



Studio della variabilità genetica della razza canina Pointer tramite analisi dei dati genealogici

Premessa

In termini generali la variabilità genetica rappresenta il "serbatoio" di geni di una popolazione (razza) essenziale per garantire alla stessa un'adeguata adattabilità.

In ambito naturale l'adattabilità si esprime principalmente verso le mutabili condizioni ambientali e l'adeguatezza della risposta selettiva (naturale) si concretizza nella sopravvivenza dell'individuo e nella sua capacità di riprodursi (*fitness*). In ambito di allevamento l'adattabilità è finalizzata al raggiungimento degli obiettivi di selezione (artificiale) insieme ad una adeguata efficienza riproduttiva (*fitness*). In sintesi, sia a livello naturale che di allevamento, la variabilità genetica è un imprescindibile presupposto per la "sopravvivenza" a breve o a lungo termine di una popolazione.

Nelle piccole popolazioni allevate, quali alcune razze canine, il monitoraggio e la conservazione della variabilità genetica risulta ancora più importante, dal momento che la riproduzione non casuale di un limitato numero di riproduttori, soprattutto se fra loro imparentati, comporta una maggiore probabilità di fissazione di alcuni geni in omozigosi con conseguente perdita di variabilità genetica. Questo fatto comporta, non solo, una diminuita possibilità di applicazione con successo degli schemi di selezione, ma anche il rischio di manifestazione di caratteri negativi (produttivi e/o patologici) legati alla fissazione in omozigosi di geni recessivi, il tutto associato ad una riduzione di *fitness*, intesa come calo delle performance riproduttive.

Una stima indiretta di variabilità deriva dalla valutazione del coefficiente di *inbreeding* (sinonimo di consanguineità o inincrocio), tramite l'analisi della genealogia della popolazione.

Da un punto di vista genetico il **coefficiente di *inbreeding*** (F), riferito al singolo individuo, misura la probabilità che un soggetto sia omozigote per un allele identico per discendenza. F è pari alla metà del **coefficiente di parentela** (*relatedness*) dei genitori, che a sua volta misura, riferito a due individui diversi, la probabilità che essi condividano un allele identico per discendenza da uno o dall'altro dei due. Il coefficiente di *inbreeding* esprime la frazione media del patrimonio genetico che un individuo riceve, identico sia dal padre che dalla madre in virtù del fatto che i genitori erano imparentati. L'*inbreeding* si accumula se gli accoppiamenti fra parenti vengono ripetuti nelle generazioni, mentre la consanguineità di un individuo non si trasmette alla discendenza se questo viene accoppiato ad un soggetto non parente. Pertanto l'allevatore, per la produzione di soggetti da rimonta (destinati a diventare riproduttori), deve verificare la parentela fra il maschio e la femmina utilizzati! Circa il livello critico del coefficiente d'*inbreeding*, partendo dal presupposto che più è basso e meglio è, risulta necessario prestare assoluta attenzione per valori superiori a 0,10.

Dallo studio del livello d'*inbreeding* è quindi possibile delineare strategie d'intervento adeguate al suo mantenimento o al suo abbassamento, in funzione del livello riscontrato.

La proposta di eseguire tale studio sulla razza canina Pointer fu sottoposta, in data 20 dicembre 2011, al Pointer Club d'Italia, riconosciuto ENCI.

Obiettivo

Obiettivo principale dell'attività proposta è lo studio della variabilità genetica del Pointer, principalmente tramite l'analisi del livello di consanguineità, utilizzando i dati del libro genealogico, al fine di caratterizzare la situazione della popolazione attuale anche in vista di possibili future programmazioni degli accoppiamenti fra i principali riproduttori della razza.



Attività eseguita

Le attività realizzate, di seguito descritte, sono state le seguenti:

- ✓ descrizione e validazione del database;
- ✓ analisi delle genealogie;
 - studio dei riproduttori e della loro progenie;
 - studio della consanguineità sull'intera popolazione;
 - confronto fra soggetti morti e vivi;
 - valutazione degli stalloni con maggiore incidenza sulla popolazione;
- ✓ considerazioni finali sulla consanguineità del Pointer italiano.

Descrizione e validazione del database

La richiesta del data set genealogico del Pointer italiano è stata effettuata al CED dell'ENCI (in data 16 ottobre 2012), indicando quali dati obbligatori quelli relativi alla identificazione del soggetto, del padre, della madre, alla data di nascita e al sesso.

Quali dati opzionali venivano richiesti l'identificativo del proprietario, la data di iscrizione e la descrizione del mantello.

L'estrazione dei record è stata fornita in data 19 novembre 2012, quale file di testo delimitato da tabulatori, in forma compressa (.ZIP).

Il dataset ricevuto conteneva 278.832 righe (record).

La struttura record del file era la seguente:

Nome del campo	Descrizione	Componente
LL_CANE	Matricola del soggetto	Genealogia
NOME_CANE	Nome del soggetto	
DATA_NASCITA	Data di nascita del soggetto	
SESSO	Sesso del soggetto	
DATA_ISCRIZIONE	Data dell'iscrizione	
DS_MANTELLO	Descrizione del mantello	
LL_MADRE	Matricola della madre	
NOME_MADRE	Nome della madre	
LL_PADRE	Matricola del padre	
NOME_PADRE	Nome del padre	
ID_PROPRIE	Identificativo del proprietario all'atto dell'iscrizione	Proprietario
NOME	Nome del proprietario	
INDIRIZZO1	Indirizzo del proprietario	
LOCALITA1	Comune del proprietario	
CAP1	CAP del proprietario	
PROVINCIA1	Provincia del proprietario	

I campi utilizzati sono stati i seguenti: LL_CANE, DATA_NASCITA, LL_MADRE, LL_PADRE, ID_PROPRIE.

La codifica utilizzata per il campo LL_CANE presentava diverse sottostringhe iniziali di due caratteri, con preponderanza di "PT", come da seguente tabella.

Sottostringa iniziale della matricola	n	%
ES	911	0
LI	9	0
LO	54.442	19
PT	188.313	68
ZZ	35.156	13



Alcuni record erano errati, in quanto risultavano una replicazione di CANE, oppure lo stesso soggetto era registrato sia come MADRE che come PADRE.

Di seguito si riportano a titolo di esempio matricole d'individui che hanno presentato problematicità.

Matricole	Problema
PT0047941 PT0014062 PT0014031 PT0179902	Soggetti registrati come madre e come padre
PT0146211 PT031228 PT043469 PT053942 PT062672 PT071110 PT077945 PT077998 PT078870 PT079443 PT080186 PT080346 PT080807 PT080912 PT081708 PT082102 PT083490 PT084679 PT100201 PT100655 PT102555	Soggetti registrati due volte

Il campo DATA_NASCITA, non determinato per 42.377 individui, non è risultato attendibile in quanto è stata evidenziata progenie con data di nascita non congrua con quella degli ascendenti.

Al fine di valutare la completezza del dataset è stata valutata la situazione della registrazione degli ascendenti (LL_PADRE, LL_MADRE) per individuo, evidenziando che circa il 91% dei record risultava completo.

Ascendenti conosciuti per soggetto		n	%
PADRE	MADRE		
		23.580	8,4
		1.716	0,0
		0	0,0
		254.057	90,9
TOTALE		279.353	100,0

Circa la situazione del 9% dei record incompleti il CED ENCI non ha fornito spiegazioni esaustive, in quanto il database attuale è frutto di riorganizzazioni che hanno comportato il trasferimento di dati da diverse strutture tabellari (e di database)

Sono state verificate le registrazioni complete (2 genitori noti) per anno di nascita dei soggetti ed i dati sono riportati nella seguente tabella, dall'analisi della quale si è verificato che solo a partire dal 1966 si è iniziato a disporre delle registrazioni della data di nascita.



ANNO	Soggetti con 2 genitori noti	Individui senza progenie	ANNO	Soggetti con 2 genitori noti	Individui senza progenie
n.d.	18.237	364	1986	5.587	4.508
1960	6	2	1987	5.770	4.749
1961	6	3	1988	5.948	4.912
1962	12	9	1989	5.725	4.681
1963	11	7	1990	5.280	4.351
1964	27	18	1991	4.894	3.983
1965	96	67	1992	4.791	3.844
1966	3.715	2.927	1993	4.533	3.714
1967	6.383	5.037	1994	4.567	3.755
1968	6.526	5.269	1995	4.500	3.600
1969	6.339	5.098	1996	4.300	3.491
1970	5.966	4.819	1997	4.079	3.313
1971	6.689	5.409	1998	4.538	3.698
1972	7.214	5.936	1999	4.236	3.495
1973	7.101	5.796	2000	4.151	3.426
1974	6.284	5.112	2001	4.136	3.409
1975	6.637	5.444	2002	4.219	3.507
1976	6.844	5.609	2003	4.181	3.547
1977	6.888	5.641	2004	3.666	3.062
1978	6.481	5.303	2005	3.560	3.040
1979	6.125	5.014	2006	3.102	2.644
1980	5.447	4.370	2007	3.637	3.209
1981	5.627	4.509	2008	2.579	2.323
1982	6.008	4.869	2009	2.657	2.483
1983	5.768	4.676	2010	2.681	2.616
1984	6.454	5.239	2011	2.503	2.492
1985	5.909	4.825	2012	1.437	1.437

Di seguito si riporta la tabella con la ripartizione dei soggetti registrati per provincia, per frequenza assoluta superiore a 999.

Provincia	Proprietari	Provincia	Proprietari
MI	98.640	TO	2.295
PG	7.186	MC	2.253
FI	7.182	PT	2.181
BS	7.160	MN	2.138
RA	6.224	SI	2.048
VR	4.946	FE	1.998
VI	4.791	CN	1.989
GE	4.373	PN	1.918
NA	4.328	CO	1.750
PV	4.084	BA	1.727
MO	3.868	PU	1.703
AL	3.867	SA	1.688
BG	3.658	SV	1.602
TV	3.654	PR	1.570
RM	3.411	GR	1.559
AN	3.360	PC	1.544
AT	3.321	CR	1.530
BO	3.045	PA	1.521
PD	2.936	UD	1.513
FC	2.834	LI	1.462
PI	2.640	RC	1.370
AR	2.602	TR	1.357
RE	2.413	LU	1.339
FR	1.201	CT	1.306



LT	1.159	VA	1.300
AQ	1.062	IM	1.285
CE	1.040	MB	1.266
AP	1.031	CB	1.225
VE	1.014		

Dall'analisi della tabella risulta che la provincia di Milano è quella che presenta l'assoluta maggioranza di eventi.

Il numero dei proprietari, valutati tramite unicità della codifica, è risultato pari a 37.259.

Analisi delle genealogie

L'analisi delle genealogie consente di valutare quanti riproduttori sono presenti, di questi quanti sono i fondatori (riproduttori senza ascendenti conosciuti) ed il coefficiente di *inbreeding*. Quest'ultimo è stato calcolato come proposto da Colleau (2002) e da Sargolzaei et al. (2005) (Colleau, *Genetics Selection Evolution* 34:409-421, 2002; Sargolzaei et al., *Journal of Animal Breeding and Genetics* 122:325-331, 2005).

Studio dei riproduttori e della loro progenie

Nella seguente tabella vengono riportate le statistiche descrittive relative allo studio degli accoppiamenti che consente di caratterizzare i riproduttori, la progenie e le famiglie.

Parametro	n
Individui totali	279.353
Accoppiamenti	130.476
Individui con progenie	84.692
Individui senza progenie	194.661

E' interessante rilevare che dei 279.353 individui presenti nel dataset 194.661 non presentano progenie registrata (69,7%) e pertanto risultano influenti a livello di genetica di popolazioni.

Di seguito viene riportata la situazione dei riproduttori (individui con progenie) dalla quale si evince che i maschi rappresentano il 44,4% e le femmine il 55,6% del totale.

	Riproduttori	Progenie generata
Stalloni	37.600	255.773
Fattrici	47.092	254.057

Di seguito si riportano i risultati dello studio dei fondatori, ovvero dei soggetti dei quali non si conoscono gli ascendenti, e degli individui non-fondatori.

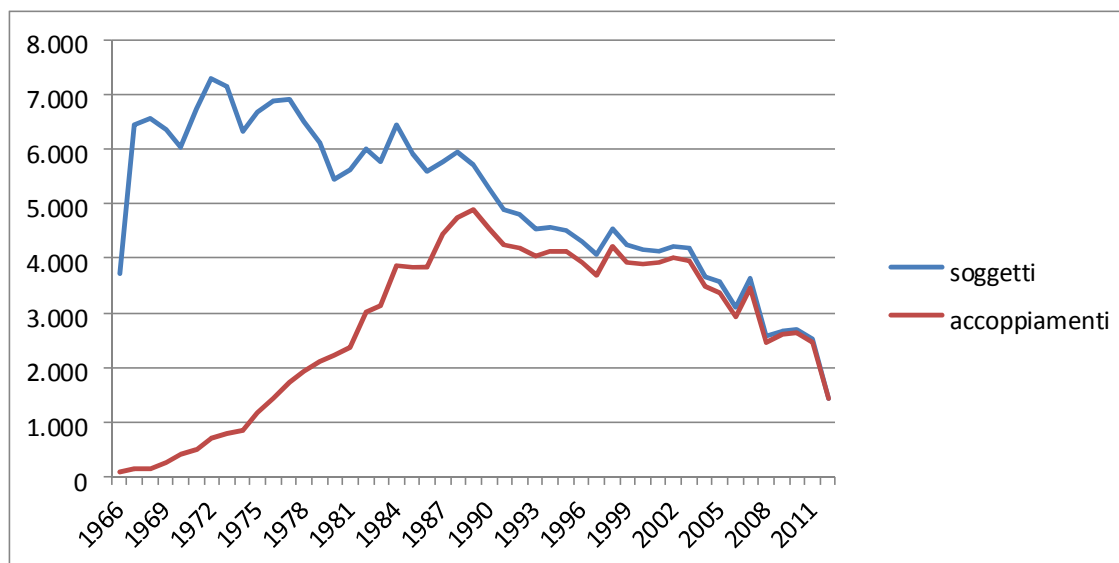
Tipo	Fondatori	Progenie
Padri	11.657	14.805
Madri	11.891	14.199
Senza progenie	32	
TOTALE	23.580	17.174

Tipo	NON Fondatori	Progenie
Padri	25.943	240.968
Madri	35.201	239.858
TOTALE	61.144	255.773

Di seguito viene riportato l'andamento per anno delle nascite e degli accoppiamenti.



ANNO	Soggetti	Accoppiamenti	ANNO	Soggetti	Accoppiamenti
n.d.	42.377	203	1986	5.589	3.835
1960	6	0	1987	5.770	4.457
1961	6	0	1988	5.949	4.746
1962	13	0	1989	5.725	4.880
1963	11	0	1990	5.282	4.539
1964	28	0	1991	4.894	4.244
1965	96	0	1992	4.791	4.200
1966	3.716	93	1993	4.533	4.049
1967	6.434	137	1994	4.569	4.138
1968	6.570	146	1995	4.500	4.132
1969	6.362	244	1996	4.301	3.933
1970	6.031	393	1997	4.079	3.693
1971	6.731	504	1998	4.538	4.225
1972	7.302	685	1999	4.236	3.924
1973	7.143	785	2000	4.151	3.904
1974	6.338	851	2001	4.136	3.932
1975	6.689	1.159	2002	4.222	4.011
1976	6.881	1.432	2003	4.183	3.941
1977	6.917	1.724	2004	3.667	3.482
1978	6.505	1.938	2005	3.565	3.381
1979	6.130	2.097	2006	3.102	2.930
1980	5.447	2.217	2007	3.640	3.441
1981	5.627	2.382	2008	2.580	2.470
1982	6.015	3.024	2009	2.658	2.596
1983	5.777	3.142	2010	2.681	2.637
1984	6.459	3.879	2011	2.503	2.460
1985	5.914	3.828	2012	1.437 parziali	1.433





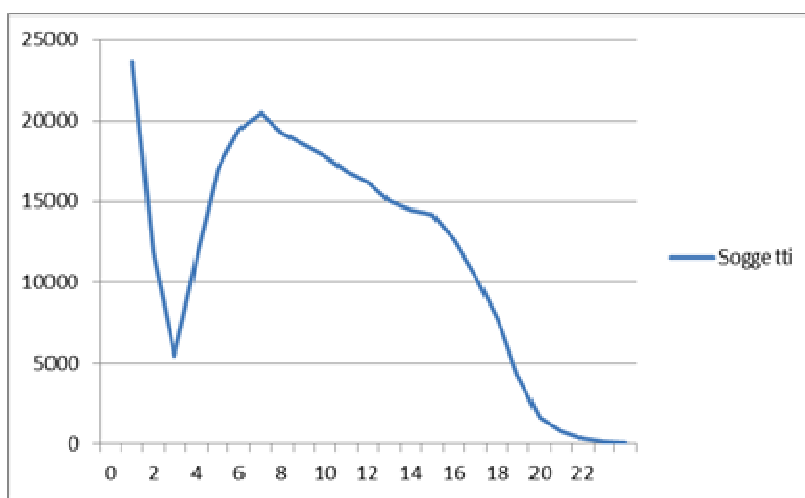
Andamento dei soggetti nati e degli accoppiamenti per anno

Tramite analisi delle nascite sono state caratterizzate le famiglie, intese come insiemi di fratelli pieni (figli degli stessi genitori), delle quali si riporta di seguito la caratterizzazione.

Parametro	n
Gruppi di Fratelli Pieni	39.057
Dimensione Media delle Famiglie	5.99
Massimo	54
Minimo	2

Nella tabella seguente si presenta la valutazione della profondità dell'informazione genealogica, ossia del numero di generazioni di antenati.

Generazioni	Soggetti
0	23.580
1	11.859
2	5.464
3	11.447
4	17.025
5	19.475
6	20.490
7	19.235
8	18.469
9	17.777
10	16.844
11	16.222
12	14.990
13	14.477
14	14.187
15	12.593
16	10.394
17	7.712
18	4.172
19	1.688
20	769
21	330
22	109
23	45



Numero di soggetti per classe di generazioni di antenati note

Studio della consanguineità sull'intera popolazione

Il coefficiente di inbreeding è stato calcolato come proposto da Colleau (2002) e da Sargolzaei et al. (2005) (Colleau, *Genetics Selection Evolution* 34:409-421, 2002; Sargolzaei et al., *Journal of Animal Breeding and Genetics* 122:325-331, 2005).

Di seguito si riporta lo studio di frequenza dei coefficienti di *inbreeding*.

Limite Sup. Classe di inbreeding	n	%	Livello
0,05	88.507	67,8	Accettabile
0,10	18.501	14,2	
0,15	12.170	9,3	Alto
0,20	4.265	3,3	
0,25	3.099	2,4	
0,30	3.043	2,3	
0,35	589	0,5	
0,40	243	0,2	
0,45	36	0,0	

Dall'analisi della tabella si evidenzia che il valore dei coefficienti di *inbreeding* si distribuiscono fra i valori 0,00 e 0,50.

Sono compresi fra valori di F pari allo 0,00 e lo 0,10 il 82% degli individui, mentre il 18% dei soggetti presentano livelli di *inbreeding* alti.

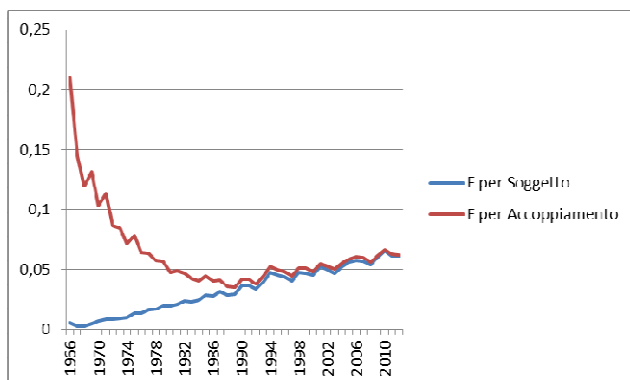


0,50	23	0,0
-------------	----	-----

ANNO	Ascendenti comuni	Coefficiente inbreeding medio			
		Per soggetto	Per accoppiamento	Massimo	Minimo
TOTALE		0,0237	0,0507	0,4775	0,0000
n.d.	37.487	0,0002	0,0442	0,2501	0,0001
1960	84	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
1961	84	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
1962	151	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
1963	140	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
1964	197	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
1965	548	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
1966	8.101	0,0053	0,2103	0,2500	0,0625
1967	11.499	0,0031	0,1446	0,2500	0,0156
1968	12.431	0,0027	0,1195	0,2500	0,0156
1969	13.394	0,0050	0,1316	0,3750	0,0039
1970	13.158	0,0067	0,1034	0,2500	0,0039
1971	14.673	0,0085	0,1132	0,3125	0,0020
1972	15.786	0,0081	0,0867	0,2813	0,0039
1973	16.336	0,0093	0,0845	0,3750	0,0010
1974	15.845	0,0096	0,0714	0,3906	0,0010
1975	17.142	0,0135	0,0781	0,3750	0,0005
1976	17.902	0,0134	0,0645	0,3125	0,0002
1977	18.021	0,0158	0,0633	0,3750	0,0005
1978	18.242	0,0170	0,0571	0,3750	0,0002
1979	17.584	0,0194	0,0566	0,3750	0,0002
1980	17.399	0,0195	0,0478	0,3125	0,0001
1981	17.487	0,0208	0,0491	0,3906	0,0001
1982	18.917	0,0235	0,0467	0,2981	0,0000
1983	19.022	0,0233	0,0429	0,4531	0,0000
1984	20.050	0,0242	0,0403	0,3281	0,0000
1985	19.562	0,0288	0,0444	0,3750	0,0000
1986	19103	0,0277	0,0404	0,4492	0,0000
1987	20.251	0,0316	0,0409	0,3755	0,0000
1988	20761	0,0284	0,0356	0,3261	0,0000
1989	20534	0,0296	0,0348	0,3771	0,0000
1990	19498	0,0360	0,0419	0,3824	0,0000
1991	19.512	0,0365	0,0421	0,3750	0,0000
1992	19652	0,0332	0,0378	0,3750	0,0000
1993	18959	0,0400	0,0448	0,3828	0,0000
1994	19.369	0,0475	0,0525	0,4648	0,0000
1995	19300	0,0456	0,0496	0,3749	0,0000



1996	19.394	0,0443	0,0485	0,4351	0,0000
1997	19.472	0,0407	0,0450	0,3606	0,0000
1998	19817	0,0472	0,0507	0,3750	0,0000
1999	19.328	0,0469	0,0507	0,4125	0,0000
2000	20.181	0,0453	0,0482	0,4080	0,0000
2001	19.246	0,0521	0,0548	0,3646	0,0000
2002	19.476	0,0499	0,0526	0,4609	0,0001
2003	19.006	0,0471	0,0500	0,4047	0,0001
2004	18.629	0,0525	0,0553	0,3854	0,0001
2005	19.027	0,0557	0,0587	0,4775	0,0000
2006	18.349	0,0574	0,0607	0,3750	0,0000
2007	19.019	0,0569	0,0601	0,4688	0,0001
2008	17.070	0,0537	0,0561	0,3730	0,0002
2009	17.271	0,0601	0,0615	0,3742	0,0005
2010	18.221	0,0655	0,0666	0,4216	0,0004
2011	18.030	0,0618	0,0629	0,3706	0,0004
2012	15.289	0,0618	0,0620	0,3560	0,0007



Andamento dei coefficienti di inbreeding (F) medi individuali e per accoppiamento per anno.

Confronto fra soggetti morti e vivi

Sono stati stimati i soggetti "vivi", in base alla data di nascita, ed è stato creato un campo *ad hoc*, tramite la seguente espressione:

```
IF (DATA_NASCITA >= 01/01/2000)
  THEN VIVO = 1
  ELSE VIVO = 0
```

quindi i soggetti sono stati raggruppati in base al valore di VIVO.

In tabella si presentano i risultati del confronto fra l'analisi dei pedigree per i soggetti morti e vivi.

Il valore medio del coefficiente *d'inbreeding* medio per anno e per individuo è basso ($F=0,0237$), con un trend di tipo lineare altamente significativo con un incremento medio annuo stimato di 0,0014.

Il valore medio del coefficiente *d'inbreeding* medio per anno e per accoppiamento è più alto ($F=0,0507$), ma il trend dal 1990 è sostanzialmente sovrapponibile a quello del coefficiente *d'inbreeding* individuale.

Degna di nota è la presenza di valori massimi di F per anno molto alti, a conferma del dato del 18% di individui con valori di F superiori allo 0,10.

	Morti	Vivi
Individui	236.283	42.523
Accoppiamenti	89.860	40616
Fondatori	23.017	16
Individui con 2 genitori conosciuti	211.550	42.507
Individui senza progenie	157.468	37.193
<i>Inbreeding</i> medio	0,018	0,054
<i>Inbreeding</i> medio per accoppiamento	0,047	0,056
<i>Inbreeding</i> Max	0,465	0,478
<i>Inbreeding</i> Min	0,000	0,000
Coefficiente di parentela medio	0,003	0,041
Generazioni discrete* - Media	4,59	8,74
Generazioni discrete* - Max	10,65	12,49
Generazioni discrete* - Min	0	0

*) generazioni che non si accavallano



Dall'analisi della tabella si evidenziano due elementi interessanti:

- ✓ il **coefficiente di inbreeding** medio per i soggetti "vivi" è di **0,054**, valore degno di attenzione, soprattutto se comparato a quello della rimanente popolazione pari allo 0,018;
- ✓ il **coefficiente di parentela** medio per i soggetti "vivi" è di **0,041**, decisamente superiore rispetto al resto della popolazione (0,003).

Gli aspetti evidenziati caratterizzano una situazione di maggiore frequenza di accoppiamenti fra individui con un livello di imparentamento superiore a quello medio della popolazione.

Valutazione degli stalloni con maggiore incidenza sulla popolazione

E' stata valutata l'incidenza degli stalloni nella popolazione conteggiando i soggetti generati dai maschi presenti nel dataset.

I risultati sono presentati nella seguente tabella, dove è possibile evidenziare le frequenze assolute e percentuali del numero dei nati per classe di frequenza (definita pari a 50 nati).

Classe	osservazioni	%
0	197.337	77,15
50	26.718	10,45
100	10.620	4,15
150	5.783	2,26
200	5.199	2,03
250	3.515	1,37
300	1.326	0,52
350	1.878	0,73
400	439	0,17
450	0	0,00
500	1.567	0,61
550	0	0,00
600	606	0,24
650	0	0,00
700	0	0,00
750	785	0,31

Di seguito si riportano le matricole degli stalloni che hanno generato almeno 200 individui.

Stallone	Progenie	Stallone	Progenie
PT189608	785	PT151047	256
PT160123	606	PT015597	251
PT073141	546	PT049741	246
PT119446	515	PT168912	245
PT0300611	506	PT042253	244
PT054312	439	PT149955	244
LO01166881	384	PT128258	231
PT070975	382	PT058365	230
PT0040121	380	PT082568	226
PT132880	375	LO03624	225
PT076258	357	PT027729	225
LO986375	344	PT009143	214
PT114884	343	PT049939	213
PT151159	329	LO9942890	210
PT0039081	310	PT181469	210
LO02159092	293	LO0179397	208
PT198492	286	PT141816	207



PT170071	284	PT133689	206
PT143432	283	PT168338	206
PT084258	279	PT048326	203
PT141634	275	PT0080781	202
PT007177	267	PT181159	202
PT030769	263	PT068403	201
PT033583	261	PT076398	201
PT112978	260	PT0069701	200
PT123430	257	PT131217	200

E' stata quindi definita la sottopopolazione relativa alla progenie degli stalloni più richiesti, definiti come quelli che hanno generato almeno 250 individui (Stalloni **250+**). Di questa popolazione è stato quindi eseguito lo studio differenziale rispetto alla rimanente (Stalloni **250-**), ottenendo i sotto riportati risultati.

Parametro	Popolazione		
	Intera	da Stalloni 250-	da Stalloni 250+
Individui	279.353	268.690	10.116
Accoppiamenti	130.476	124.072	6.404
Fondatori	23.580	23.033	0
Individui con 2 parenti conosciuti	254.057	243.963	10.094
Individui senza progenie	194.661	187.598	7.063
<i>Inbreeding</i> medio	0,024	0,024	0,031
<i>Inbreeding</i> medio degli accoppiamenti	0,051	0,051	0,050
<i>Inbreeding</i> massimo	0,478	0,478	0,328
<i>Inbreeding</i> minimo	0,000	0,000	0,000
Coefficiente di parentela medio	0,006	0,006	0,043
Generazioni discrete* - Media	5,21	5,19	6,05
Generazioni discrete* - Max	12,49	12,49	9,53
Generazioni discrete*- Min	0	0	1,25

*) generazioni che non si accavallano

Dall'analisi della tabella risulta degno di nota l'aumento del coefficiente di parentela dal valore 0,006, dell'intera popolazione e di quella derivante da Stalloni 250-, al valore 0,043.

Considerazioni finali sulla consanguineità del Pointer italiano

Nella sottopopolazione dei soggetti nati dopo il 01/01/2000 (definiti "vivi") il coefficiente di *inbreeding* medio è pari a 0,054, con un coefficiente di parentela medio di 0,041, valori che esprimono una tendenza ad accoppiare soggetti con un livello di parentela superiore a quello medio della popolazione. Se a questo associamo la presenza di un trend incrementale annuo del livello d'*inbreeding* è necessario prestare la massima attenzione nell'ambito della programmazione degli accoppiamenti, almeno per i riproduttori più richiesti, per i quali dovrebbe essere prevista la valutazione del coefficiente di parentela. Così facendo sarebbe possibile favorire l'accoppiamento fra i soggetti, d'interesse, meno imparentati.

Considerando che è stato calcolato per ogni soggetto un coefficiente di *inbreeding* e per ogni possibile coppia di riproduttori un coefficiente di parentela, è possibile ipotizzare, per un prossimo futuro, la gestione informatizzata dei piani di accoppiamenti per gli allevatori interessati.

Solo in questo modo sarà possibile monitorare e garantire un livello di *inbreeding* adeguato per il mantenimento della preziosa variabilità genetica, necessaria per i futuri miglioramenti selettivi della razza Pointer italiano.