

## Indice Genomico Posizione dei Capezzoli – Razza Sarda

### Calcolo dell'indice genomico per la posizione dei capezzoli

L'indice per il carattere posizione dei capezzoli 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 angolo del capezzolo attraverso una scala lineare con valori da 1 a 9. Per questo carattere, come raffigurato in figura 1, si valuta l'altezza della linea orizzontale che unisce la base dei due capezzoli. Valori bassi indicano capezzoli impiantati in basso e tendenti alla verticalità (score 1); mentre, valori elevati indicano capezzoli inseriti in alto e tendenti all'orizzontalità (score 9).

#### Posizione capezzoli o Angolo (PC o ANG)



Tabella 1 *Illustrazione del carattere angolo del capezzolo*

Nella tabella 1 si riportano i valori registrati nella popolazione valutata per il carattere angolo del capezzolo (ANG).

Tabella 2 – Frequenze assolute (*f*) e percentuali (*p*) dei valori registrati per angolo del capezzolo (*ANG*) durante le valutazioni morfologiche della mammella della popolazione di riferimento

Valore	f_ANG	p_ANG
1	0	0.000
2	0	0.000
3	1	0.000
4	20	0.005
5	158	0.037
6	602	0.142
7	1628	0.385
8	1355	0.321
9	0	0.000

## 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 angolo del capezzolo (ANG), STLAT e 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 [4\\_TOP50EBVPosizioneCapezzoli\\_PSRN\\_SardaM\(Ovino\).xlsx](#) e [4\\_TOP50EBVPosizioneCapezzoli\\_PSRN\\_SardaF\(Ovino\).xlsx](#) viene pubblicata la classifica per il carattere posizione dei capezzoli 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  **sesso** del soggetto;
- l'**anno di nascita** del soggetto;
- la **sezione di iscrizione al Libro Genealogico (L.G)**;
- l'indice del soggetto (**EBV100 POSIZIONE CAPEZZOLI**);
- 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 una migliore posizione dei capezzoli tendente alla verticalità (score 1). Al contrario, i soggetti con EBV minore di 100 (a sinistra della linea blu) rappresentano quei soggetti che trasmettono una posizione del capezzolo peggiore e tendente all'orizzontalità (score 9). Inoltre, in figura 1, sono state riportate le deviazioni standard ( $\sigma$ ) da  $-3\sigma$  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.

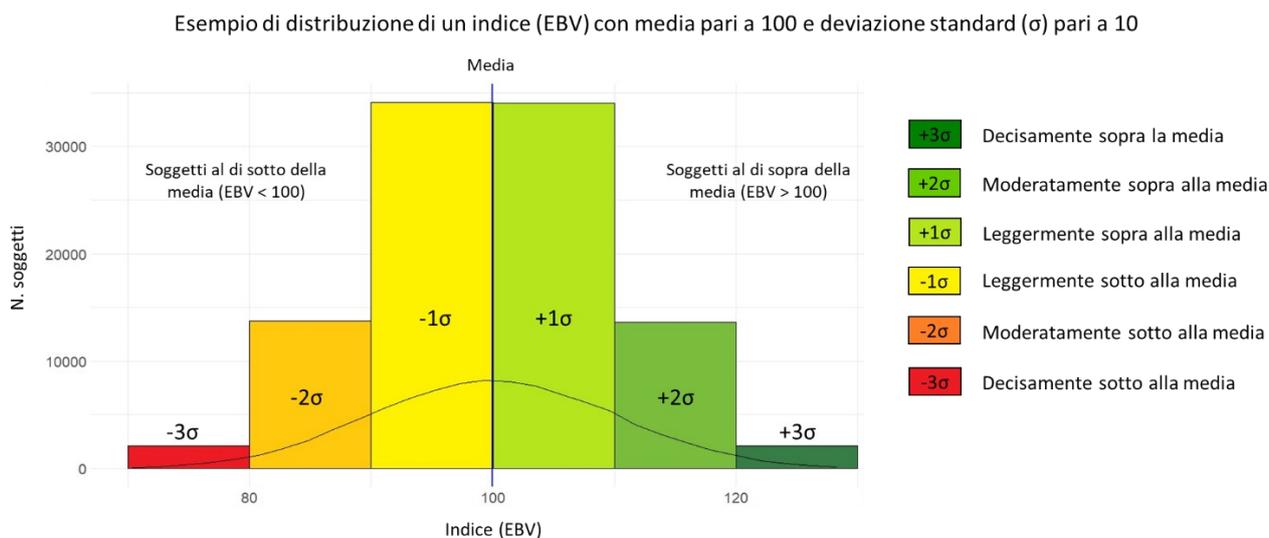


Figura 1 Esempio di una distribuzione di un indice espresso su base 100 e deviazione standard 10

### Note:

Il carattere posizione dei capezzoli non rientra tra i caratteri oggetto di selezione definiti dal programma genetico della razza Sarda.