



Università degli Studi di Sassari - Dipartimento di Agraria

Viale Italia 39, 07100 Sassari

Partita IVA 00196350904

## ATTIVITÀ DI CONSULENZA TECNICO-SCIENTIFICA NELL'AMBITO DEL PROGETTO CEESH

### Unità del Dipartimento di Agraria dell'Università degli Studi di Sassari

#### **1) Analisi dei dati molecolari delle razze ovine Comisana e Massese**

Per le analisi sono stati utilizzati 541 (per la Comisana) e 375 (per la Massese) animali genotipizzati con un chip a media densità.

Il primo step dell'analisi è stato la pulizia dei dati ricevuti, condotto, separatamente per razza, utilizzando il programma PLINK con i seguenti parametri:

- tasso di chiamata del marcatore e dell'animale ( $CR_{snp}$ ,  $CR_{anim} \geq 95\%$ );
- frequenza dell'allele minore ( $MAF \geq 5\%$ );
- equilibrio di HardyWeinberg (HWE,  $P < 1e-6$ ).
- esclusione dei marcatori non mappati o mappati sui cromosomi sessuali.

I risultati della pulizia dei dati sono riportati in Tabella 1.

**Tabella 1.** Risultati della pulizia dei dati molecolari.

<b>Parametro</b>	<b>Comisana</b>	<b>Massese</b>
MAF	3,115	4298
CR <sub>snp</sub>	13	13
CR <sub>anim</sub>	1	0
HWE	363	31
Animali usati	540	375
SNP usati	44,558	43,707



Università degli Studi di Sassari - Dipartimento di Agraria

Viale Italia 39, 07100 Sassari

Partita IVA 00196350904

Sempre utilizzando il programma PLINK sono state calcolate le frequenze genotipiche (i 2 omozigoti e l'eterozigote) per ciascun marcatore; le frequenze sono poi state mediate per cromosoma e riportate in Tabella 2.

**Tabella 2.** Media per cromosoma delle frequenze genotipiche nelle due razze.

OAR	Comisana			Massese		
	hom1	het	hom2	hom1	het	hom2
1	0.103±0.073	0.393±0.114	0.503±0.18	0.1±0.073	0.388±0.118	0.513±0.184
2	0.101±0.074	0.382±0.116	0.517±0.183	0.1±0.073	0.389±0.116	0.511±0.182
3	0.101±0.073	0.391±0.114	0.508±0.18	0.098±0.074	0.385±0.117	0.517±0.183
4	0.101±0.074	0.389±0.113	0.51±0.181	0.098±0.072	0.388±0.115	0.513±0.181
5	0.104±0.074	0.39±0.112	0.506±0.179	0.099±0.073	0.391±0.118	0.51±0.183
6	0.101±0.074	0.386±0.114	0.513±0.181	0.098±0.073	0.388±0.116	0.514±0.182
7	0.105±0.073	0.396±0.111	0.499±0.177	0.101±0.071	0.394±0.113	0.504±0.177
8	0.106±0.073	0.398±0.112	0.496±0.178	0.102±0.073	0.395±0.116	0.503±0.182
9	0.101±0.073	0.387±0.116	0.512±0.184	0.099±0.073	0.394±0.115	0.507±0.18
10	0.102±0.073	0.389±0.119	0.509±0.185	0.098±0.073	0.386±0.12	0.517±0.185
11	0.098±0.072	0.388±0.117	0.514±0.182	0.096±0.073	0.381±0.121	0.522±0.187
12	0.102±0.072	0.39±0.11	0.509±0.176	0.099±0.072	0.393±0.116	0.508±0.181
13	0.1±0.072	0.385±0.116	0.515±0.182	0.1±0.073	0.388±0.12	0.512±0.186
14	0.101±0.073	0.388±0.113	0.511±0.179	0.097±0.071	0.393±0.12	0.51±0.184
15	0.102±0.072	0.391±0.114	0.508±0.179	0.097±0.073	0.387±0.117	0.516±0.182
16	0.099±0.072	0.382±0.115	0.519±0.181	0.102±0.075	0.391±0.12	0.507±0.188
17	0.104±0.072	0.394±0.109	0.502±0.174	0.101±0.072	0.391±0.113	0.508±0.177
18	0.1±0.071	0.389±0.114	0.511±0.179	0.099±0.074	0.386±0.117	0.515±0.183
19	0.101±0.071	0.394±0.114	0.506±0.179	0.097±0.073	0.38±0.12	0.523±0.187
20	0.1±0.073	0.388±0.114	0.512±0.181	0.098±0.073	0.389±0.117	0.513±0.182



Università degli Studi di Sassari - Dipartimento di Agraria

Viale Italia 39, 07100 Sassari

Partita IVA 00196350904

21	0.108±0.074	0.396±0.114	0.496±0.18	0.108±0.075	0.399±0.115	0.494±0.183
22	0.101±0.074	0.386±0.114	0.513±0.181	0.096±0.072	0.381±0.118	0.523±0.182
23	0.101±0.072	0.392±0.114	0.507±0.179	0.104±0.073	0.394±0.114	0.502±0.18
24	0.103±0.075	0.385±0.115	0.512±0.183	0.099±0.075	0.391±0.118	0.509±0.186
25	0.099±0.073	0.383±0.117	0.518±0.184	0.098±0.073	0.387±0.119	0.515±0.185
26	0.107±0.073	0.396±0.111	0.498±0.177	0.104±0.075	0.39±0.116	0.506±0.184
<b>Media</b>	0.103±0.004	0.386±0.018	0.511±0.015	0.101±0.007	0.387±0.012	0.512±0.008

---

## 2) Analisi degli omozigoti mancanti e dei possibili geni letali

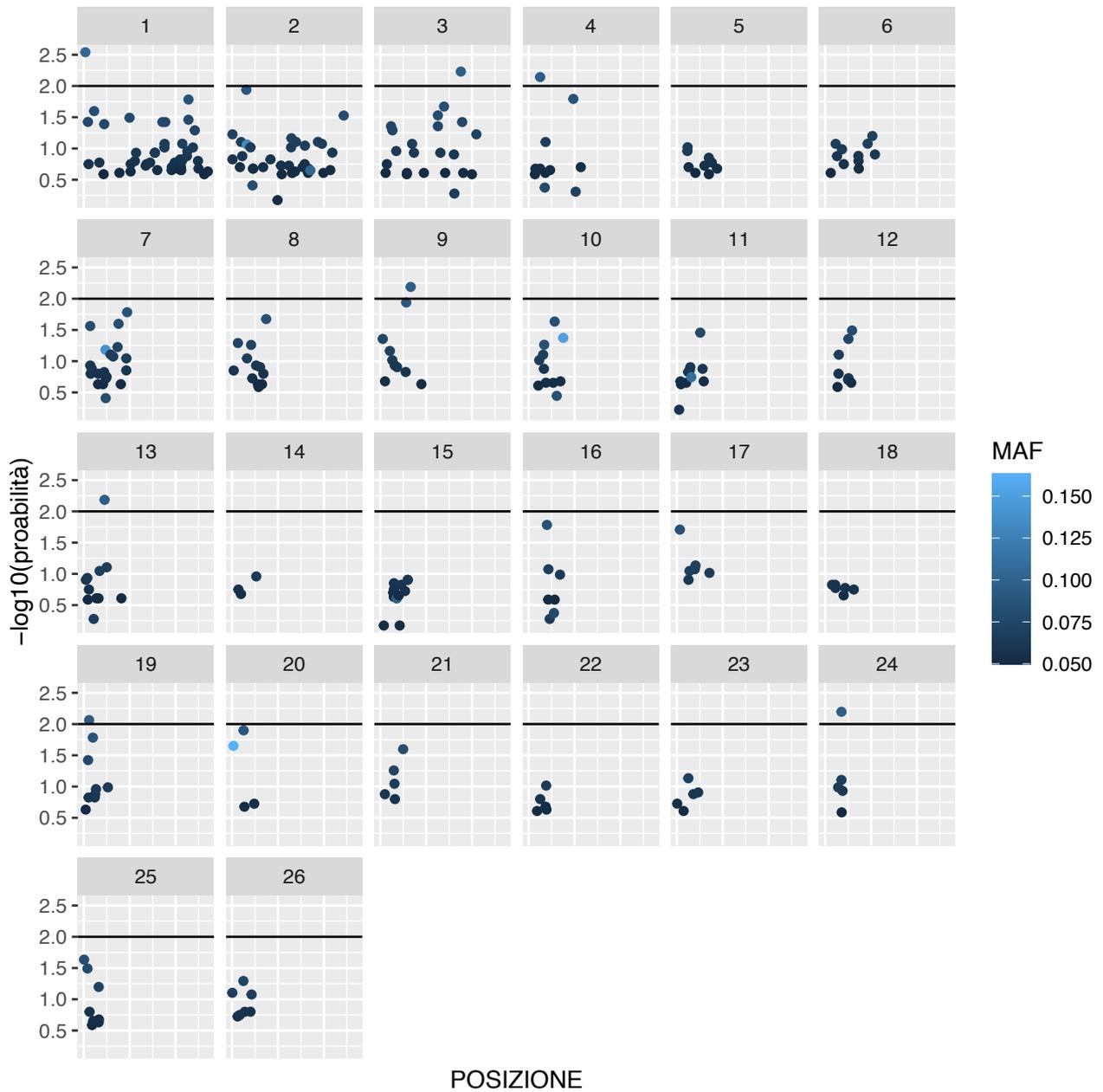
Tramite l'analisi delle frequenze genotipiche si sono ricercati i cosiddetti geni letali: geni che provocano la morte prematura degli animali, di solito nei primi stati di vita. In questo studio sono stati considerati indice di geni letali i marcatori che non presentavano un omozigote (a1a1): in particolare, utilizzando la probabilità binomiale si sono evidenziati i marcatori che mostravano un discostamento tra il numero di genotipi attesi e quelli effettivamente osservati. Nelle Figure 1 e 2 sono riportati i risultati finali dell'analisi: i marcatori che superano la soglia di significatività (la linea orizzontale in ciascun cromosoma) sono quelli interessanti per la ricerca dei geni letali.



Università degli Studi di Sassari - Dipartimento di Agraria

Viale Italia 39, 07100 Sassari

Partita IVA 00196350904



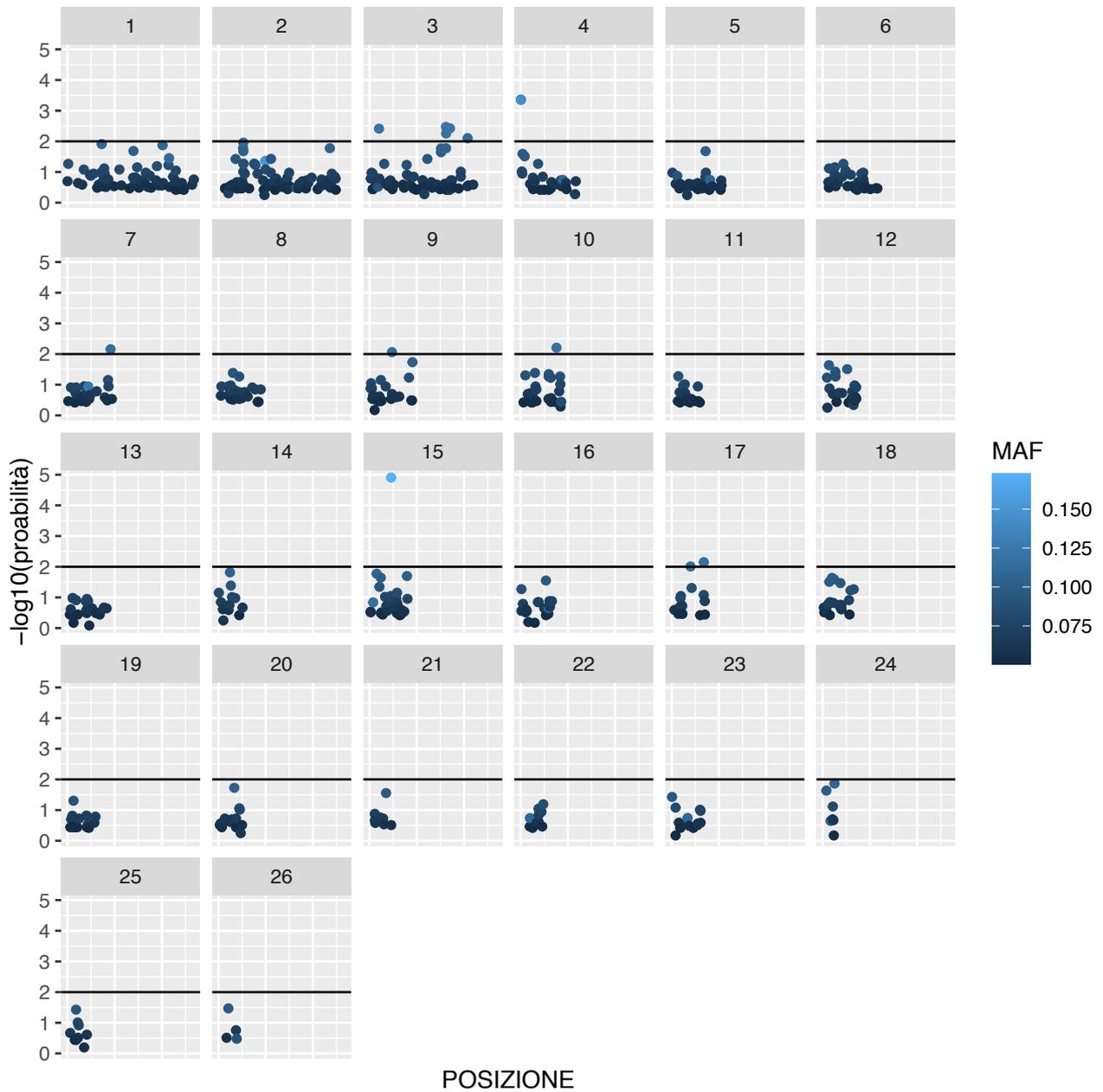
**Figura 1.** Ricerca di geni letali nella razza Comisana. I marcatori che superano la riga orizzontale sono di interesse per l'analisi.



Università degli Studi di Sassari - Dipartimento di Agraria

Viale Italia 39, 07100 Sassari

Partita IVA 00196350904



**Figura 2.** Ricerca di geni letali nella razza Massese. I marcatori che superano la riga orizzontale sono di interesse per l'analisi.



Università degli Studi di Sassari - Dipartimento di Agraria

Viale Italia 39, 07100 Sassari

Partita IVA 00196350904

### 3) Analisi inbreeding genomico

Utilizzando i dati molecolari sono stati calcolati diversi coefficienti di inbreeding per ciascun animale.

La Tabella 3 riporta i valori della diagonale della matrice di parentela genomica GRM costruita seguendo la formula proposta da VanRaden (2008).

La stessa matrice GRM è stata costruita anche tenendo ferme le frequenze alleliche a 0.5. I risultati sono riportati in Tabella 4 e Figura 4.

**Tabella 3.** Statistiche di base dei coefficienti della diagonale della matrice GRM.

Parametro	Comisana	Massese
Minimo	0.73	0.71
Deviazione standard	0.03	0.03
Massimo	1.13	1.12

**Tabella 4.** Statistiche di base dei coefficienti della diagonale della matrice GRM con frequenze alleliche fissate a 0.50.

Parametro	Comisana	Massese
Minimo	1.02	1.00
Deviazione standard	0.02	0.02
Massimo	1.32	1.29

I valori riportati nelle Tabelle 3 e 4 e nelle Figure 3 e 4 sono da considerare come deviazione dalla media di popolazione (fissata ad 1): gli animali con valori inferiori a 1 sono animali con un valore di inbreeding inferiore alla media di popolazione, mentre gli animali con valori superiori ad 1 presentano valori di inbreeding superiori rispetto alla media di popolazione. L'animale di razza Comisana con valore diagonale GRM di 1.05 (Tabella 1) significa che ha un valore di inbreeding del 5% ( $1.05 - 1$  della media di popolazione). In Figura 3 sono

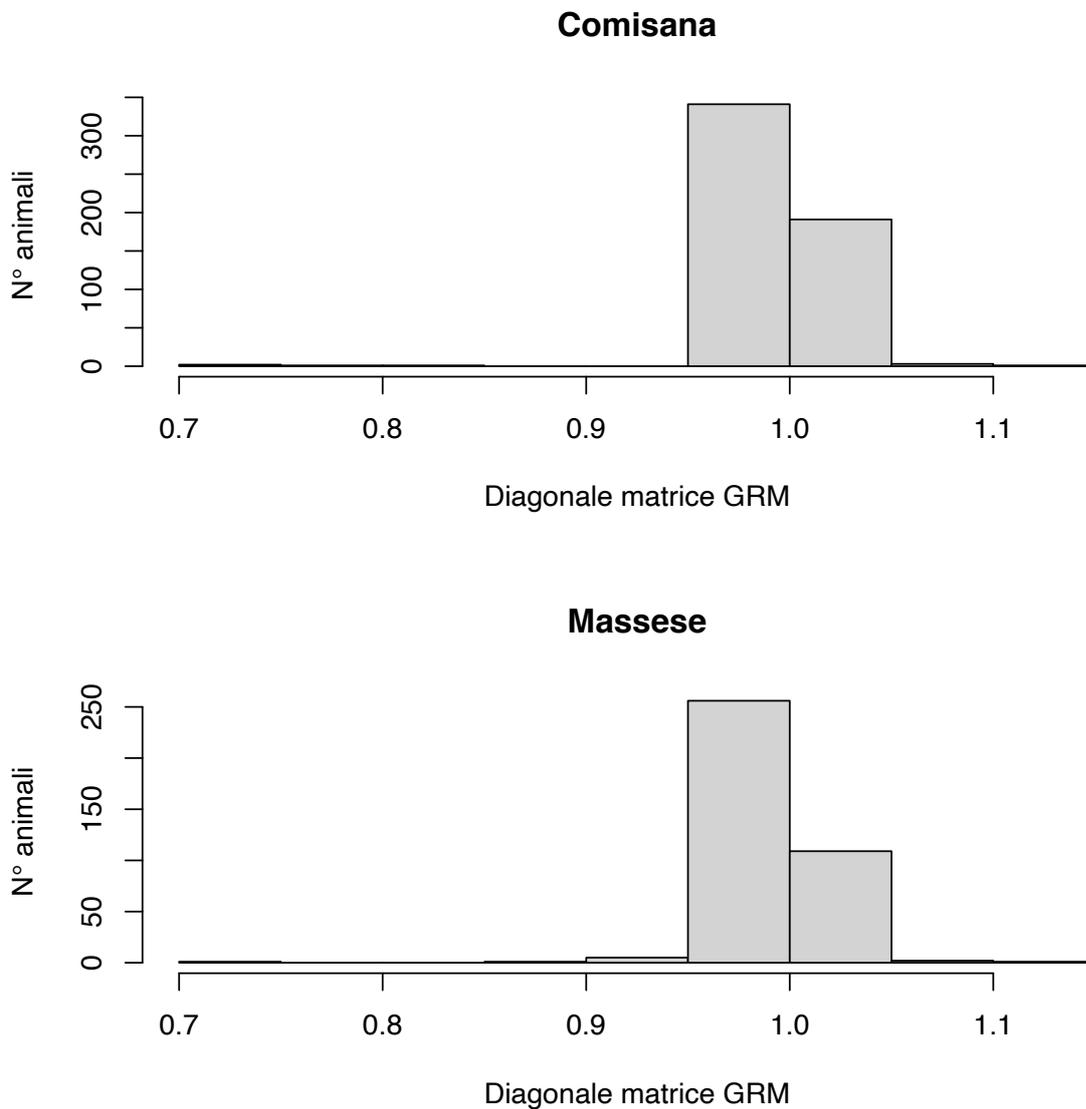


Università degli Studi di Sassari - Dipartimento di Agraria

Viale Italia 39, 07100 Sassari

Partita IVA 00196350904

riportate le distribuzioni, tramite istogramma, dei coefficienti delle diagonali delle 2 matrici GRM costruite entro razza tra gli animali genotipizzati.



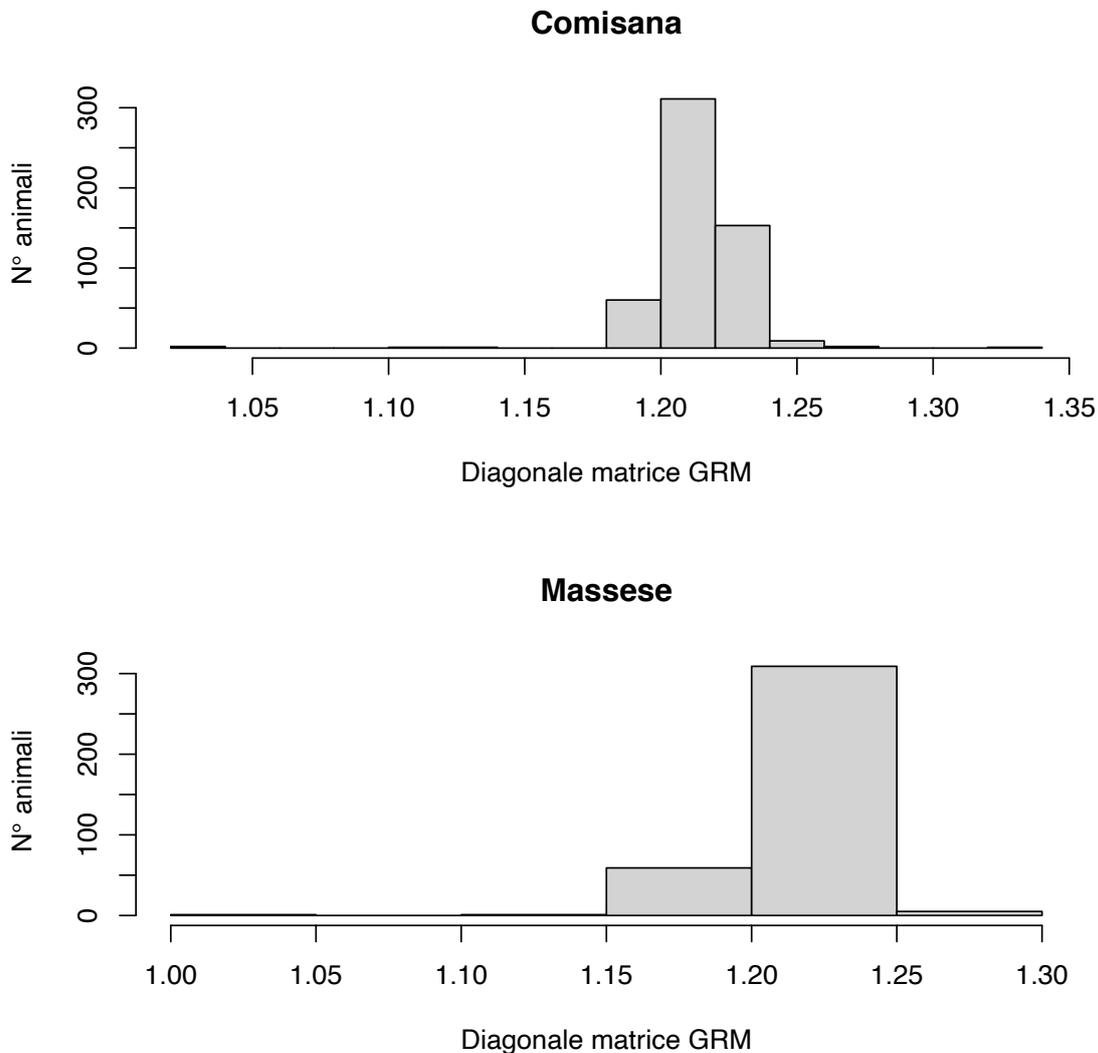
**Figura 3.** Istogrammi dei coefficienti della diagonale delle matrici GRM (VanRaden, 2008).



Università degli Studi di Sassari - Dipartimento di Agraria

Viale Italia 39, 07100 Sassari

Partita IVA 00196350904



**Figura 4.** Istogrammi dei coefficienti della diagonale delle matrici GRM con frequenze alleliche fissate a 0.50. (VanRaden, 2008).

In Tabella 5 e Figura 5 sono riportati i risultati dell'analisi di tre coefficienti di inbreeding calcolati con il programma GCTA (Yang et al., 2011). F1 è un coefficiente basato sulla varianza genotipica, F2 è un coefficiente basato sull'eccesso di omozigosi, mentre F3 è basato sulla correlazione tra i gameti.



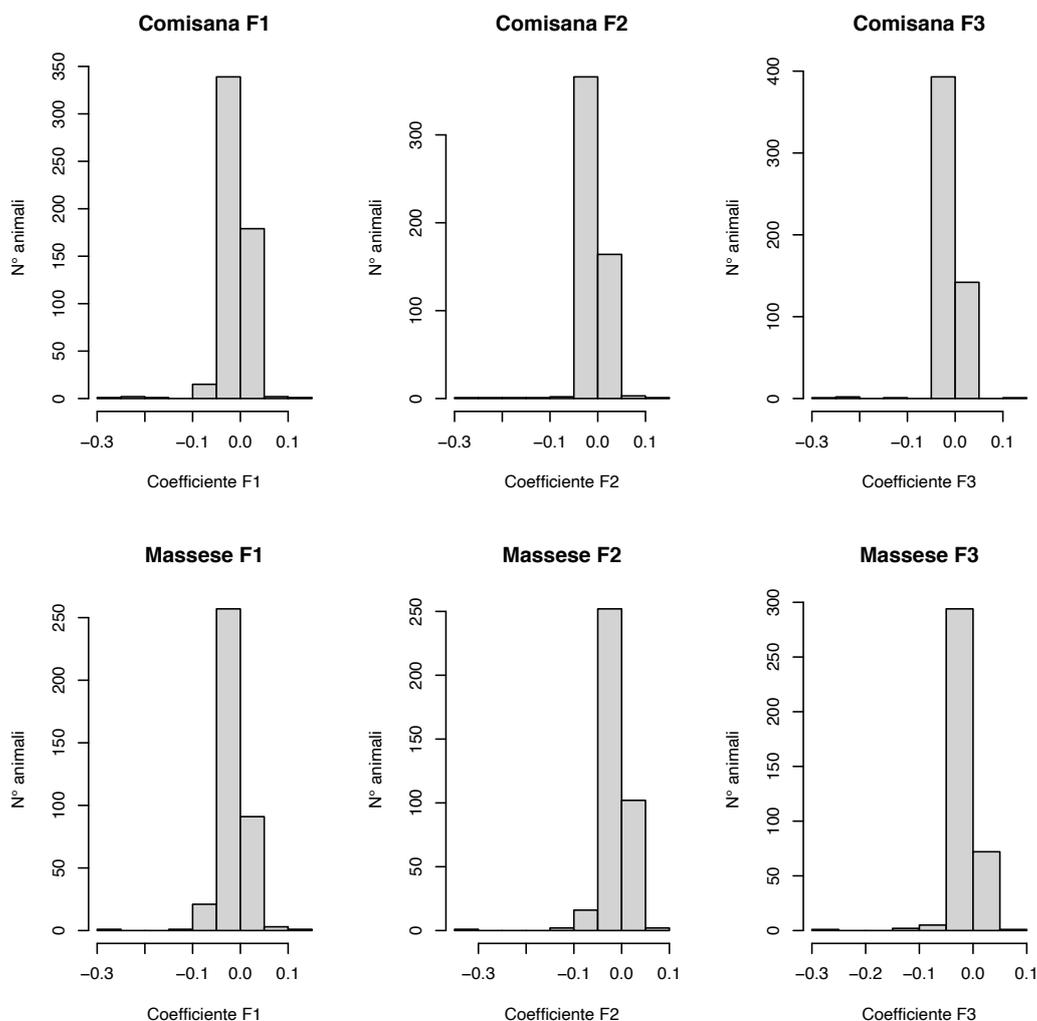
Università degli Studi di Sassari - Dipartimento di Agraria

Viale Italia 39, 07100 Sassari

Partita IVA 00196350904

**Tabella 5.** Statistiche di base dei coefficienti di inbreeding calcolati con il programma GCTA.

Parametro	Comisana			Massese		
	F1	F2	F3	F1	F2	F3
Minimo	-0.284	-0.268	-0.252	-0.267	-0.300	-0.284
Deviazione standard	0.029	0.025	0.024	0.029	0.028	0.024
Massimo	0.129	0.139	0.134	0.108	0.065	0.087



**Figura 5.** Istogramma dei coefficienti calcolati con il programma GCTA.



Università degli Studi di Sassari - Dipartimento di Agraria

Viale Italia 39, 07100 Sassari

Partita IVA 00196350904

#### 4) Calcolo ereditabilità caratteri produttivi e cellule somatiche per Comisana e Massese

In Tabella 6 sono riportate le statistiche descrittive dei dataset e del pedigree utilizzati per il calcolo di ereditabilità per latte, grasso, proteine e cellule somatiche nelle razze Comisana e Massese.

**Tabella 6.** Statistiche descrittive di dataset e pedigree per i caratteri produttivi nelle razze Comisana e Massese.

	<b>Comisana</b>	<b>Massese</b>
<b>Animali fenotipo</b>	2,052	709
<b>Records</b>		
latte	9,256	3,311
grasso	9,198	3,284
proteine	9,198	3,285
cellule somatiche	9,256	3,311
<b>Pedigree</b>		
totale	6,414	2,939
genitori	851	349
nonni	63	36
bisnonni	4	1
<b>Inbreeding</b>		
tutti	0.0003	0.0007
inbred	0.0125	0.0183
massimo	0.0703	0.25



Università degli Studi di Sassari - Dipartimento di Agraria

Viale Italia 39, 07100 Sassari

Partita IVA 00196350904

Per il calcolo dell'ereditabilità è stato utilizzato il seguente modello:

$$y = \text{mese\_parto} + \text{DIM\_class} + \text{nati} + \text{TD} + a + \text{PE} + e$$

Il numero di livelli per ciascun effetto è riportato in Tabella 7. L'effetto della giornata di campionamento (Test Day, TD) è stato utilizzando sia come effetto random che come effetto fisso.

**Tabella 7.** Numero di livelli per gli effetti considerati nel modello di calcolo.

<b>Effetti</b>	<b>Comisana</b>	<b>Massese</b>
<b>Mese di parto</b>		
1	8,695	256
2	561	1,955
3		613
4		487
<b>DIM in classi</b>		
1	1,642	511
2	1,703	617
3	1,711	541
4	1,673	571
5	1,445	600
6	1,082	471
<b>Numero di nati</b>		
Singolo	3,919	1,827
Gemellare	5,337	1,484
<b>TD</b>		
	75	81



Università degli Studi di Sassari - Dipartimento di Agraria

Viale Italia 39, 07100 Sassari

Partita IVA 00196350904

In Tabella 8 sono riportati i valori di ereditabilità (e ripetibilità) stimate con il metodo REML dei fenotipi analizzati nelle razze Comisana e Massese con il modello a TD fisso e con il modello a TD random. Gli stessi risultati sono stati calcolati anche con il metodo del GIBBS sampling (Tabella 9).

**Tabella 8.** Ereditabilità (ripetibilità) stimate con il metodo REML dei caratteri analizzati con modello a TD fisso e a TD random nelle razze Comisana e Massese.

Carattere	Comisana		Massese	
	TD fisso	TD random	TD fisso	TD random
<b>Latte</b>	0.33 (0.76)	0.28 (0.71)	0.15 (0.66)	0.15 (0.64)
<b>Grasso</b>	0.09 (0.12)	0.05 (0.07)	0.05 (0.14)	0.03 (0.08)
<b>Proteina</b>	0.12 (0.22)	0.10 (0.17)	0.17 (0.20)	0.13 (0.15)
<b>Cellule</b>	0.02 (0.20)	0.02 (0.19)	0.03 (0.18)	0.02 (0.17)

**Tabella 9.** Ereditabilità (ripetibilità) stimate con il metodo GIBBS sampling dei caratteri analizzati con modello a TD fisso e a TD random nelle razze Comisana e Massese.

Carattere	Comisana		Massese	
	TD fisso	TD random	TD fisso	TD random
<b>Latte</b>	0.33 (0.76)	0.30 (0.71)	0.22 (0.67)	0.20 (0.64)
<b>Grasso</b>	0.09 (0.12)	0.05 (0.07)	0.05 (0.14)	0.04 (0.08)
<b>Proteina</b>	0.13 (0.22)	0.10 (0.17)	0.18 (0.20)	0.13 (0.15)
<b>Cellule</b>	0.03 (0.20)	0.03 (0.20)	0.05 (0.18)	0.04 (0.18)



Università degli Studi di Sassari - Dipartimento di Agraria

Viale Italia 39, 07100 Sassari

Partita IVA 00196350904

## 5) Calcolo indici genomici (GBV) per i caratteri produttivi con la tecnica ssGBLUP per le razze ovine Comisana e Massese

In Tabella 10 è riportata la descrizione dei due dataset, mentre in Tabella 11 le statistiche dei caratteri produttivi utilizzati nelle analisi.

**Tabella 10.** Descrizione dei dataset utilizzati per il calcolo degli indici genomici.

	<b>Comisana</b>	<b>Massese</b>
Records	156,210	89,186
Animali con fenotipo	2,992	1,503
Pedigree		
1 gen	921	458
2 gen	457	200
3 gen	432	226
4 gen	333	240
5 gen	232	210
Inbreeding		
max	0.3750	0.3857
avg inbreed	0.0212 (n=3,206)	0.0441 (n=1,950)
avg all	0.0120 (n=5,667)	0.0296 (n=2,908)
Genotipi	540	375



Università degli Studi di Sassari - Dipartimento di Agraria

Viale Italia 39, 07100 Sassari

Partita IVA 00196350904

**Tabella 11.** Statistiche descrittive dei caratteri utilizzati nel calcolo degli indici genomici.

	Comisana			Massese		
	Latte	Grasso	Proteina	Latte	Grasso	Proteina
<b>min</b>	0.21	0.19	2.47	0.21	2.10	2.56
<b>mean±SD</b>	0.85±0.40	6.54±0.83	5.13±0.50	1.15±0.50	6.21±0.98	4.99±0.40
<b>max</b>	4.63	8	7.63	5.99	8	7.73

### Modello e risultati

Per entrambe le razze si è scelto un modello 3-trait, utilizzando i tre caratteri produttivi assieme:  $Y = YoB + MeseParto + DIM + TD (random) + Animal + PE + e$

In Tabella 12 sono riportati il numero di livelli per ciascun effetto

**Tabella 12.** Descrizione degli effetti utilizzati nel modello

Effetto	Comisana	Massese
YoB	14	19
MeseParto	10	11
DIM (covariata)		
TD (random)	1,040	1,924
Animal / PE	5,657	2,908

In Tabella 13 sono riportati i risultati delle analisi in termini di accuratezza degli indi.

**Tabella 13.** Valori di accuratezza degli indici genomici

	Comisana			Massese		
	Latte	Grasso	Proteina	Latte	Grasso	Proteina
<b>mean±SD</b>	0.55±0.25	0.44±0.20	0.49±0.22	0.47±0.23	0.47±0.23	0.48±0.24
<b>max</b>	0.92	0.86	0.90	0.85	0.85	0.86



Università degli Studi di Sassari - Dipartimento di Agraria

Viale Italia 39, 07100 Sassari

Partita IVA 00196350904

## 6) Calcolo indici genomici (GEBV) per il carattere cellule somatiche con la tecnica ssGBLUP per le razze ovine Comisana e Massese

In Tabella 14 è riportata la descrizione dei due dataset utilizzati nelle analisi.

**Tabella 14.** Descrizione dei dataset utilizzati per il calcolo degli indici genomici.

	<b>Comisana</b>	<b>Massese</b>
Records	13,052	6,599
Animali con fenotipo	2,143	1,139
Pedigree		
1 gen	938	461
2 gen	436	172
3 gen	378	174
4 gen	399	211
5 gen	343	234
Inbreeding		
max	0.3750	0.3750
avg inbreed	0.0195 (n=2,965)	0.0375 (n=1,592)
avg all	0.0118 (n=4,927)	0.0239 (n=2,500)
Genotipi	540	375

In Tabella 15 sono riportate le statistiche delle cellule somatiche, trasformate in SCC, utilizzate nelle analisi.



Università degli Studi di Sassari - Dipartimento di Agraria

Viale Italia 39, 07100 Sassari

Partita IVA 00196350904

**Tabella 15.** Statistiche descrittive dei caratteri utilizzati nel calcolo degli indici genomici.

	<b>Comisana</b>	<b>Massese</b>
<b>min</b>	-3.64	-3.64
<b>mean±SD</b>	4.46±2.04	4.11±2.01
<b>max</b>	11.23	11.19

### **Modello e risultati**

Per entrambe le razze il modello utilizzato è stato:

$$Y = Y_{oB} + \text{MeseParto} + \text{DIM} + \text{TD (random)} + \text{Animal} + \text{PE} + e$$

In Tabella 16 sono riportati il numero di livelli per ciascun effetto.

**Tabella 16.** Descrizione degli effetti utilizzati nel modello

<b>Effetto</b>	<b>Comisana</b>	<b>Massese</b>
YoB	8	13
MeseParto	10	11
DIM (covariata)		
TD (random)	81	95
Animal / PE	4,927	2,500

In Tabella 17 sono riportati i risultati delle analisi in termini di accuratezza degli indici.

**Tabella 17.** Valori di accuratezza degli indici genomici

	<b>Comisana</b>	<b>Massese</b>
<b>mean±SD</b>	0.34±0.16	0.33±0.18
<b>max</b>	0.71	0.75



Università degli Studi di Sassari - Dipartimento di Agraria

Viale Italia 39, 07100 Sassari

Partita IVA 00196350904

## 7) Calcolo indici genomici (GEBV) per il carattere persistenza di lattazione

Utilizzando gli indici stimati con le analisi riportate nel punto 6) della presente relazione, sono stati calcolati gli indici di persistenza di lattazione come rapporto tra gli indici genetici stimati nei primi 40 giorni di lattazione e gli indici genetici stimati dopo i 70 giorni di lattazione.

## 8) Calcolo ereditabilità e ripetibilità dei caratteri in Comisana e Massese

I valori di ereditabilità ( $h^2$ ) e ripetibilità ( $r^2$ ) per i caratteri latte, grasso, proteina, stillbirth e survival sono stati calcolati con cinque modelli multi-breed (Comisana e Massese insieme) single-trait BLUP (Tabella 18).

**Tabella 18.** Valori di ereditabilità (e dove possibile di ripetibilità) ottenuti con modelli multi-breed single-trait BLUP.

	<b>Latte</b>	<b>Grasso</b>	<b>Proteina</b>	<b>Stillbirth</b>	<b>Survival</b>
<b>Ereditabilità</b>	0.13±0.02	0.06±0.01	0.12±0.01	0.10±0.05	0.10±0.05
<b>Ripetibilità</b>	0.29±0.01	0.08±0.01	0.17±0.01	–	–

Per studiare l'effetto delle correlazioni genetiche tra i caratteri latte, grasso e proteina, sui valori di ereditabilità e ripetibilità è stato messo a punto un modello 3-traits. I valori di ereditabilità, ripetibilità e correlazioni genetiche tra i caratteri sono riportati in Tabella 18.



Università degli Studi di Sassari - Dipartimento di Agraria

Viale Italia 39, 07100 Sassari

Partita IVA 00196350904

**Tabella 19.** Valori di ereditabilità, ripetibilità e correlazioni genetiche di latte, grasso e proteina.

	<b>Ereditabilità</b>	<b>Ripetibilità</b>	<b>Grasso</b>	<b>Proteina</b>
<b>Latte</b>	0.23±0.02	0.51±0.01	-0.15±0.06	-0.32±0.06
<b>Grasso</b>	0.06±0.01	0.08±0.01		0.52±0.05
<b>Proteina</b>	0.12±0.01	0.18±0.01		

Nel modello 3-traits i valori di  $h^2$  e  $r^2$  per il latte (Tabella 19) erano più elevati rispetto al single-trait (Tabella 18).



Università degli Studi di Sassari - Dipartimento di Agraria

Viale Italia 39, 07100 Sassari

Partita IVA 00196350904

## 9) Analisi dei dataset delle razze caprine Camosciata delle Alpi e Saanen

In Tabella 20 sono riportate le analisi dei dataset delle razze Camosciata delle Alpi e Saanen, mentre in Tabella 21 sono riportate le statistiche dei dati riproduttivi

**Tabella 20.** Descrizione dei dataset di Camosciata delle Alpi e Saanen

Razza	Animali	Aziende	Contratto		Figli LGS		Parenti noti		Becco FA	
			si	no	si	no	Sire	Dam	si	no
Saanen	6,618	139	2,504	4,114	0	6,618	4,827	5,298	458	6,160
Camosciata	6,426	177	3,442	2,984	2	6,424	4,500	4,943	592	5,834

**Tabella 21.** Descrizione dei dataset di Camosciata delle Alpi e Saanen

Razza	Età	Lattazioni			
		numero	latte	grasso	proteine
Saanen	4.1	2.73	755.24	25.89	25.20
Camosciata	4.3	3.32	698.69	25.27	23.90

## 10) Analisi del carattere interparto nelle razze caprine Camosciata delle Alpi e Saanen

In tabella 22 sono riportate le statistiche dei dataset usati nelle due razze per la stima dell'ereditabilità del carattere interparto (IntP). Il numero di records utilizzati era di 77051 e 74013 rispettivamente per la razza Saanen e Camosciata. L'interparto medio era di  $355 \pm 36$  (Saanen) e di  $356 \pm 32$  (Camosciata).



Università degli Studi di Sassari - Dipartimento di Agraria

Viale Italia 39, 07100 Sassari

Partita IVA 00196350904

**Tabella 22.** Descrizione dei dataset di Camosciata delle Alpi e Saanen

<b>Razza</b>	<b>Fenotipi</b>	<b>Animali con fenotipo</b>	<b>Pedigree</b>
Saanen (44)	77,051	36,310	46,191
Camosciata (45)	74,012	32,069	41,164

Per stimare componenti di varianza ed ereditabilità è stato utilizzato il seguente animal model:

$$\text{IntP} = \text{HYS} + a + \text{PE} + e$$

Dove HYS era l'effetto fisso della combinazione allevamento, anno, stagione; a era l'effetto random animale, sviluppato con l'utilizzo della matrice di parentela **A** costruita tracciando i pedigree indietro per tre generazioni a partire dagli animali con fenotipo; PE era l'effetto casuale dell'ambiente permanente (permanent environment); e era l'effetto casuale degli errori.

Ereditabilità ( $h^2$ ) e ripetibilità ( $r^2$ ) del carattere IntP sono state calcolate con le seguenti formule:

$$h^2 = \sigma_a^2 / (\sigma_a^2 + \sigma_{PE}^2 + \sigma_e^2)$$

$$r^2 = (\sigma_a^2 + \sigma_{PE}^2) / (\sigma_a^2 + \sigma_{PE}^2 + \sigma_e^2)$$

Dove  $\sigma_a^2$  è la varianza animale,  $\sigma_{PE}^2$  è la varianza associata all'effetto ambiente permanente. In tabella 23 sono riportati i valori di componenti di varianza,  $h^2$ , e  $r^2$  stimati nelle due razze per il carattere IntP. Data il forte impatto della varianza errore, i valori di  $h^2$  e  $r^2$  calcolati erano prossimi all'1%.

**Tabella 23.** Componenti di varianza, ereditabilità e ripetibilità stimati per il carattere interparto nelle razze caprine Camosciata delle Alpi e Saanen

<b>Razza</b>	<b>Animale</b>	<b>PE</b>	<b>Errore</b>	<b>Ereditabilità</b>	<b>Ripetibilità</b>
Saanen (44)	7.61±2.48	1.03±1.25	849.59±5.20	0.01±0.003	0.01±0.004
Camosciata (45)	5.67±1.36	0.29±0.16	633.46±3.55	0.01±0.002	0.01±0.002



Università degli Studi di Sassari - Dipartimento di Agraria

Viale Italia 39, 07100 Sassari

Partita IVA 00196350904

## 11) Azioni di divulgazione

I risultati delle analisi ssGBLUP sui dati di pecora Comisana saranno presentati durante il 24° congresso ASPA a Padova (21-24 Settembre 2021) con il seguente contributo, già accettato dal comitato scientifico:

*Application of single-step GBLUP in Italian Comisana sheep.* S Biffani, A Cesarani, A Negro, M Cortellari, S Grande, P Crepaldi, NPP Macciotta

Il responsabile scientifico  
Nicolò P.P. Macciotta