

CONSULENZA TECNICO-SCIENTIFICA NELL'AMBITO DEL PROGETTO DUALBREEDING2 "LE RAZZE BOVINE A DUPLICE ATTITUDINE: UN MODELLO ALTERNATIVO DI ZOOTECNIA ECO-SOSTENIBILE" – PSRN PROGRAMMA DI SVILUPPO RURALE NAZIONALE 2014/2020 – SOTTOMISURA 10.2 - SOSTEGNO PER LA CONSERVAZIONE, L'USO E LO SVILUPPO SOSTENIBILI DELLE RISORSE GENETICHE IN AGRICOLTURA – ATTIVITÀ DI CARATTERIZZAZIONE DELLE RISORSE GENETICHE ANIMALI DI INTERESSE ZOOTECNICO E SALVAGUARDIA DELLA BIODIVERSITÀ

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

Aggiornamento sullo stato di avanzamento delle attività del progetto a Luglio 2024

Gestione dei dati genomici

Per le analisi delle razze bovine italiane a duplice attitudine sono stati utilizzati animali appartenenti a 18 razze diverse, genotipizzati con diversi beadchip processati in tempi diversi durante il progetto. Di questi diversi files sono stati selezionati i marcatori molecolari comuni a tutte le razze, che sono poi stati sottoposti a controllo di qualità, per il quale sono stati eliminati dal dataset:

- i marcatori con frequenza dell'allele minore $< 5\%$ e tasso di chiamata (SNP call rate) $< 95\%$;
- i marcatori con deviazione dall'equilibrio di Hardy-Weinberg ($p > 1e^{-6}$);
- gli animali con tasso di chiamata (animal call rate) $< 95\%$.

I dati genomici sono inoltre stati filtrati escludendo i marcatori non mappati e quelli mappati sui cromosomi sessuali. Dopo il QC i marcatori sono stati aggiornati alla versione ARS UCD 1.2 ed è stato creato un dataset finale con 51,169. Il dettaglio dei campioni utilizzati per le analisi è riportato in Tabella 1.

Tabella 1. Nome, codice numerico, sigla e numerosità delle razze oggetto di studio.

| Razza | Codice numerico razza | Sigla razza | N animali |
|---------------------------------|------------------------------|--------------------|------------------|
| Burlina | 19 | BUR | 165 |
| Cabannina | 62 | CAB | 108 |
| Garfagnina | 58 | GAR | 19 |
| Modenese | 6 | MDN | 96 |
| Reggiana | 7 | REG | 370 |
| Rendena | 10 | REN | 1,000 |
| Varzese | 67 | VAR | 39 |
| Pustertaler | 77 | PST | 150 |
| Pinzagauer | 14 | PZG | 163 |
| Grigio Alpina | 11 | GAL | 150 |
| Pezzata Rossa | 4 | PRI | 475 |
| Modicana | 8 | MOD | 578 |
| Cinisara | 96 | CIN | 489 |
| Agerolese | 63 | AGE | 29 |
| Valdostana Pezzata Rossa | 3 | VRP | 100 |
| Valdostana Pezzata Nera/Castana | 18 | ABC | 100 |
| Valdostana Castana / Heren | 61 | ACH | 100 |
| Pezzata Rossa d'Oropa | 9 | ORO | 100 |
| Totale | | | 4,231 |

I dati genomici sono poi stati analizzati con diversi software:

- Python (versione 3.9.0);
- R (versione 3.6.1);
- Plink (versione 1.9), per preparare i dati genomici;
- GCTA (versione 1.92.1) per calcolare la matrice di parentela genomica (GRM);
- Arlequin (versione 3.5.2.2), per calcolare le distanze genetiche tra le razze;
- Admixture (versione 1.3.0), per l'analisi admixture.

ANALISI DATI

Studio delle distanze genetiche fra razze

Tramite il software Arlequin, le razze sono state confrontate a coppie utilizzando l'indice di fissazione di Wright (F_{ST}) e la distanza di Reynolds (1983), e i risultati sono riportati in Tabella 2. In entrambi i casi, come atteso, il valore più basso (0.005) era quello del confronto fra Valdostana Castana / Heren (ACH) e Valdostana Pezzata Nera (ABC), mentre il valore più alto ($F_{ST} = 0.07$; distanza di Reynolds = 0.072) era quello relativo al confronto fra Valdostana Pezzata Rossa (VRP) e Garfagnina (GAR). I valori di F_{ST} sono anche stati rappresentati graficamente nella HeatMap riportata in Figura 1. In generale, la razza con i valori più bassi è la Pustertaler, mentre quelle con i valori più alti sono le tre Valdostane e la Garfagnina.

**Tabella 2.** F_{ST} (sotto diagonale) e Reynolds (sopra diagonale) calcolati con Arlequin

| | ABC | ACH | AGE | BUR | CAB | CIN | GAL | GAR | MDN | MOD | ORO | PRI | PST | PZG | REG | REN | VAR | VRP |
|-----|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|
| ABC | | 0.005 | 0.038 | 0.040 | 0.037 | 0.037 | 0.043 | 0.061 | 0.051 | 0.051 | 0.036 | 0.034 | 0.024 | 0.047 | 0.039 | 0.044 | 0.043 | 0.046 |
| ACH | 0.005 | | 0.046 | 0.049 | 0.046 | 0.046 | 0.051 | 0.064 | 0.058 | 0.059 | 0.047 | 0.043 | 0.033 | 0.055 | 0.048 | 0.051 | 0.051 | 0.058 |
| AGE | 0.037 | 0.045 | | 0.025 | 0.027 | 0.026 | 0.036 | 0.046 | 0.043 | 0.045 | 0.035 | 0.031 | 0.022 | 0.036 | 0.031 | 0.037 | 0.033 | 0.050 |
| BUR | 0.039 | 0.048 | 0.025 | | 0.033 | 0.033 | 0.042 | 0.047 | 0.046 | 0.048 | 0.041 | 0.037 | 0.027 | 0.037 | 0.035 | 0.042 | 0.037 | 0.052 |
| CAB | 0.037 | 0.045 | 0.027 | 0.033 | | 0.031 | 0.036 | 0.045 | 0.042 | 0.045 | 0.036 | 0.033 | 0.024 | 0.040 | 0.033 | 0.036 | 0.033 | 0.049 |
| CIN | 0.036 | 0.045 | 0.025 | 0.032 | 0.030 | | 0.039 | 0.045 | 0.043 | 0.029 | 0.037 | 0.033 | 0.024 | 0.038 | 0.033 | 0.039 | 0.033 | 0.048 |
| GAL | 0.042 | 0.049 | 0.035 | 0.041 | 0.035 | 0.038 | | 0.050 | 0.048 | 0.051 | 0.044 | 0.039 | 0.032 | 0.047 | 0.039 | 0.043 | 0.040 | 0.055 |
| GAR | 0.059 | 0.062 | 0.045 | 0.046 | 0.044 | 0.044 | 0.049 | | 0.054 | 0.053 | 0.058 | 0.051 | 0.045 | 0.052 | 0.045 | 0.048 | 0.049 | 0.072 |
| MDN | 0.049 | 0.056 | 0.042 | 0.045 | 0.041 | 0.042 | 0.047 | 0.053 | | 0.054 | 0.052 | 0.045 | 0.039 | 0.051 | 0.044 | 0.048 | 0.045 | 0.062 |
| MOD | 0.050 | 0.057 | 0.044 | 0.047 | 0.044 | 0.029 | 0.049 | 0.052 | 0.052 | | 0.054 | 0.048 | 0.041 | 0.052 | 0.044 | 0.048 | 0.046 | 0.063 |
| ORO | 0.035 | 0.046 | 0.034 | 0.040 | 0.036 | 0.036 | 0.043 | 0.056 | 0.051 | 0.053 | | 0.028 | 0.018 | 0.048 | 0.040 | 0.046 | 0.042 | 0.036 |
| PRI | 0.033 | 0.042 | 0.030 | 0.036 | 0.032 | 0.032 | 0.039 | 0.049 | 0.044 | 0.047 | 0.027 | | 0.018 | 0.042 | 0.035 | 0.040 | 0.036 | 0.040 |
| PST | 0.023 | 0.033 | 0.021 | 0.027 | 0.024 | 0.024 | 0.031 | 0.044 | 0.038 | 0.040 | 0.018 | 0.018 | | 0.034 | 0.028 | 0.034 | 0.029 | 0.030 |
| PZG | 0.046 | 0.053 | 0.035 | 0.036 | 0.039 | 0.038 | 0.046 | 0.050 | 0.050 | 0.051 | 0.047 | 0.041 | 0.034 | | 0.040 | 0.047 | 0.043 | 0.059 |
| REG | 0.039 | 0.047 | 0.031 | 0.034 | 0.032 | 0.032 | 0.038 | 0.044 | 0.043 | 0.043 | 0.040 | 0.034 | 0.027 | 0.040 | | 0.039 | 0.031 | 0.051 |
| REN | 0.043 | 0.050 | 0.036 | 0.041 | 0.035 | 0.038 | 0.042 | 0.047 | 0.047 | 0.047 | 0.045 | 0.039 | 0.033 | 0.046 | 0.039 | | 0.040 | 0.055 |
| VAR | 0.042 | 0.049 | 0.033 | 0.036 | 0.033 | 0.033 | 0.039 | 0.047 | 0.044 | 0.045 | 0.041 | 0.036 | 0.029 | 0.042 | 0.031 | 0.039 | | 0.055 |
| VRP | 0.045 | 0.056 | 0.049 | 0.051 | 0.048 | 0.047 | 0.054 | 0.070 | 0.061 | 0.061 | 0.035 | 0.039 | 0.030 | 0.058 | 0.049 | 0.054 | 0.054 | |

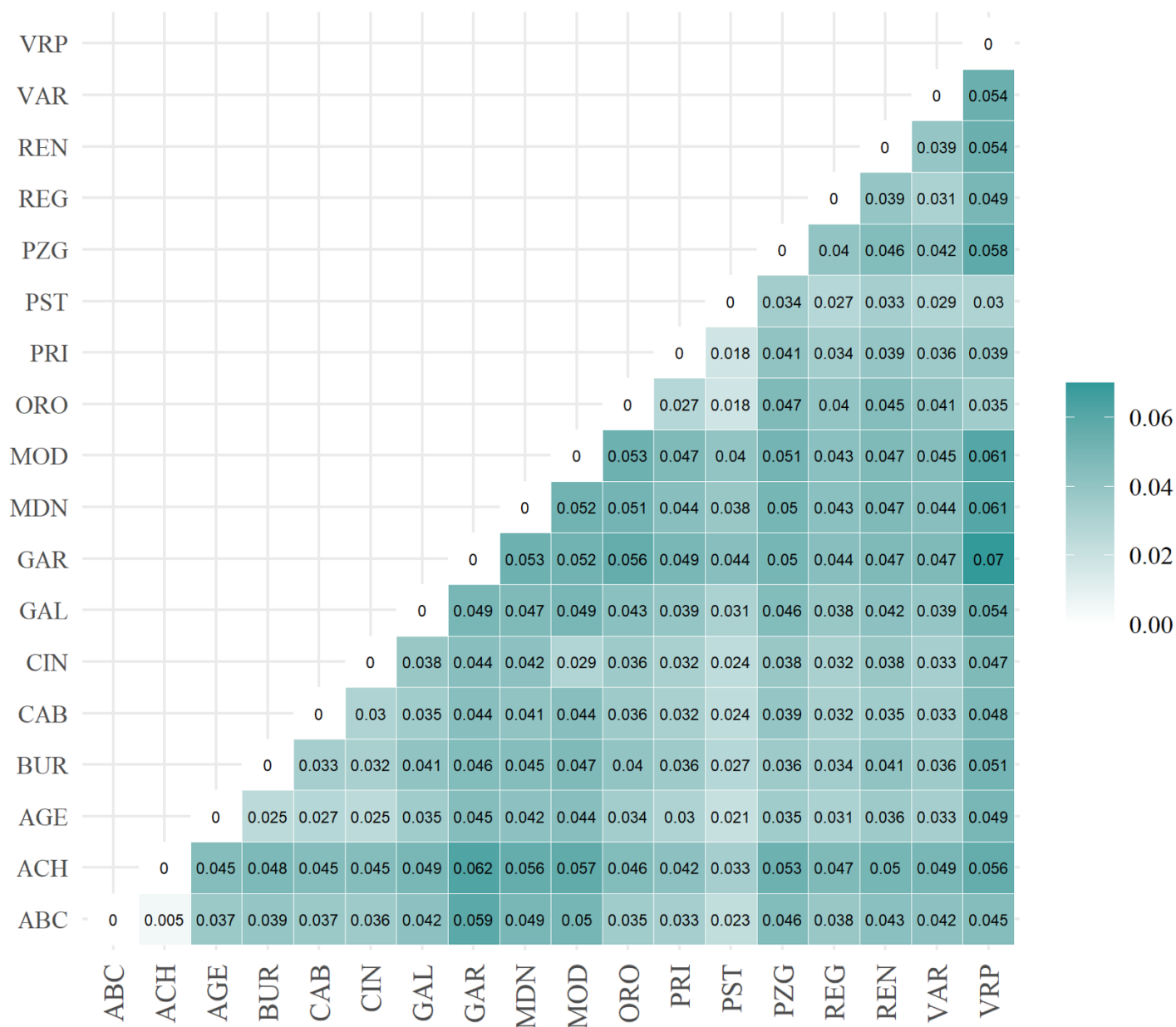


Figura 1. HeatMap dei valori di F_{ST} calcolati per i confronti a coppie.

In Figura 2 è riportata la rappresentazione grafica del *Neighbour-Net* fra le razze costruito sulla base dell' F_{ST} , e in Figura 3 sulla base delle distanze di Reynolds. In entrambe le figure si può notare come la Valdostana Castana e la Valdostana Pezzata Nera siano molto vicine geneticamente (in quanto si trovano sullo stesso ramo del grafico), mentre la Valdostana Pezzata Rossa si distingue, risultando più vicina alla Pezzata Rossa d'Oropa. Le altre razze tendono ad essere meno interconnesse, ad eccezione delle due razze siciliane, Modicana e Cinisara, che, come atteso, risultano collegate.

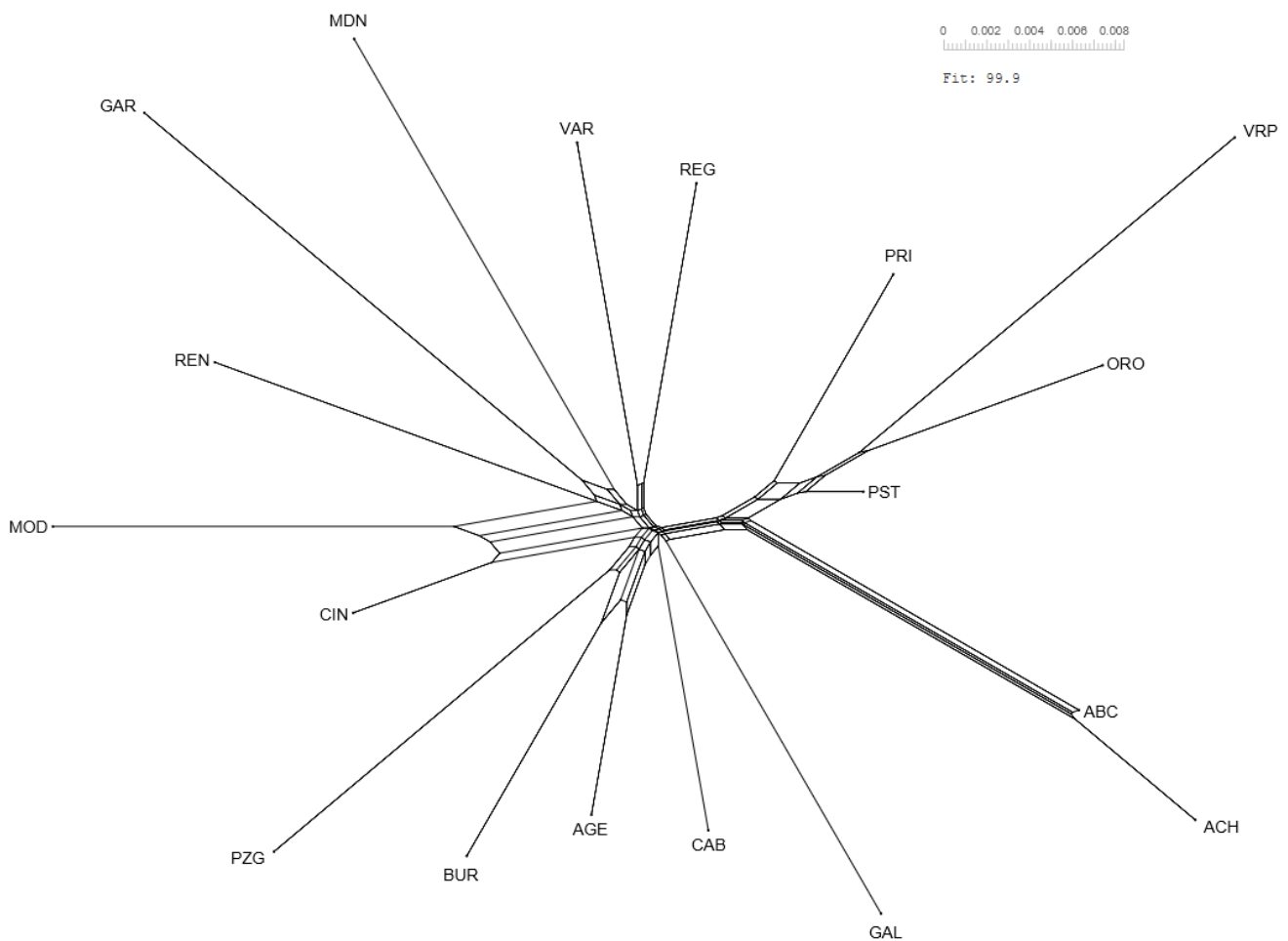


Figura 2. Net calcolato sulla base dei valori di F_{ST} .

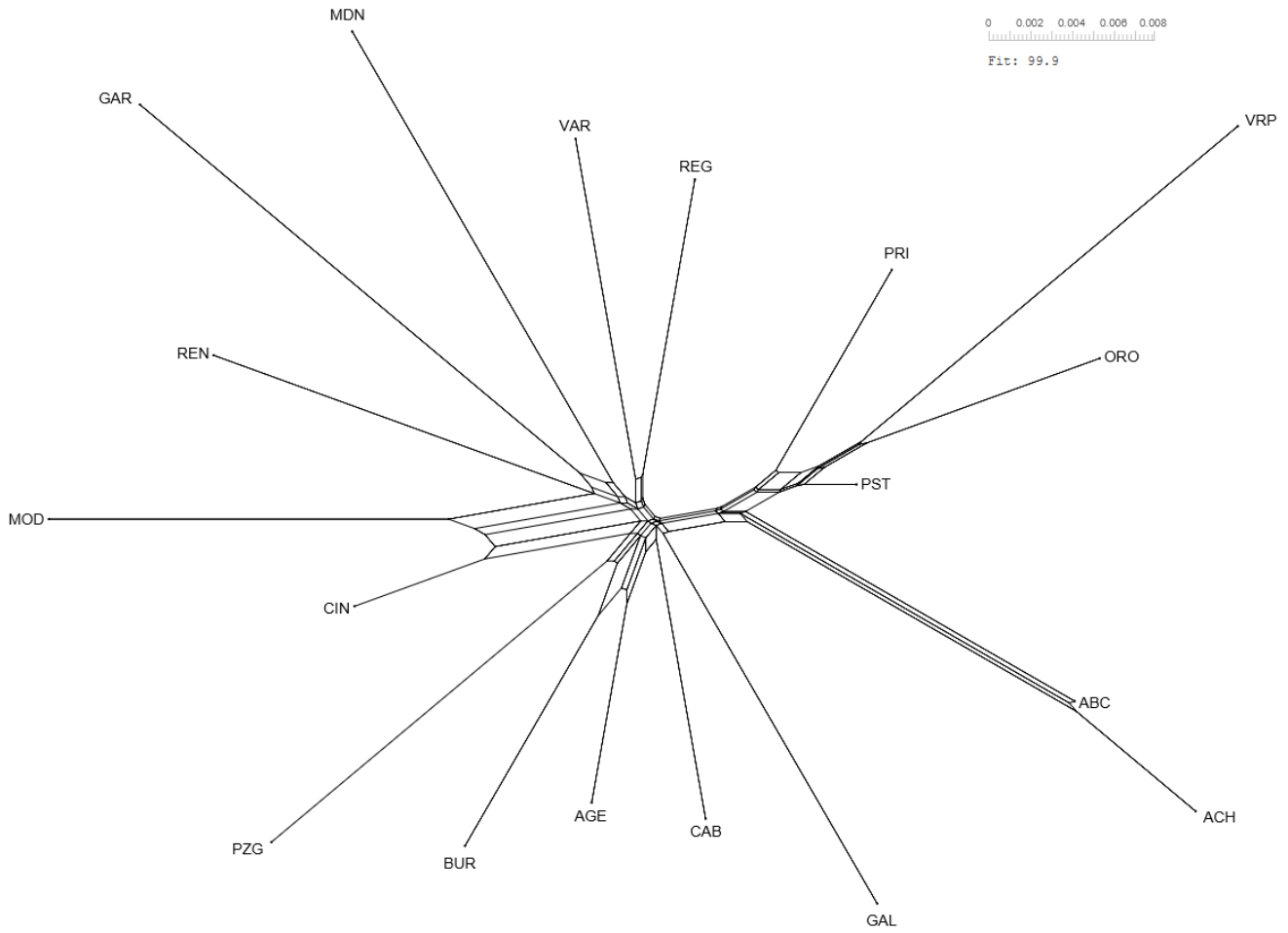


Figura 3. Net calcolato sulla base dei valori di distanza di Reynolds.

In Figura 4 e 5 sono riportati gli alberi filogenetici ottenuti con il metodo Neighbor Joining (NJ), rispettivamente sulla base dei valori di F_{ST} e delle distanze di Reynolds. I risultati ottenuti sono in accordo con quelli sopra riportati. Infatti, anche in questo caso Valdostana Castana (ACH) e Valdostana Pezzata Nera (ABC) formano un gruppo a sé, mentre la Valdostana Pezzata Rossa (VRP) sembra essere più vicina a Pezzata Rossa d'Oropa, Pustertaler e Pezzata Rossa Italiana. Anche in questo caso, le due razze siciliane risultano sullo stesso ramo.

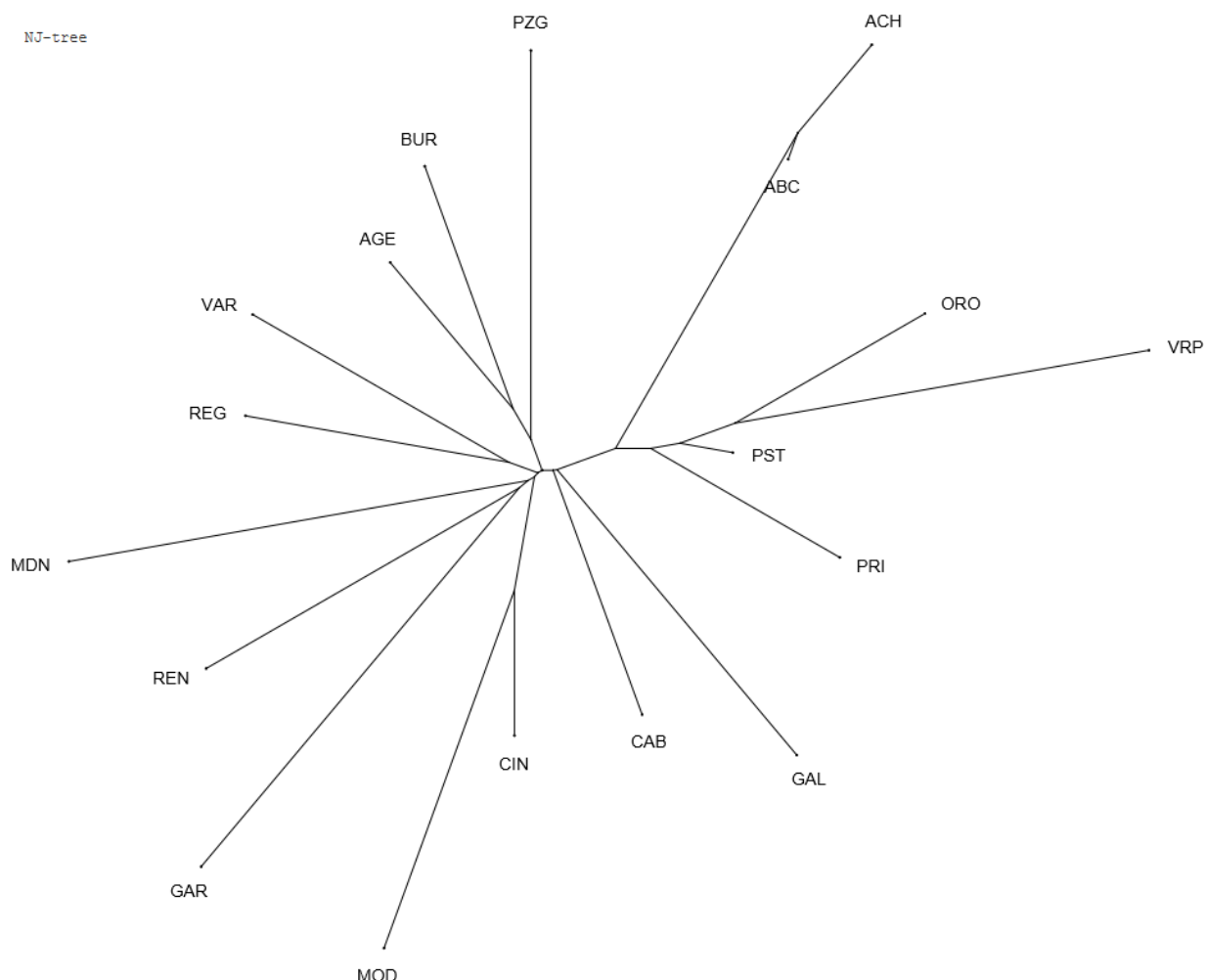


Figura 4. Neighbor joining tree calcolato sulla base dei valori di F_{ST} .

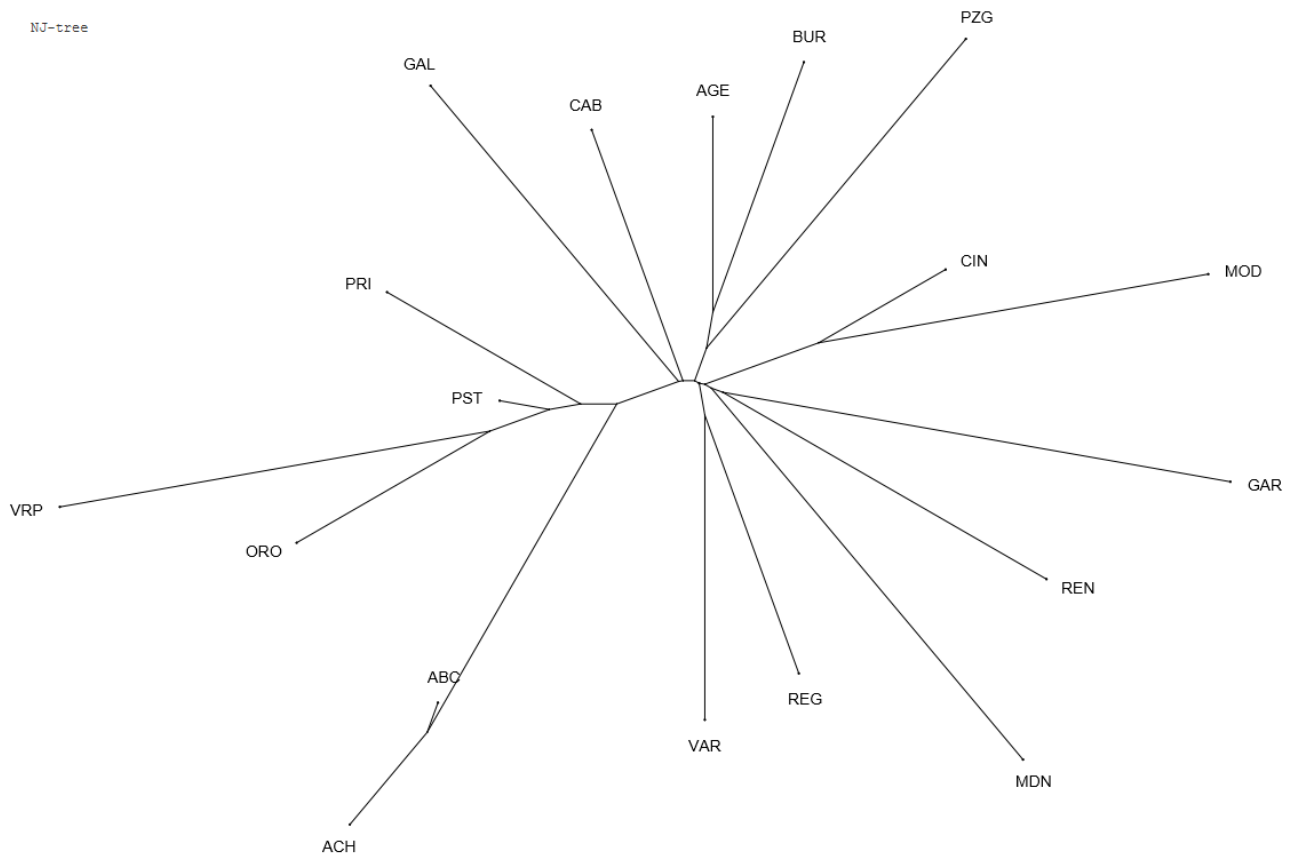


Figura 5. Neighbor joining tree calcolato sulla base dei valori di distanza di Reynolds.

Componenti principali sulla matrice di parentela genomica

Usando il software GCTA è stata costruita la matrice di parentela genomica (GRM) fra tutti gli animali. Per semplificare la visualizzazione e l'interpretazione della stratificazione della popolazione, è stata condotta l'analisi delle componenti principali (PCA) sulla matrice GRM. In Figura 6 è mostrata la distribuzione della percentuale di varianza spiegata dalle prime dieci componenti principali estratte. La PC1 spiega il 27.1% della variabilità totale e la PC2 il 17.1%. La percentuale di variabilità spiegata dalla terza PC scende al 4.5%, per poi diminuire gradualmente sino alla decima componente, che spiega solo l'1%. I risultati della rappresentazione grafica delle prime due componenti principali è riportata in Figura 7 (tutti gli animali) e Figura 8 (valori medi per razza). Nell'asse X è riportata la prima componente principale, che spiegava il 27.1% della variabilità totale della matrice GRM, mentre nell'asse Y è rappresentata la seconda componente principale (17.07% della variabilità totale). Sulla base della prima componente principale, si possono notare tre gruppi principali:

- uno formato dalla sola Rendena, con valori negativi per entrambe le componenti e distante da tutte le altre razze;
- uno formato dalle due razze siciliane, Cinisara e Modicana, con valori positivi; questo risultato è maggiormente visibile nella Figura 8 quando si analizzano i valori medi per razza;
- un altro, centrale (intorno allo zero), composto da tutte le altre razze.

Guardando ai valori medi per razza riportati in Figura 8, la seconda componente principale, invece, mostra:

- Modicana, Cinisara, Rendena e Garfagnina con valori negativi;
- un gruppo formato dalle tre razze Valdostane, Pezzata Rossa d'Oropa, Pustertaler e Pezzata Rossa Italiana con valori intorno all'1;
- un gruppo centrale (fra 0 e 1) composto dalle rimanenti razze.

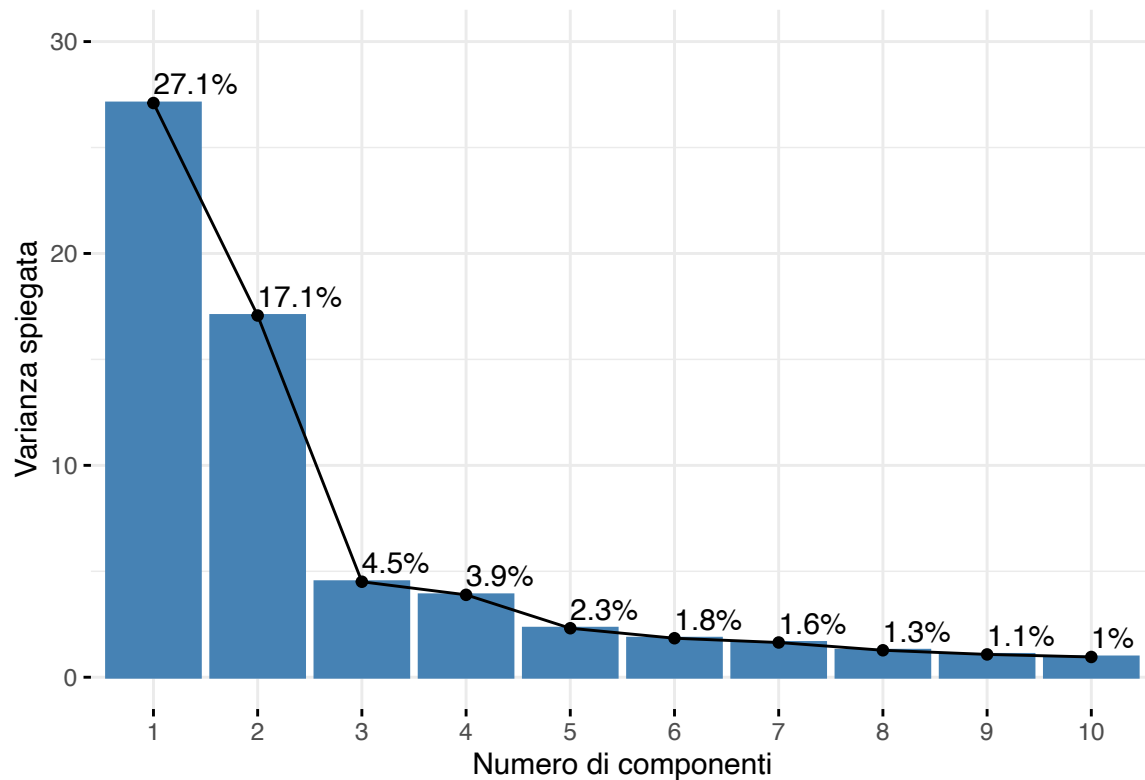


Figura 6. Scree plot che mostra la varianza spiegata da ciascuna delle prime 10 componenti principali estratte dalla matrice di parentela genomica.

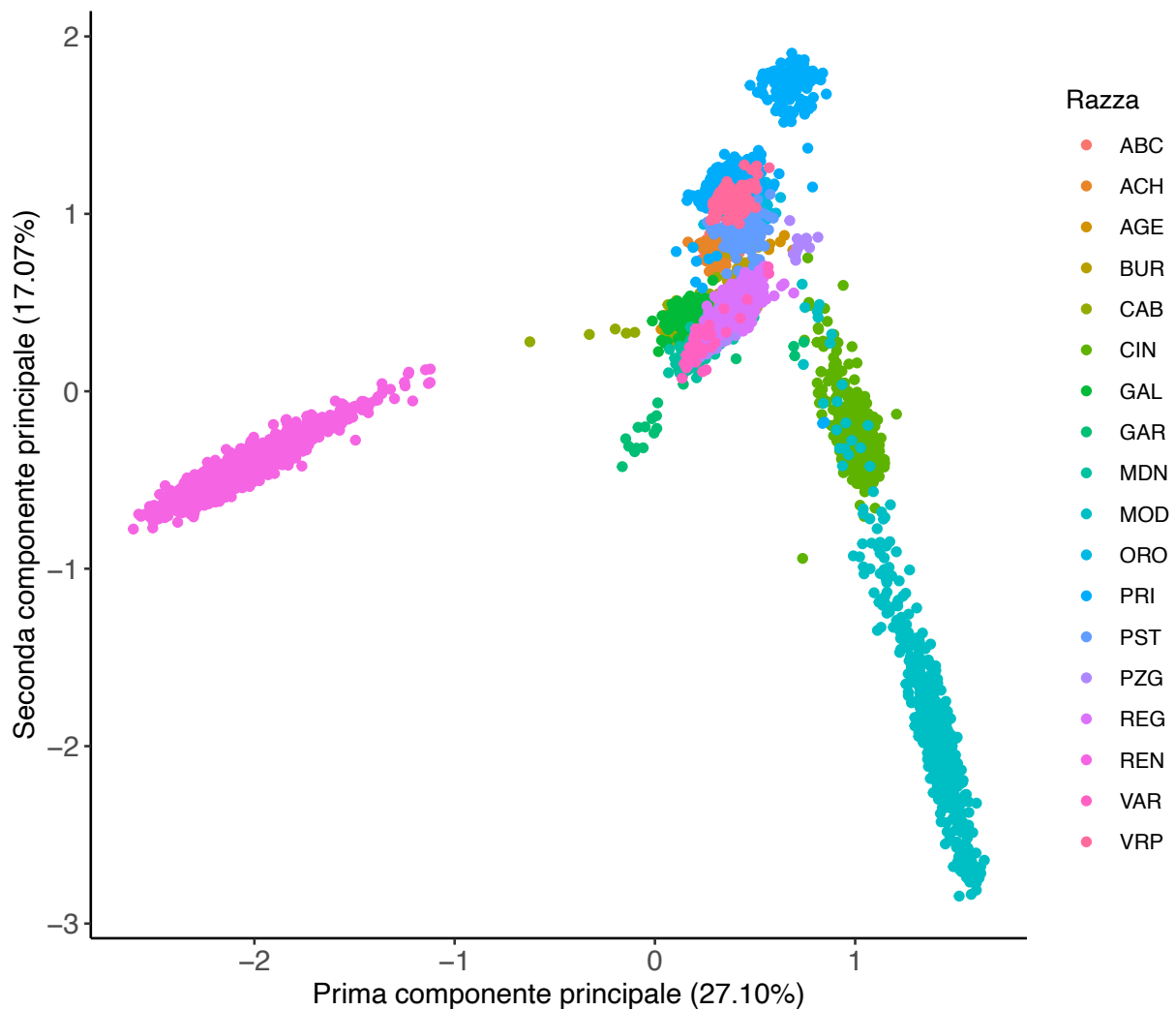


Figura 7. Componenti principali estratte dalla matrice di parentela genomica.

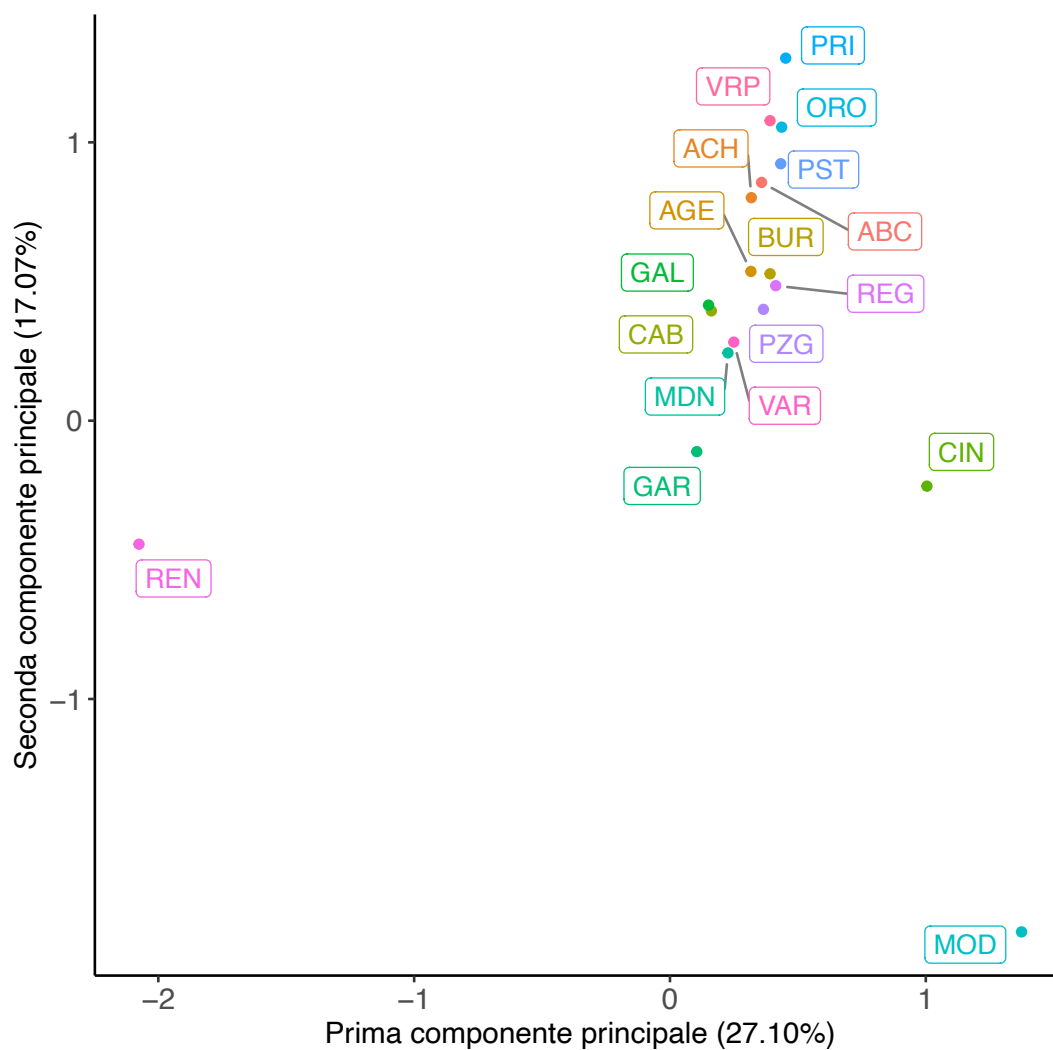


Figura 8. Componenti principali estratte dalla matrice di parentela genomica.

Analisi Admixture

Il software Admixture evidenzia la proporzione di discendenza delle diverse razze. Il numero di ascendenze (K) considerate nell'analisi (da 2 a 20) è stato selezionato tramite una *cross validation* (CV) e tenendo in considerazione l'errore CV (Tabella 3).

Tabella 3. Errore CV per numero di ascendenze (K).

| K | Errore CV |
|----|-----------|
| 2 | 0.64435 |
| 3 | 0.63686 |
| 4 | 0.63325 |
| 5 | 0.62989 |
| 6 | 0.62738 |
| 7 | 0.62502 |
| 8 | 0.62284 |
| 9 | 0.62104 |
| 10 | 0.62012 |
| 11 | 0.61777 |
| 12 | 0.61633 |
| 13 | 0.6149 |
| 14 | 0.61346 |
| 15 | 0.61221 |
| 16 | 0.61093 |
| 17 | 0.60972 |
| 18 | 0.60865 |
| 19 | 0.60762 |
| 20 | 0.60683 |

È stato scelto il modello con $K = 20$, che mostrava la percentuale di errore di previsione più bassa (Figura 9).

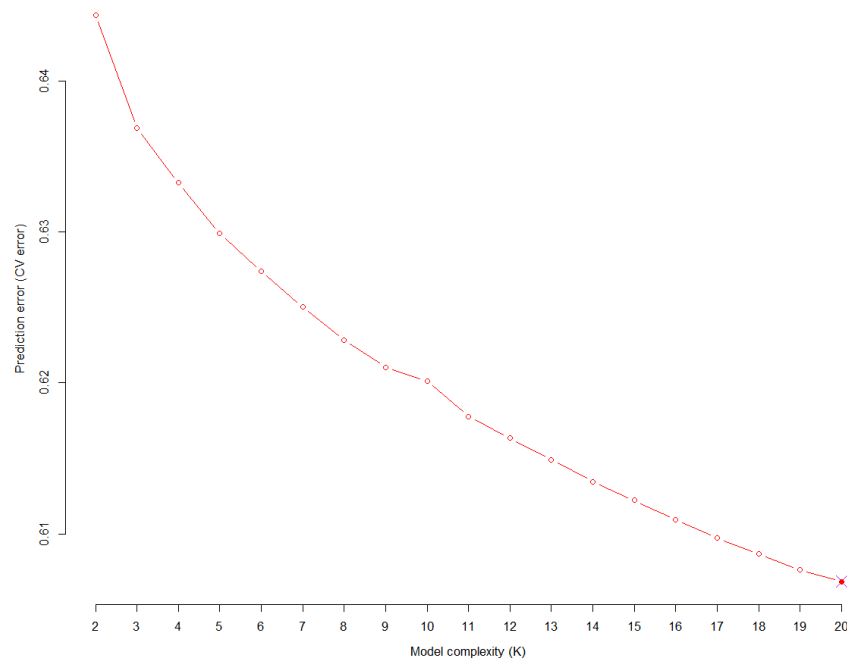


Figure 9. Errore di previsione in base al numero di gruppi (K) considerati nel modello.

Nella Figura 10 ciascun gruppo (K) identificato viene rappresentato da un colore diverso; dal grafico si può notare come le razze ABC e ACH siano molto simili tra di loro (gli animali hanno grandi porzioni colorate in viola). Il colore grigio (probabilmente associato alla razza VRP) è presente anche nelle razze Pezzata Rossa d'Oropa (ORO) e Pustertaler (PST); questo risultato conferma quanto osservato nell'analisi delle distanze genetiche (Figure 4 e 5).

Il colore verde brillante è stato associato alla razza Reggiana, e non è presente negli altri animali se non in misura molto ridotta nella razza Varzese. Un'altra razza ben distinta, secondo l'analisi Admixture, potrebbe essere la Grigio Alpina, a cui è stato associato un color "senape" che non è presente in misura apprezzabile negli altri animali. Modicana (MOD) e Cinisara (CIN) sembrano essere accomunate dai colori rosso e ocra.

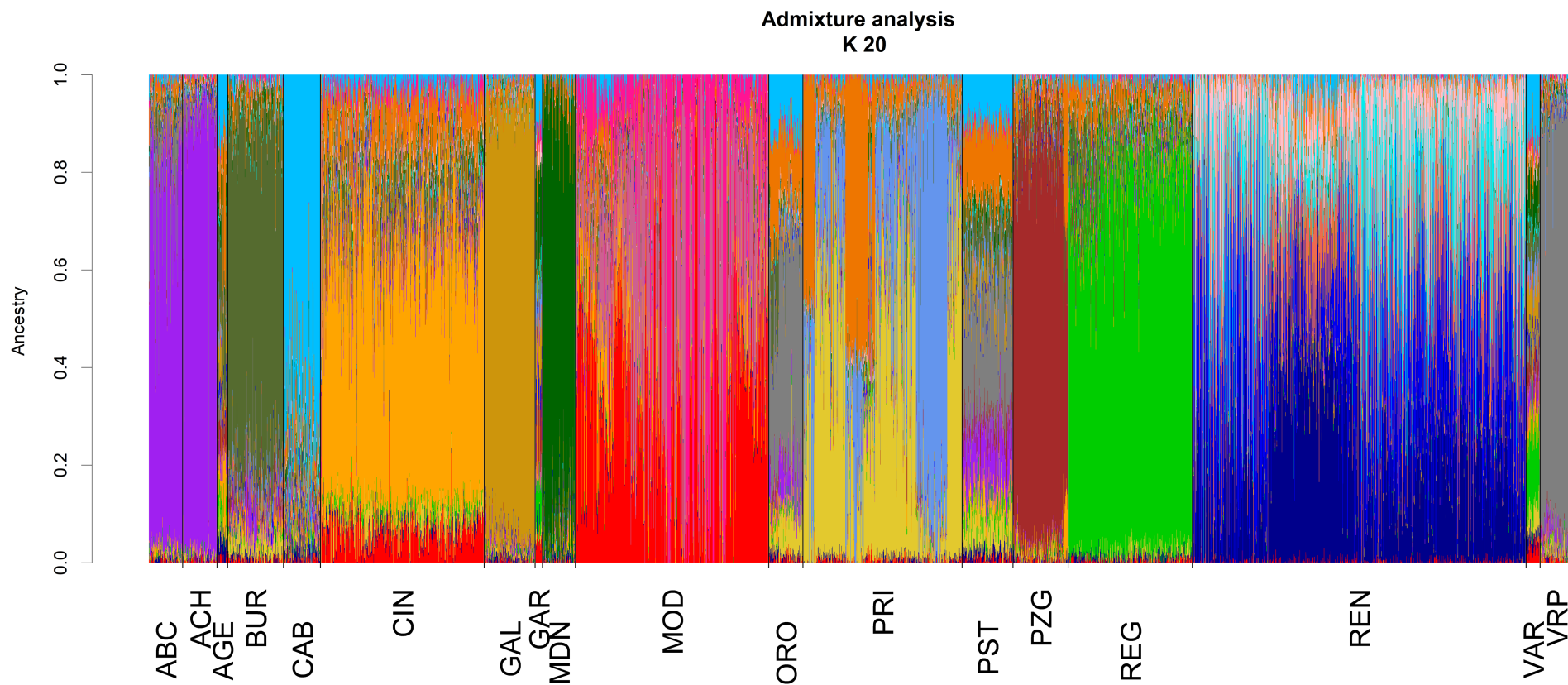


Figura 10. Admixture analysis.

Analisi canonica discriminante

Il dataset è stato analizzato con un approccio multivariato; in particolare, sono state fatte due analisi usando il software SAS:

- *stepwise discriminant analysis* (SDA) = analisi che permette la riduzione dimensionale del dataset andando a selezionare le variabili (in questo caso gli SNP) che maggiormente discriminano tra i gruppi considerati (in questo caso le razze);
- *canonical discriminant analysis* (CDA) = analisi che evidenzia le differenze tra i gruppi (razze) e aiuta nell'interpretazione delle relazioni tra le variabili considerate.

Le analisi hanno permesso di calcolare le distanze tra le razze (Tabella 4): anche in questo caso le razze più vicine (distanza di 21) erano ABC e ACH. Le due razze più lontane (distanza di 298) erano VRP e GAR.

Tramite la CDA si sono identificati 275 marcatori (elenco in Tabella 5) che hanno consentito di discriminare tra i gruppi e di assegnare gli animali alla razza di appartenenza con un errore medio del 1.5% (Tabella 6). I marcatori maggiormente discriminanti erano distribuiti su tutti i cromosomi autosomali ad eccezione di BTA13 e BTA26. Il numero di marcatori per cromosoma andava da 3 (su BTA12 e BTA18) a 37 (sul cromosoma 5).

**Tabella 5.** Elenco dei marcatori molecolari SNP in grado di discriminare tra le razze oggetto di studio.

| | | | | | |
|------------------------|-----------------------|------------------------|------------------------|-----------------------|-----------------------|
| BTB-01160178 | ARS-BFGL-NGS-23961 | BovineHD0600018812 | ARS-BFGL-NGS-4898 | BovineHD1900009455 | BovineHD2500011637 |
| BTA-20344-no-rs | ARS-USDA-AGIL-chr5-27 | BTB-01899352 | BTB-01825498 | Hapmap59534-rs2902253 | BovineHD2500011641 |
| Hapmap27230-BTA-162491 | BovineHD0500008899 | Hapmap43042-BTA-76779 | BovineHD1000028008 | ARS-BFGL-NGS-104611 | BovineHD2700002837 |
| BTB-00022352 | BovineHD0500009344 | Hapmap24088-BTA-144179 | BTA-111053-no-rs | BovineHD1900011364 | BovineHD2700004264 |
| ARS-BFGL-NGS-37379 | BTB-01226625 | ARS-BFGL-NGS-93711 | BovineHD1000029343 | ARS-BFGL-NGS-34272 | BovineHD2700004772 |
| BTB-01806856 | BovineHD0500009890 | BovineHD0600023346 | ARS-USDA-AGIL-chr11 | BovineHD2000000327 | ARS-BFGL-NGS-23467 |
| BovineHD0100037733 | BovineHD0500010052 | ARS-BFGL-NGS-99486 | BTB-01060160 | BovineHD2000002450 | BovineHD2700005938 |
| ARS-BFGL-NGS-76160 | BTB-01477571 | BTB-01544044 | Hapmap52226-rs29018 | ARS-BFGL-NGS-117139 | ARS-BFGL-NGS-84161 |
| ARS-BFGL-NGS-56584 | ARS-BFGL-NGS-38733 | BovineHD0600030451 | BovineHD1100017452 | BovineHD2000004233 | BovineHD2700009021 |
| BTA-15333-no-rs | BovineHD0500014072 | BovineHD0700002547 | BovineHD1100018912 | Hapmap39836-BTA-50001 | BovineHD2700009289 |
| BovineHD0100012690 | ARS-BFGL-NGS-3921 | BovineHD0700002775 | BTA-07322-no-rs | ARS-BFGL-NGS-83738 | ARS-BFGL-NGS-1389 |
| BovineHD0200002604 | BovineHD0500016005 | BovineHD0700002801 | BovineHD4100009041 | Hapmap41280-BTA-50090 | BovineHD4100018403 |
| Hapmap43586-BTA-46818 | BovineHD0500016066 | ARS-USDA-AGIL-chr7 | BovineHD1100022453 | BovineHD2000010833 | BovineHD2800001921 |
| BTB-00093748 | ARS-BFGL-NGS-14781 | BovineHD0700002981 | ARS-BFGL-NGS-1931 | BTB-00789218 | Hapmap38041-BTA-64824 |
| Hapmap25251-BTA-133896 | ARS-USDA-AGIL-chr5-57 | ARS-USDA-AGIL-chr7 | BovineHD1100024092 | BovineHD2000019705 | BovineHD2800008103 |
| ARS-BFGL-NGS-18407 | BovineHD0500016857 | BovineHD0700003030 | ARS-BFGL-NGS-41942 | ARS-BFGL-NGS-20437 | Hapmap49694-BTA-64179 |
| BTB-01860839 | Hapmap54087-rs2900971 | ARS-USDA-AGIL-chr7 | ARS-BFGL-NGS-31396 | BovineHD2000021003 | ARS-BFGL-NGS-43187 |
| BovineHD0200023624 | BovineHD0500018029 | BovineHD0700006124 | ARS-BFGL-NGS-1215 | BovineHD2100001935 | BovineHD2800010440 |
| ARS-BFGL-NGS-25868 | ARS-BFGL-NGS-34435 | BTB-00298940 | BTB-00485696 | ARS-BFGL-NGS-101940 | BTB-01373594 |
| BovineHD0300004111 | BovineHD0500018406 | BovineHD0700015984 | BovineHD1200016583 | BovineHD2100006190 | BovineHD2900002992 |
| BovineHD4100001862 | BovineHD0500018805 | BovineHD0700016849 | ARS-BFGL-NGS-64378 | BovineHD2100014503 | BovineHD2900004298 |
| BTA-67160-no-rs | BovineHD0500019215 | Hapmap48553-BTA-10 | Hapmap24777-BTC-064977 | BovineHD2100017856 | ARS-BFGL-NGS-22610 |
| Hapmap35248-BES5_Conti | Hapmap54640-rs2902224 | BovineHD0700016949 | UA-IFASA-9445 | BovineHD2100018674 | Hapmap44368-BTA-32048 |
| BovineHD0300008013 | BovineHD0500019792 | BovineHD0700016953 | ARS-BFGL-NGS-81817 | Hapmap60793-rs2901 | BovineHD2900007209 |
| ARS-BFGL-NGS-67960 | ARS-BFGL-NGS-111066 | BTB-00311957 | BovineHD1400024131 | BovineHD2200011379 | ARS-BFGL-NGS-39535 |
| BovineHD0300012174 | ARS-BFGL-NGS-62562 | BovineHD0700019256 | BTB-01512634 | BTB-00847079 | |
| ARS-BFGL-NGS-43845 | Hapmap50590-BTA-12004 | ARS-BFGL-NGS-11681 | ARS-BFGL-NGS-10895 | ARS-BFGL-NGS-3758 | |
| ARS-BFGL-NGS-66643 | BTA-23154-no-rs | BovineHD0700022090 | BovineHD1500006734 | Hapmap36428-SCAFFO | |

UNISS

UNIVERSITÀ
DEGLI STUDI
DI SASSARI



DIPARTIMENTO DI
AGRARIA

Università degli Studi di Sassari

Dipartimento di Agraria

Viale Italia 39, 07100 Sassari

Partita IVA 00196350904

| | | | | |
|------------------------|-----------------------|------------------------|-----------------------|------------------------|
| BTB-01168059 | BovineHD0500024274 | ARS-BFGL-NGS-69947 | ARS-BFGL-BAC-34776 | ARS-BFGL-NGS-29516 |
| BTB-00138938 | ARS-BFGL-NGS-85748 | BovineHD0800003424 | BovineHD1500005208 | ARS-BFGL-NGS-113147 |
| Hapmap51621-BTA-68487 | ARS-BFGL-NGS-17479 | Hapmap58136-rs2901964 | BovineHD1500014864 | BovineHD2300015562 |
| BovineHD0300023775 | ARS-BFGL-NGS-64979 | BovineHD0800011177 | ARS-BFGL-NGS-117439 | BovineHD2300004288 |
| BTB-00140947 | ARS-BFGL-NGS-3932 | ARS-BFGL-NGS-14923 | BovineHD1600005779 | BovineHD2300007574 |
| BovineHD0300024585 | BTB-01744782 | BTA-28215-no-rs | ARS-BFGL-NGS-106233 | BTA-56771-no-rs |
| BovineHD0300028747 | BovineHD0600000848 | BovineHD0800024116 | BovineHD1600021470 | BovineHD2400000692 |
| Hapmap48054-BTA-69366 | Hapmap46779-BTA-17103 | ARS-BFGL-NGS-103401 | BovineHD1600023666 | Hapmap38789-BTA-86678 |
| ARS-BFGL-NGS-27177 | BovineHD0600001738 | ARS-BFGL-NGS-104704 | Hapmap49159-BTA-41147 | Hapmap55239-rs29011203 |
| ARS-BFGL-NGS-112064 | BTB-00242823 | BovineHD0900006287 | BTA-31434-no-rs | BovineHD2400006219 |
| Hapmap43783-BTA-119428 | BTA-76544-no-rs | ARS-BFGL-NGS-111196 | BTB-00676077 | BovineHD2400008976 |
| BovineHD0400018677 | BTB-00246400 | BTB-00403874 | BovineHD1700009250 | Hapmap57214-rs29016076 |
| BovineHD0400020318 | Hapmap50782-BTA-78177 | Hapmap46920-BTA-106148 | ARS-BFGL-NGS-16934 | Hapmap51678-BTA-108332 |
| ARS-BFGL-NGS-112329 | BovineHD0600009721 | BovineHD1000005343 | BovineHD1700014411 | BovineHD2400011081 |
| BovineHD0400023480 | ARS-BFGL-NGS-114855 | ARS-BFGL-NGS-52654 | BovineHD1700019025 | BovineHD4100016659 |
| Hapmap49884-BTA-121649 | BovineHD0600010022 | Hapmap53764-ss46526975 | UA-IFASA-4518 | BovineHD2400013323 |
| BovineHD0400032814 | BovineHD0600010053 | BovineHD1000010163 | BovineHD1800008828 | BovineHD2400014648 |
| BovineHD0400034666 | BovineHD4100004505 | BTA-67177-no-rs | BovineHD1800016097 | ARS-BFGL-BAC-35845 |
| ARS-BFGL-NGS-118379 | BovineHD0600010627 | ARS-BFGL-NGS-4688 | UA-IFASA-5866 | ARS-BFGL-NGS-112584 |
| ARS-BFGL-NGS-11736 | Hapmap43677-BTA-76003 | BovineHD1000016867 | BovineHD1900003303 | ARS-BFGL-NGS-31542 |
| Hapmap23168-BTA-75567 | BovineHD4100004809 | BovineHD1000016887 | ARS-BFGL-NGS-111936 | ARS-BFGL-NGS-108997 |
| ARS-BFGL-NGS-73823 | ARS-BFGL-NGS-72592 | BTA-66038-no-rs | BovineHD1900009445 | ARS-BFGL-NGS-109952 |

**Tabella 6.** Numero di animali assegnati a ciascuna razza oggetto di studio

| | ABC | ACH | AGE | BUR | CAB | CIN | GAL | GAR | MDN | MOD | ORO | PRI | PST | PZG | REG | REN | VAR | VRP | |
|------------|-----|-----|-------|-------|-----|-------|-----|-----|-----|-------|-----|-------|------|-----|-----|-----|-----|-----|---|
| ABC | 92 | 7 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 1 |
| | 92 | 7 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 1 |
| ACH | 8 | 90 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 2 |
| | 8 | 90 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 2 |
| AGE | 0 | 0 | 28 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 1 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| | 0 | 0 | 96.55 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 3.45 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| BUR | 0 | 0 | 1 | 163 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 1 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| | 0 | 0 | 0.61 | 98.79 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0.61 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| CAB | 0 | 0 | 0 | 0 | 108 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| | 0 | 0 | 0 | 0 | 100 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| CIN | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 485 | 0 | 0 | 0 | 3 | 0 | 1 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 99.18 | 0 | 0 | 0 | 0.61 | 0 | 0.2 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| GAL | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 150 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 100 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| GAR | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 19 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 100 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| MDN | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 96 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 100 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| MOD | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 14 | 0 | 0 | 0 | 564 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 2.42 | 0 | 0 | 0 | 97.58 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| ORO | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 100 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 100 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| PRI | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 3 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 471 | 1 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0.63 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 99.16 | 0.21 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |

Durante l'assegnazione degli animali alle razze oggetto di studio, gli animali di 11 razze (CAB, GAL, GAR, MDN, ORO, PST, PZG, REG, REN, VAR e VRP) sono stati assegnati al 100% alla corretta razza di appartenenza (Tabella 6).

Per quanto riguarda le assegnazioni sbagliate (Tabella 6):

- ABC (errore 8%) = 7 animali sono stati assegnati alla razza ACH e 1 animale alla razza VRP;
- ACH (errore 10%) = 8 animali assegnati alla razza ABC e 2 animali a VRP;
- AGE (errore 3.45%) = 1 animale assegnato alla razza PST;
- BUR (errore 1.21%) = 1 animale assegnato a AGE e 1 animale a PST;
- CIN (errore 0.8%) = 3 animali assegnati a MOD e 1 animale a PRI;
- MOD (errore 2.42%) = 14 animali assegnati a CIN;
- PRI (errore 0.80%) = 3 animali assegnati a CIN e 1 animale a PST.

I maggiori errori di attribuzione si sono registrati tra ABC, ACH e VRP, e tra CIN e MOD.

Anche per la CDA, la razza più lontana è risultata la REN (Figura 11).

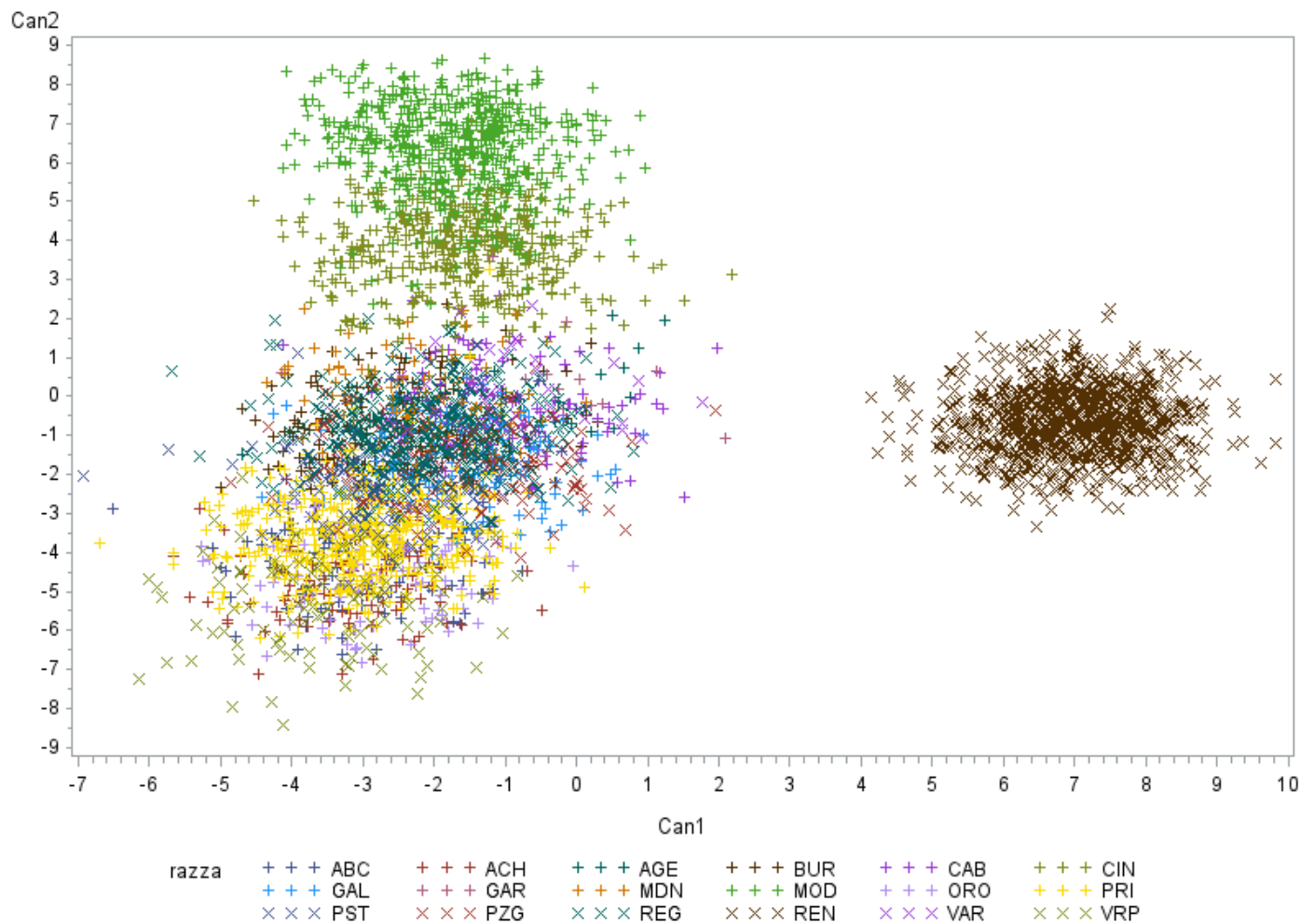


Figura 11. Rappresentazione grafica della prima canonica discriminante (CAN1, asse X) e della seconda canonica discriminante (CAN2, asse Y).

Il responsabile scientifico

Nicolò P.P. Macciotta

