

Indice Genomico Attacco della Mammella – Razza Sarda

Calcolo dell'indice genomico per l'attacco della mammella

L'indice per il carattere attacco della mammella 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

I dati utilizzati sono stati 4436 valutazioni morfologiche effettuate tra il 2000 e il 2023 su pecore primipare. Tra i caratteri della morfologia mammaria è stato rilevato il carattere grado di sospensione o attacco della mammella attraverso una scala lineare con valori da 1 a 9. Per questo carattere si valuta rapporto tra la larghezza della mammella all'inserzione sulla parete addominale e la lunghezza misurata fino all'apice del solco mammario. Valori bassi indicano una mammella molto stretta e lunga, mentre valori più elevati indicano una mammella ben impiantata come riportato nella figura 1.

Grado di sospensione o Attacco (ATT)

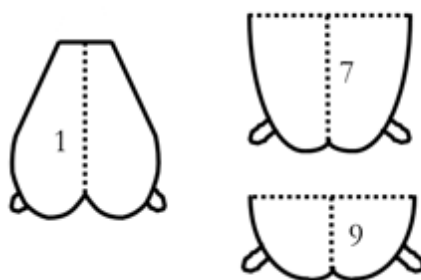


Figura 1 Illustrazione del carattere attacco della mammella

Nella tabella 1 si riportano i valori registrati nella popolazione valutata per due caratteri attacco della mammella (ATT).

Valore	f_ATT	p_ATT
1	10	0.002
2	41	0.010
3	217	0.051
4	760	0.180
5	1021	0.241
6	995	0.235
7	931	0.220
8	252	0.060
9	6	0.001

Tabella 1 Frequenze assolute (f) e percentuali (p) dei valori registrati per l'attacco della mammella (ATT) durante le valutazioni morfologiche della mammella della popolazione di riferimento

2. Genotipo

Tutte le pecore con fenotipo e 2236 arieti di razza Sarda sono stati genotipizzati con OvineSNP50 Beadchip di Illumina Inc. 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:

$$y = \text{STLAT} + \text{YC} + \mathbf{a} + \mathbf{pe} + \mathbf{e}$$

dove y corrisponde all'osservazione del carattere grado di sospensione o attacco della mammella (ATT), STLAT è l'effetto dello stadio di lattazione, YC è l'effetto dell'interazione tra valutatore e anno di valutazione, \mathbf{a} è l'effetto genetico additivo, \mathbf{pe} è l'effetto ambiente permanente, e il residuo. STLAT è stato inserito nel modello come effetto fisso, tutti gli altri sono casuali.

4. File

Nei file [3_TOP50EBVAttaccoMammella_PSRN_SardaM\(Ovino\).xlsx](#) e [3_TOP50EBVAttaccoMammella_PSRN_SardaF\(Ovino\).xlsx](#) viene pubblicata la classifica per il

carattere attacco della mammella 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 ATTACCO DELLA MAMMELLA**);
- l'**accuratezza** dell'indice espressa in percentuale.

5. Interpretazione dell'indice

Gli indici per la morfologia mammaria sono stati espressi 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 2, 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 in grado di trasmettere un attacco della mammella migliore e più sostenuto. Al contrario, i soggetti con EBV minore di 100 (a sinistra della linea blu) rappresentano quei soggetti che trasmettono un attacco della mammella peggiore e meno sostenuto. 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.

Esempio di distribuzione di un indice (EBV) con media pari a 100 e deviazione standard (σ) pari a 10

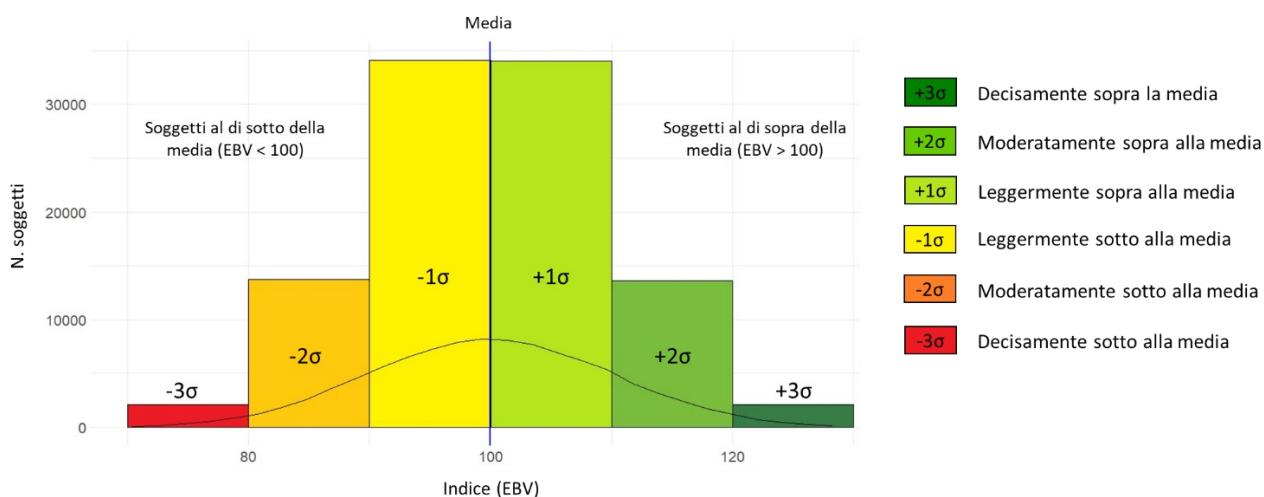


Figura 2 Esempio di una distribuzione di un indice espresso su base 100 e deviazione standard 10

Note:

Il carattere attacco della mammella non rientra tra i caratteri oggetto di selezione definiti dal programma genetico della razza Sarda.