

## Descrizione dell'indice cellule somatiche – Razza Saanen

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

### Descrizione:

L'indice genomico per il carattere cellule somatiche nella razza Saanen, 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 (Test day record);
- Dati genealogici (Pedigree di razza);
- Dati genomici prodotti nell'ambito del progetto CHEESR.

Modello utilizzato:

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

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 e  $e$  corrisponde all'errore. Tutti gli effetti sono stati inseriti nel modello come effetti fissi ad eccezione dell'effetto  $HYS$  e dell'effetto  $animal$ .

### File:

Nel file “[2\\_TOP50EBVCelluleSomatiche\\_Saanen.xlsx](#)” viene pubblicata la classifica per il carattere cellule somatiche 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 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;
- l'indice del soggetto (**EBV100 CELLULE SOMATICHE**);
- l'**accuratezza** dell'indice espressa in percentuale.

### **Interpretazione dell'indice:**

Per il carattere cellule somatiche, gli Estimated Breeding Values (EBV) stimati sono stati moltiplicati per -1 al fine di ottenere dei valori positivi per animali meno suscettibili. 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 meno suscettibili per il carattere oggetto di analisi. Al contrario, i soggetti con EBV minore di 100 (a sinistra della linea blu) rappresentano quei soggetti più suscettibili per questo carattere. 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.

Esempio di distribuzione di un indice (EBV) con media pari a 100 e deviazione standard ( $\sigma$ ) pari a 5

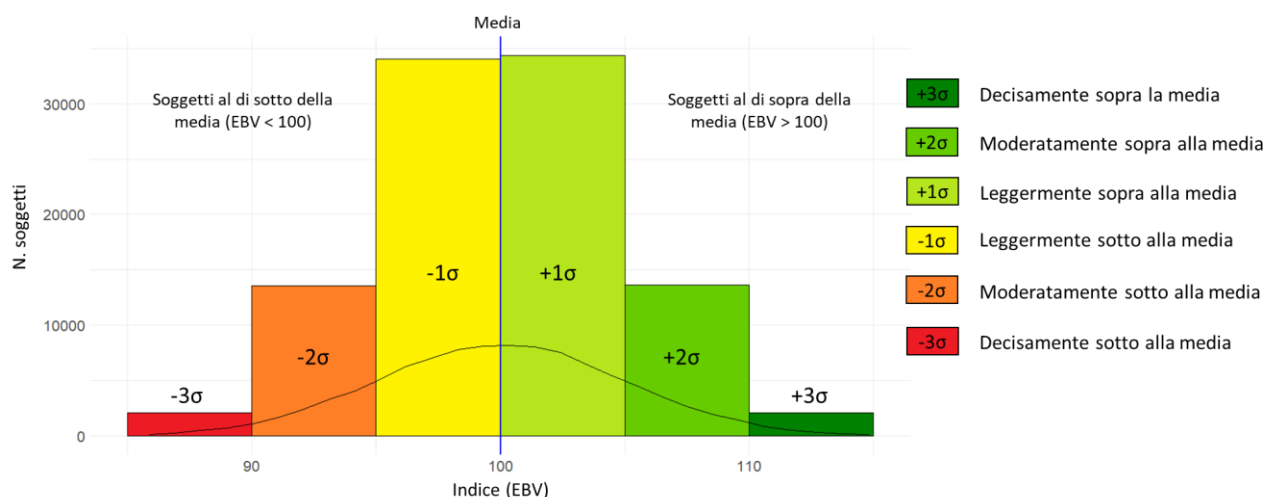


Figura 1 Esempio di una distribuzione di un indice espresso su base 100 e deviazione standard 5

### Note:

Il carattere cellule somatiche non rientra tra i caratteri oggetto di selezione definiti dal programma genetico della razza Saanen.

### Approfondimenti:

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