

Descrizione dell'indice cellule somatiche – Razza Massese

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

Descrizione:

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

Modello utilizzato:

$$y = m + YoB + MeseParto + DIM + TD + Animal + PE + e$$

dove y rappresenta l'osservazione del carattere cellule somatiche (con trasformazione logaritmica); m rappresenta la media del campione; YoB corrisponde all'anno di nascita; $MeseParto$ corrisponde mese di parto; DIM corrisponde ai *days in milk*; TD giorno del controllo; $Animal$ corrisponde all'effetto animale, PE corrisponde al *permanent environment* ed e corrisponde all'errore. Tutti gli effetti sono stati inseriti nel modello come effetti fissi ad eccezione dell'effetto DIM (covariata), dell'effetto TD (random) e dell'effetto $animal$ (random).

File:

Nel file "[4 TOP50EBVCelluleSomatiche Massese.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 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;
- 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 (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.

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

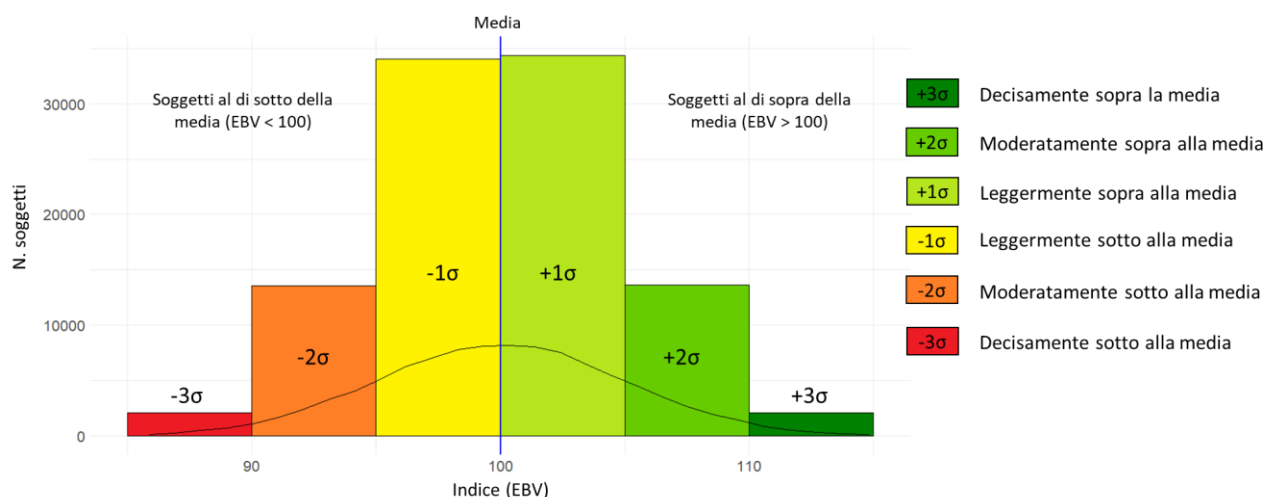


Figura 1 Esempio di una distribuzione di un indice espresso su base 100 e deviazione standard 5

Note:

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