

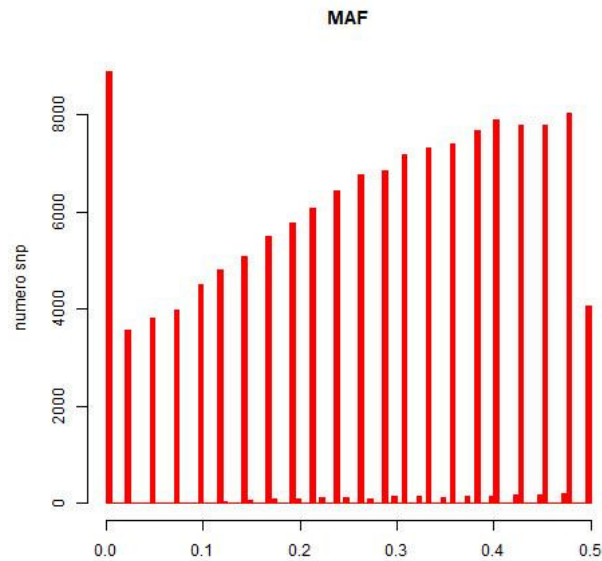
AZIONE 2 – 4° IOV: PUBBLICAZIONE DATI DI STATISTICA DESCRITTIVA RISPETTO AI CARATTERI RILEVATI PER LE RAB

## STATISTICHE DESCRITTIVE INERENTI LA GENOTIPIZZAZIONE IN SOGGETTI DI RAZZA AGEROLESE NELL'AMBITO DEL PROGETTO DUAL BREEDING

Di seguito vengono riportate alcune statistiche di sintesi inerenti le analisi genomiche effettuate su 21 soggetti di razza agerolese

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

Media	Mediana	Min.	Max.	SNP mancanti
0.270	0.288	0.000	0.500	683



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

Media	Mediana	Min.	Max.
0.949	0.955	0.000	1.000

Numero di SNP (n=2) con Call rate sotto al 90%.

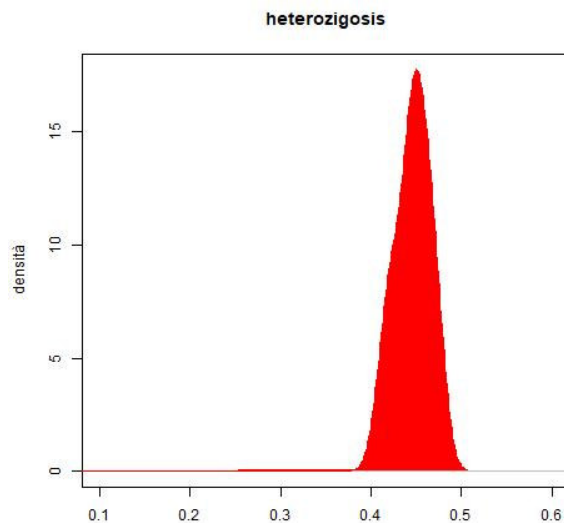
Call rate	Nome SNP
0.818	ARS-BFGL-NGS-71965
0.863	BovineHD2300007057

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

Call rate Animale Medio
0.993

4. ETRORIZIOSI: Percentuale di alleli SNP eterozigoti (ovvero tra loro diversi, tipo GA, GT, etc.)

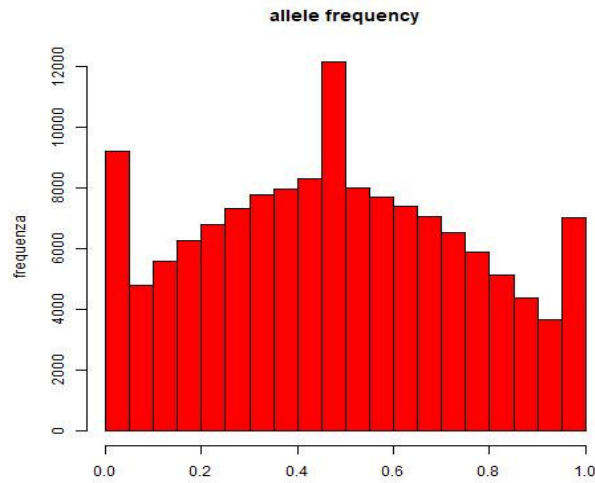
Media	Mediana	Min.	Max.
0.447	0.449	0.393	0.451



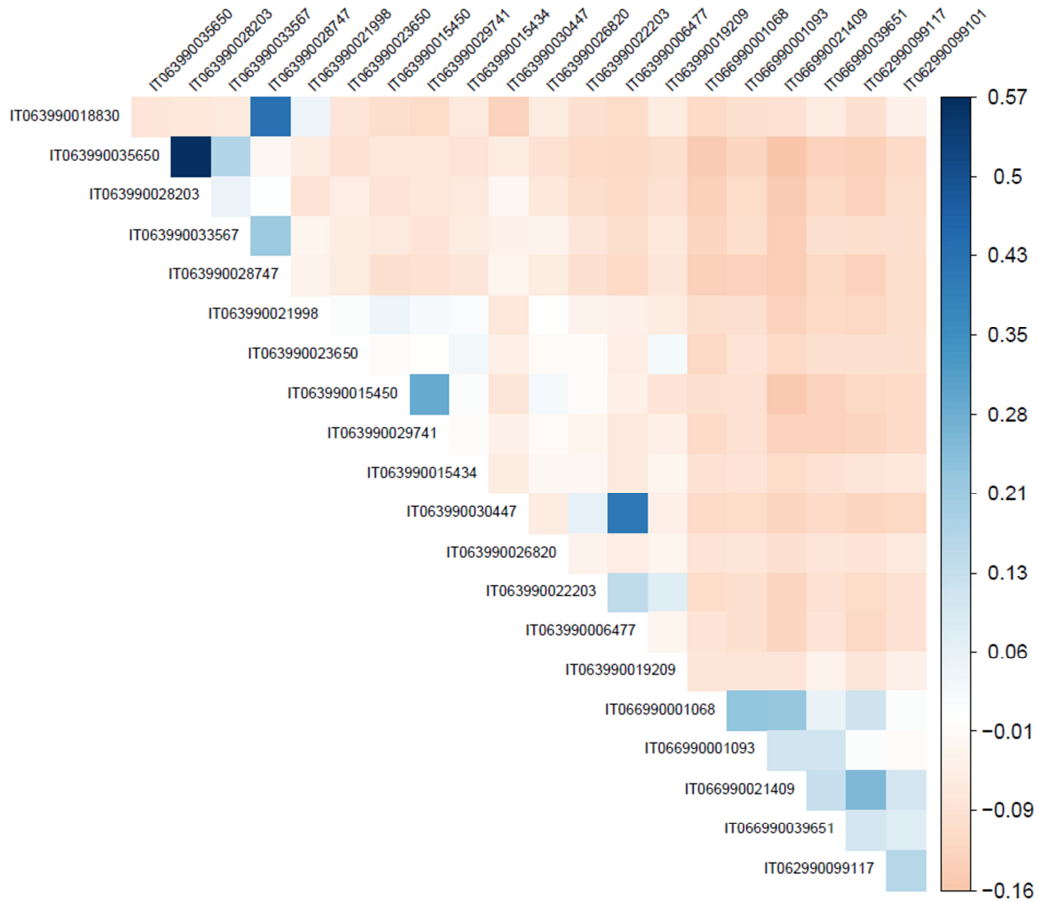
Animale	Call rate	Eterozigosi
IT066990021409	0.993	0.421
IT066990001093	0.993	0.453
IT066990001068	0.993	0.424
IT062990099117	0.993	0.447
IT062990099101	0.993	0.447
IT063990035650	0.993	0.410
IT063990033567	0.993	0.467
IT063990028747	0.980	0.471
IT063990028203	0.993	0.456
IT063990021998	0.994	0.443
IT063990018830	0.993	0.436
IT063990030447	0.993	0.453
IT063990029741	0.993	0.423
IT063990026820	0.993	0.472
IT063990023650	0.993	0.443
IT063990022203	0.993	0.448
IT063990019209	0.993	0.460
IT063990015450	0.993	0.420
IT063990015434	0.993	0.441
IT063990006477	0.994	0.473
IT066990039651	0.993	0.459

5. ALLELE FREQUENCY: Identifica la frequenza media di entrambi gli alleli di uno stesso locus. La percentuale di locus con un solo allele è risultata pari al 6.7%.

Media	Mediana	Min.	Max.	NA's
0.478	0.478	0.000	1.000	683



6. PARENTELA GENOMICA: Parentela calcolata sulla base dei marcatori SNP comuni tra i soggetti testati (n=21). Valori tendenti al Blu indicano elevato legame di parentela, tendenti al Rosso scarso legame di parentela.



7. INBREEDING GENOMICO: Livello di inbreeding o consanguineità desunta dalla parentela genomica: I valori <1 indicano basso grado di inbreeding (omozigosi). L'esempio riporta il numero totale di soggetti su cui è stato calcolato l'inbreeding genomico (n=21).

<b>Animale</b>	<b>Inbreeding Genomico</b>
IT066990021409	1.016
IT066990001093	0.98
IT066990001068	0.991
IT062990099117	0.984
IT062990099101	1.022
IT063990035650	1.027
IT063990033567	0.917
IT063990028747	0.861
IT063990028203	0.946
IT063990021998	0.962
IT063990018830	1.032
IT063990030447	0.922
IT063990029741	1.019
IT063990026820	1.016
IT063990023650	1.007
IT063990022203	0.959
IT063990019209	1.022
IT063990015450	0.966
IT063990015434	1.023
IT063990006477	0.945
IT066990039651	1.001