

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 01/08/2019.

MARCHIGIANA: 752

CHIANINA: 784

ROMAGNOLA: 794

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

MARCHIGIANA: 5178

CHIANINA: 6135

ROMAGNOLA: 4617

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

MARCHIGIANA: 887

CHIANINA: 920

ROMAGNOLA: 928

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	5560	5642	2135	4	1	19281	882
CHIANINA	5567	6420	2878	1	4	19194	915
ROMAGNOLA	5579	6089	2413	5	1	18939	922

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

MARCHIGIANA: 0.2925

CHIANINA: 0.3041

ROMAGNOLA: 0.0843

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