

Sviluppo della valutazione genetica ssGBLUP nelle razze Camosciata delle Alpi e Saanen

Conservation, Health and Efficiency Empowerment of Small Ruminant (CHEESR)

Nell'ambito dell'Attività 4.2 – Step 1, Step 2 e Step 3, è stata sviluppata una valutazione genetica con metodo Single – Step Genomic Best linear Unbiased Prediction (ssGBLUP) per la razza Camosciata delle Alpi e la razza Saanen. Lo sviluppo di tale valutazione genetica ha coinvolto i seguenti caratteri: latte (kg), proteina (kg e %), grasso (kg e %), cellule somatiche per entrambe le razze e Body Condition Score (BCS), Score di Locomozione e Score di Benessere solo per la razza Camosciata delle Alpi.

Per i caratteri latte, grasso, proteina, essendo già oggetto di valutazione genetica da parte di Asso.Na.Pa., a partire dalle produzioni precorrette (lattazioni convenzionali a 210 giorni) dei soli soggetti genotipizzati nell'ambito dell'Attività 2.2. e dal pedigree utilizzati nella valutazione ufficiale, è stato applicato il seguente modello animale:

$$y = m + HYS + animal + e$$

dove y corrisponde all'osservazione della lattazione per i caratteri latte, grasso o proteina dei singoli animali; m corrisponde alla media del campione; HYS corrisponde all'allevamento, all'anno e alla stagione di parto, $animal$ corrisponde all'effetto animale ed e corrisponde all'errore. L'effetto HYS è stato inserito nel modello come effetto fisso e l'effetto animale è stato inserito come effetto random. Il numero di livelli per ciascun effetto considerato nel modello viene riportato, per la razza Camosciata delle Alpi e per la razza Saanen, in tabella 1.

METODO	BLUP		GBLUP		ssGBLUP	
	HYS	Animal	HYS	Animal	HYS	Animal
Camosciata delle Alpi	863	6616	863	2128	863	5509
Saanen	334	4054	334	937	334	2840

Tabella 1 Numero di livelli per ciascun effetto considerato nel modello utilizzato per i caratteri chili di latte, chili e percentuali di grasso e proteina

Il modello lineare utilizzato è stato inoltre applicato con tre metodi differenti, successivamente messi a confronto:

1. il metodo tradizionale Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) che utilizza una matrice di parentela additiva tradizionale (stimata attraverso il pedigree degli animali);

2. il metodo genomico Genomic Best Linear Unbiased Prediction (GBLUP) che utilizza una matrice di parentela genomica (stimata attraverso i dati genomici raccolti nell'ambito del progetto);
3. il metodo più innovativo Single – Step Genomic Best linear Unbiased Prediction (ssGBLUP) che si basa sull'utilizzo di una matrice mista ottenuta unendo la matrice additiva tradizionale con quella genomica.

Per questi caratteri, sono stati sviluppati indici sia con approccio Single – Trait (ST) e sia con approccio Multiple – Trait (MT). In particolare, nello step 1 sono stati confrontati i parametri genetici utilizzati nel calcolo degli indici ST, nello step 2 sono stati confrontati i parametri genetici utilizzati nel calcolo degli indici MT e nello step 3 sono stati confrontati i trend genetici e le correlazioni calcolate tra tutti i metodi considerati (BLUP, GBLUP e ssGBLUP), sia per gli indici ST e sia per gli indici MT. La stima delle componenti di varianza e degli Estimated Breeding Values (EBV) è stata fatta con i programmi della famiglia BLUPF90 (aremlf90 e blupf90 per gli indici ST; gibbs2f90 e blupf90 per gli indici MT).

Per quanto riguarda il carattere cellule somatiche, nell'ambito dello Step 1, è stato invece applicato il seguente modello, applicando il metodo ssGBLUP:

$$y = m + P + YCS + ACS + H + HYS + animal + e$$

dove y rappresenta l'osservazione del carattere cellule somatiche (con trasformazione logaritmica); m rappresenta la media del campione; P corrisponde all'ordine di parto; YCS corrisponde all'anno e alla stagione di parto; ACS corrisponde all'età al parto; H corrisponde all'allevamento; HYS corrisponde all'allevamento, all'anno e alla stagione di parto; $animal$ corrisponde all'effetto animale ed e all'errore. Tutti gli effetti sono stati inseriti nel modello come effetti fissi ad eccezione dell'effetto HYS e dell'effetto $animal$. Nella tabella 2 sono riportati il numero di livelli per ciascun effetto.

Effetto	Camosciata delle Alpi	Saanen
P	4	4
YCS	23	21
ACS	147	127
H	83	35
HYS	558	241
animal	6661	3855

Tabella 2 Numero di livelli per ciascun effetto considerato nel modello utilizzato per il carattere cellule somatiche

Anche per il carattere cellule somatiche sono stati utilizzati i programmi della famiglia BLUPF90 per la stima delle componenti di varianza (airemlf90) e per la stima degli *Estimated Breeding Values* (blupf90).

Per le stime condotte nei tre step sono stati utilizzati un totale di 3103 soggetti genotipizzati:

- 2111 soggetti di razza Camosciata delle Alpi;
- 935 soggetti di razza Saanen.

Di seguito vengono riportati i risultati per l'Attività 4.2. In particolare, nella tabella 3 e tabella 4 sono riportati rispettivamente, per la razza Camosciata delle Alpi e la razza Saanen, i confronti dei parametri genetici utilizzati per gli indici ST chili di latte, chili e percentuali di proteina e di grasso calcolati con i tre metodi BLUP, GBLUP e ssGBLUP.

Come è possibile osservare dalla tabella 3, l'ereditabilità stimata per i caratteri nella razza Camosciata delle Alpi è risultata:

- media per i caratteri chili di latte, di grasso e di proteina (variando da 0.27 a 0.35);
- medio alta per il carattere percentuale di grasso (variando da 0.26 a 0.42);
- alta per il carattere percentuale di proteina (variando da 0.42 a 0.60).

Invece, come è possibile osservare in tabella 4, l'ereditabilità stimata per i caratteri nella razza Saanen è risultata:

- medio alta per i caratteri chili di latte, di grasso e di proteina e percentuale di grasso (variando da 0.15 a 0.48);
- alta per il carattere percentuale di proteina (variando da 0.49 a 0.64).

Inoltre, nella tabella 5 e nella tabella 6 sono riportati rispettivamente, per la razza Camosciata delle Alpi e la razza Saanen, i confronti dei parametri genetici utilizzati nel calcolo indici MT chili di latte, chili e percentuali di proteina e di grasso calcolati con i tre metodi BLUP, GBLUP e ssGBLUP.

Nel caso delle stime con approccio MT, come è possibile osservare dalla tabella 5, l'ereditabilità stimata per i caratteri nella razza Camosciata delle Alpi è risultata:

- medio alta per i caratteri chili di latte, di grasso e di proteina e per la percentuale di grasso (variando da 0.21 a 0.41);
- alta per il carattere percentuale di proteina (variando da 0.40 a 0.56).

Invece, i risultati mostrati in tabella 6, mostrano un'ereditabilità stimata per i caratteri nella razza Saanen:

- medio alta per i caratteri chili di latte, di grasso e di proteina e percentuale di grasso (variando da 0.24 a 0.38);
- alta per il carattere percentuale di proteina (variando da 0.45 a 0.48).

I parametri genetici fin qui rappresentati sono stati utilizzati per la costruzione di cinque indici genetici (con metodo BLUP) e di dieci indici genomici (cinque con metodo GBLUP e cinque con metodo ssGBLUP) e per i risultati inerenti al confronto tra le correlazioni e i trend di questi indici (Step 3) si rimanda ai report chiamati "[Confronto delle correlazioni e dei trend genetici tra i metodi](#)

BLUP, GBLUP e ssGBLUP: razza Camosciata delle Alpi” e “Confronto delle correlazioni e dei trend genetici tra i metodi BLUP, GBLUP e ssGBLUP: razza Saanen”.

Per quanto riguarda il carattere cellule somatiche, l’ereditabilità è risultata, rispettivamente per la razza Camosciata delle Alpi e per la razza Saanen pari a 0.10 e 0.09.

Infine, nello Step 2, sono stati sviluppati anche tre indici ST con metodo ssGBLUP riguardanti i caratteri BCS, Score Locomozione e Score Benessere per la razza Camosciata delle Alpi, i cui risultati sono stati riportati nel documento chiamato “Parametri genetici per i caratteri BCS, Locomozione e Benessere”.

Step 1: Stima dei parametri genetici per i caratteri chili di latte, chili e percentuali di proteina e di grasso e confronto tra i tre metodi BLUP, GBLUP e ssGBLUP – Approccio Single – Trait

METODO	BLUP			GBLUP			ssGBLUP		
	h^2 (DS)	σ_a^2	Ripetibilità (DS)	h^2 (DS)	σ_a^2	Ripetibilità (DS)	h^2 (DS)	σ_a^2	Ripetibilità (DS)
Latte (kg)	0.34 (0.04)	7263.2	0.37 (0.02)	0.35 (0.05)	7452.9	0.38 (0.02)	0.34 (0.04)	7417.4	0.37 (0.02)
Proteina (kg)	0.34 (0.04)	8.21	0.34 (0.02)	0.31 (0.04)	7.47	0.34 (0.02)	0.33 (0.04)	7.76	0.34 (0.02)
Grasso (kg)	0.27 (0.04)	8.63	0.28 (0.02)	0.27 (0.04)	8.44	0.28 (0.02)	0.27 (0.04)	8.61	0.28 (0.02)
Grasso (%)	0.26 (0.05)	473.6	0.41 (0.01)	0.42 (0.01)	770.48	0.42 (0.02)	0.42 (0.01)	768	0.42 (0.02)
Proteina (%)	0.42 (0.05)	259.4	0.60 (0.01)	0.60 (0.01)	361.7	0.60 (0.01)	0.60 (0.01)	361.9	0.60 (0.01)

Tabella 3 Ereditabilità (h^2), varianza genetica additiva (σ_a^2), ripetibilità e rispettiva deviazioni standard (DS) per i caratteri Latte (kg), grasso (kg e %) e proteina (kg e %), con approccio Single – Trait, e per ciascun metodo (BLUP, GBLUP e ssGBLUP) – Razza Camosciata delle Alpi

METODO	BLUP			GBLUP			ssGBLUP		
CARATTERE	h^2 (DS)	σ_a^2	Ripetibilità (DS)	h^2 (DS)	σ_a^2	Ripetibilità (DS)	h^2 (DS)	σ_a^2	Ripetibilità (DS)
Latte (kg)	0.37 (0.09)	11796.0	0.44 (0.03)	0.37 (0.09)	11758	0.43 (0.03)	0.38 (0.09)	12159	0.44 (0.03)
Proteina (kg)	0.27 (0.08)	9.64	0.41 (0.03)	0.41 (0.03)	14.6	0.41 (0.03)	0.42 (0.03)	14.7	0.42 (0.03)
Grasso (kg)	0.23 (0.07)	9.90	0.42 (0.03)	0.40 (0.09)	21.1	0.42 (0.03)	0.39 (0.09)	20.7	0.42 (0.03)
Grasso (%)	0.15 (0.08)	303.1	0.47 (0.03)	0.47 (0.03)	940.9	0.47 (0.03)	0.48 (0.03)	954.9	0.48 (0.03)
Proteina (%)	0.49 (0.10)	311.4	0.64 (0.02)	0.63 (0.02)	390.3	0.63 (0.02)	0.64 (0.02)	394.8	0.64 (0.02)

Tabella 4 Ereditabilità (h^2), varianza genetica additiva (σ_a^2), ripetibilità e rispettiva deviazioni standard (DS) per i caratteri Latte (kg), grasso (kg e %) e proteina (kg e %), con approccio Single – Trait, e per ciascun metodo (BLUP, GBLUP e ssGBLUP) – Razza Saanen

**Step 2: Stima dei parametri genetici per i caratteri chili di latte, chili e percentuali di proteina e di grasso e confronto tra i tre metodi
BLUP, GBLUP e ssGBLUP – Approccio Multiple – Trait**

METODO	BLUP			GBLUP			ssGBLUP		
CARATTERE	h^2 (HPD)	Ripetibilità (HPD)	σ_a^2	h^2 (HPD)	Ripetibilità (HPD)	σ_a^2	h^2 (HPD)	Ripetibilità (HPD)	σ_a^2
Latte (kg)	0.41 (0.38 – 0.44)	0.44 (0.41 – 0.47)	9885.9	0.31 (0.24 – 0.37)	0.38 (0.34 – 0.40)	6617.9	0.29 (0.21 – 0.35)	0.38 (0.34 – 0.41)	6219.3
Proteina (kg)	0.38 (0.33 – 0.41)	0.40 (0.37 – 0.43)	9.6	0.29 (0.23 – 0.35)	0.35 (0.32 – 0.38)	6.8	0.26 (0.20 – 0.32)	0.35 (0.32 – 0.38)	6.2
Grasso (kg)	0.27 (0.22 – 0.31)	0.32 (0.29 – 0.36)	9.0	0.23 (0.18 – 0.27)	0.28 (0.25 – 0.31)	7.2	0.21 (0.16 – 0.26)	0.28 (0.25 – 0.31)	6.7
Grasso (%)	0.31 (0.22 – 0.38)	0.46 (0.42 – 0.49)	620.8	0.34 (0.29 – 0.40)	0.41 (0.38 – 0.44)	632.1	0.35 (0.29 – 0.40)	0.41 (0.39 – 0.45)	645.4
Proteina (%)	0.40 (0.30 – 0.48)	0.81 (0.66 – 0.97)	273.2	0.55 (0.50 – 0.59)	0.77 (0.65 – 0.89)	335.9	0.56 (0.52 – 0.59)	0.75 (0.63 – 0.92)	339.8

Tabella 5 Ereditabilità (h^2), varianza genetica additiva (σ_a^2) ripetibilità e rispettiva High Probability Density (HPD) per i caratteri Latte (kg), grasso (kg e %) e proteina (kg e %), con approccio Multiple – Trait, e per ciascun metodo (BLUP, GBLUP e ssGBLUP) – Razza Camosciata delle Alpi

METODO	BLUP			GBLUP			ssGBLUP		
CARATTERE	h^2 (HPD)	Ripetibilità (HPD)	σ_a^2	h^2 (HPD)	Ripetibilità (HPD)	σ_a^2	h^2 (HPD)	Ripetibilità (HPD)	σ_a^2
Latte (kg)	0.26 (0.11 – 0.39)	0.47 (0.41 – 0.52)	8745.6	0.23 (0.18 – 0.29)	0.46 (0.41 – 0.51)	7641.1	0.32 (0.21 – 0.40)	0.46 (0.41 – 0.52)	10454
Proteina (kg)	0.26 (0.14 – 0.39)	0.44 (0.38 – 0.50)	9.3	0.29 (0.21 – 0.35)	0.43 (0.38 – 0.49)	10.3	0.33 (0.24 – 0.40)	0.44 (0.38 – 0.49)	11.8
Grasso (kg)	0.25 (0.13 – 0.38)	0.54 (0.39 – 0.51)	13.8	0.29 (0.21 – 0.37)	0.44 (0.38 – 0.50)	15.8	0.31 (0.24 – 0.39)	0.44 (0.39 – 0.49)	16.7
Grasso (%)	0.24 (0.13 – 0.35)	0.50 (0.44 – 0.55)	506.2	0.38 (0.30 – 0.47)	0.49 (0.44 – 0.54)	778.3	0.33 (0.25 – 0.40)	0.48 (0.43 – 0.53)	672.3
Proteina (%)	0.45 (0.37 – 0.53)	1.29 (0.97 – 1.60)	291.6	0.48 (0.40 – 0.56)	0.83 (0.59 – 1.06)	304.7	0.48 (0.36 – 0.59)	0.94 (0.71 – 1.18)	304.7

Tabella 6 Ereditabilità (h^2), varianza genetica additiva (σ_a^2) ripetibilità e rispettiva High Probability Density (HPD) per i caratteri Latte (kg), grasso (kg e %) e proteina (kg e %), con approccio Multiple – Trait, e per ciascun metodo (BLUP, GBLUP e ssGBLUP) – Razza Saanen