

Descrizione dell'indice interparto – Razza Massese

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

Descrizione:

L'indice genomico per il carattere interparto nella razza Massese, sviluppato nell'ambito del progetto CHEESR, 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.

Dati di partenza:

- Controlli funzionali;
- Dati genealogici (pedigree di razza);
- Dati genomici prodotti nell'ambito del progetto CHEESR.

Modello utilizzato:

$$y = m + Anno - Mese + EP + nati + animale + e$$

dove m rappresenta la media; $Anno - Mese$ corrisponde all'anno e al mese di parto, EP corrisponde all'età al parto, $nati$ corrisponde al numero di nati per parto, $animale$ corrisponde all'effetto animale ed e all'errore. Tutti gli effetti sono stati inseriti nel modello come effetti fissi, ad eccezione dell'effetto animale che è stato inserito come effetto random.

File:

Nel file "[17_TOP50EBVInterparto_Massese.xlsx](#)" viene pubblicata la classifica per il carattere interparto dei migliori 50 soggetti genotipizzati nell'ambito del progetto CHEESR.

All'interno del 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;
- l'indice del soggetto (**EBV100 INTERPARTO**);

- l'accuratezza dell'indice espressa in percentuale.

Interpretazione dell'indice:

Per il carattere Interparto, gli Estimated Breeding Values (EBV) stimati sono stati moltiplicati per -1 al fine di ottenere dei valori positivi per animali con interparto più corto. Successivamente, l'indice è stato espresso su scala 100 e deviazione standard pari a 5.

Un indice espresso su scala 100 e deviazione standard pari a 5 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 5. Come è possibile osservare da questa figura, i soggetti con EBV maggiore di 100 (a destra della linea blu) rappresentano quegli individui in interparto più corto. Al contrario, i soggetti con EBV minore di 100 (a sinistra della linea blu) rappresentano quei soggetti con interparto più lungo. 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.

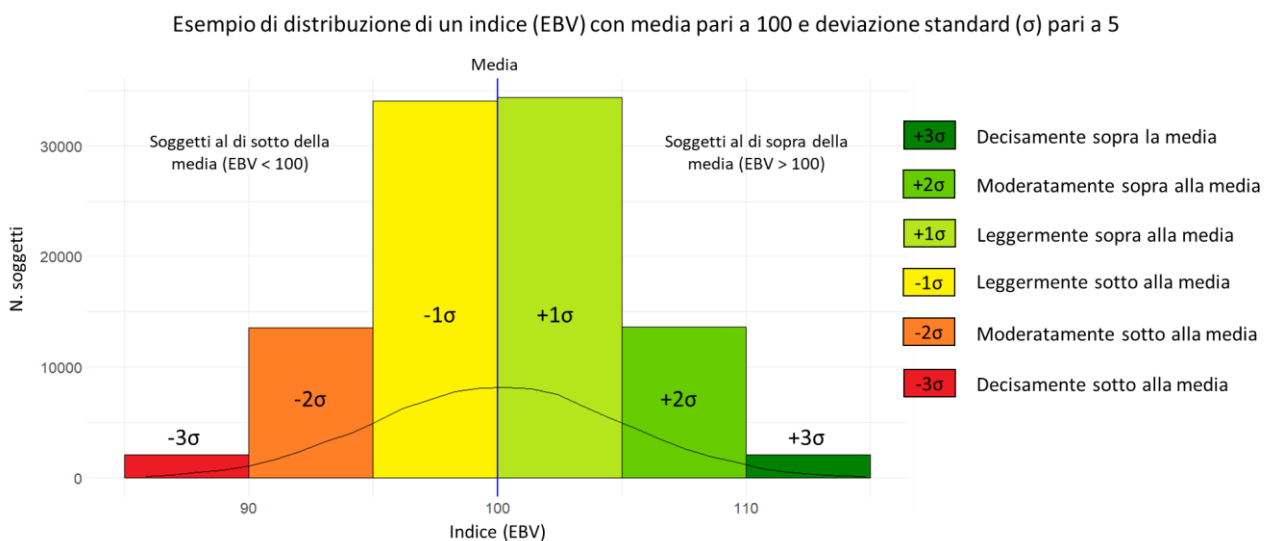


Figura 1 Esempio di una distribuzione di un indice espresso su base 100 e deviazione standard 5

Note:

Il carattere interparto non rientra tra i caratteri oggetto di selezione definiti dal programma genetico della razza Massese.

Approfondimenti:

Per ulteriori informazioni si rimanda al materiale prodotto nell'ambito del progetto CHEESR, consultabile al seguente sito <https://www.assonapa-cheesr.it/azioni>.