

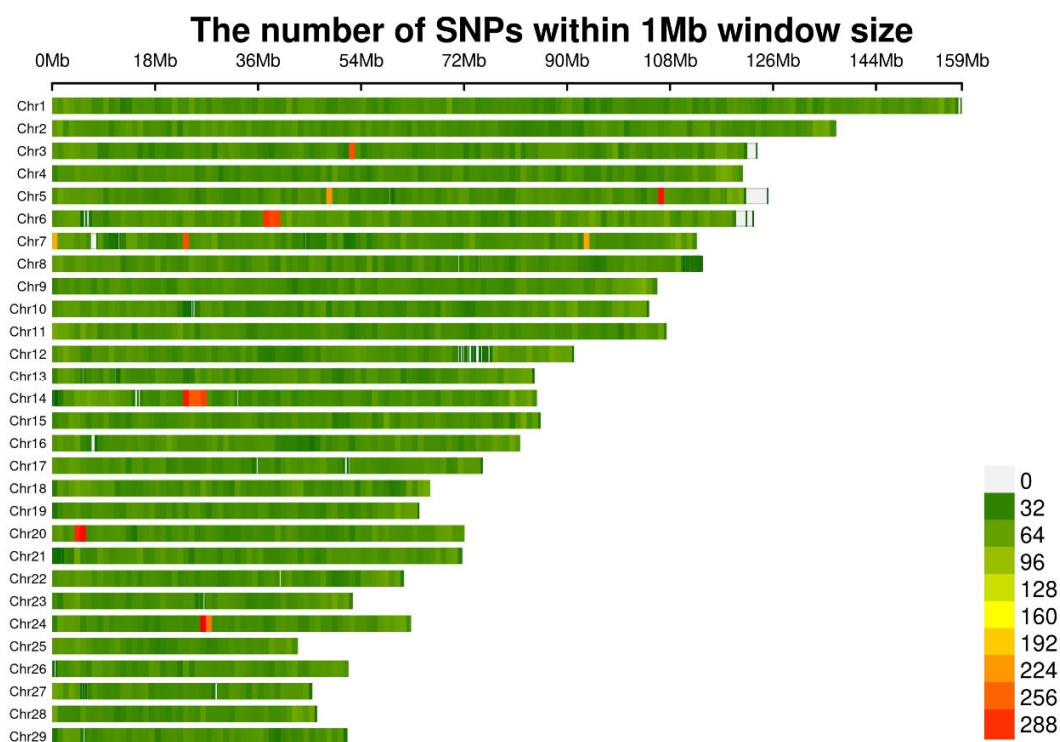
STATISTICHE DESCRITTIVE INERENTI ALLA GENOTIPIZZAZIONE IN SOGGETTI DI RAZZA GRIGIO ALPINA NELL'AMBITO DEL PROGETTO DUALBREEDING-Fase 2 – Terzo STEP

Di seguito vengono riportate alcune statistiche di sintesi inerenti alle analisi genomiche effettuate su totali 2363 singoli soggetti di razza Grigio Alpina (2382 campioni, di cui 19 doppi). Per gli animali con genotipo ripetuto sono selezionati quelli con il call-rate più alto.

Nella Fase 2 del progetto Dualbreeding sono stati usati due tipi di CHIP, anche se entrambi ad alta densità, ma con diverso numero di marcatori: 150.000 SNPs oppure 100.000 SNPs.

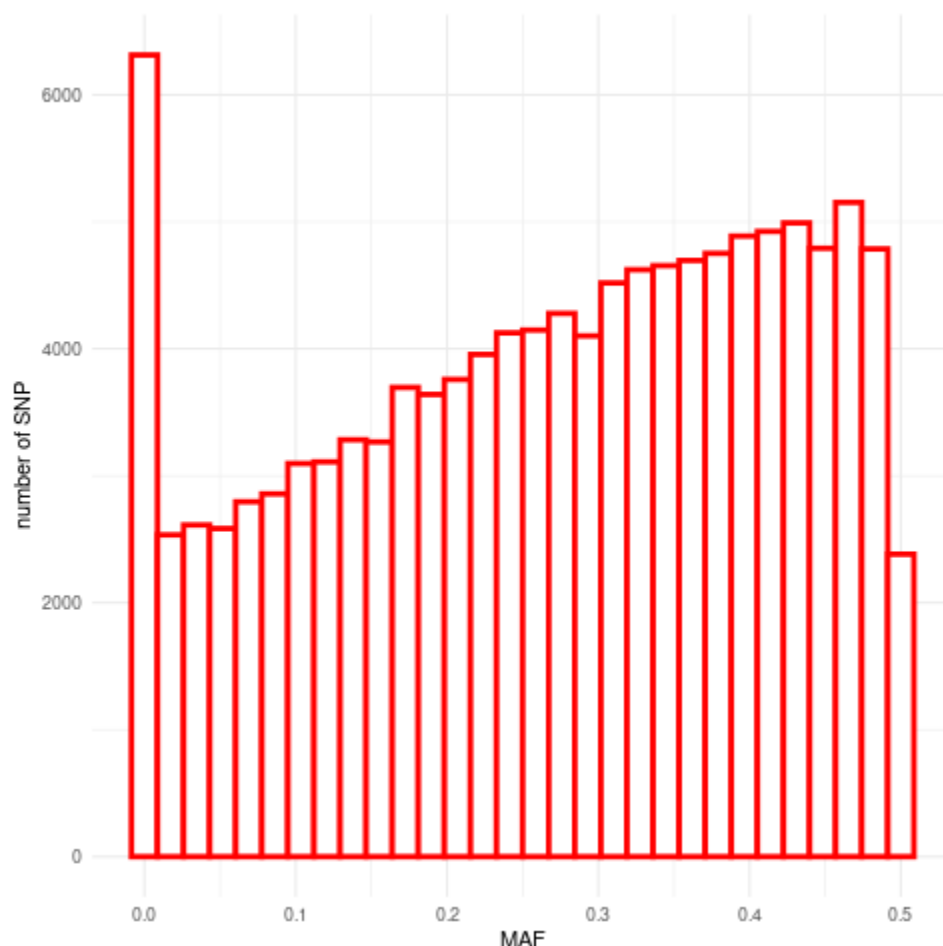
Le immagini riportate sono una rappresentazione grafica della mappa genomica imputata a 150k, i diversi colori indicano la densità di SNP per Mb ed è relativa solamente agli autosomi.

Rappresentazione del pannello “Imputed” a 150K:



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

Pannel Marcatori	Minimo	Media	Mediana	Massimo	N. Mancanti
Imputed	0	0.283	0.268	0.500	0



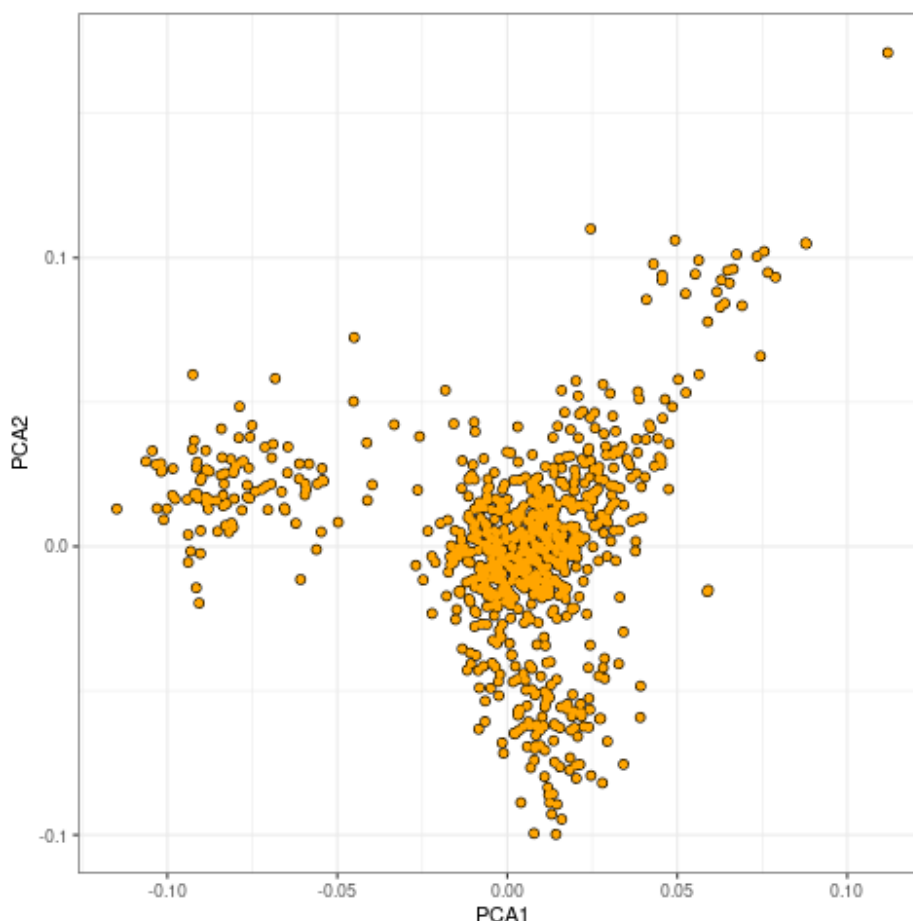
2. CALL RATE (SNP): Indica con che percentuale sono mediamente presenti gli SNP esaminati.

Pannel Marcatori	Minimo	Media	Mediana	Massimo
Imputed	1	1	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)

Pannel Marcatori	Minimo	Media	Mediana	Massimo
Imputed	0	1	1	1

5. Analisi delle componenti principale per la matrice rappresentata nel punto 4. Quest'analisi è utile per vedere se ci sono sottopopolazioni all'interno della popolazione Grigio Alpina.



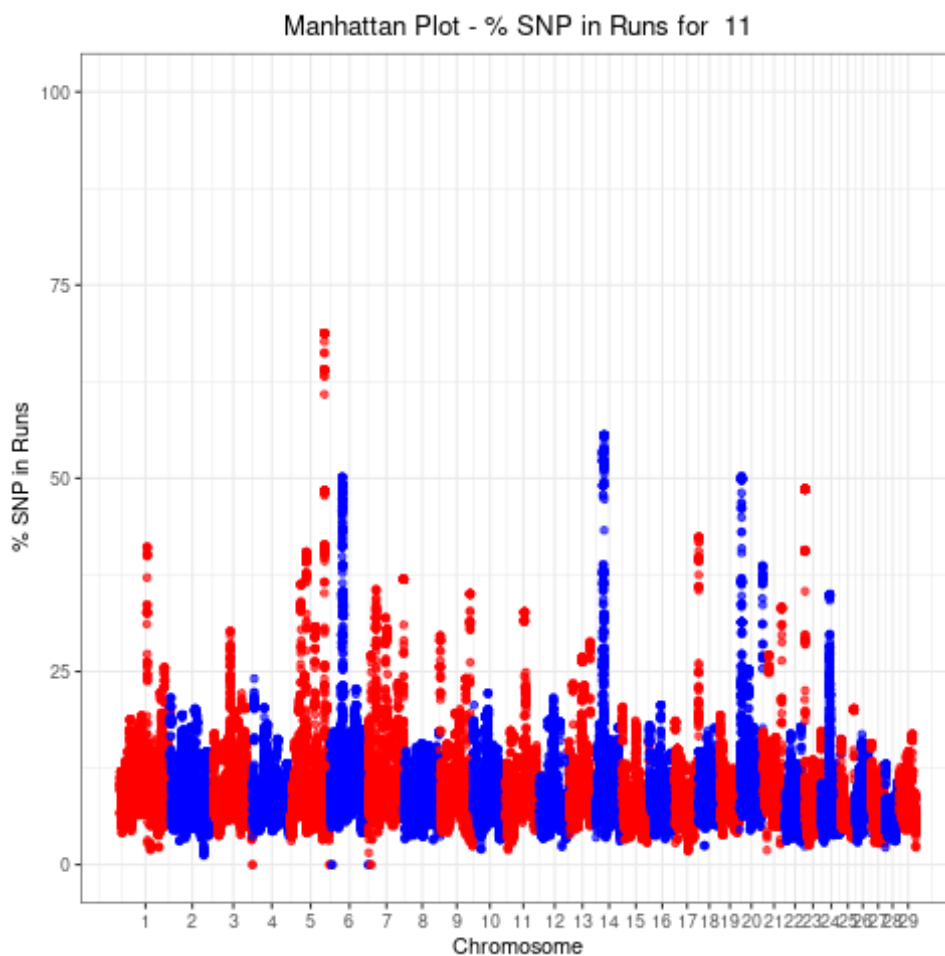
6. Calcolo Inbreeding genomico tramite genotipi imputati con differenti metodi:
- rapporto tra SNP in condizione di omozigosi sul totale (F_{roh});
 - diagonale della matrice G , rappresentata nel punto 4, (F_{diag});
 - differenza tra eterozigosità attesa ed osservata (F_{het});

In media la correlazione tra l'inbreeding da pedigree e quello genomico è del 50%. Questo indica una buona profondità e attendibilità delle informazioni anagrafiche e un campione abbastanza rappresentativo degli animali con genotipo. Inoltre, è un indicatore indiretto della qualità del processo di imputazione.

Correlazione tra i vari inbreeding genomici, i vari inbreeding dimostrano una buona correlazione tra di loro confermando la qualità dei dati genomici

	F _{roh}	F _{diag}	F _{het}
F _{roh}	1.00	0.70	0.95
F _{diag}		1.00	0.72
F _{het}			1.00

7. Figura rappresentante le regioni di omozigosi nel genoma di Grigio Alpina, i picchi in questo grafico indicano regioni del genoma in forte condizione di omozigosi, comunemente chiamate segnali di selezioni. 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.



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