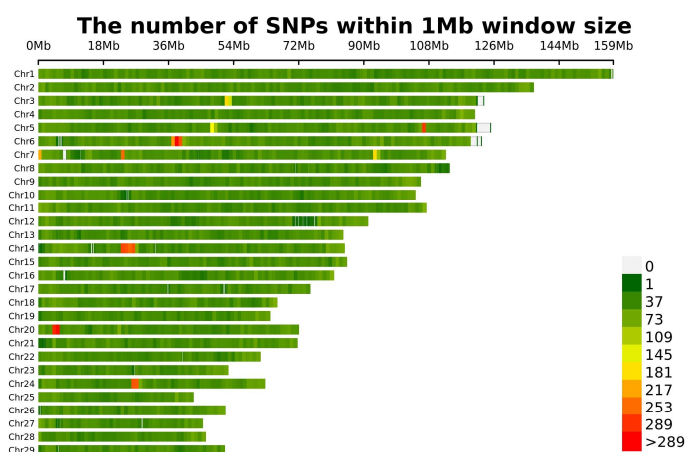


## STATISTICHE DESCRITTIVE INERENTI ALLA GENOTIPIZZAZIONE IN SOGGETTI DI RAZZA PUSTERTALER SPRINZEN/BARÀ NELL'AMBITO DEL PROGETTO DUALBREEDING e DUALBREEDING-Fase 2

Di seguito vengono riportate alcune statistiche di sintesi inerenti alle analisi genomiche effettuate su 633 soggetti di razza Pustertaler Sprinzen/Barà. Di questi, 286 genotipizzati nella Fase 2 del Dualbreeding; a riguardo si precisa che i capi inizialmente genotipizzati erano 290, ma solo 286 sono risultati utili, per via dell'eliminazione di soggetti già in precedenza genotipizzati. Tutti gli animali sono stati genotipizzati con chip ad alta densità (HD, 150.000 SNPs).

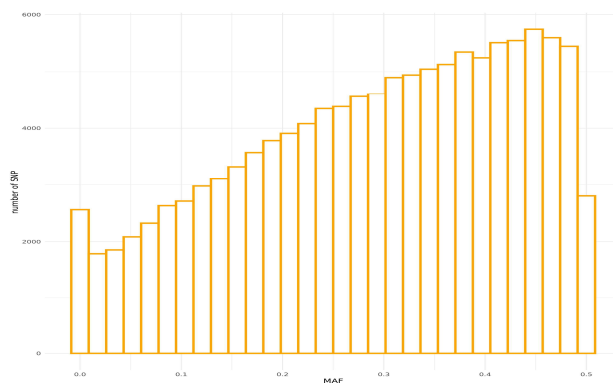
Le immagini riportate sono una rappresentazione grafica della mappa, i diversi colori indicano la densità di SNP per Mb per i 29 autosomi considerati.

### Rappresentazione del pannello HD utilizzato:



1. Minor Allele Frequency (MAF): Identifica l'allele con minor frequenza tra tutti i marcatori analizzati (Considerati solo SNP presenti negli autosomi).

Panel Marcatori	Minimo	Media	Mediana	Massimo	N. Mancanti
HD	0	0.3065	0.2899	0.5000	1338



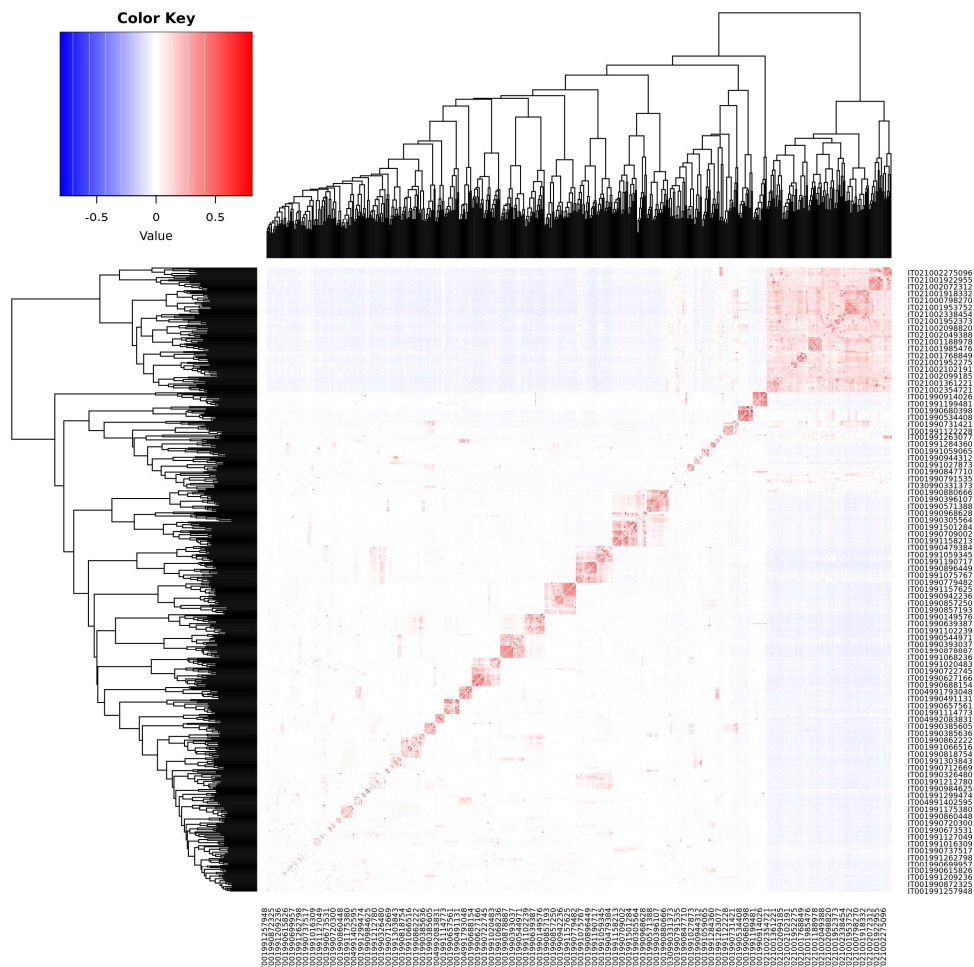
2. CALL RATE (SNP): Indica con che percentuale sono mediamente presenti gli SNP esaminati.

Panel Marcatore	Minimo	Media	Mediana	Massimo
HD	0	0.9966	1	1

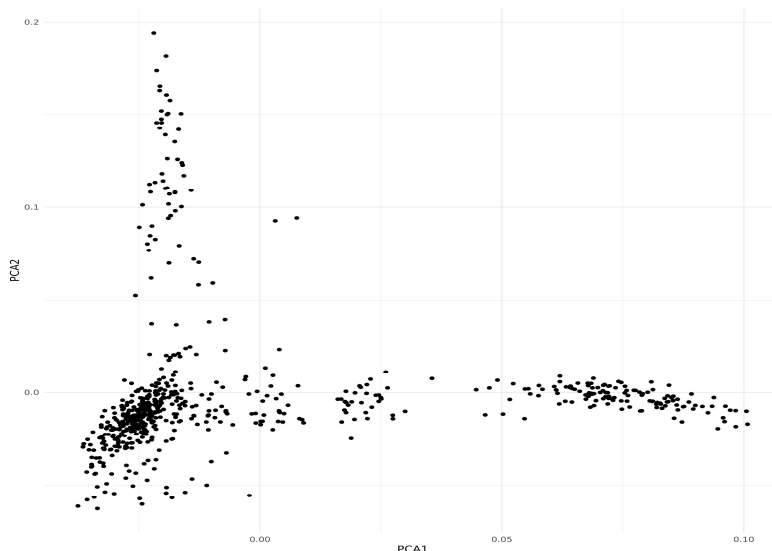
3. CALL RATE (ANIMAL): Indica con che percentuale sono mediamente presenti gli SNP esaminati per ogni animale su cui è stata fatta l'analisi genomica (solo SNP presenti negli autosomi sono stati considerati).

Panel Marcatore	Minimo	Media	Mediana	Massimo
HD	0.7197	0.978	0.978	0.987

4. Matrice di parentela genomica: parentela calcolata sulla base dei marcatori SNP comuni tra i soggetti testati; i valori tendenti al Rosso indicano elevato legame di parentela, mentre valori tendenti al Blu/Bianco riportano situazioni di più scarso legame di parentela.



5. Analisi delle componenti principale per la matrice di parentela genomica rappresentata nel punto precedente (4). Quest'analisi è utile per vedere se ci sono sottopopolazioni all'interno della popolazione Pustertaler Sprinzen/Barà.



6. Calcolo Inbreeding genomico tramite genotipi imputati con differenti metodi:

- i) rapporto tra SNP in condizione di omozigosi sul totale ( $F_{roh}$ ).
- ii) diagonale della matrice  $G$ , rappresentata nel punto 4, ( $F_{diag}$ );
- iii) differenza tra eterozigosità attesa ed osservata ( $F_{het}$ );

La correlazione tra le diverse tipologie di inbreeding genomico evidenzia buoni livelli di correlazione tra metodi, confermando la qualità dei dati genomici.

	$F_{roh}$	$F_{diag}$	$F_{het}$
$F_{roh}$	1.00	0.85	0.93
$F_{diag}$		1.00	0.88
$F_{het}$			1.00

7. Figura rappresentante le regioni di omozigosi nel genoma della razza Pustertaler Sprinzen/Barà. I picchi in questo grafico indicano regioni del genoma in forte condizione di omozigosi, comunemente chiamate segnali di selezione. Quest'ultime sono regioni del genoma che sono fissate in una popolazione a causa della loro importanza funzionale in processi specifici, come selezione e/o adattamento ad un particolare ambiente.



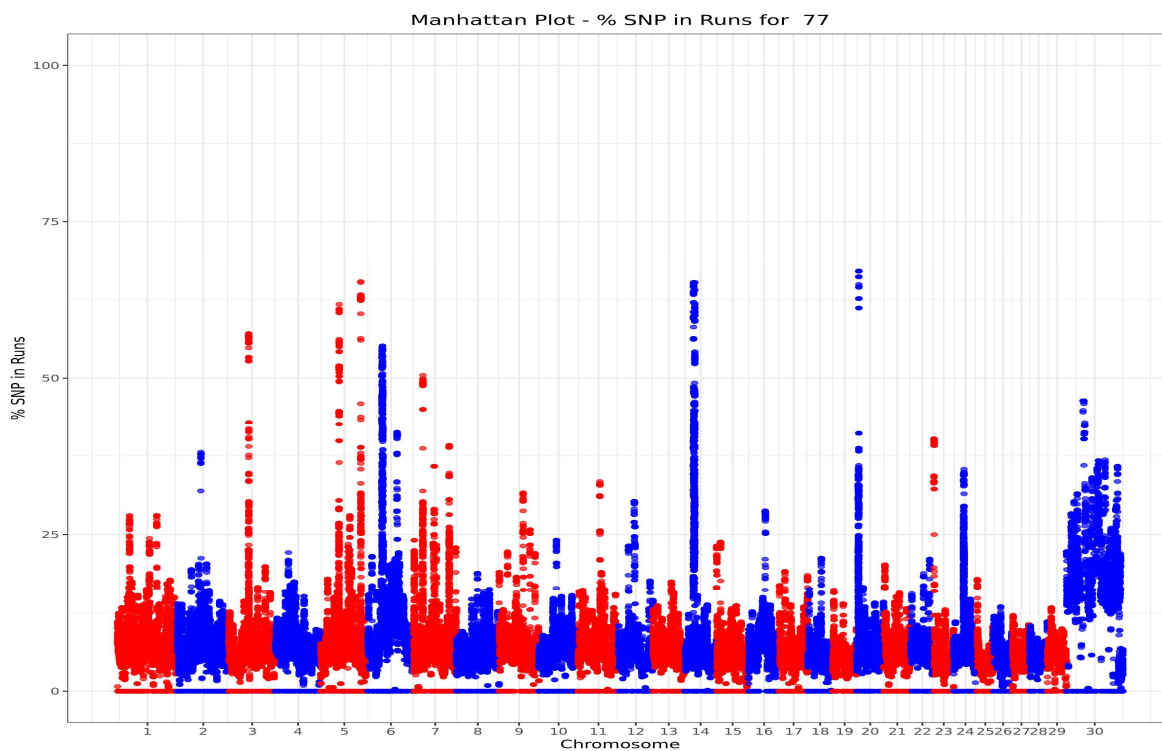
DUAL BREEDING Fase 2 - DBP2  
PSRN - Biodiversità 2014 - 2020  
SOTTOMISURA 10.2



FEASR  
Fondo europeo agricolo per lo sviluppo rurale:  
«l'Europa investe nelle zone rurali»



Autorità di gestione:



*Dati elaborati a cura del Prof. Roberto Mantovani  
Department of Agronomy, Food, Natural Resources, Animal and Environment (DAFNAE)  
Università di Padova - ITALIA*