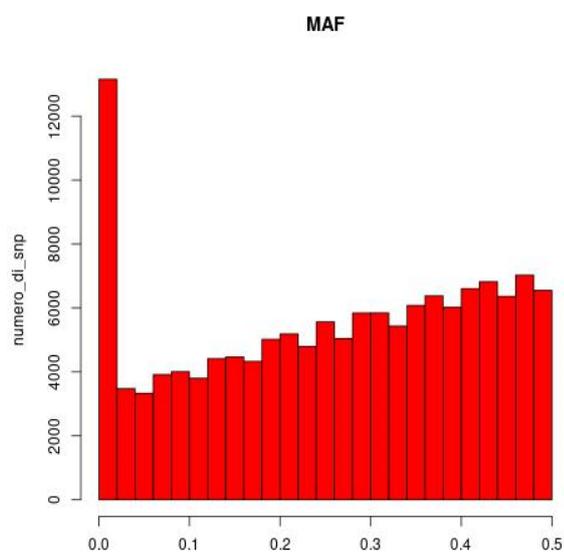


STATISTICHE DESCRITTIVE INERENTI ALLA GENOTIPIZZAZIONE IN SOGGETTI DI RAZZA GRIGIO ALPINA NELL'AMBITO DEL PROGETTO DUAL BREEDING - TRIENNIO 2018 - 2020

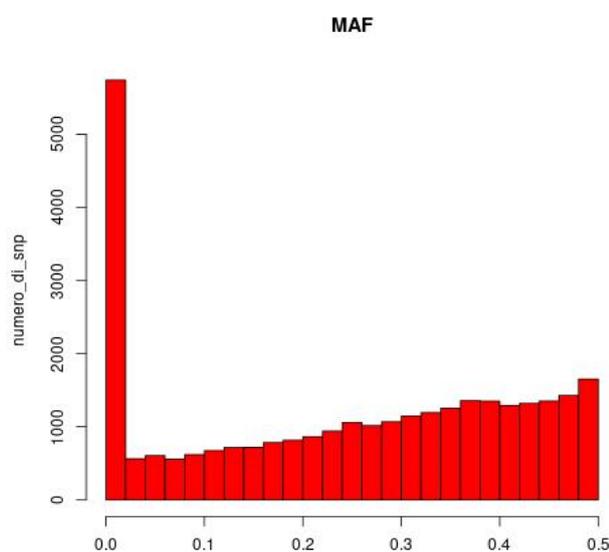
Di seguito vengono riportate alcune statistiche di sintesi inerenti le analisi genomiche effettuate su 981 soggetti di razza Grigio Alpina secondo i due panel di marcatori utilizzati, ovvero ad alta densità (HD, 150.000 SNPs; 216 Animali) o a bassa densità (LD, 33.000 SNPs; 765 Animali).

1. Minor Allele Frequency (MAF): Identifica l'allele con minor frequenza tra tutti i marcatori analizzati.

Panel Marcatore	Media	Mediana	Min.	Max.
HD	0,261	0,276	0,000	0,500
LD	0,240	0,270	0,000	0,500



MAF pannello HD



MAF pannello LD

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

Panel Marcatore	Media	Mediana	Min.	Max.
HD	0,995	0,991	0,000	1,000
LD	0,970	0,974	0,000	0,914

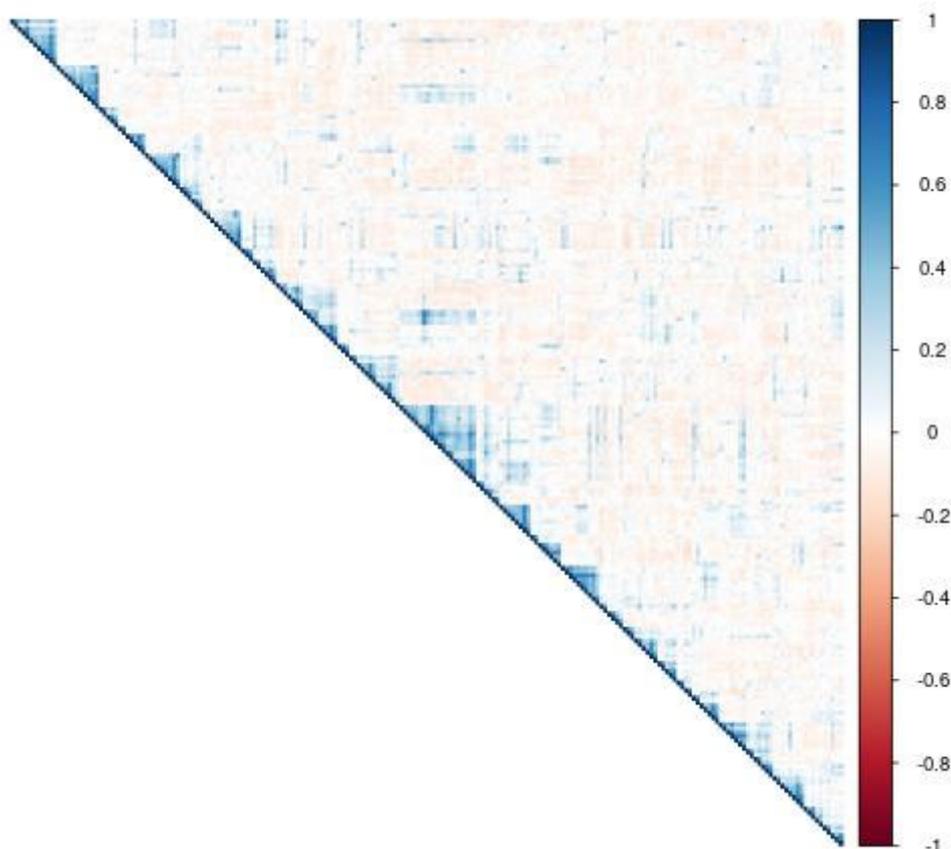
Numero di SNP sotto al 95% di call rate

HD panel		LD panel	
Call rate	SNPname	Call rate	SNPname
0,94	BovineHD2400012224	0,90	BovineHD2900014439
0,94	WS29_51317921	0,66	BovineHD2400011859
0,93	BovineHD2400000063	0,66	BovineHD2400017586
0,93	BovineHD2900014844	0,61	ARS-BFGL-NGS-64321
0,93	BovineHD2400003685	0,60	BovineHD2900014965
0,93	AS-BFGL-NGS-14337	0,58	BovineHD2400004406
0,92	BovineHD2900014549	0,42	Hapmap43437-BTA-101873
0,92	BovineHD2900014675	0,30	BovineHD0100000005
0,91	BovineHD2900015101		

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.

Panel Marcatore	Media	Mediana	Min.	Max.
HD	0,987	0,987	0,000	0,998
LD	0,973	0,979	0,000	0,999

4. PARENTELA GENOMICA: Parentela calcolata sulla base dei marcatori SNP comuni tra i soggetti testati utilizzando il panel di marcatori SNPs ad alta densità. Valori tendenti al Blu indicano elevato legame di parentela, tendenti al Rosso scarso legame di parentela.



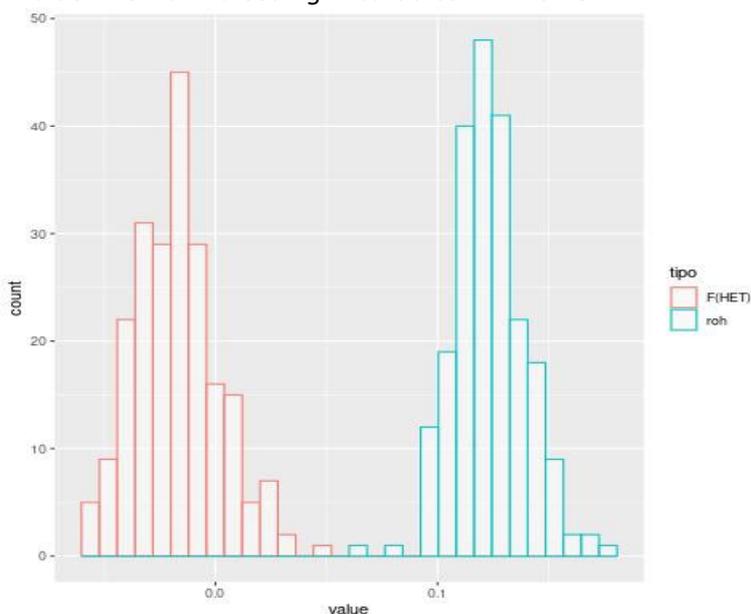
5. INBREEDING GENOMICO: Livello di inbreeding o consanguineità desunta dalla parentela genomica.

Lista di 10 animali contenente i 5 animali con valore di Inbreeding Genomico più alto e i 5 animali con valore di Inbreeding Genomico più basso e, a seguire, più alto, utilizzando due metodi di calcolo (HET e ROH)

<u>INBREEDING HET</u>			<u>INBREEDING ROH</u>	
<u>N</u>	<u>Matricola</u>	<u>Inbreeding</u>	<u>Matricola</u>	<u>Inbreeding</u>
1	IIT021000833000	-0,582	IT021002359818	0,065
2	IT021001654756	-0,541	IT021000771700	0,083
3	IT021000771700	-0,530	IIT021002152274	0,094
4	IT021001990576	-0,521	IT021001798944	0,096

5	IT021002152274	-0,516	IT11BZ_0141540	0,097
INBREEDING HET			INBREEDING ROH	
N	Matricola	Inbreeding	Matricola	Inbreeding
1	IT021001944719	0,051	IT021001649110	0,174
2	IT021002138429	0,035	IT021001649110	0,165
3	IT021002104737	0,034	IT021002314900	0,165
4	IT021002102850	0,028	IT021002327097	0,157
5	IT021002171163	0,025	IT021002279584	0,157

Distribuzione di frequenza dei livelli di inbreeding misurati con HET e ROH.



La Correlazione tra le due tipologie di inbreeding è risultata pari allo 0,92.

1. ANALISI DI PCA: valuta se la popolazione è uniforme (come nel presente caso per i soli soggetti genotipizzati con panel HD) oppure ci possano essere differenze entro razza (sottopopolazioni).

