

AZ. 2 – IOV 2.3: **Caratterizzazione fenotipica della razza Rendena**

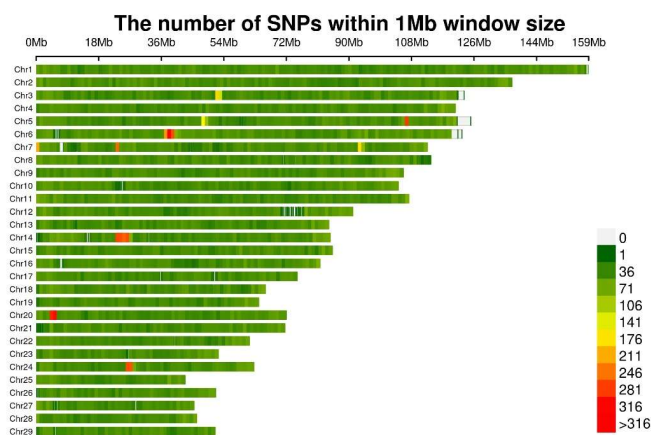
**STATISTICHE DESCRITTIVE INERENTI ALLA GENOTIPIZZAZIONE IN  
SOGGETTI DI RAZZA RENDENA NELL'AMBITO DEL PROGETTO  
DUALBREEDING E DUALBREEDING-Fase 2**

Di seguito vengono riportate alcune statistiche di sintesi inerenti alle analisi genomiche effettuate su 2301 singoli soggetti di razza Rendena nell'ambito del progetto Dualbreeding.

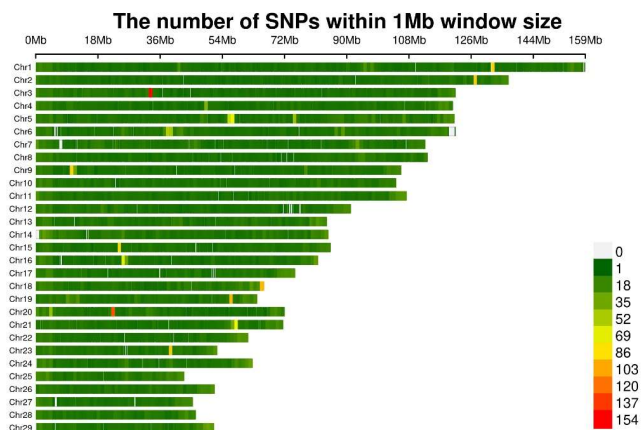
Per gli animali con analisi genomiche ripetute sono stati selezionati quelli con il call-rate più elevato. Complessivamente i soggetti genotipizzati sono risultati 1301 nella Fase 1 del Dualbreeding e 1000 nella fase 2 (ancora in corso). Relativamente ai chip utilizzati si è fatto ricorso a due panel di marcatori: ad alta densità (HD, 150.000 SNPs; 1290 Animali totali, di cui 290 nella Fase 1 e 1000 nella Fase 2) e media densità (MD, 33.000 SNPs; 1011 Animali, tutti appartenenti alla Fase \ Dualbreeding).

Le immagini riportate sono una rappresentazione grafica delle due mappe, i diversi colori indicano la densità di SNP per Mb. Solo i 29 autosomi sono stati rappresentati.

**Rappresentazione dei panelli MD (sopra) e HD (sotto):**

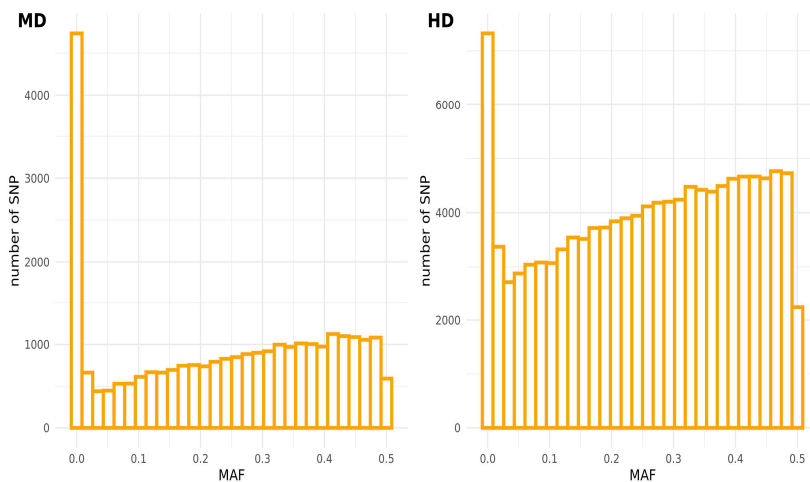


AZ. 2 – IOV 2.3: **Caratterizzazione fenotipica della razza Rendena**



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	0.2695	0.2847	0.5000	15
MD	0	0.2511	0.2759	0.5000	1



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

Panel Marcatore	Minimo	Media	Mediana	Massimo
HD	0	0.9692	0.9667	0.9691
MD	0	0.9890	0.9851	0.9934

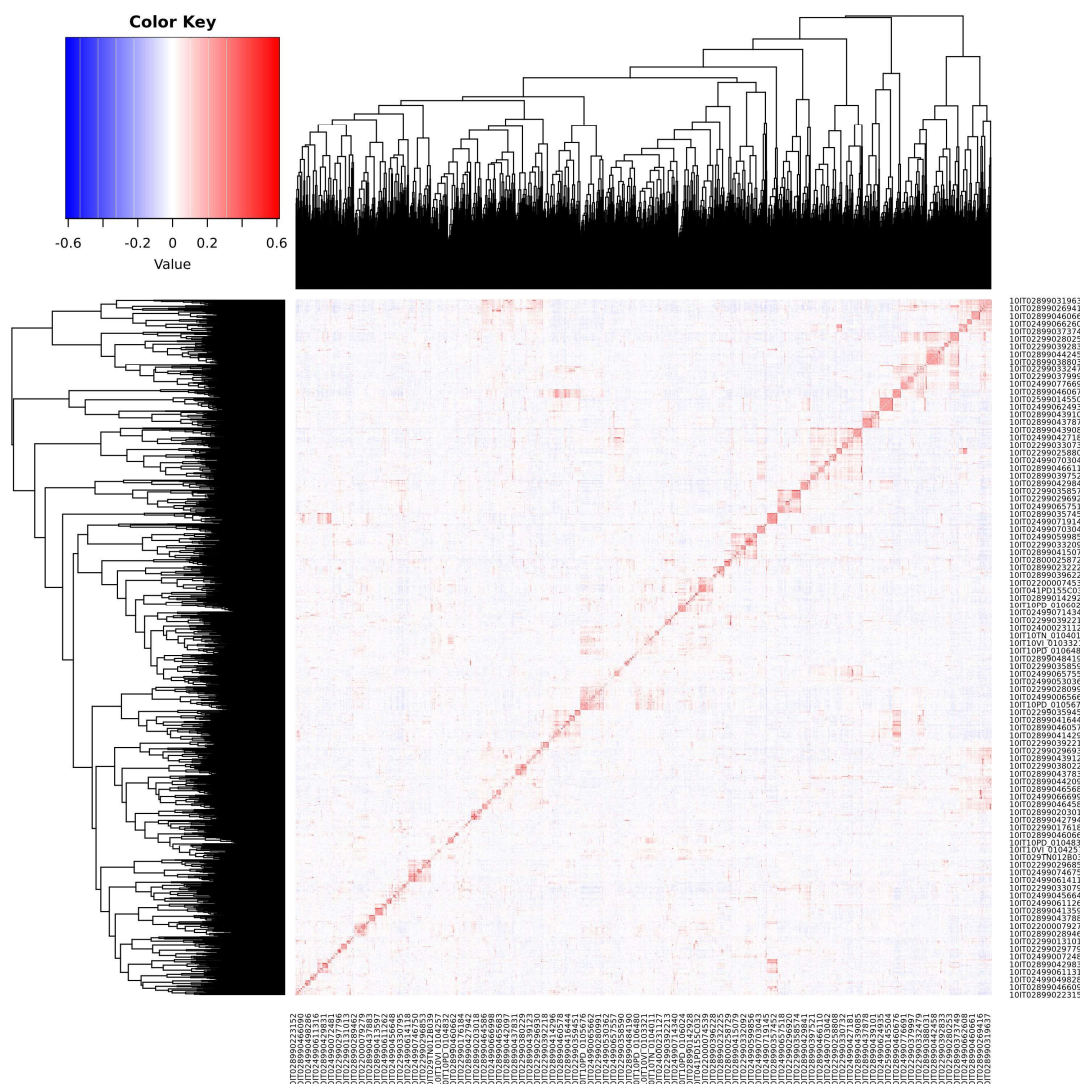
3. CALL RATE (ANIMAL): Indica con che percentuale sono mediamente presenti gli SNP esaminati per ogni animale su cui è stata fatta l'analisi genomica (solo SNP presenti negli autosomi)

AZ. 2 – IOV 2.3: **Caratterizzazione fenotipica della razza Rendena**

sono stati considerati).

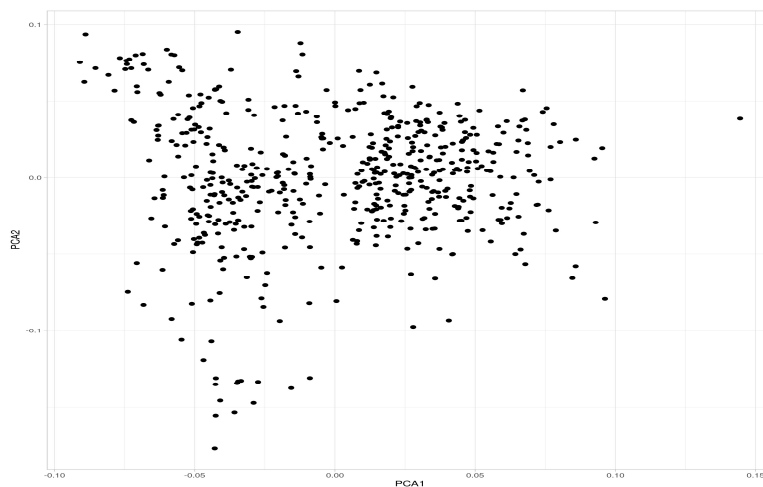
Panel Marcatore	Minimo	Media	Mediana	Massimo
HD	0	0.9654	0.9972	0.9978
MD	0	0.9851	0.9890	0.9934

4. Matrice di parentela genomica: parentela calcolata sulla base dei marcatori SNP comuni tra i soggetti testati utilizzando la tecnica di imputazione tramite il programma AlphaImpute2 per animali genotipizzati in LD. L'imputazione permette di trasformare gli animali presenti nel pannello LD in HD "riempiendo" i valori mancanti tramite le informazioni ricavate dagli animali HD e la matrice della parentela anagrafica. Tramite validazione incrociata è stato stimato che più del 92% di genotipi mancanti sono stati correttamente imputati. Per quanto riguarda la matrice di parentela genomica, valori tendenti al Rosso indicano elevato legame di parentela, mentre valori tendenti al Blu/Bianco riportano situazioni di più scarso legame di parentela.



AZ. 2 – IOV 2.3: **Caratterizzazione fenotipica della razza Rendena**

5. Analisi delle componenti principale per la matrice di parentela genomica. Quest'analisi è utile per vedere se ci sono sottopopolazioni all'interno della popolazione Rendena.



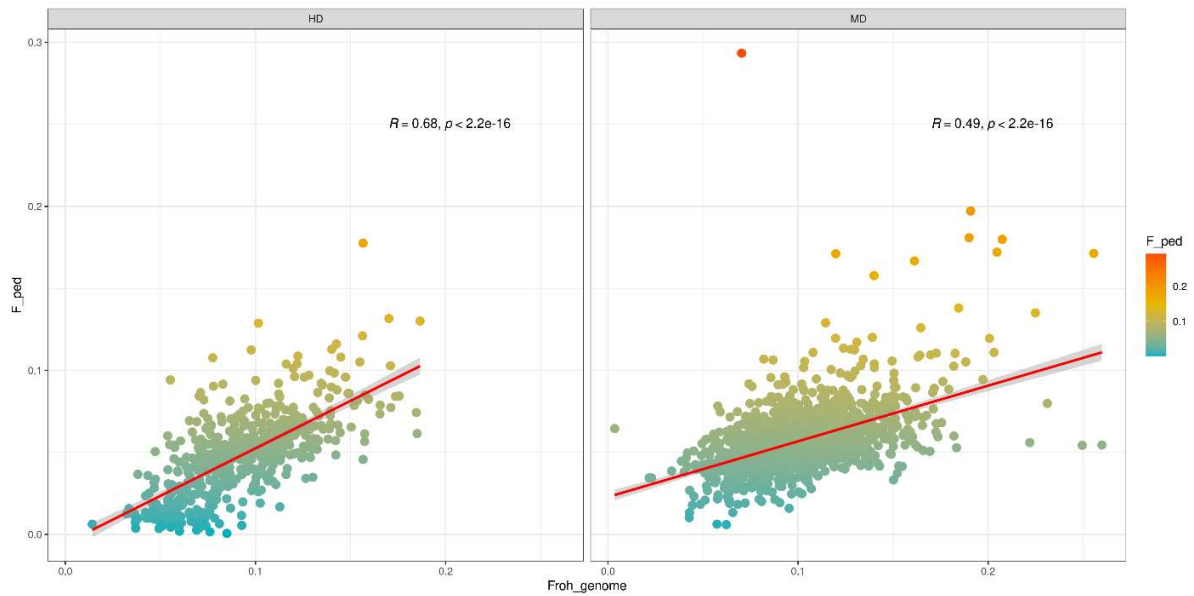
6. Calcolo Inbreeding genomico tramite genotipi imputati con differenti metodi:

- 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 eterozigosità attesa ed osservata ( $F_{het}$ );

	$F_{roh}$	$F_{diag}$	$F_{het}$
$F_{roh}$	1.00	0.70	0.90
$F_{diag}$		1.00	0.53
$F_{het}$			1.00

Nel caso specifico della razza Rendena, la correlazione tra i vari inbreeding genomici mostra un buon livello di correlazione tra metodi, confermando la qualità dei dati genomici

Correlazione tra inbreeding da pedigree e inbreeding genomico: risulta in media attorno al 58%, fatto questo che indica una buona profondità e attendibilità delle informazioni anagrafiche e un campione abbastanza rappresentativo degli animali con genotipo.

AZ. 2 – IOV 2.3: Caratterizzazione fenotipica della razza Rendena

7. Figura rappresentante le regioni di omozigosi nel genoma della razza Rendena. 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.

