

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 **sex** 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 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 (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.

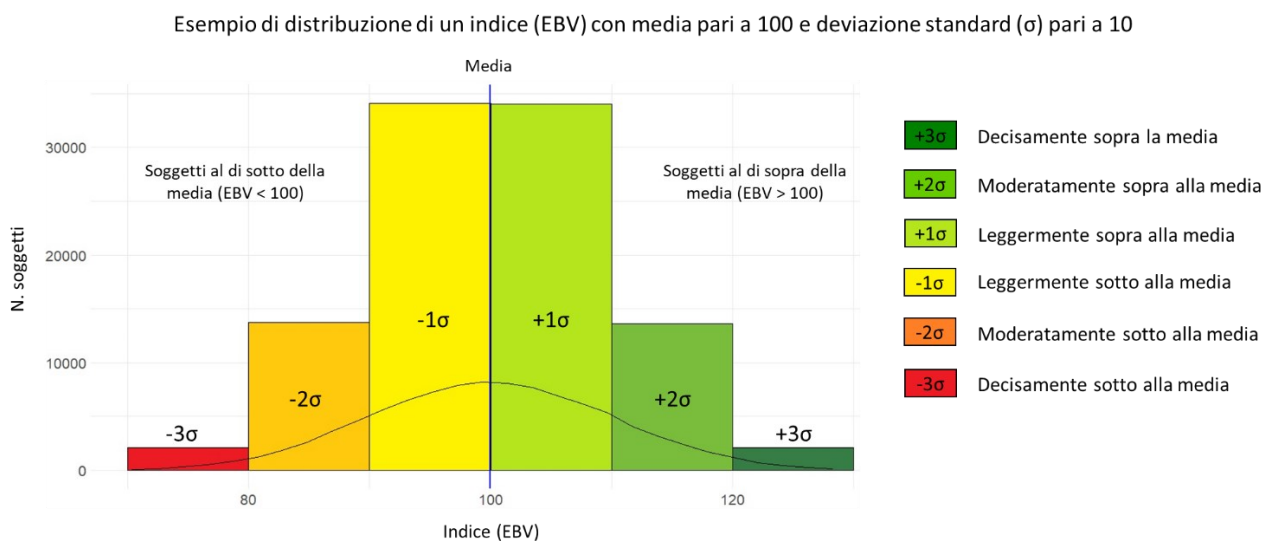


Figura 1 Esempio di una distribuzione di un indice espresso su base 100 e deviazione standard 10

Note:

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