

I – BEEF

Progetto finanziato nell'ambito
Della sottomisura 10.2
PSRN 2014 - 2020



Fondo Europeo agricolo

Per lo sviluppo rurale:

l'Europa investe

Autorità di gestione: Direzione Generale dello Sviluppo Rurale del Ministero delle Politiche Agricole Alimentari e Forestali e del Turismo (MIPAAFT)

CALCOLO PARENTELE GENOMICHE

Sono stati selezionati i soggetti testati al centro genetico genotipizzati alla data del 30/04/2020.

MARCHIGIANA: 842

CHIANINA: 875

ROMAGNOLA: 872

E' stato quindi estratto dal database del libro genealogico il pedigree degli animali.

MARCHIGIANA: 5519

CHIANINA: 6455

ROMAGNOLA: 4918

Per ciascun animale presente tra i testati o nel pedigree è stato estratto, quando disponibile, il profilo genomico.

MARCHIGIANA: 1055

CHIANINA: 1066

ROMAGNOLA: 1061

Sono stati quindi utilizzati i programmi RENUMF90 per normalizzare i files e PREGSF90 per il calcolo delle parentele classiche e genomiche.

Il set di SNPs utilizzato comprende 30011 SNPs inclusi nel chip Bovine GeneSeek® Genomic Profiler-LD chip (GGP Bovine LD v4).

Il QC (Quality Control) del programma PREGSF90 ha controllato il database eliminando i seguenti problemi:

| | SNPs con call rate <0.90 | SNPs con MAF <0.05 | SNPs mono morfici | Animali con call rate <0.90 | Conflitti mendeliani | Numero di SNPs effettivi dopo QC | Numero di soggetti genotipizzati dopo QC |
|-------------|--------------------------|--------------------|-------------------|-----------------------------|----------------------|----------------------------------|--|
| MARCHIGIANA | 5548 | 5651 | 2089 | 9 | 5 | 19287 | 1049 |
| CHIANINA | 5562 | 6437 | 2777 | 3 | 3 | 18668 | 1060 |
| ROMAGNOLA | 5566 | 6088 | 2356 | 9 | 3 | 18953 | 1049 |

Sono state quindi calcolate le parentele "classiche" e genomiche con le seguenti correlazioni:

MARCHIGIANA: 0.2816

CHIANINA: 0.3449

ROMAGNOLA: 0.0907

Sono quindi state calcolate le parentele medie genomiche e classiche tra i soli soggetti testati al centro genetico.

Procedura:

- 1) CREA_FILES.PRG
- 2) FILE_PEDIGREE.PRG
- 3) STAMPA_PER_PREGSF90.PRG
CREA TRE FILES:
PEDIGREE.TXT -> FILE PEDIGREE
PHENO.TXT->FILE DEI DATI FENOTIPICI (IN QUESTO CASO L'AMG IN TEST)
SNPS-> FILE DEGLI SNPS (AA->0 AB->1 BA->1 BB->2 MISSING->5)
- 4) RENUMF90 ->>GRM.PAR
- 5) PREGSF90 ->>RENF90.PAR
- 6) RISULTATI.PRG (PRIMO FILE G_ORIG.TXT SECONDO FILE A_22ORIG.TXT)
- 7) G_INB_MEDIO.DBF I DATI DI IMBREEDING MEDIO DEI SOGGETTI TESTATI AL CG

G_ORIG.TXT -> MATRICE PARENTELE GENOMICHE

A22_ORIG.TXT ->MATRICE PARENTELE CLASSICHE

DIAGGORIG.TXT->DIAGONALE MATRICE PARENTELE GENOMICHE