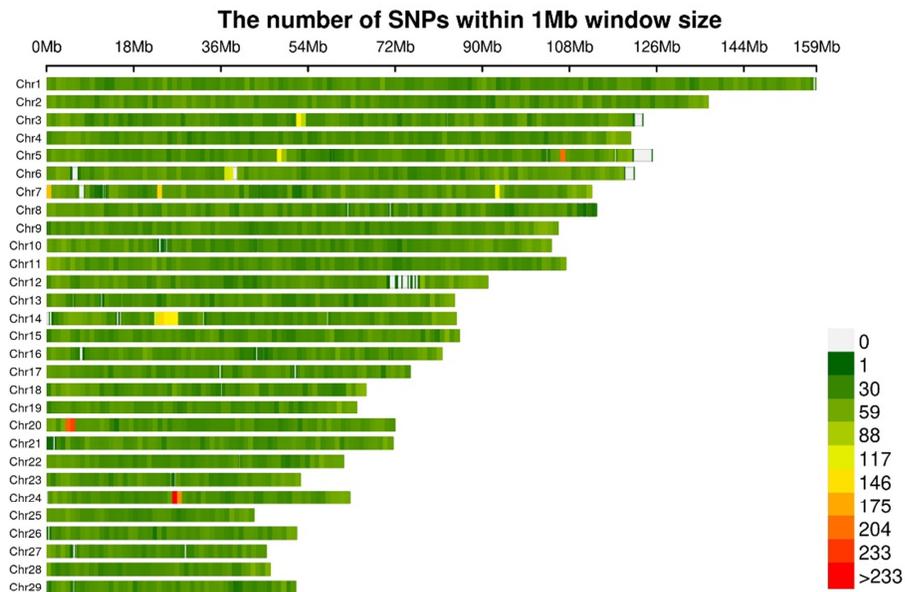
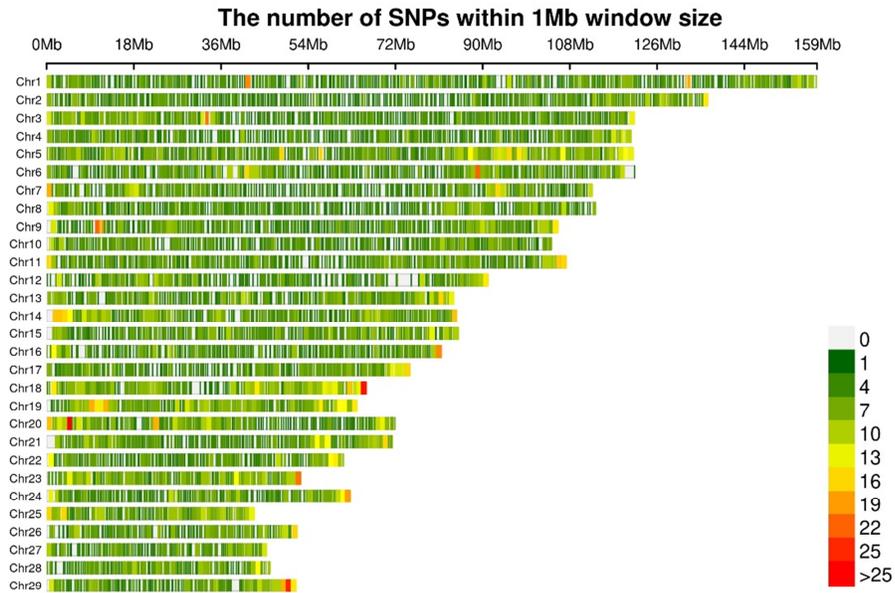


## STATISTICHE DESCRITTIVE INERENTI ALLA GENOTIPIZZAZIONE IN SOGGETTI DI RAZZA RENDENA NELL'AMBITO DEL PROGETTO DUAL BREEDING – Triennio 2018-2020

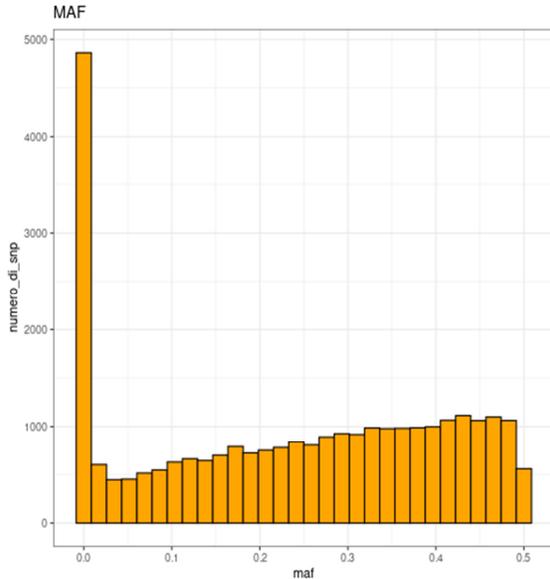
Di seguito vengono riportate alcune statistiche di sintesi inerenti alle analisi genomiche effettuate su 1293 soggetti di razza Rendena secondo i due panel di marcatori utilizzati, ovvero ad alta densità (HD, 150.000 SNPs; 280 Tori) o a bassa densità (LD, 33.000 SNPs; 1013 Vacche)

Rappresentazione grafica dei pannelli utilizzati (LD sopra e HD sotto). Entrambe le figure rappresentano il numero di SNPs per 1Mb di genoma sui 29 autosomi (i cromosomi sessuali sono esclusi).

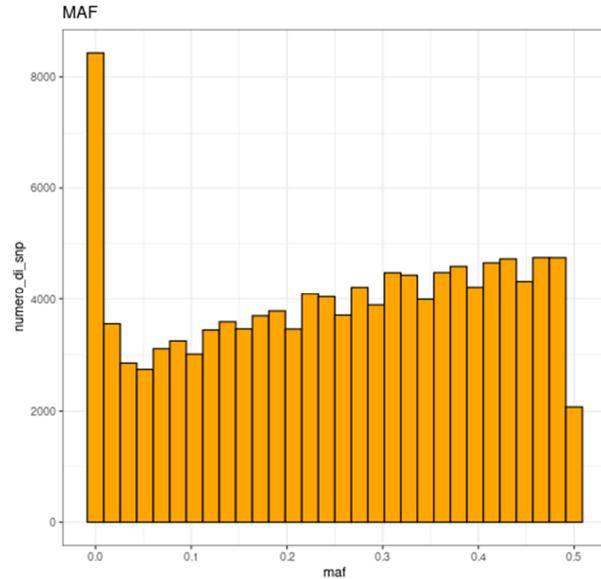


- 1 Minor Allele Frequency (MAF): Identifica l'allele con minor frequenza tra tutti i marcatori analizzati.

Panel Marcatore	Media	Mediana	Min.	Max.
HD – Tori	0.266	0.254	0.000	0.500
LD - Vacche	0.239	0.255	0.000	0.500



MAF pannello HD (Tori)



MAF pannello LD (Vacche)

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

Panel Marcatore	Media	Mediana	Min.	Max.
HD - Tori	0.995	0.991	0.000	1.000
LD - Vacche	0.979	0.991	0.000	0.993

HD panel - Tori		LD panel - Vacche	
callrate	SNPname	callrate	SNPname
0.95	BovineHD2400012224	0.95	BovineHD2900014692_1
0.95	ARS-BFGL-NGS-14337	0.95	BovineHD2400017586
0.95	BovineHD2900014804_1	0.94	BovineHD2900014481_1
0.94	BovineHD2900014844	0.85	ARS-BFGL-NGS-64321
0.93	BovineHD2400000063	0.88	BovineHD2900014214_1
0.92	BovineHD2900014634_0	0.61	BovineHD2900013781_1
0.91	BovineHD2900014549	0.45	ARS-BFGL-NGS-5027_0
0.89	ARS-BFGL-NGS-111472_0	0.30	CAPN1_1_1

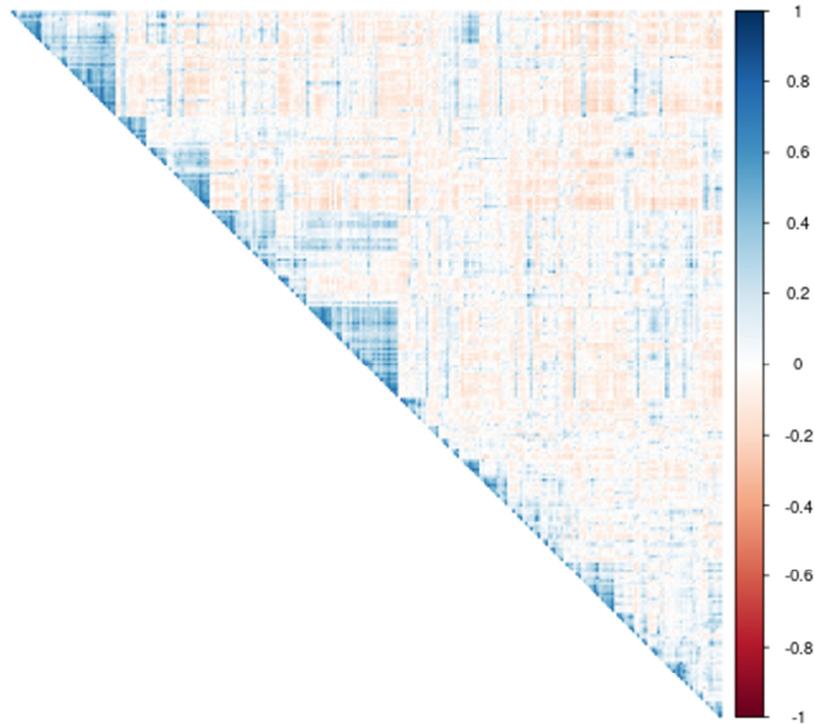
- 3 CALL RATE (ANIMAL): Indica con che percentuale sono mediamente presenti gli SNP esaminati per ogni animale su cui è stata fatta l'analisi genomica.

Panel Marcatore	Media	Mediana	Min.	Max.
HD - Tori	0.989	0.987	0	0.998
LD - Vacche	0.979	0.9780	0	0.999

4 ALLELE FREQUENCY: Identifica la frequenza media di entrambi gli alleli di uno stesso locus.

Panel Marcatori	Media	Mediana	Min.	Max.	SNP mancanti
HD - Tori	0.487	0.431	0.000	1.000	1
LD - Vacche	0.480	0.465	0.000	1.000	50

5 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.



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

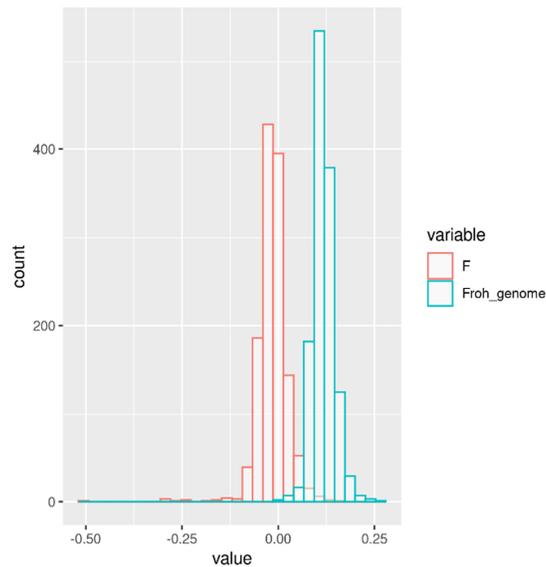
Elenco dei 5 animali con valore di inbreeding genomico più alto secondo 2 diversi metodi di calcolo dell'inbreeding genomico (eterozigosità e ROH).

N	Metodo HET		Metodo ROH	
	Matricola	Inbreeding Genomico	Matricola	Inbreeding Genomico
1	10IT023990478173	0.147	10IT023990478173	0.26
2	10IT028990397542	0.131	10IT022990258846	0.24
3	10IT022990258846	0.128	10IT022990193535	0.24
4	10IT028990336851	0.117	10IT028990397542	0.23
5	10IT023990478175	0.114	10IT022990330795	0.22

Elenco dei 5 animali con valore di inbreeding genomico più basso secondo 2 diversi metodi di calcolo dell'inbreeding genomico (eterozigotità media, HET, e proporzione di ROH lungo il genoma ROH).

Metodo HET			Metodo ROH	
N	Matricola	Inbreeding Genomico	Matricola	Inbreeding Genomico
1	10IT028990269941	-0.507	10IT028990269941	0.004
2	10IT028990392018	-0.301	10IT022990170908	0.009
3	10IT028990388014	-0.287	10IT028990336824	0.015
4	10IT028990336824	-0.286	10IT022990174156	0.021
5	10IT022990237272	-0.282	10IT028990390523	0.023

Distribuzione di frequenza dei livelli di inbreeding misurati con HET (F) e ROH (Froh\_genome).



La Correlazione tra le due tipologie di inbreeding è risultata pari allo 0.87

7. ANALISI DI PCA: valuta se la popolazione è uniforme (solo soggetti genotipizzati con panel HD) oppure ci possano essere differenze entro razza (sottopopolazioni): nel presente grafico si nota difformità e quindi possibili sottopopolazioni.

