

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.

<b>Razza</b>	<b>Codice numerico razza</b>	<b>Sigla razza</b>	<b>N animali</b>
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
<b>Totale</b>			<b>4,231</b>

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.

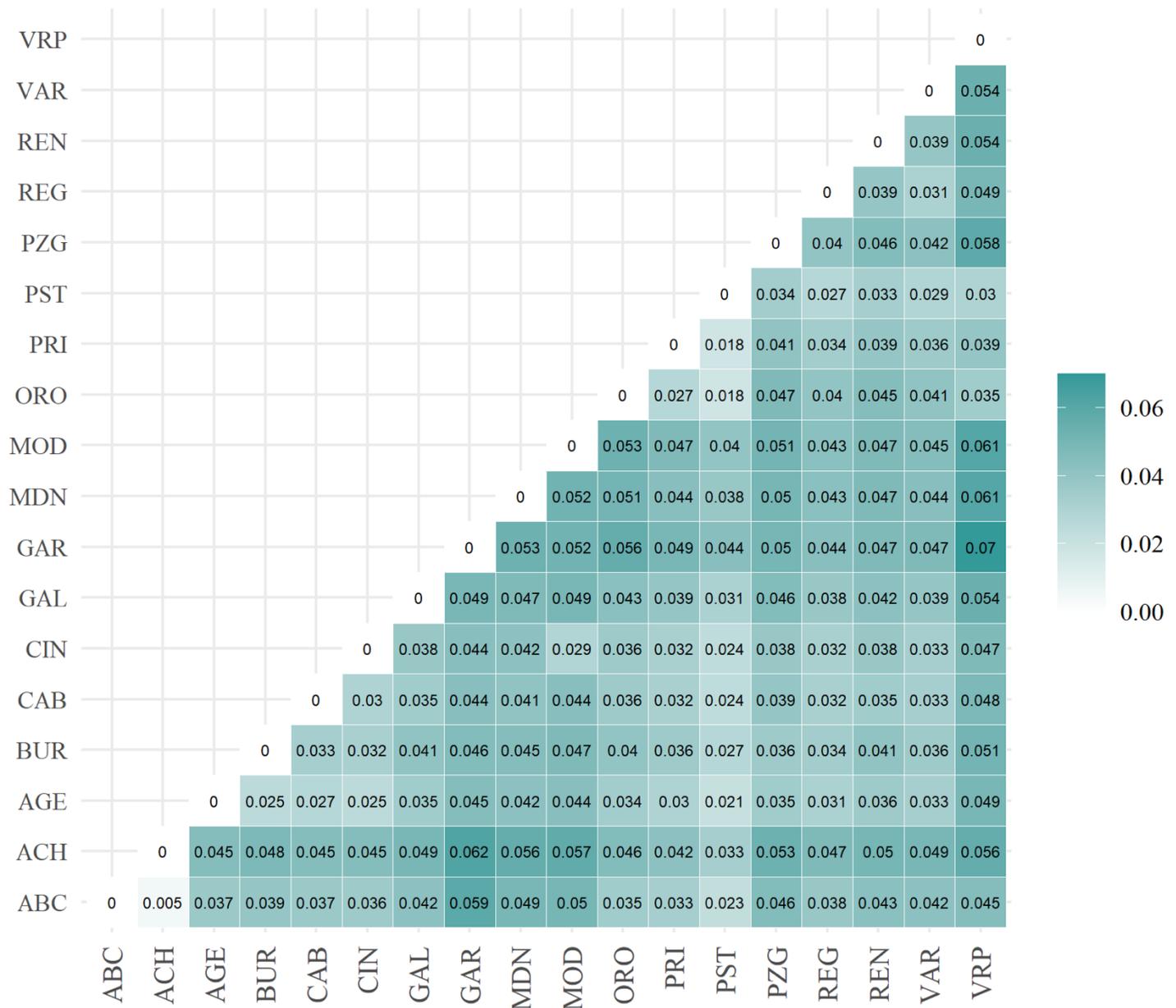
## **ANALISI DATI**

### **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.

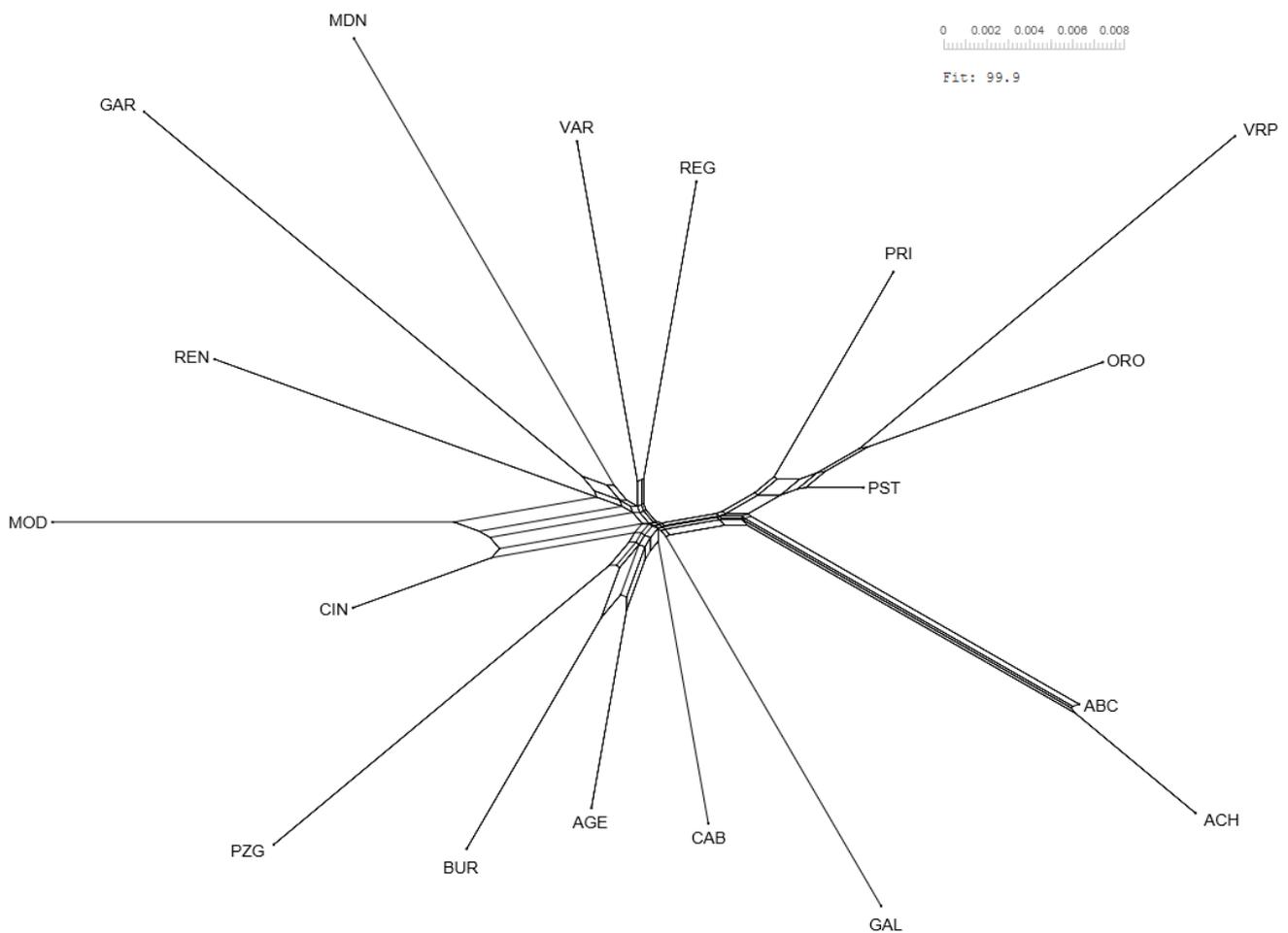
**Tabella 2.** F<sub>ST</sub> (sotto diagonale) e Reynolds (sopra diagonale) calcolati con Arlequin

	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	

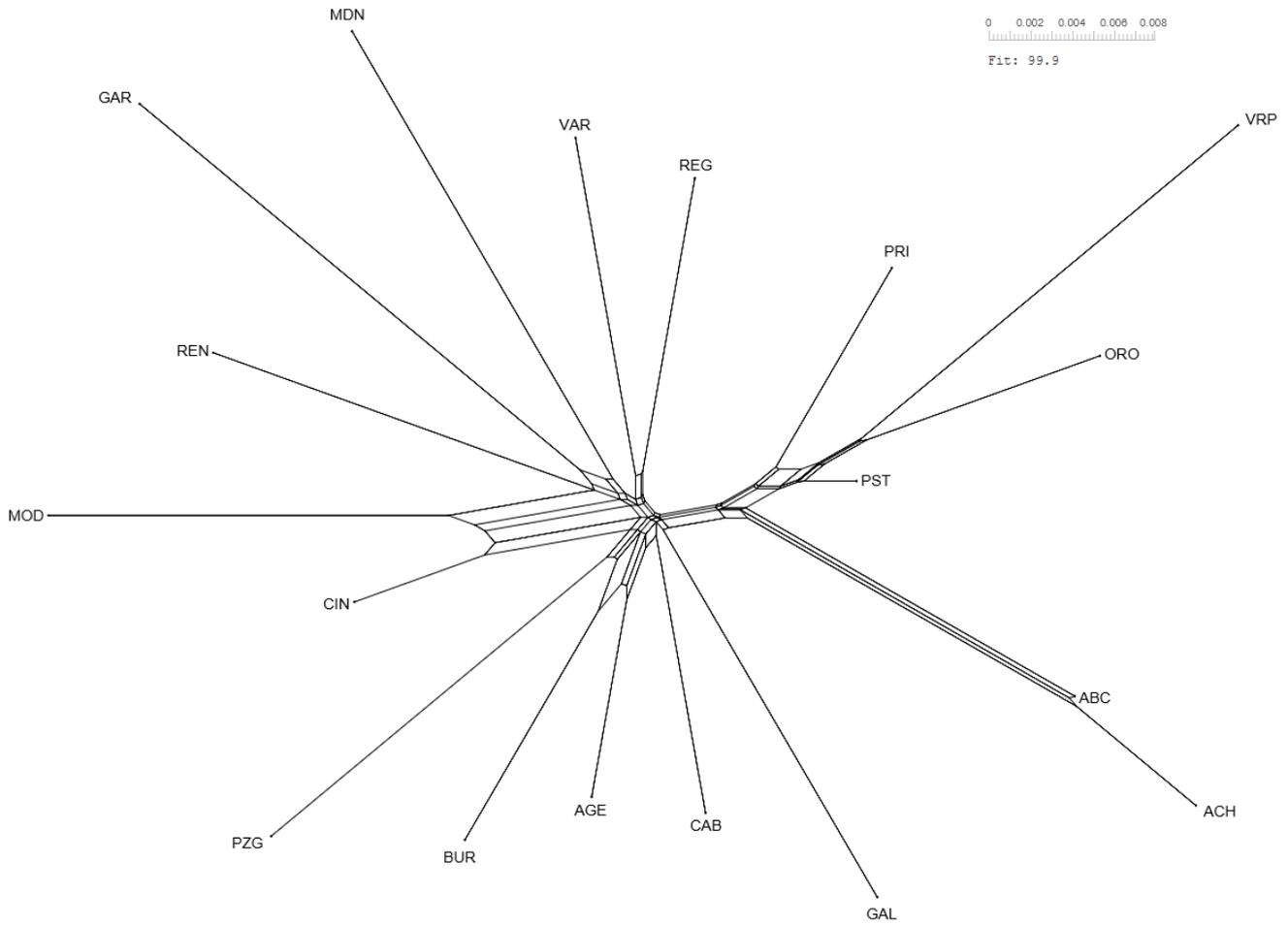


**Figura 1.** HeatMap dei valori di  $F_{ST}$  calcolati per i confronti a coppie.

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.

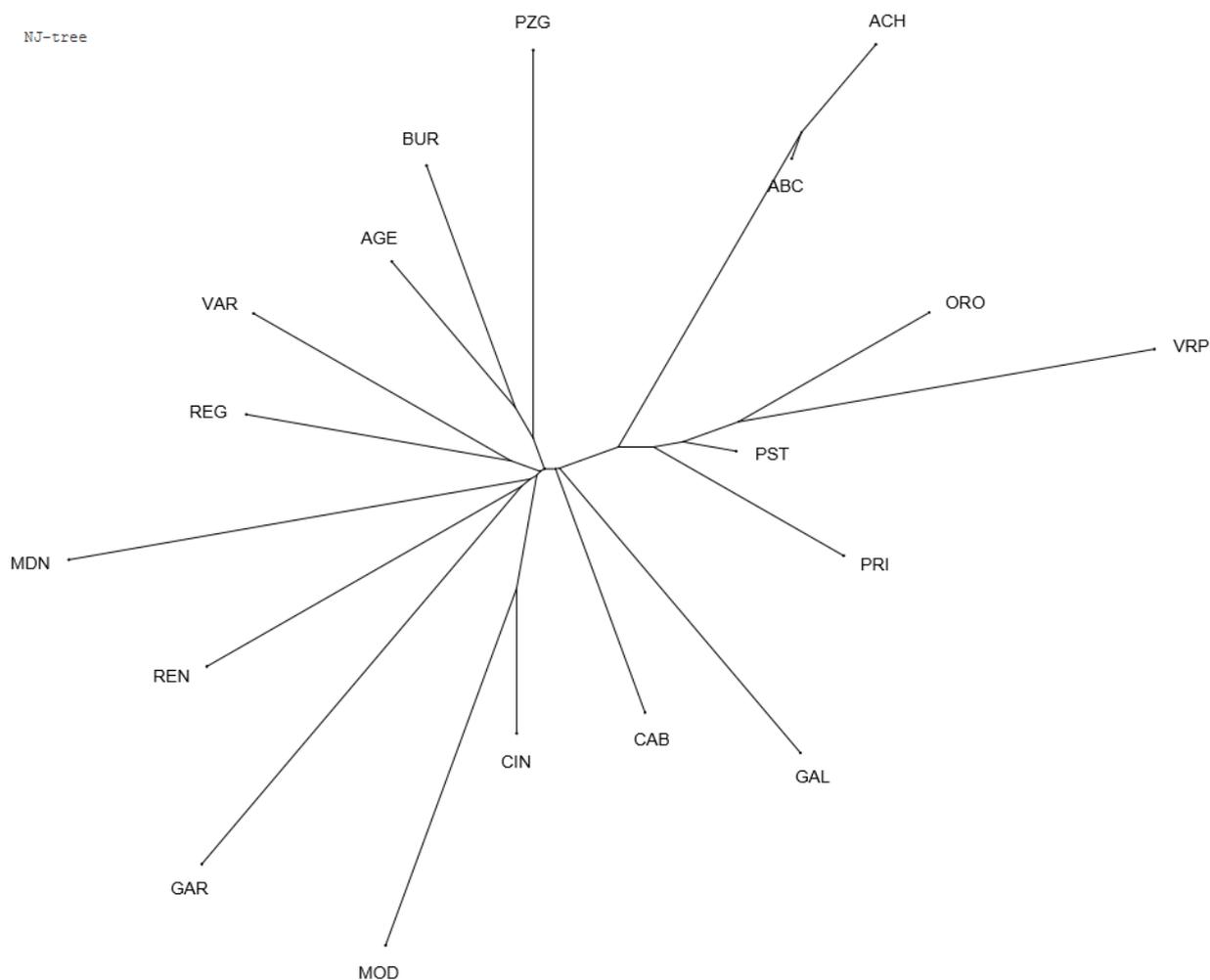


**Figura 2.** Net calcolato sulla base dei valori di  $F_{ST}$ .

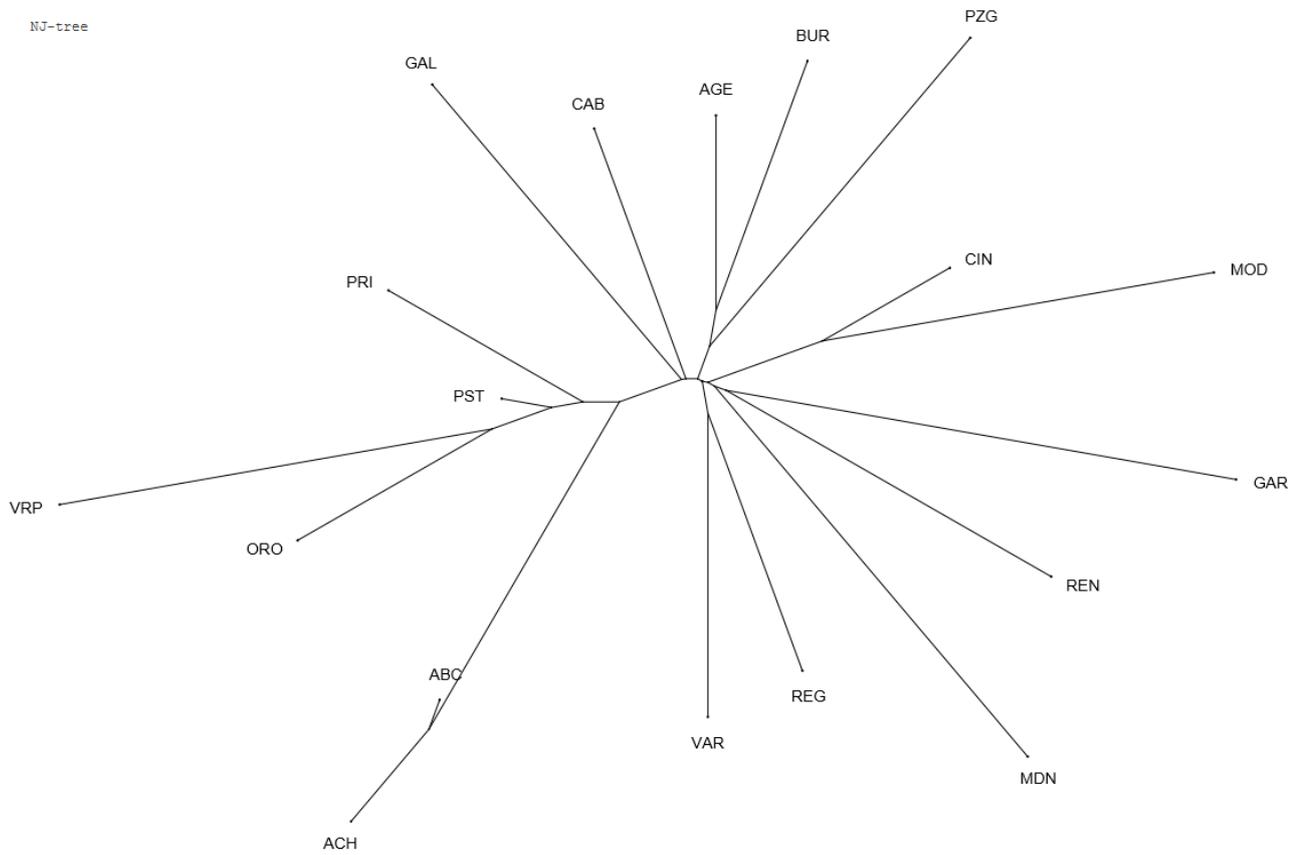


**Figura 3.** Net calcolato sulla base dei valori di distanza di Reynolds.

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.

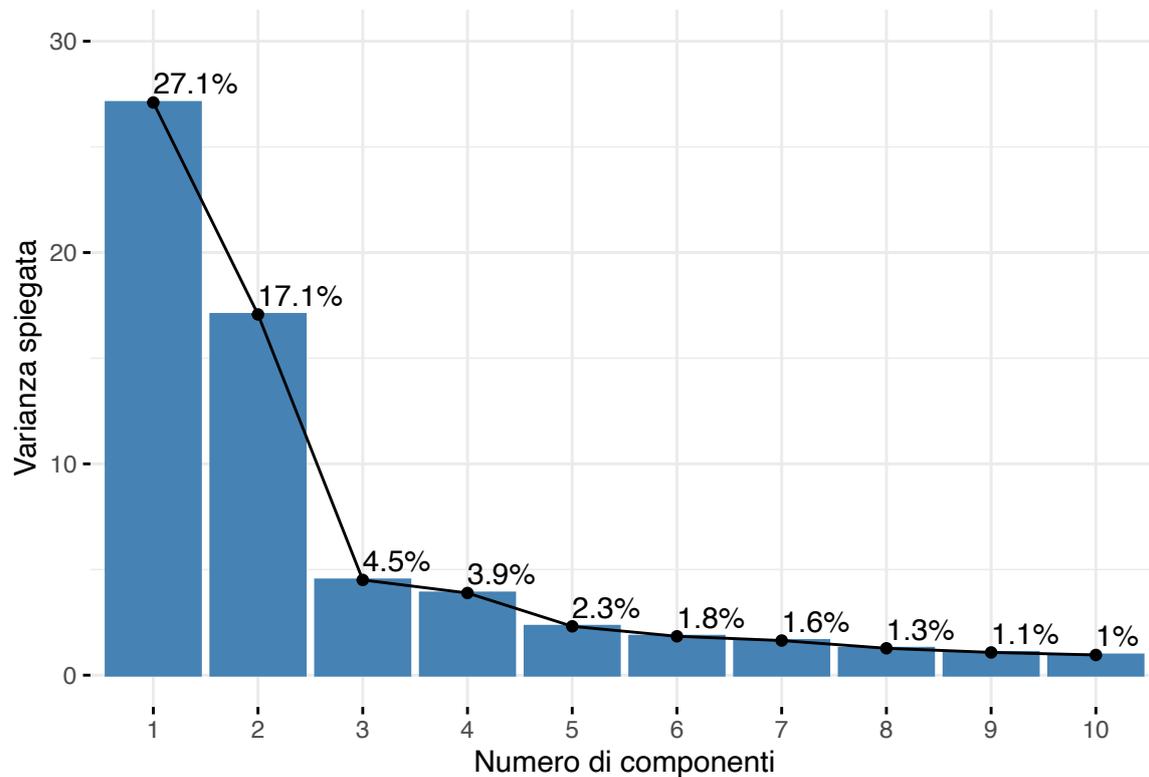
## **Componenti principali sulla matrice di parentela genomica**

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:

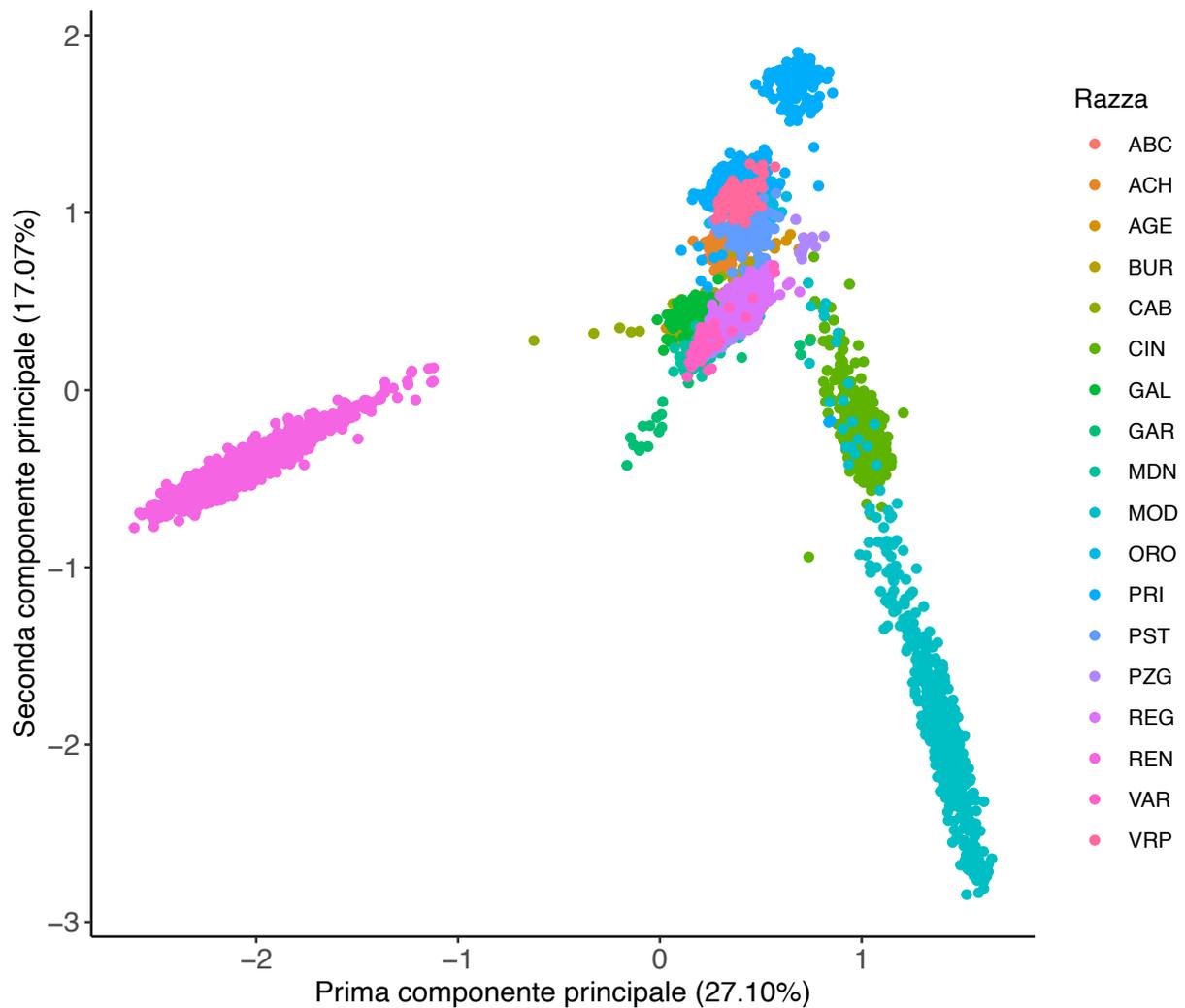
- uno formato dalla sola Rendena, con valori negativi per entrambe le componenti e distante da tutte le altre razze;
- uno formato dalle due razze siciliane, Cinisara e Modicana, con valori positivi; questo risultato è maggiormente visibile nella Figura 8 quando si analizzano i valori medi per razza;
- 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:

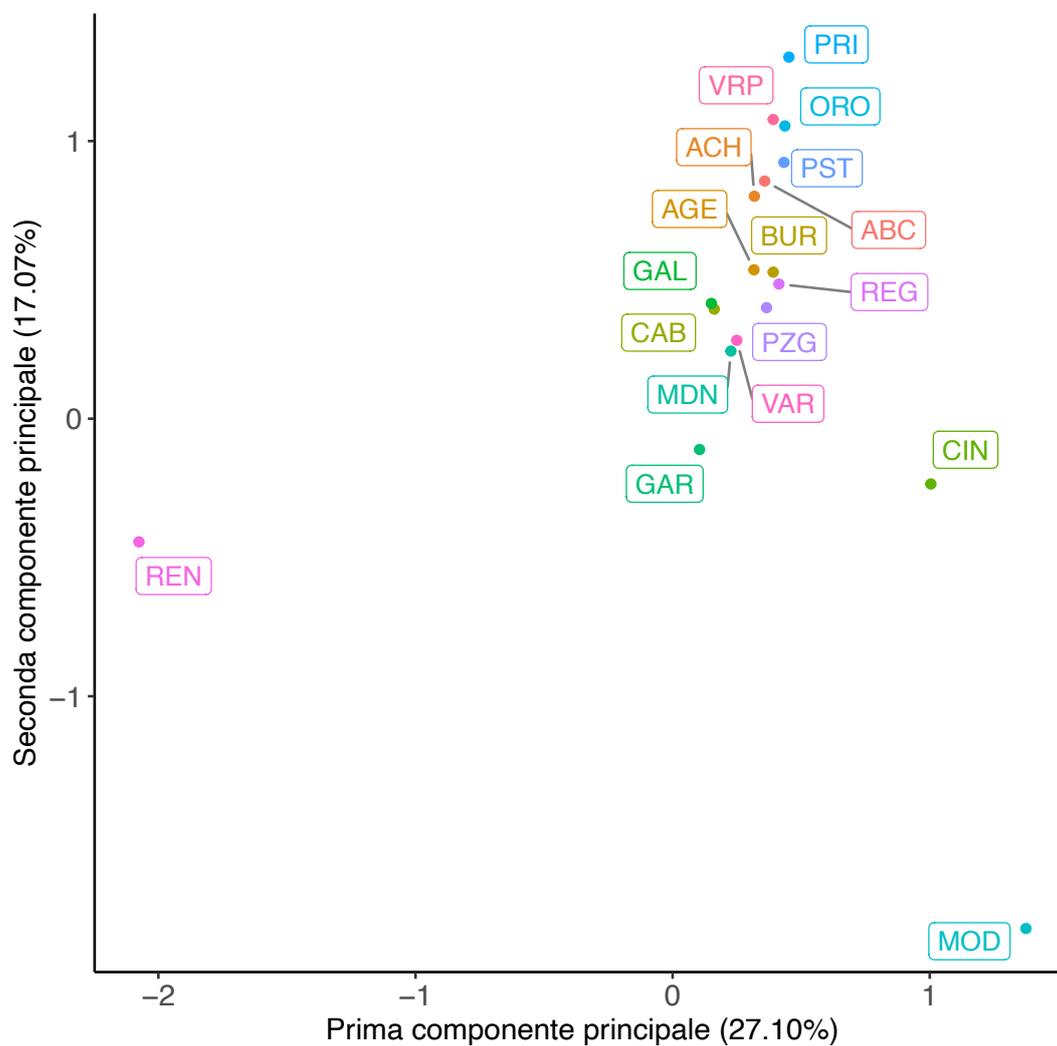
- Modicana, Cinisara, Rendena e Garfagnina con valori negativi;
- un gruppo formato dalle tre razze Valdostane, Pezzata Rossa d'Oropa, Pustertaler e Pezzata Rossa Italiana con valori intorno all'1;
- un gruppo centrale (fra 0 e 1) composto dalle rimanenti razze.



**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.

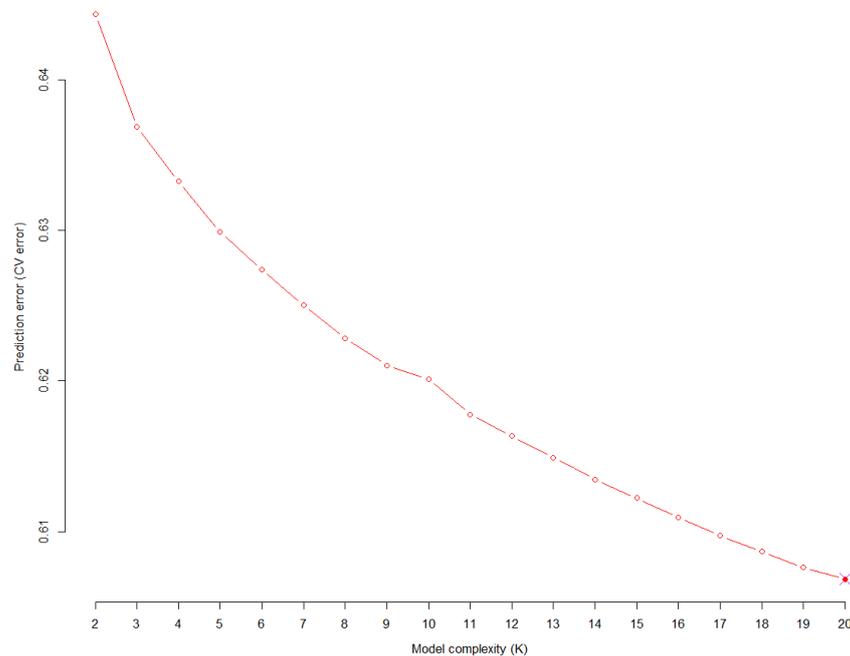
### **Analisi Admixture**

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**).

<b>K</b>	<b>Errore CV</b>
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.

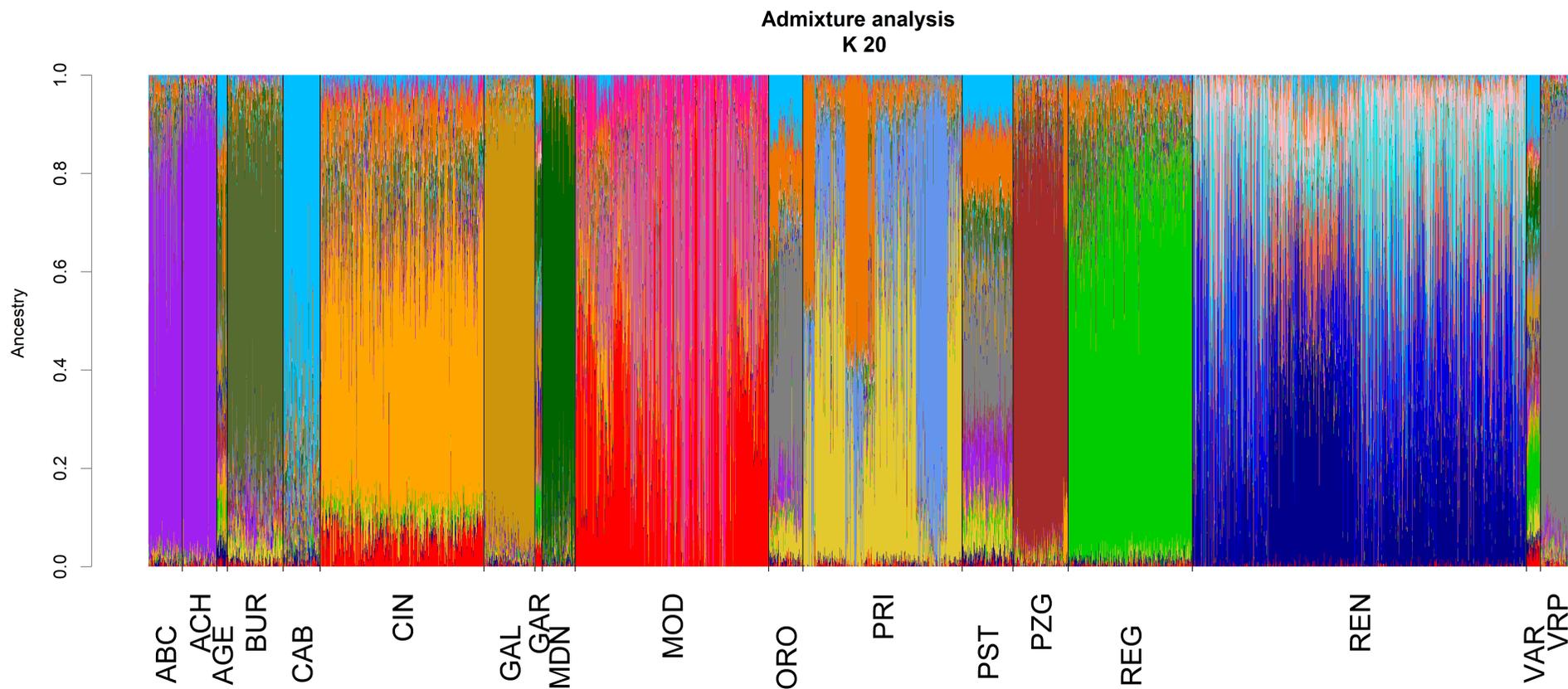


Figura 10. Admixture analysis.

## **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	
<b>ABC</b>	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
<b>ACH</b>	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
<b>AGE</b>	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
<b>BUR</b>	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
<b>CAB</b>	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
<b>CIN</b>	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
<b>GAL</b>	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
<b>GAR</b>	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
<b>MDN</b>	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
<b>MOD</b>	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
<b>ORO</b>	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
<b>PRI</b>	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



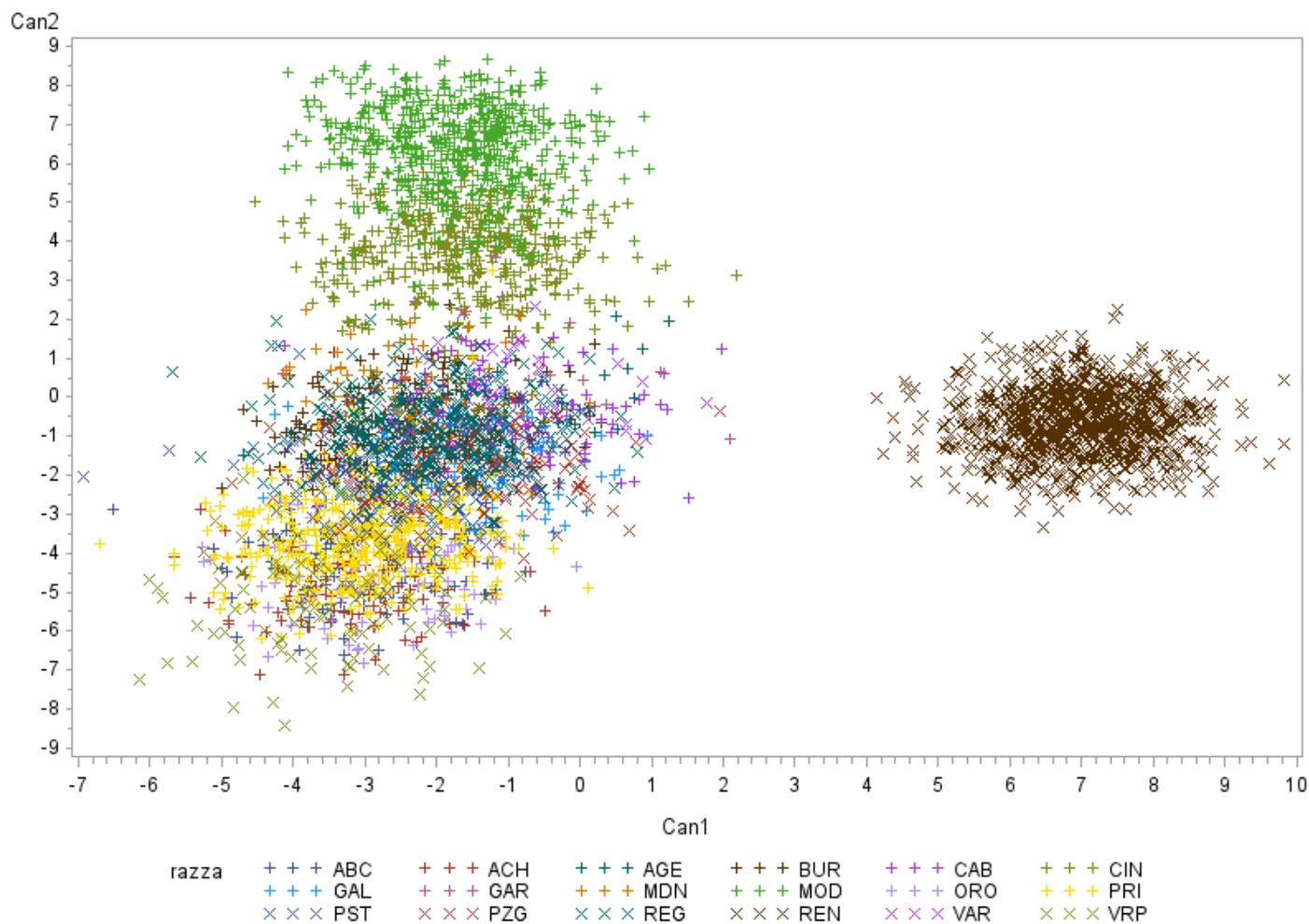
Durante l'assegnazione degli animali alle razze oggetto di studio, gli animali di 11 razze (CAB, GAL, GAR, MDN, ORO, PST, PZG, REG, REN, VAR e VRP) sono stati assegnati al 100% alla corretta razza di appartenenza (Tabella 6).

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

