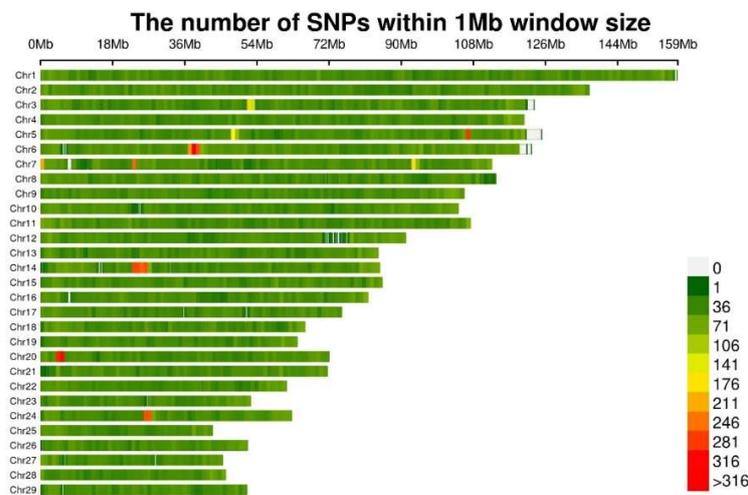


STATISTICHE DESCRITTIVE INERENTI ALLA GENOTIPIZZAZIONE IN SOGGETTI DI RAZZA PINZGAUER NELL'AMBITO DEL PROGETTO DUALBREEDING-Fase 2

Di seguito vengono riportate alcune statistiche di sintesi inerenti alle analisi genomiche effettuate su 267 singoli soggetti di razza Pinzgauer (Fase2), genotipizzati tutti con chip ad alta densità (HD, 150.000 SNPs).

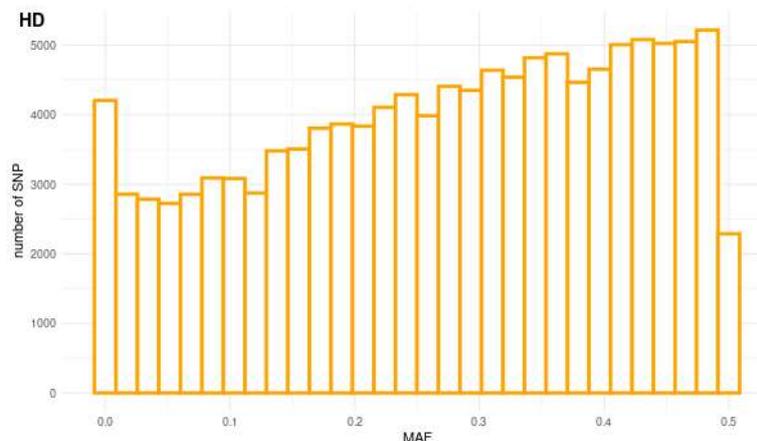
Le immagini riportate sono una rappresentazione grafica della mappa HD, i diversi colori indicano la densità di SNP per Mb. Solo autosomi sono stati rappresentati.

Rappresentazione 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 Marcatore	Minimo	Media	Mediana	Massimo	N. Mancanti
HD	0	0.2716	0.2853	0.5000	49



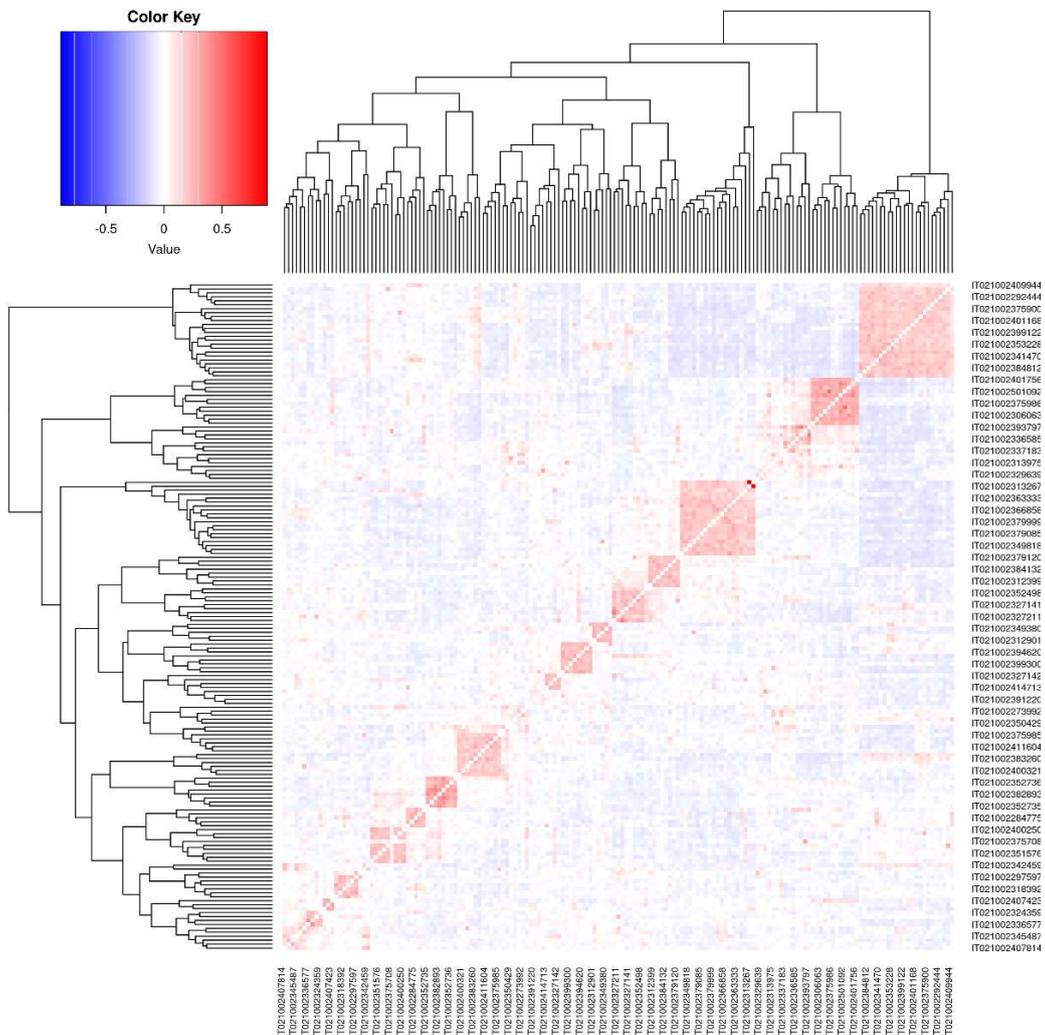
2. CALL RATE (SNP): Indica con che percentuale sono mediamente presenti gli SNP esaminati.

Panel Marcatore	Minimo	Media	Mediana	Massimo
HD	0	0.983	0.986	1

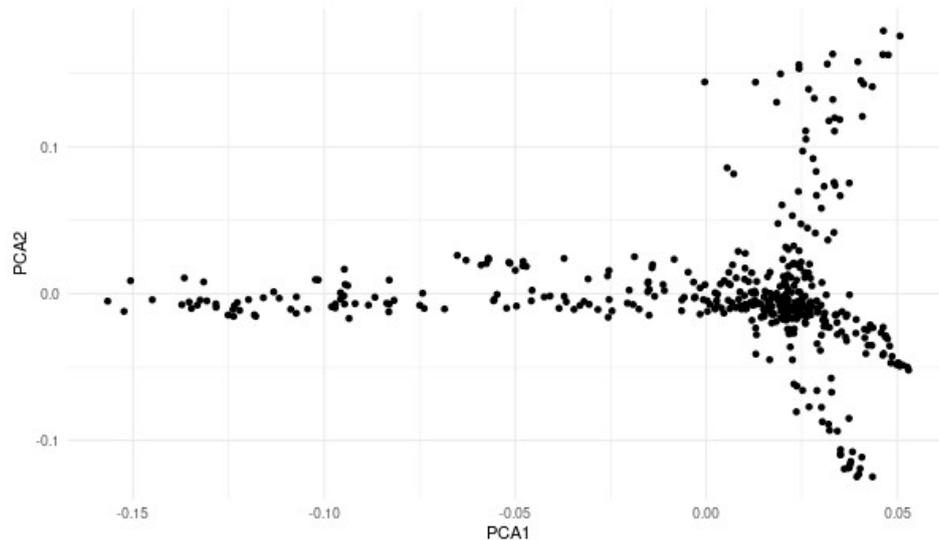
3. CALL RATE (ANIMAL): Indica con che percentuale sono mediamente presenti gli SNP esaminati per ogni animale su cui è stata fatta l'analisi genomica (solo SNP presenti negli autosomi sono stati considerati).

Panel Marcatore	Minimo	Media	Mediana	Massimo
HD	0.823	0.983	0.986	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 al punto precedente (4). Quest'analisi è utile per vedere se ci sono sottopopolazioni all'interno della popolazione Pinzgauer.



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 eterozigotità attesa ed osservata (F_{het});

La correlazione tra le diverse tipologie di inbreeding genomico indica una buona correlazione tra i diversi metodi a confronto, confermando la qualità dei dati genomici, nonostante il modesto numero di campioni analizzati.

	F_{roh}	F_{diag}	F_{het}
F_{roh}	1.00	0.45	0.95
F_{diag}		1.00	0.48
F_{het}			1.00

7. Figura rappresentante le regioni di omozigosi nel genoma di razza Pinzgauer. 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.



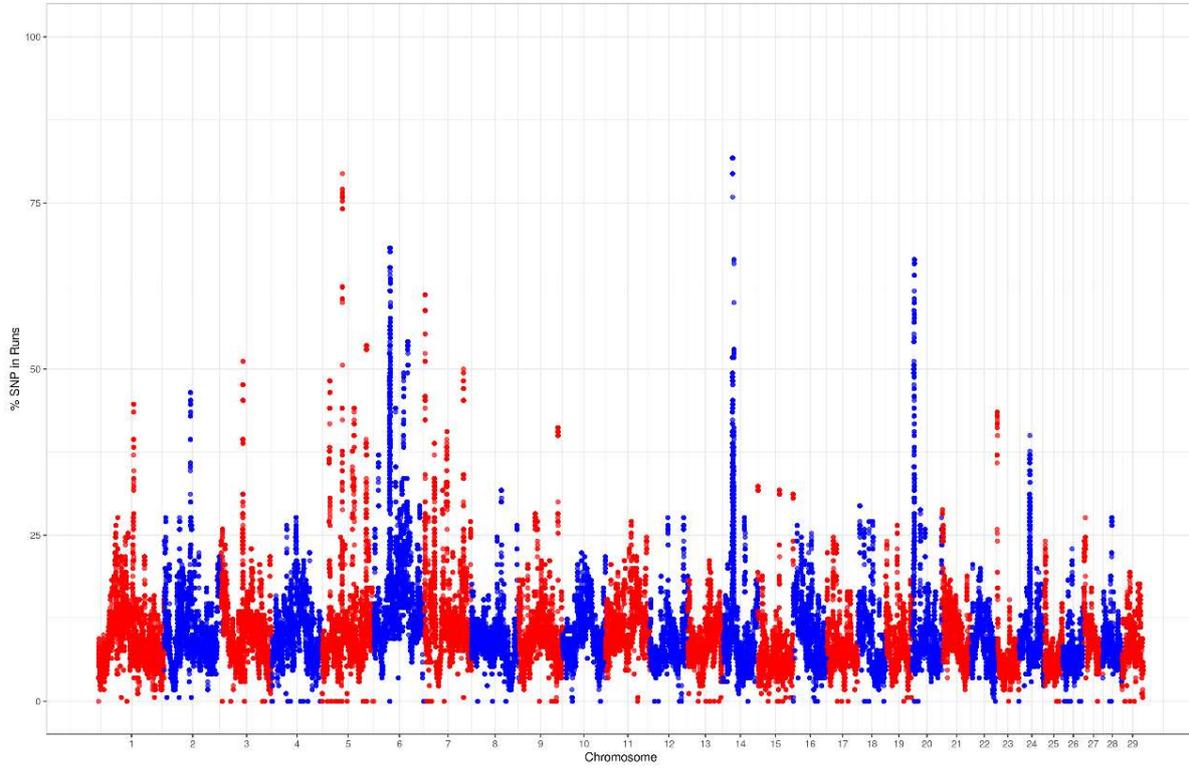
DUAL BREEDING Fase 2 - DBP2
PSRN – Biodiversità 2014 - 2020
SOTTOMISURA 10.2



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*