

Indice Genomico Resistenza ai Nematodi – Razza Sarda

Calcolo dell'indice genomico per la resistenza ai nematodi

L'indice per il carattere resistenza ai nematodi nella razza Sarda, sviluppato nell'ambito del progetto SHEEP&GOAT è un indice Single – Trait calcolato con l'uso del metodo Single Step Genomic Best linear Unbiased Prediction (ssGBLUP) che utilizza, oltre a dati fenotipici, sia dati genealogici e sia dati genomici combinandoli in una matrice di parentela mista.

1. Fenotipo

Il carattere utilizzato per valutare la resistenza ai nematodi gastro intestinali (GIN) è la conta delle uova fecali (FEC), cioè il numero di uova del parassita per g di feci. Periodicamente, presso l'allevamento di Monastir, è stato monitorato un campione di ~ 50 pecore che rappresentavano i diversi gruppi di gestione, per valutare la percentuale di animali infetti e decidere se campionare l'intero gregge ed eventualmente somministrare un trattamento antielmintico. Il numero di uova di strongili per grammo è stato determinato utilizzando un test copro-microscopico secondo la tecnica McMaster su singoli campioni. Quando il numero di animali infetti e il livello di infestazione sono stati ritenuti sufficienti per apprezzare la variabilità individuale, sono state misurate le FEC individuali sull'intero gregge. Dal 2000 al 2022 le singole FEC sono state rilevate da una a tre volte per anno produttivo (considerato da settembre ad agosto), in funzione del livello di infestazione riscontrato nei periodici campionamenti di monitoraggio che dipendevano dalle variazioni annuali di precipitazioni e temperature. Alla fine, sono state registrate 19.889 misurazioni FEC in 28 date separate e su 5.171 animali. Il numero medio di registrazioni per pecora è stato di $3,8 \pm 2,1$ variando da 1 a 9 (11% degli animali con 1-2 misurazione e 26% sa 8 in su); oltre la metà delle pecore (53%) presentava da 3 a 5 misurazioni. Le FEC, che presentano una distribuzione distorta, sono state logaritmicamente trasformate per le analisi successive con la seguente relazione:

$$\ln Fec = \ln(FEC + 14)$$

2. Genotipo

Per quanto riguarda i dati genomici, sono stati genotipizzati con OvineSNP50 Beadchip di Illumina Inc., 5.110 delle 5.171 pecore con fenotipo, 231 padri (di cui 214 di razza Sarda) e 1859 arieti di razza Sarda. La selezione degli SNP è stata fatta utilizzando un call rate e soglia di MAF rispettivamente del 90% e dell'1%. Dopo i controlli di qualità, sono stati tenuti per l'analisi 43.633 SNP su 26 autosomi.

La scelta degli animali da avviare all'analisi del genoma è fatta con l'intento di favorire l'implementazione della selezione genomica nel LG della razza Sarda utilizzando il gregge dell'azienda "Monastir" di Agris come popolazione di riferimento e disporre di arieti con indici

genomici per caratteri produttivi e funzionali, impiegati nelle aziende iscritte al LG. In base a ciò la scelta ricade preferibilmente su:

- tutte le pecore del gregge genomico che entrano in produzione;
- arieti delle aziende iscritte al LG della razza Sarda, con diagnosi di parentela accertata per entrambi i genitori, genotipo ARR/ARR al gene PrP per la resistenza alla Scrapie, impiegati nei gruppi di monta;
- arieti del Centro Arieti e delle aziende sperimentali di AGRIS che sono utilizzati per la produzione di seme per la fecondazione artificiale, riproduzione delle aziende AGRIS e vendita all'asta ad allevamenti iscritti e non.

3. Modello

La stima delle componenti della varianza e dei valori genomici è stata effettuata col metodo Single Step Genomic Best linear Unbiased Prediction (ssGBLUP) con un modello animale a misure ripetute:

$$y = D + Ag + PS + a + pe + e$$

dove y corrisponde all'osservazione del carattere FEC (lnFEC), D è l'effetto della data di campionamento, Ag è l'effetto dell'età dell'animale al campionamento, PS è l'effetto dello stato fisiologico, a è l'effetto genetico additivo, pe è l'effetto ambiente permanente, e il residuo. D, Ag e PS sono stati inseriti nel modello come effetti fissi, tutti gli altri sono casuali.

4. File

Nei file [2_TOP50EBVResistenzaNematodi_PSRN_SardaF \(Ovino\).xlsx](#) e [2_TOP50EBVResistenzaNematodi_PSRN_SardaM \(Ovino\).xlsx](#) viene pubblicata la classifica per il carattere numero totale di figli dei migliori 50 soggetti rispettivamente per i maschi e per le femmine. All'interno dei file si trovano i seguenti campi:

- la **classifica** che riporta l'ordinamento, da 1 a 50, degli animali in funzione del valore del loro indice (dal più alto al più basso);
- la **matricola** del soggetto;
- la **razza** di appartenenza del soggetto;
- il **sex** del soggetto;
- l'**anno di nascita** del soggetto;
- la **sezione di iscrizione al Libro Genealogico (L.G)**;
- l'indice del soggetto (**EBV100 RESISTENZA AI NEMATODI**);
- l'**accuratezza** dell'indice espressa in percentuale.

5. Interpretazione dell'indice

Per il carattere resistenza ai nematodi, l'indice è stato espresso su scala 100 e deviazione standard pari a 10. Un indice espresso su scala 100 e deviazione standard pari a 10 può essere interpretato come riportato in figura 1, dove viene mostrato un esempio di distribuzione di un indice con media pari a 100 e deviazione standard pari a 10. Come è possibile osservare da questa figura, i soggetti con EBV maggiore di 100 (a destra della linea blu) rappresentano quegli individui con una maggiore resistenza ai nematodi. Al contrario, i soggetti con EBV minore di 100 (a sinistra della linea blu) rappresentano quei soggetti con una minore resistenza ai nematodi. Inoltre, in figura 1, sono state riportate le deviazioni standard (σ) da -3σ a $+3\sigma$, contraddistinte da colori differenti, che rappresentano il grado di dispersione dei soggetti indicizzati attorno al valore medio. Al fine del miglioramento di un gregge per uno o più caratteri, sarebbe preferibile utilizzare come riproduttori quei soggetti che ricadono nella zona verde del grafico e quindi quei soggetti, con EBV maggiore di 100, che si posizionano leggermente ($+1\sigma$), moderatamente ($+2\sigma$) o decisamente ($+3\sigma$) sopra alla media. Tutti gli indici sono accompagnati da un valore di accuratezza che fornisce indicazione sulla correlazione tra il valore genetico additivo dell'animale e la sua stima (EBV). L'accuratezza è un parametro che può assumere valori compresi tra 0 e 1 (e può essere anche espresso in percentuale) e tanto più è vicina a 1 e tanto più l'indice si avvicina al reale valore genetico additivo dell'animale.

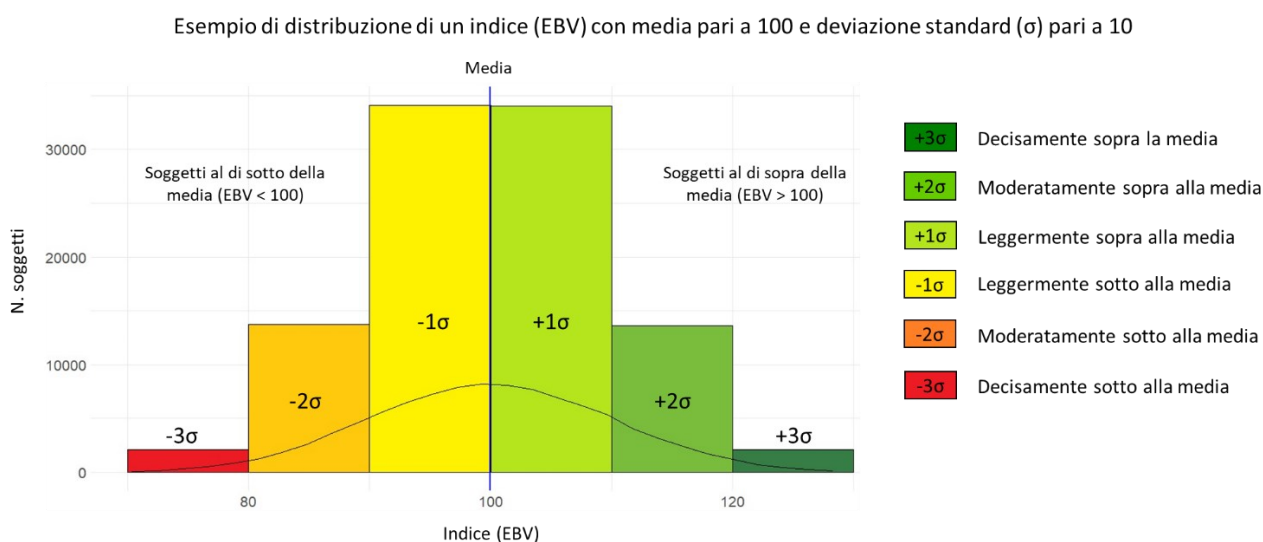


Figura 1 Esempio di una distribuzione di un indice espresso su base 100 e deviazione standard 10

Note:

Il carattere resistenza ai nematodi non rientra tra i caratteri oggetto di selezione definiti dal programma genetico della razza Sarda.



Fondo europeo agricolo
per lo sviluppo rurale:
l'Europa investe nelle zone rurali

UNIONE EUROPEA

Autorità di Gestione: Direzione Generale dello Sviluppo Rurale Ministero delle politiche agricole alimentari e forestali (MIPAAF)

Progetto SHEEP&GOAT
PSRN 2014-2022
Sottomisura 10.2 Biodiversità Animale

Associazione Nazionale della Pastorizia

ASSONAPA Via XXIV maggio, 44 – 00187 ROMA C.F. 03396810586 – P.IVA 01193561006
Tel. 06.854511 r.a. – Fax 06.85451260 – info@assonapa.it - www.assonapa.it