

$F_{ROH}$  medio 0.10

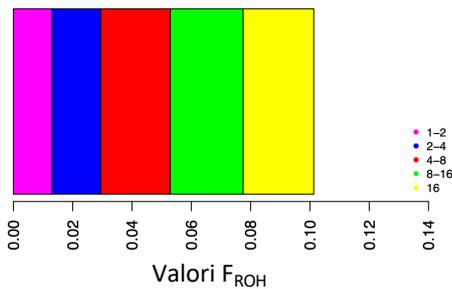
$H_e$  Attesa 0.38

$H_o$  Osservata 0.38

N° allevamenti 92

N° soggetti 2174

## Classi $F_{ROH}$



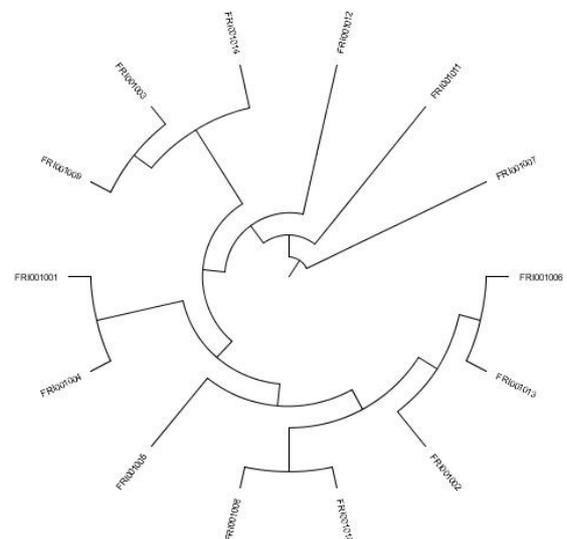
## Distribuzione allevamenti



## Distribuzione Componente maggiore del background genomico

Questa analisi potrà essere effettuata nella fase finale del progetto una volta campionate e analizzate tutte le razze

## Distanze genetiche



$F_{ROH}$  medio 0.09

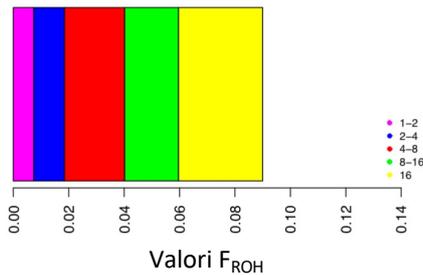
$H_e$  Attesa 0.37

$H_o$  Osservata 0.36

N° allevamenti 17

N° soggetti 400

## Classi $F_{ROH}$



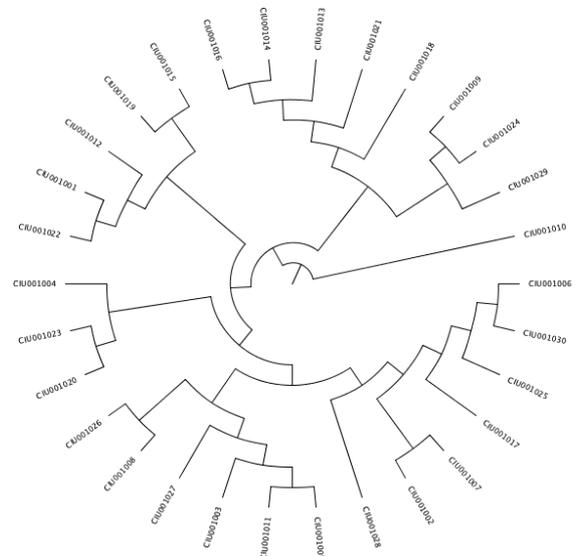
## Distribuzione allevamenti



## Distribuzione Componente maggiore del background genomico

Questa analisi potrà essere effettuata nella fase finale del progetto una volta campionate e analizzate tutte le razze

## Distanze genetiche



$F_{ROH}$  medio 0.038

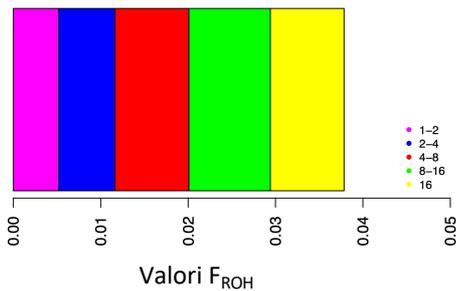
$H_e$  Attesa 0.414

$H_o$  Osservata 0.408

N° allevamenti 73

N° soggetti 5684

## Classi $F_{ROH}$



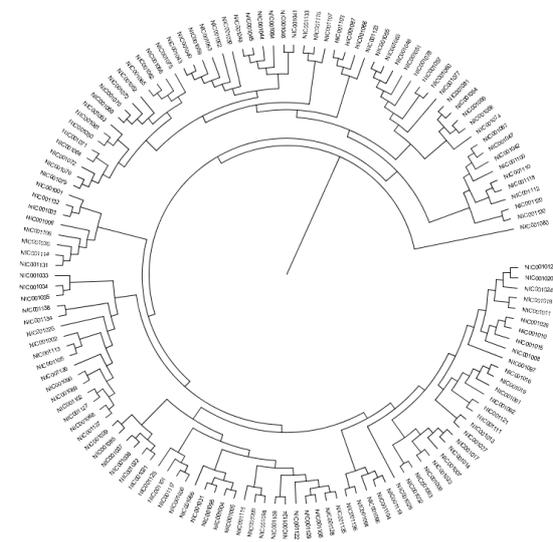
## Distribuzione allevamenti



## Distribuzione Componente maggiore del background genomico

Questa analisi potrà essere effettuata nella fase finale del progetto una volta campionate e analizzate tutte le razze

## Distanze genetiche



$F_{ROH}$  medio 0.037

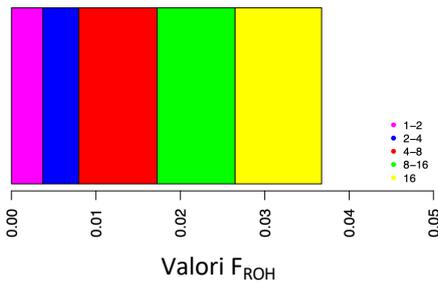
$H_e$  Attesa 0.413

$H_o$  Osservata 0.409

N° allevamenti 114

N° soggetti 12316

## Classi $F_{ROH}$



## Distribuzione allevamenti



## Distribuzione Componente maggiore del background genomico

Questa analisi potrà essere effettuata nella fase finale del progetto una volta campionate e analizzate tutte le razze

## Distanze genetiche

