

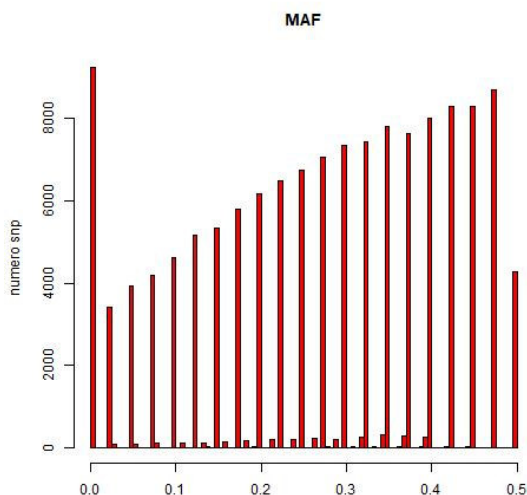
AZIONE 2 – 4° IOV: PUBBLICAZIONE DATI DI STATISTICA DESCRITTIVA RISPETTO AI CARATTERI RILEVATI PER LE RAB

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

Di seguito vengono riportate alcune statistiche di sintesi inerenti le analisi genomiche effettuate su 20 soggetti di razza Burlina

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

Media	Mediana	Min.	Max.	SNP mancanti
0.270	0.275	0.000	0.500	251



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

Media	Mediana	Min.	Max.
0.996	1.000	0.000	1.000

Numero di SNP (n=5) con Call rate sotto al 90%.

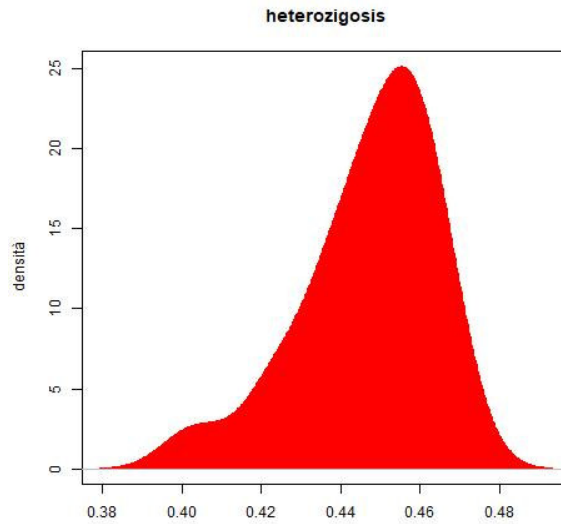
Call rate	Nome SNP
0.85	ARS-BFGL-NGS-43021
0.75	BovineHD2300007031
0.70	BovineHD2300007121
0.75	BovineHD2300007611
0.85	BovineHD2300008231

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
0.997

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

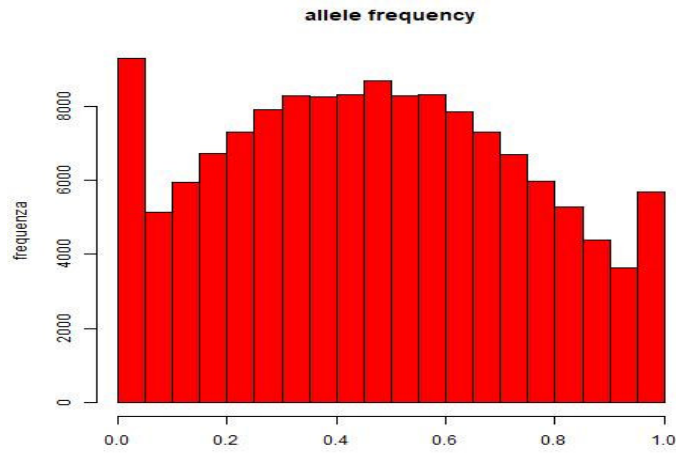
Media	Mediana	Min.	Max.
0.447	0.449	0.393	0.451



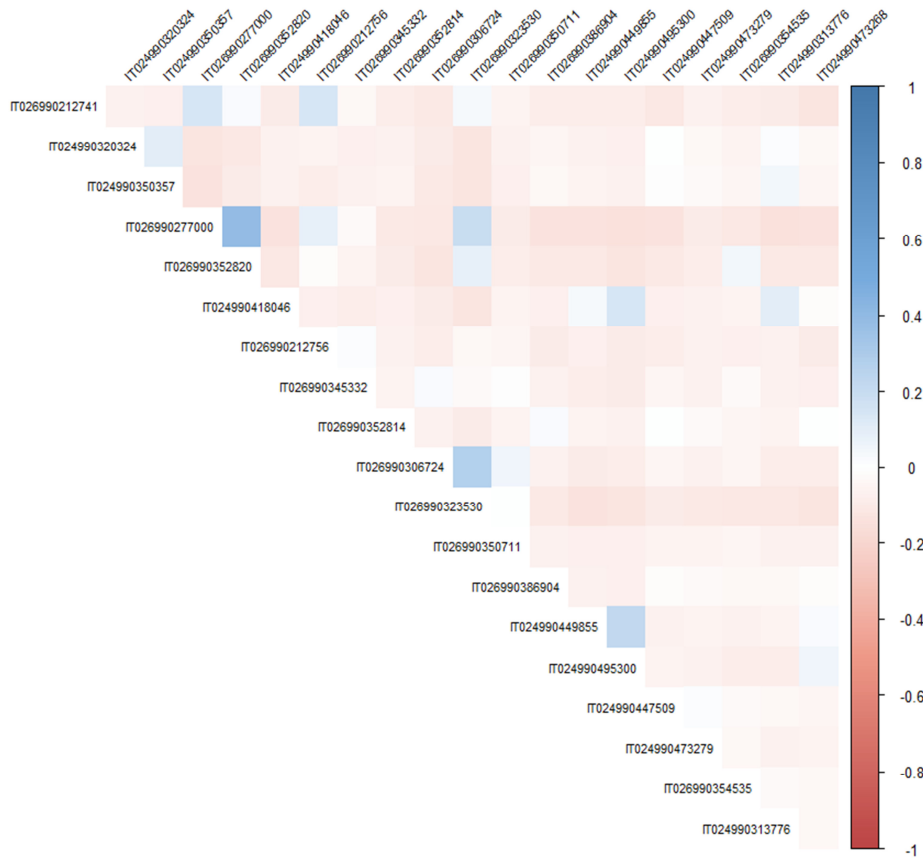
Animale	Call rate	Eterozigosi
IT026990212741	0.997	0.465
IT024990320324	0.997	0.424
IT024990350357	0.997	0.448
IT026990277000	0.997	0.403
IT026990352820	0.996	0.460
IT024990418046	0.997	0.436
IT026990212756	0.988	0.469
IT026990345332	0.997	0.462
IT026990352814	0.997	0.439
IT026990306724	0.997	0.422
IT026990323530	0.997	0.441
IT026990350711	0.997	0.459
IT026990386904	0.997	0.435
IT024990449855	0.997	0.449
IT024990495300	0.997	0.457
IT024990447509	0.974	0.450
IT024990473279	0.996	0.454
IT026990354535	0.996	0.448
IT024990313776	0.996	0.455
IT024990473268	0.997	0.461

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
0.475	0.480	0.000	1.000	251



6. PARENTELA GENOMICA: Parentela calcolata sulla base dei marcatori SNP comuni tra i soggetti testati (n=20). 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=20).

Animale	Inbreeding Genomico
---------	---------------------

IT026990212741	0.917
IT024990320324	1.038
IT024990350357	1.005
IT026990277000	0.97
IT026990352820	0.876
IT024990418046	1.009
IT026990212756	0.875
IT026990345332	0.925
IT026990352814	1.021
IT026990306724	0.993
IT026990323530	0.89
IT026990350711	0.972
IT026990386904	1.123
IT024990449855	0.99
IT024990495300	0.983
IT024990447509	0.981
IT024990473279	1.016
IT026990354535	0.987
IT024990313776	0.974
IT024990473268	1.001