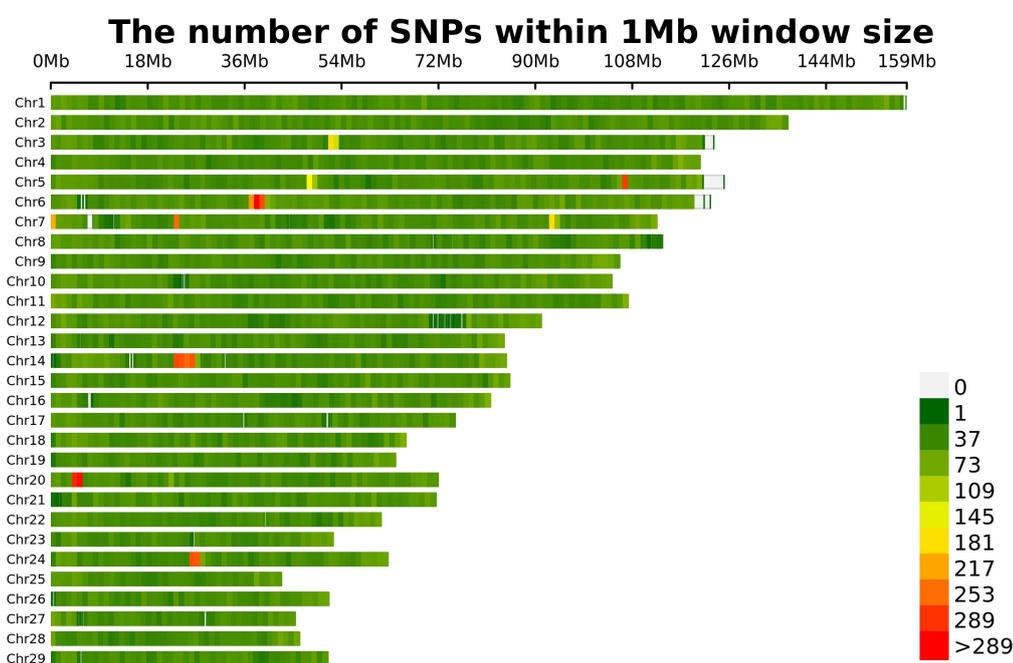


STATISTICHE DESCRITTIVE INERENTI ALLA GENOTIPIZZAZIONE IN SOGGETTI DI RAZZA PUSTERTALER SPRINZEN NELL'AMBITO DEL PROGETTO DUALBREEDING-Fase 2 - Terzo STEP

Di seguito vengono riportate alcune statistiche di sintesi inerenti alle analisi genomiche effettuate su 351 singoli soggetti di razza Pustertaler Sprinzen (Fase 2), 356 campioni totali di cui 3 doppi, genotipizzati ad alta densità (HD, 150.000 SNPs).

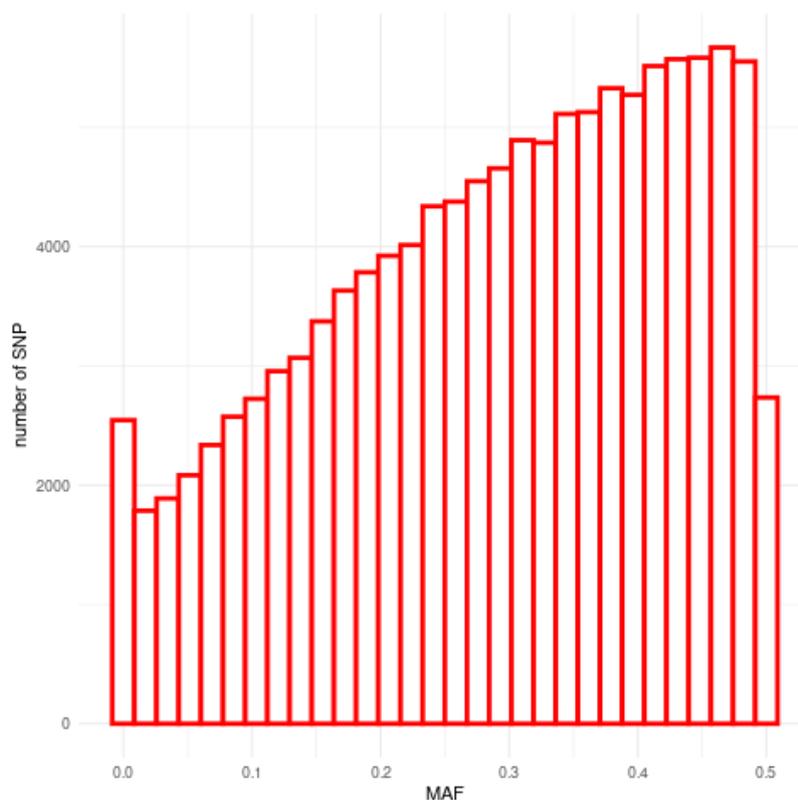
Le immagini riportate sono una rappresentazione grafica della mappa HD, i diversi colori indicano la densità di SNP per Mb. Solo autosomi sono stati rappresentati

Rappresentazione pannello HD utilizzato:



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

Pannel Marcatori	Minimo	Media	Mediana	Massimo	N. Mancanti
HD	0	0.3065	0.2899	0.5000	2



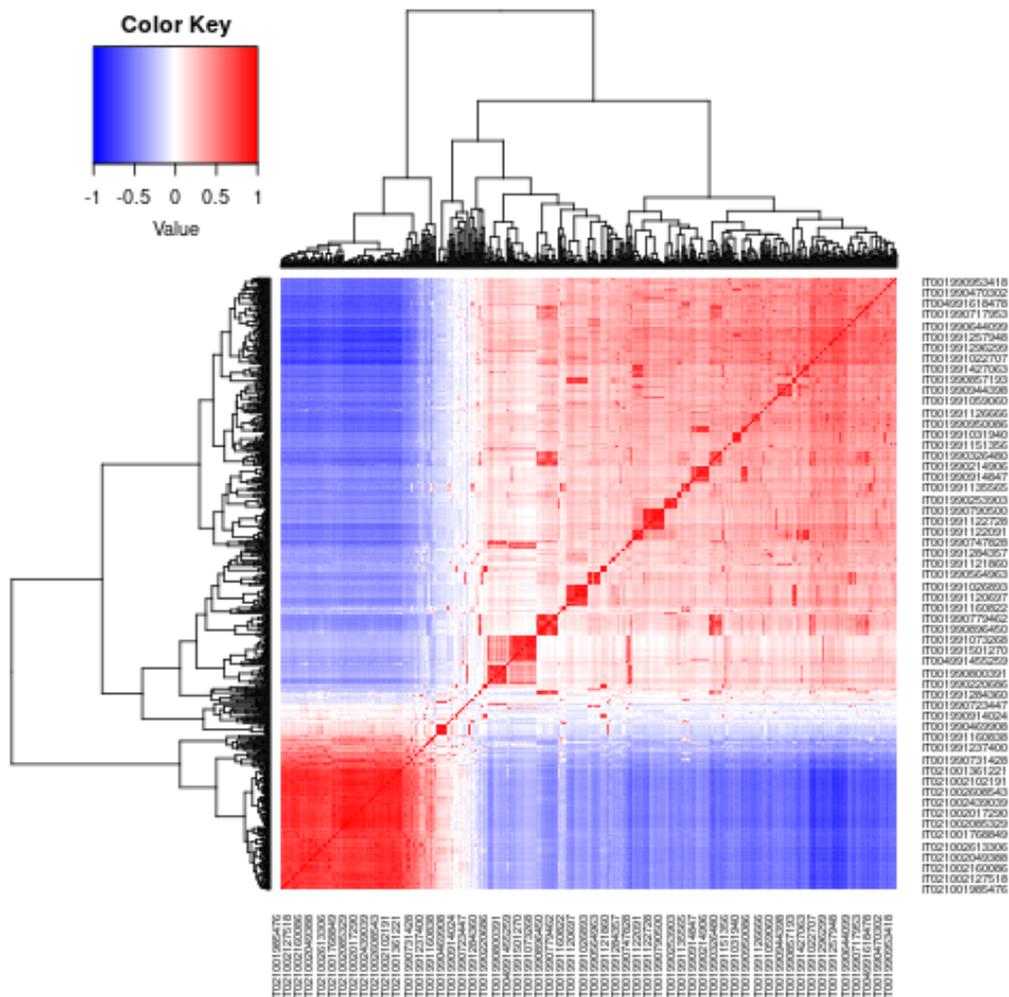
2. CALL RATE (SNP): indica con che percentuale sono mediamente presenti gli SNP esaminati.

Panel Marcatore	Minimo	Media	Mediana	Massimo
HD	0	0.997	1	1

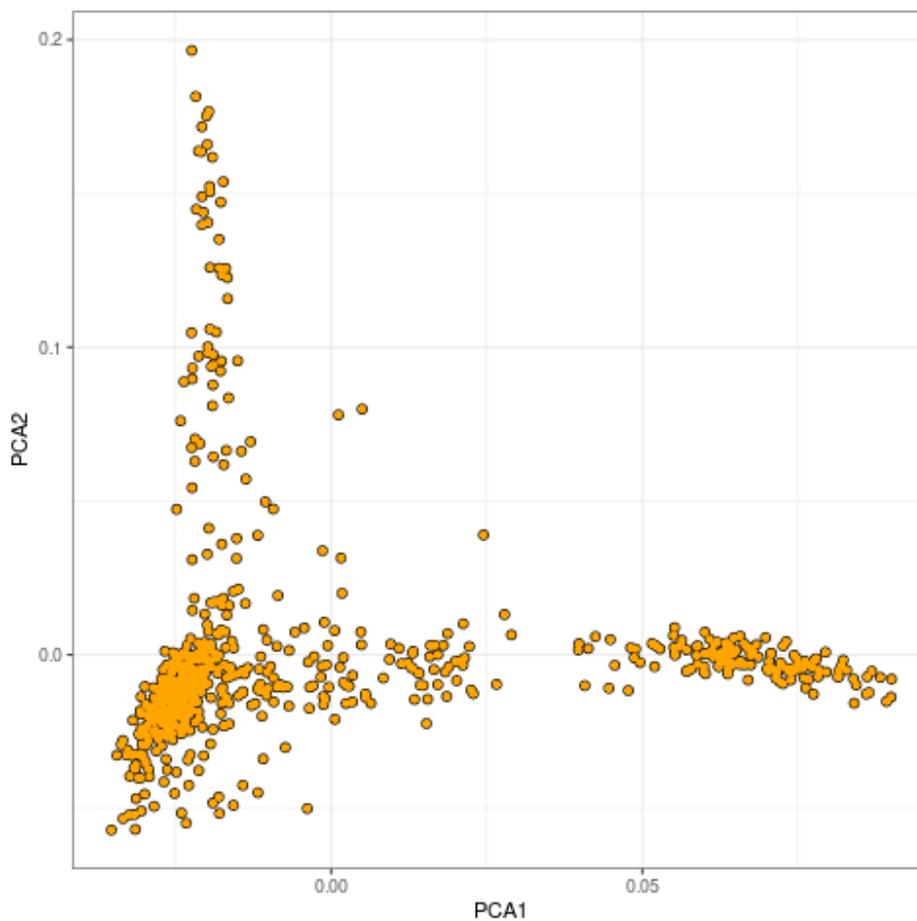
3. CALL RATE (ANIMAL): Indica con che percentuale sono mediamente presenti gli SNP esaminati per ogni animale su cui è stata fatta l'analisi genomica (solo SNP presenti negli autosomi sono stati considerati)

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 al punto precedente (4). Quest'analisi è utile per vedere se ci sono sottopopolazioni all'interno della popolazione Pustertaler Sprinzen.





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

La correlazione tra le diverse tipologie di inbreeding genomico indica una alta correlazione tra i diversi metodi a confronto, confermando la qualità dei dati genomici.

	F _{roh}	F _{diag}	F _{het}
F _{roh}	1.00	0.82	0.93
F _{diag}		1.00	0.86
F _{het}			1.00

7. Figura rappresentante le regioni di omozigosi nel genoma nella razza Pustertaler Sprinzen, 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.

