill=variable)) +
  labs(title = "Cos'è la deviazione standard?",
       subtitle = "Densità di probabilità di tre variabili, con media = 15 e
deviazione standard = 1 (var1), 2 (var2), 3 (var3)",
       x = "Quantità di latte (kg)", y = "Densità (dy/dx)") +
  geom_density(alpha=.25)
```

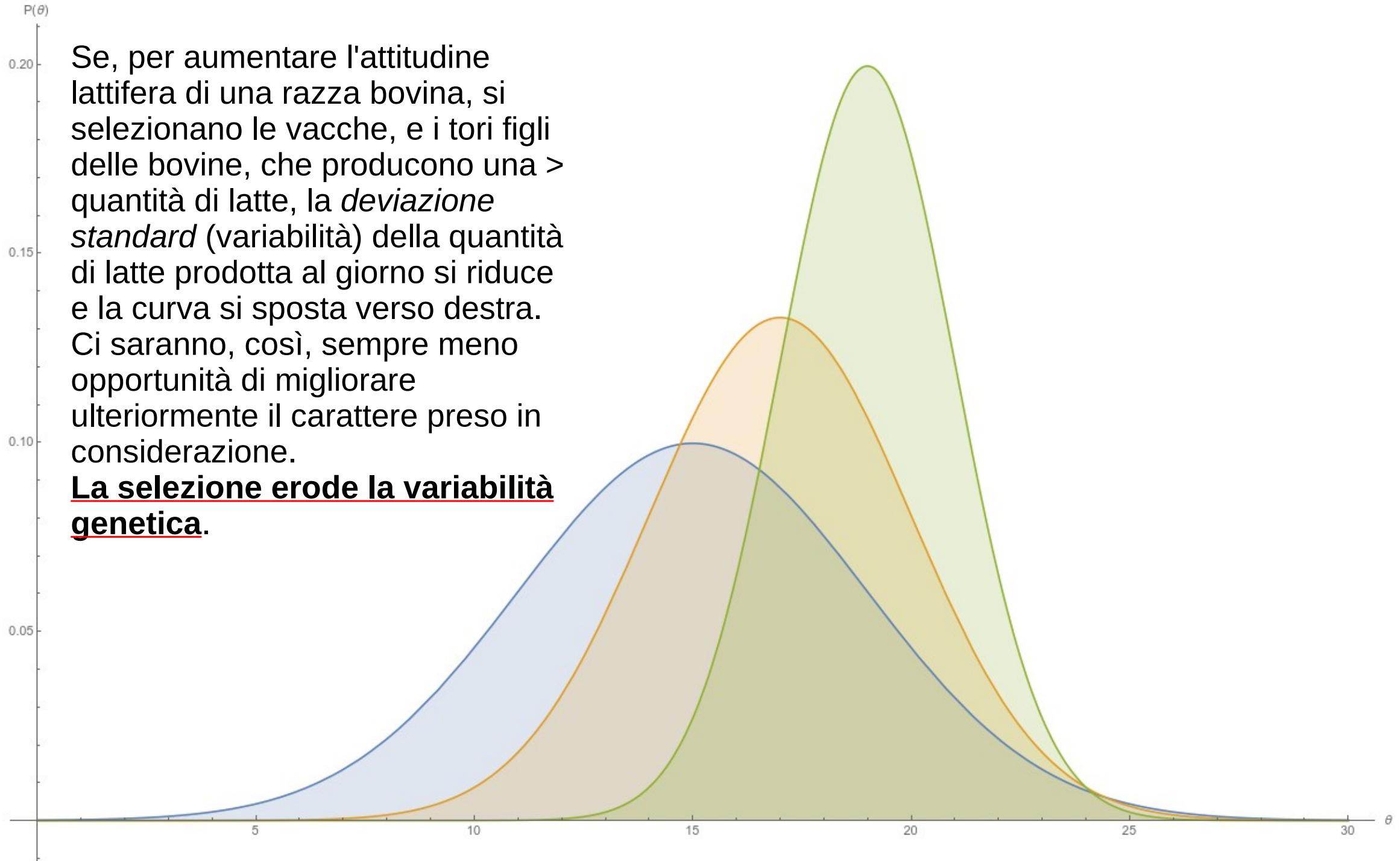
## Cos'è la deviazione standard?

Densità di probabilità di tre variabili, con media = 15 e deviazione standard = 1 (var1), 2 (var2), 3 (var3)

I caratteri selettivamente neutri, come la *sindattilia parziale del piede* o il *diametro trasversale del carpo* nella specie umana, sono geneticamente molto variabili (curva grigia): alla diversità fenotipica corrisponde una significativa variabilità genetica (ai *loci* che controllano un determinato carattere sono presenti alleli diversi nei vari individui).



I caratteri che influenzano l'efficienza riproduttiva (per es. fertilità, durata della gravidanza, facilità di parto e di nascita, attitudine materna) sono poco variabili (**curva rossa**); da milioni di anni, questi caratteri sono sottoposti ad una forte pressione selettiva che, eliminando tutti gli individui meno efficienti rispetto alla media, «erode» progressivamente la variabilità genetica.

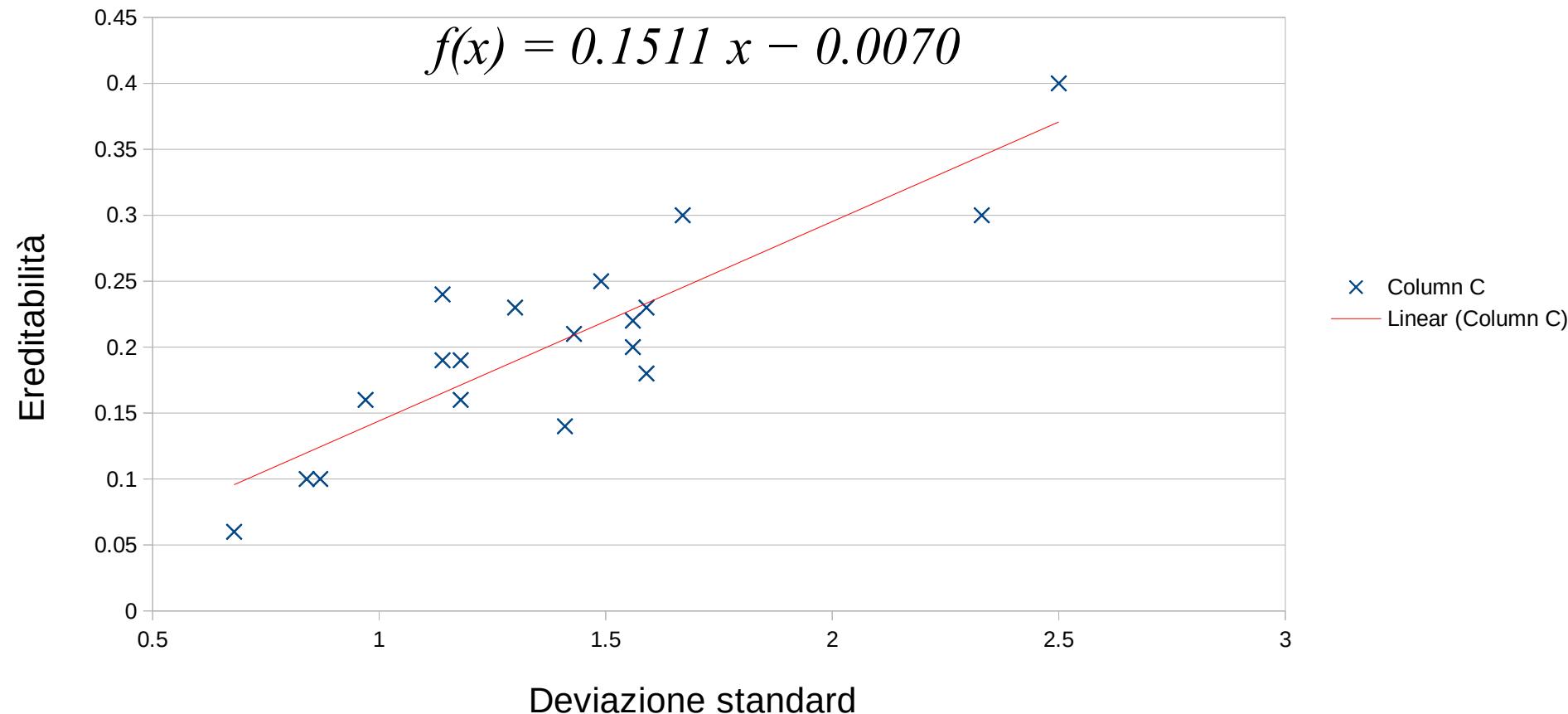


# Variabilità ed ereditabilità dei caratteri

All'aumentare della variabilità fenotipica (deviazione standard) aumenta anche l'ereditabilità del tratto considerato. Ciò significa che **tale polimorfismo è anche genetico**: le differenze che si riscontrano fra gli animali sono ascrivibili al fatto che individui  $\neq$  possiedono alleli (varianti geniche)  $\neq$  ai *loci* che controllano il carattere, i quali vengono trasmessi ereditariamente secondo quanto previsto dalle **leggi di Mendel**.

# Variabilità ed ereditabilità dei caratteri

## Variabilità ed ereditabilità di alcuni caratteri lineari nella razza Frisona Italiana



# Variabilità ed ereditabilità dei caratteri

Viceversa, se la variabilità fosse soltanto fenotipica e non genetica, le differenze individuali eventualmente riscontrate sarebbero dovute a fattori ambientali, non ereditabili per definizione, come nel caso della **condizione corporea** di bovine primipare di razza Piemontese, figlie di tori in prova di progenie, che partoriscono alla fine dell'inverno dopo essere state sottoalimentate.

# Variabilità ed ereditabilità dei caratteri

L'ereditabilità è un parametro molto importante per la selezione genetica. Caratteri ad elevata ereditabilità sono selezionabili in modo agevole; al contrario una bassa ereditabilità indica che sono gli aspetti gestionali, più che quelli genetici a determinare le differenze osservabili tra gli animali.

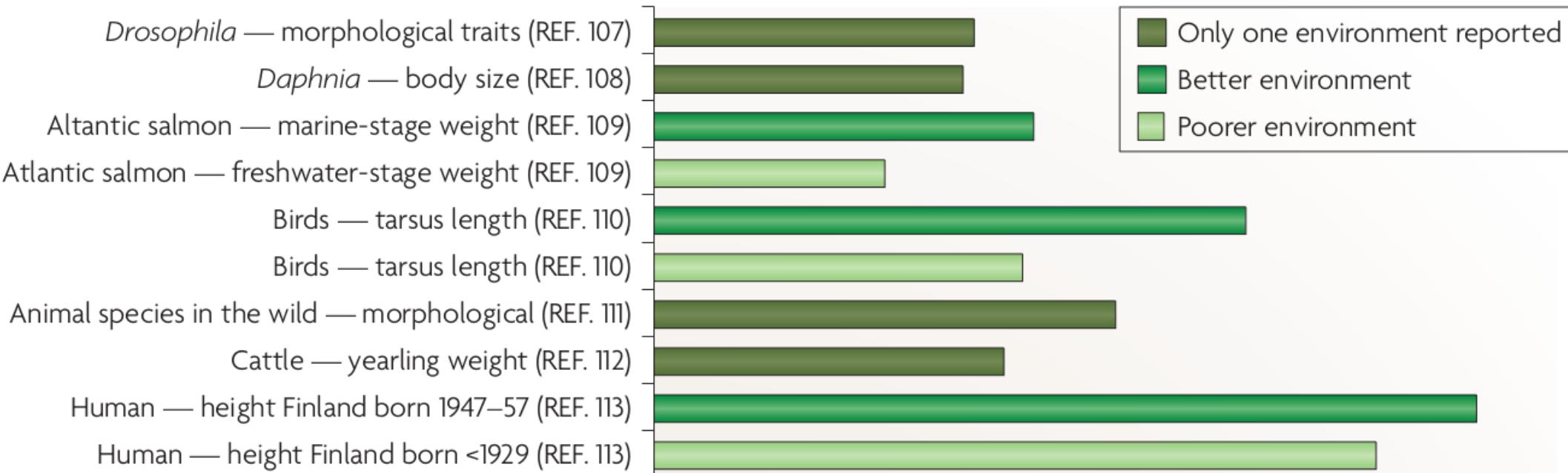
I caratteri poco ereditabili sono anch'essi selezionabili, ma il loro miglioramento sarà lento rispetto a quello ottenibile in presenza di un'alta ereditabilità.

# Variabilità ed ereditabilità dei caratteri

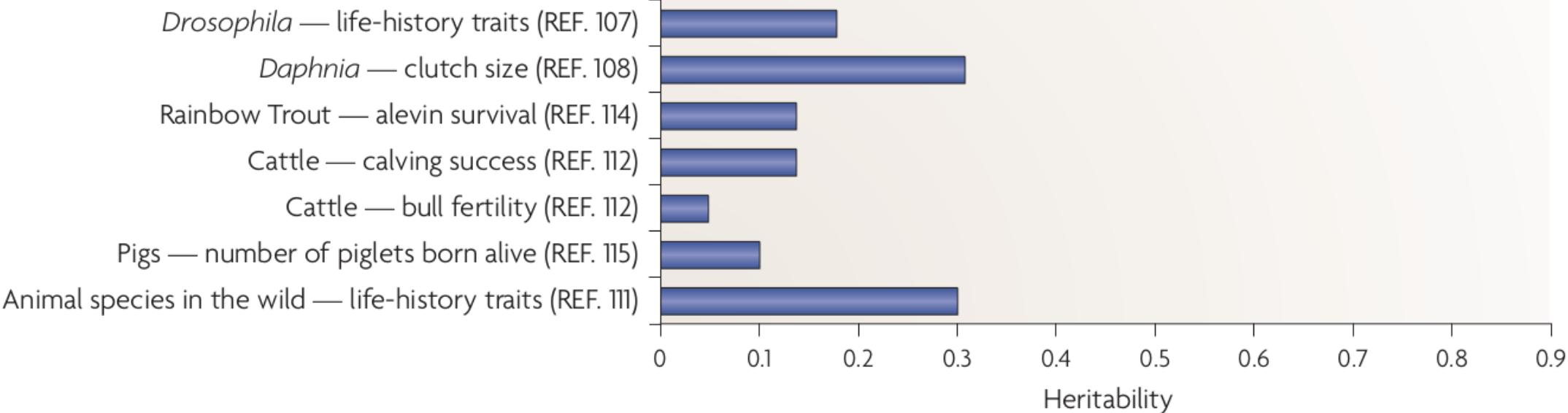
CARATTERE	EREDITABILITÀ
Accrescimento	0,49
Muscolosità	0,12 ÷ 0,40
Altezza al garrese	0,31
Taglia	0,26
Finezza scheletrica	0,12
Arti posteriori	0,12
Arti anteriori	0,09
Facilità di nascita	0,13
Facilità di parto	0,08
Stato di nutrizione	0,05

Ereditabilità di alcuni caratteri produttivi e funzionali stimati per i riproduttori di razza Piemontese.

## Morphological traits

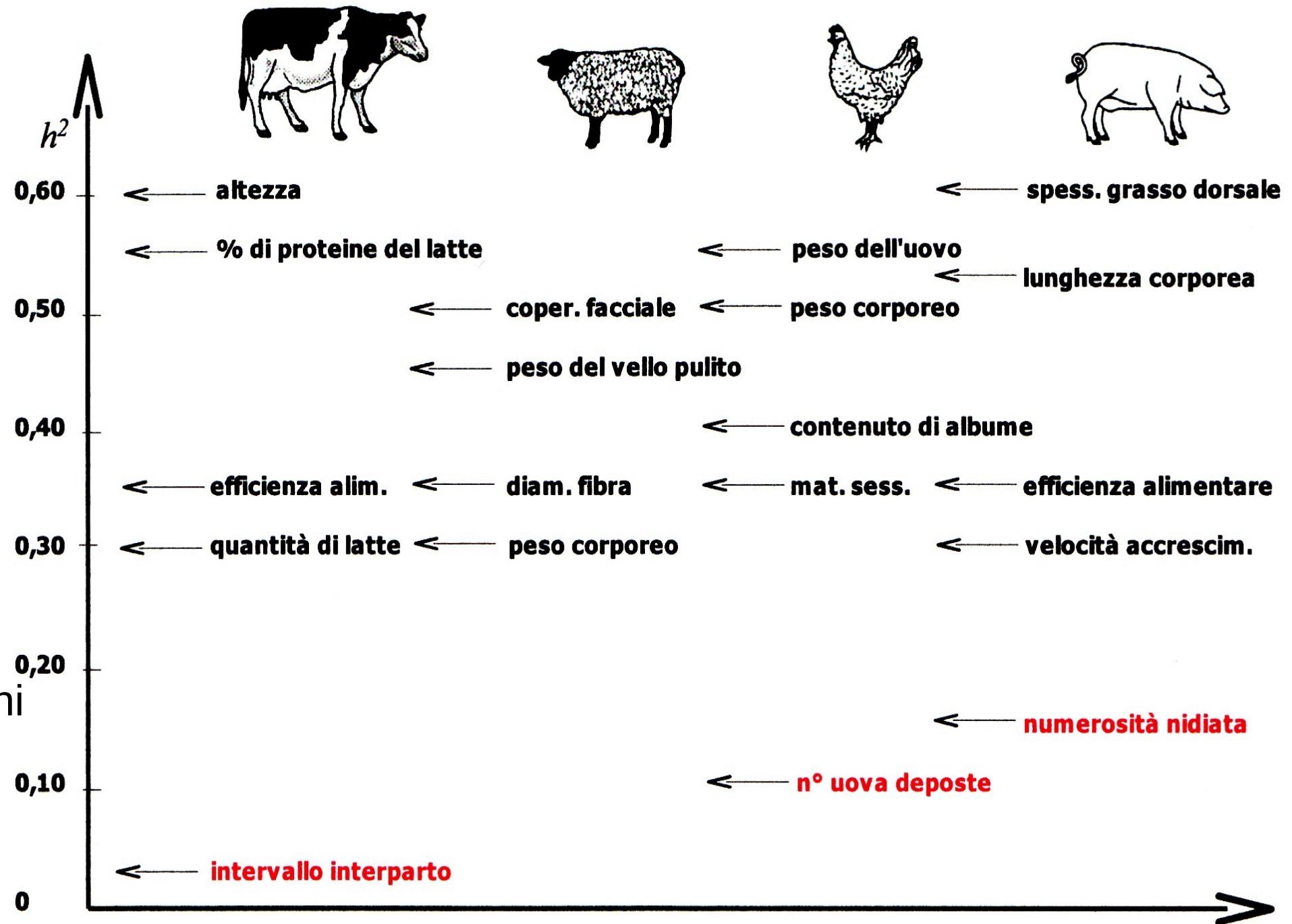


## Fitness traits



Examples of estimates of heritabilities of morphological traits and fitness traits. The estimates of heritability are the mean across a number of studies. The examples show that, on average, heritability estimates are larger for morphological traits than for fitness-related traits, and that heritability tends to be larger in better environments when compared with poorer environments.

Ereditabilità di alcuni caratteri in specie animali d'allevamento.



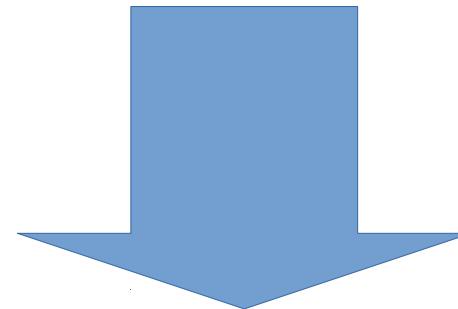


# La consanguineità

È il metodo di accoppiamento preferito dagli allevatori di cani, gatti e volatili, poichè **consente di stabilizzare particolari morfologie dopo che queste sono comparse – di solito per mutazione – in determinati individui.**

# Gli effetti della consanguinità

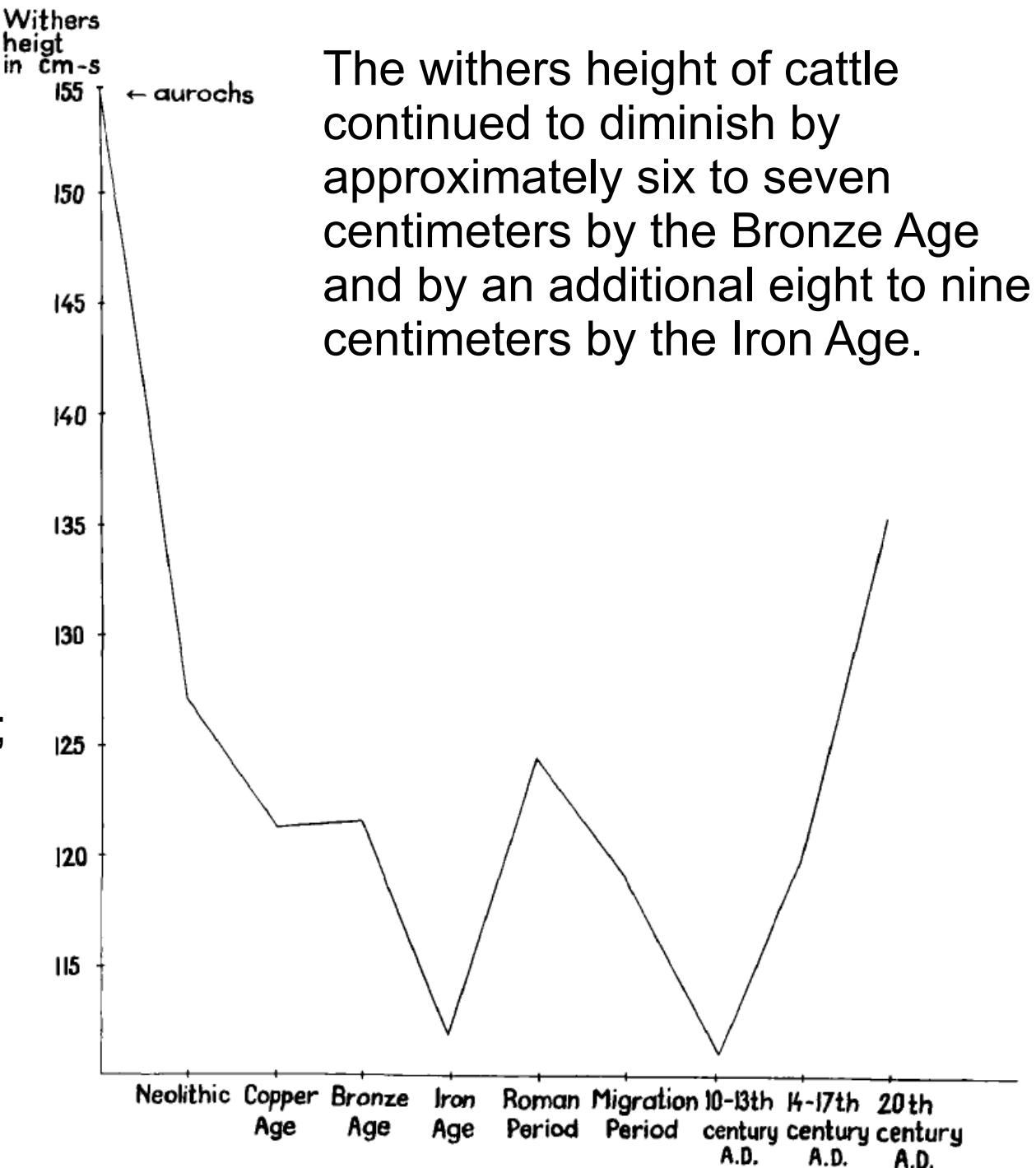
**Consanguinità:** accoppiamento fra individui più strettamente imparentati fra loro rispetto a due soggetti estratti a caso dalla popolazione



- **Riduzione della taglia corporea e del dimorfismo sessuale**
- Insorgenza di malformazioni
- Perdita di variabilità genetica
- Perdita di *fitness* (efficienza riproduttiva)
- Comparsa di nuovi fenotipi in individui omozigoti

# Riduzione della taglia corporea e del dimorfismo sessuale

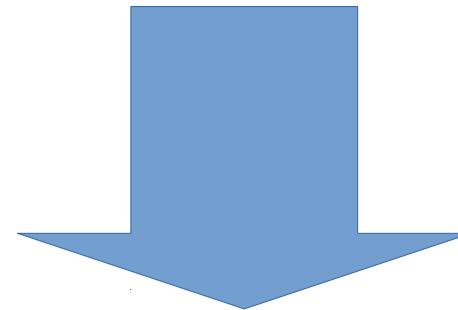
Domestication initially caused a considerable decrease in size, and this can be demonstrated with cattle, enabling the presentation of numerical data on this species; the withers height, which expresses size best, can be determined from metapodial length. According to these data, the average withers height of Neolithic cattle in Hungary was 132.7 cm or 127.0 cm, according to another Method, while the average minimum withers height of the aurochs is 155 cm.



The withers height of cattle continued to diminish by approximately six to seven centimeters by the Bronze Age and by an additional eight to nine centimeters by the Iron Age.

# Gli effetti della consanguinità

**Consanguinità:** accoppiamento fra individui più strettamente imparentati fra loro rispetto a due soggetti estratti a caso dalla popolazione



- ▶ Riduzione della taglia corporea e del dimorfismo sessuale
- ▶ **Insorgenza di malformazioni**
- ▶ Perdita di variabilità genetica
- ▶ Perdita di *fitness* (efficienza riproduttiva)
- ▶ Comparsa di nuovi fenotipi in individui omozigoti

[Home](#) > [European Journal of Wildlife Research](#) > Article

# Genetic analysis of an isolated red deer (*Cervus elaphus*) population showing signs of inbreeding depression

Original Paper | Published: 18 October 2006

Volume 53, pages 61–67, (2007) [Cite this article](#)[European Journal of Wildlife Research](#)[Aims and scope →](#)[Submit manuscript →](#)[F. E. Zachos](#) , [C. Althoff](#), [Y. v. Steynitz](#), [I. Eckert](#) & [G. B. Hartl](#) 1286 Accesses  72 Citations  7 Altmetric [Explore all metrics →](#)

## Abstract

In the present study, we analysed 18 red deer specimens from a small ( $N = 50$ ) and isolated population in Schleswig-Holstein, northern Germany, with respect to variability at nine polymorphic microsatellite loci and 439 bp of the mitochondrial DNA control region.

Several cases of brachygnyathia (shortened lower jaw), commonly associated with inbreeding depression, have been recorded in the population. Genetic variability was very low compared with other European red deer populations including the neighbouring population from which the population under study was derived some 130 years ago. The

[Access this article](#)[Log in via an institution →](#)[Buy article PDF 39,95 €](#)

Price includes VAT (Italy)

Instant access to the full article PDF.

[Rent this article via DeepDyve ↗](#)[Institutional subscriptions →](#)

# Insorgenza di malformazioni



**Brachygony** in a 2-year-old stag from Hasselbusch, Germany. The lower jaw is about 5 cm shorter than its upper counterpart. Photograph: courtesy of H. A. Hewicker.

# Il pastore tedesco e la displasia dell'anca

Esemplare di pastore tedesco affetto da ***displasia dell'anca***: linea dorsale estremamente inclinata.



# Il pastore tedesco e la displasia dell'anca

A) Bacino normale: le teste femorali sono ben congrue con gli acetaboli corrispondenti e le interlinee articolari sono sottili.

**B) Grave displasia bilaterale dell'anca con estesa artrosi:**

fenomeni di rimodellamento interessano le teste ed i colli femorali; bilateralmente, sulle superfici craniali e caudali dei margini articolari è in atto una proliferazione di tessuto osseo e la superficie mediale dell'acetabolo è colmata da tessuto osseo.



**F<sub>0</sub>**: un ♂ normale (omozigote selvatico **AA**) produce un singolo spermatozoo mutante **a** (cerchio azzurro).

**F<sub>1</sub>**: nasce un ♂ eterozigote **Aa** che produce il 50% di spermatozoi mutanti (portatori della mutazione), due dei quali fecondano altrettanti ovociti normali.

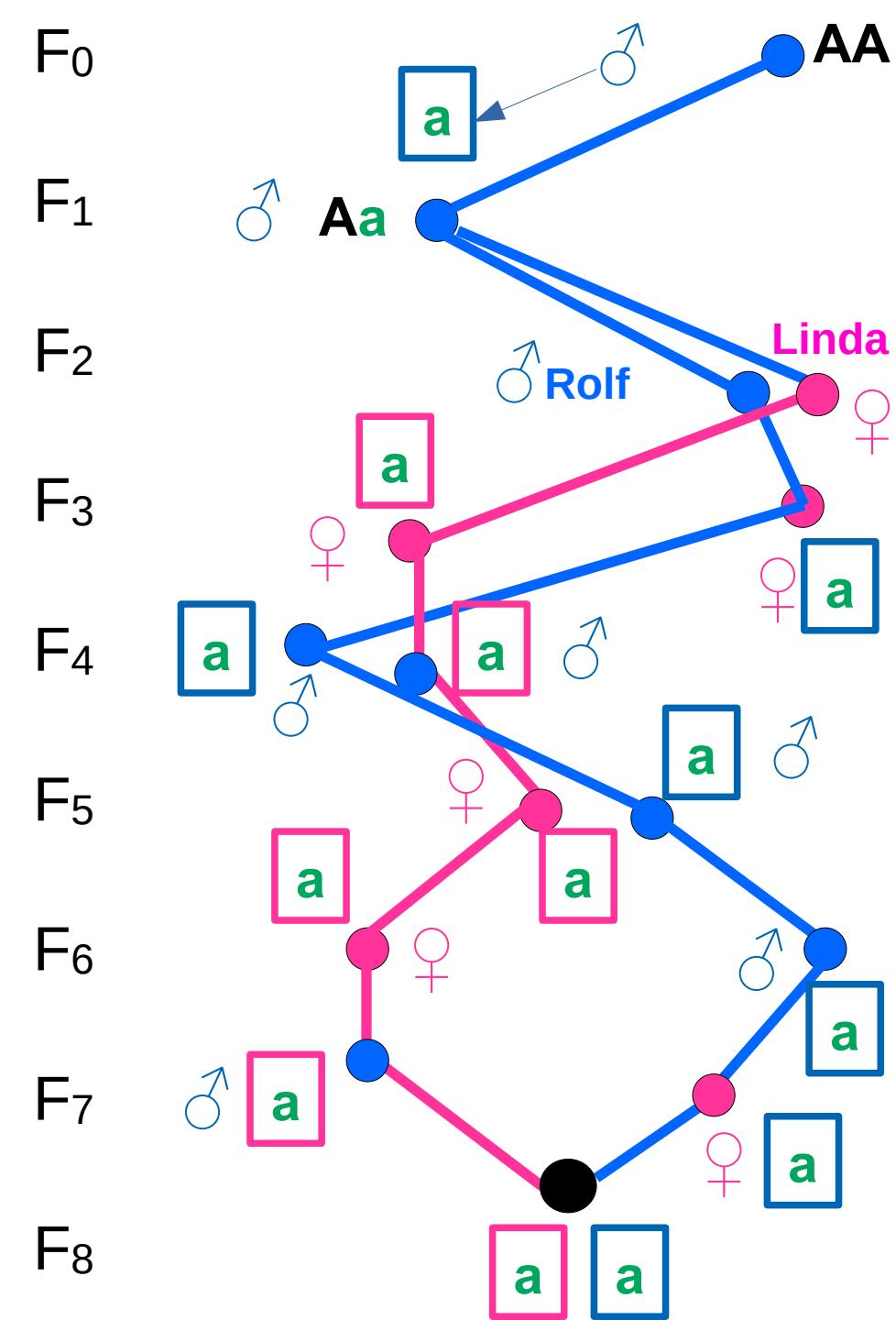
**F<sub>2</sub>**: nascono due cuccioli eterozigoti, il ♂ **Rolf** (che produce molti spermatozoi mutanti – cerchio azzurro), e la ♀ **Linda** (che produce un ovocita mutante – cerchio rosa).

Quindi, **Linda è la sorella di Rolf**.

Fratello e sorella si accoppiano, rispettivamente, con una ♀ e con un ♂ normali: ciascuno di essi ha una figlia ♀ nella **F<sub>3</sub>** che produce un ovocita mutante il quale viene fecondato da uno spermatozoo normale. **F<sub>4</sub>**: nascono 2 ♂♂, uno per cucciolata, che producono spermatozoi mutanti e così via.

Alleli mutanti **a** iniziano, così, a circolare nella popolazione; **un allele mutante di origine paterna** può, ovviamente, essere trasmesso anche da una ♀ (linea blu); allo stesso modo, **un allele mutante di origine materna** può essere trasmesso anche da un ♂ (linea rosa).

**F<sub>8</sub>**: infine, quando due alleli mutanti, uno portato da uno spermatozoo e l'altro da un ovocita, si incontrano, nasce un **omozigote mutante aa**, che manifesterà il difetto ereditario (cerchio nero grande).



# Il pastore tedesco e la displasia dell'anca

Il pastore tedesco moderno è una razza di origine relativamente recente, ottenuta attraverso l'incrocio di cani da pastore utilizzati nella Germania rurale nel XIX secolo effettuato da un ex ufficiale di cavalleria di nome Max von Stephanitz che intendeva aumentarne la resistenza al trotto su lunghe distanze.

Uno standard di razza fu codificato alla fine del secolo e la prima esposizione si tenne nel 1899.

# Il pastore tedesco e la displasia dell'anca

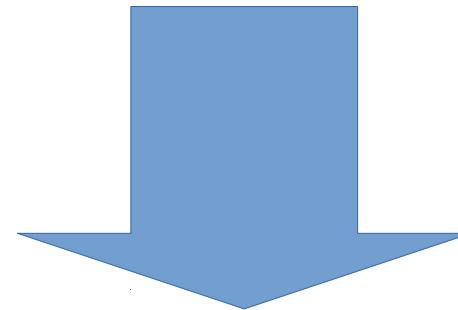
Recentemente, alcune linee genetiche di questa razza, utilizzate prevalentemente per ottenere cani da esibire nelle mostre, sono state sottoposte ad una selezione che ha privilegiato una linea dorsale molto inclinata, con conseguenti difficoltà di deambulazione dovute ad un difetto congenito chiamato «*displasia dell'anca*».

Le linee genetiche utilizzate per il lavoro, invece, conservano il profilo dorsale rettilineo tipico della razza originale.

La displasia dell'anca è un difetto ereditario comparso per mutazione in qualche antenato del pastore tedesco e di altre razze come *Golden* e *Labrador Retrievers* e *Rottweilers*.

# Gli effetti della consanguinità

**Consanguinità:** accoppiamento fra individui più strettamente imparentati fra loro rispetto a due soggetti estratti a caso dalla popolazione

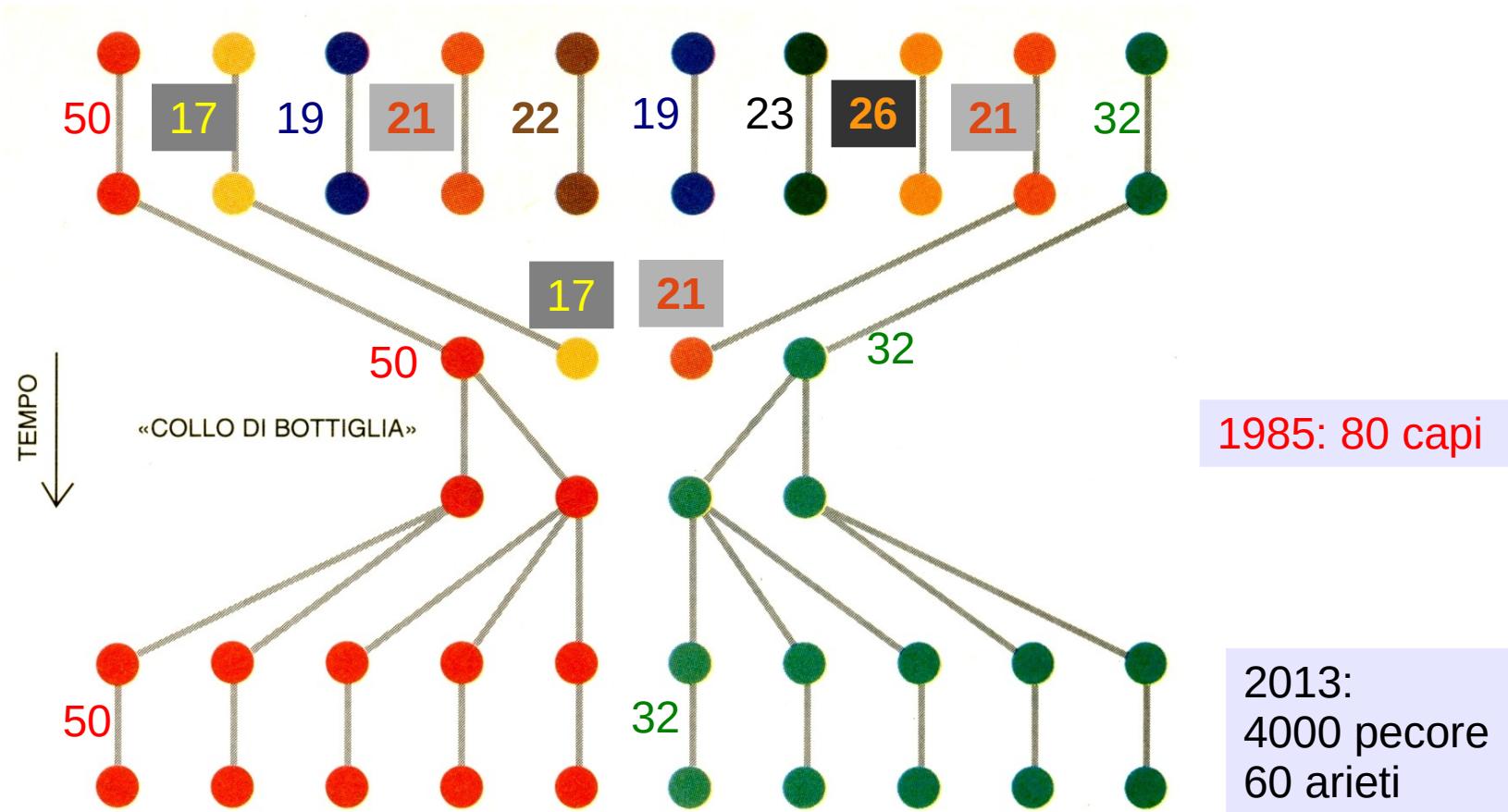


- ▶ Riduzione della taglia corporea e del dimorfismo sessuale
- ▶ Insorgenza di malformazioni
- ▶ **Perdita di variabilità genetica**
- ▶ Perdita di *fitness* (efficienza riproduttiva)
- ▶ Comparsa di nuovi fenotipi in individui omozigoti

# **Declino e successiva ripresa della razza ovina sambucana**

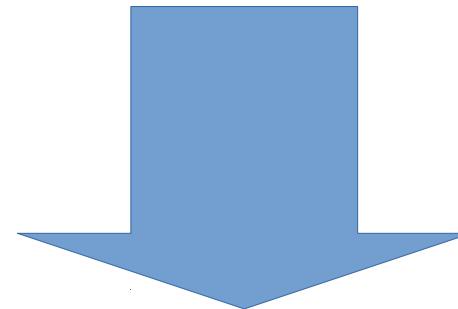


# Declino e successiva ripresa della razza ovina sambucana



# Gli effetti della consanguinità

**Consanguinità:** accoppiamento fra individui più strettamente imparentati fra loro rispetto a due soggetti estratti a caso dalla popolazione



- ▶ Riduzione della taglia corporea e del dimorfismo sessuale
- ▶ Insorgenza di malformazioni
- ▶ Perdita di variabilità genetica
- ▶ **Perdita di *fitness* (efficienza riproduttiva)**
- ▶ Comparsa di nuovi fenotipi in individui omozigoti

You have access

 View PDF

 Tools

 Share

Cite this article 

### Section

Abstract

1. Introduction

2. Materials and methods

3. Results and discussion

Acknowledgements

Footnotes

## Severe inbreeding depression in a wild wolf *Canis lupus* population

Olof Liberg , Henrik Andrén, Hans-Christian Pedersen, Håkan Sand, Douglas Sejberg, Petter Wabakken, Mikael Åkesson and Staffan Bensch

Published: 22 March 2005 | <https://doi.org/10.1098/rsbl.2004.0266>

### Abstract

The difficulty of obtaining pedigrees for wild populations has hampered the possibility of demonstrating inbreeding depression in nature. In a small, naturally restored, wild population of grey wolves in Scandinavia, founded in 1983, we constructed a pedigree for 24 of the 28 breeding pairs established in the period 1983–2002. Ancestry for the breeding animals was determined through a combination of field data (snow tracking and radio telemetry) and DNA microsatellite analysis. The population was founded by only three individuals. The inbreeding coefficient  $F$  varied between 0.00 and 0.41 for wolves born during the study period. The number of surviving pups per litter during their

# Inbreeding in wolves

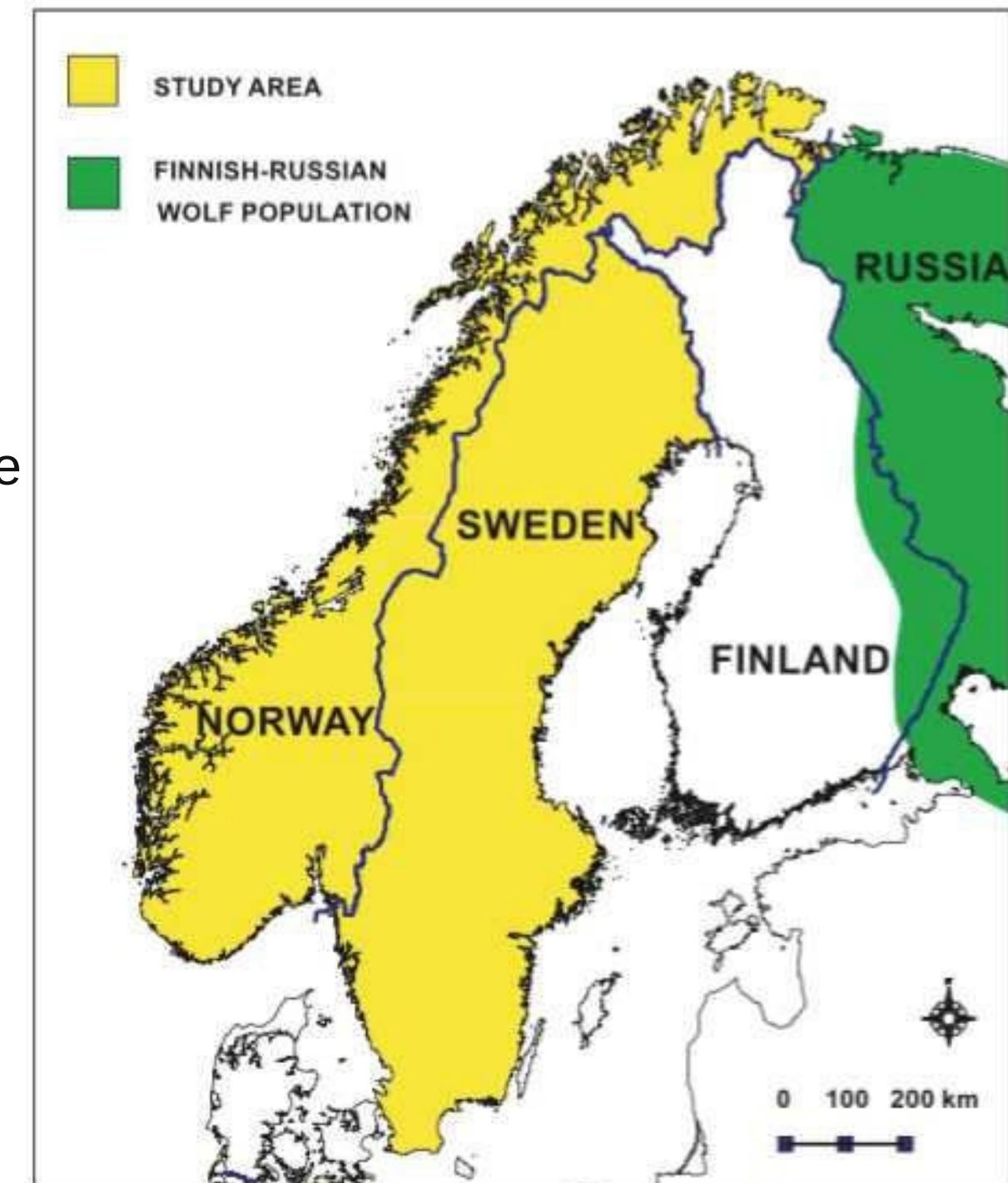
The **wolf** (*Canis lupus*) became extinct in Scandinavia (Norway and Sweden) at the end of the 1960s.

Around 1980, at least two wolves immigrated and founded a new population in south-central Scandinavia, 900 km from the edge of the large Finnish/Russian source population.

The first reproduction occurred in 1983, and by 2002 the population included approximately 100 wolves.

# Inbreeding in wolves

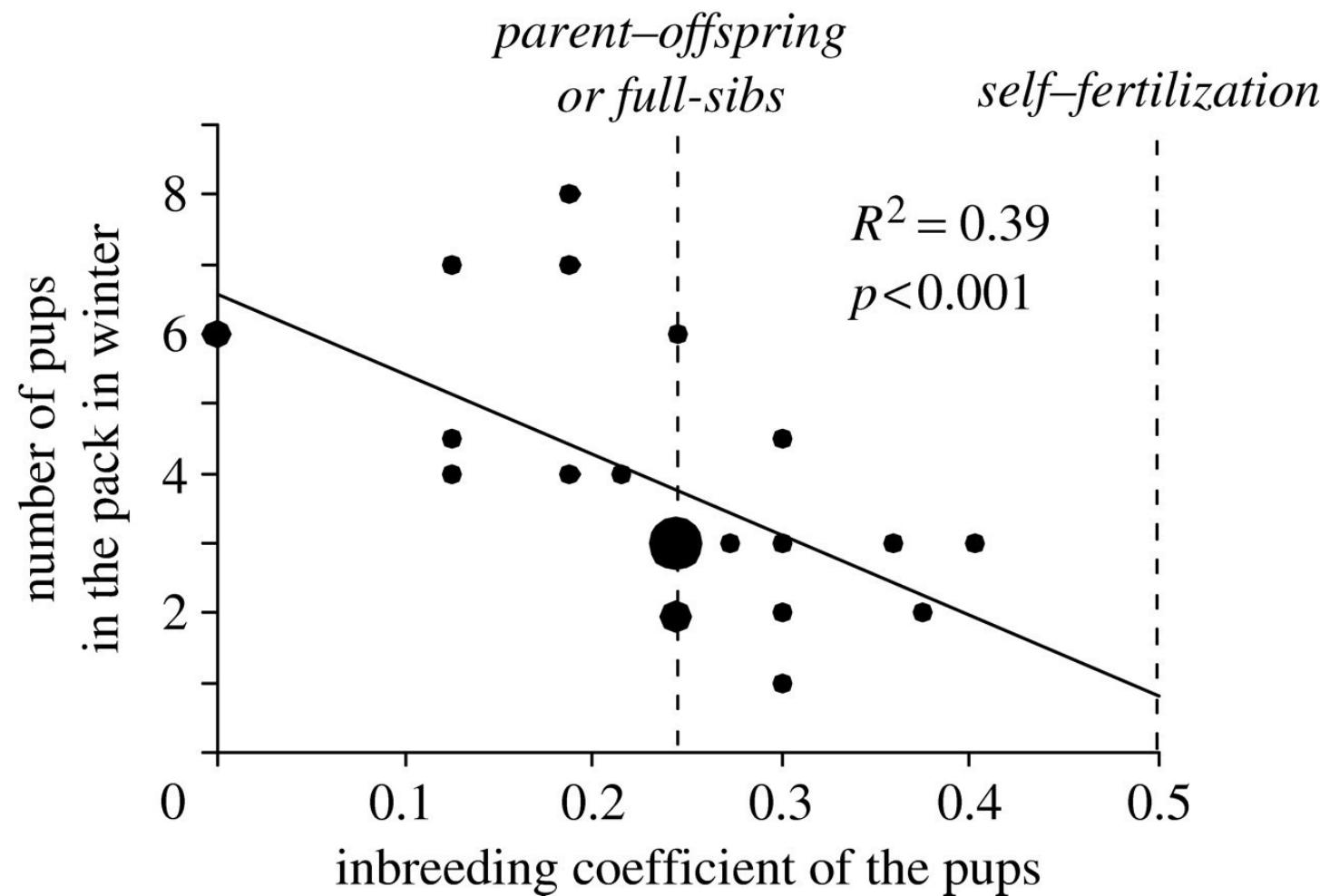
Study area consisting of the two countries, Norway and Sweden, that together constitute the Scandinavian peninsula (yellow area), and the continuous area of the Finnish–Russian wolf population (green area).



# Inbreeding in wolves

The number of pups that survived to winter for first-born litters in relation to the inbreeding coefficient of the pups.

Small dots refer to one data point each, medium sized to two data points and large to four data points. Inbreeding levels corresponding to parent-offspring or full-sibling mating, and self-fertilization are indicated.



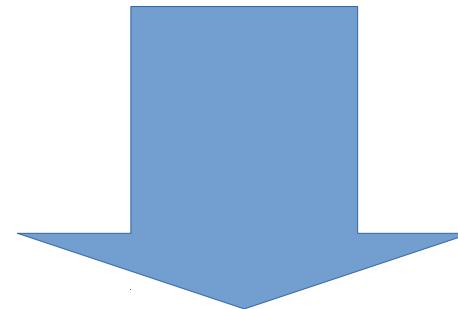
[HOME](#) > [Mondo animale](#) > [Notizie](#)

## "IL RE DELLE ALPI", SIMBOLO DEL GRAN PARADISO, RISCHIA DI SCOMPARIRE ENTRO POCHI ANNI



# Gli effetti della consanguinità

**Consanguinità:** accoppiamento fra individui più strettamente imparentati fra loro rispetto a due soggetti estratti a caso dalla popolazione



- ▶ Riduzione della taglia corporea e del dimorfismo sessuale
- ▶ Insorgenza di malformazioni
- ▶ Perdita di variabilità genetica
- ▶ Perdita di fitness (efficienza riproduttiva)
- ▶ **Comparsa di nuovi fenotipi in individui omozigoti**

# Comparsa di nuovi fenotipi in individui omozigoti

MOLECULAR ECOLOGY

ORIGINAL ARTICLE

## Population structure, inbreeding and stripe pattern abnormalities in plains zebras

Brenda Larison✉, Christopher B. Kaelin, Ryan Harrigan, Cornelius Henegar, Daniel I. Rubenstein, Pauline Kamath, Ortwin Aschenborn, Thomas B. Smith, Gregory S. Barsh

First published: 10 November 2020

<https://doi.org/10.1111/mec.15728>

# Comparsa di nuovi fenotipi in individui omozigoti

