

F_{ROH} medio 0.10

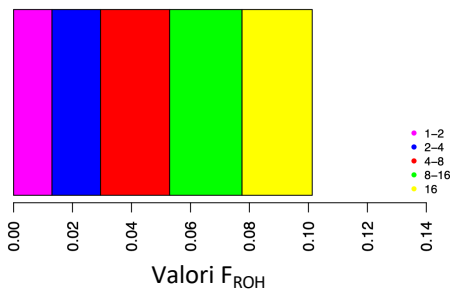
H_e Attesa 0.38

H_o Osservata 0.38

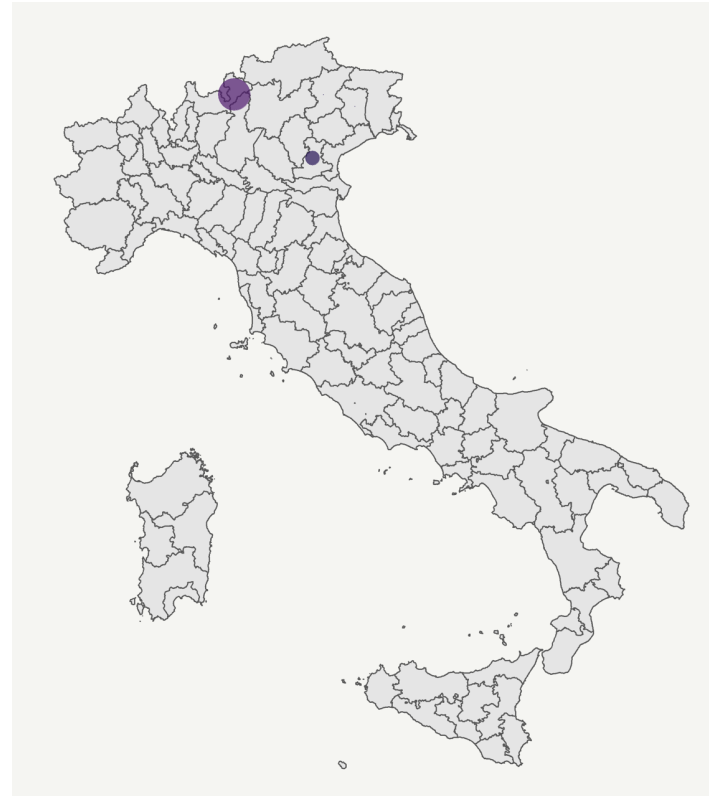
N° allevamenti 92

N° soggetti 2174

Classi F_{ROH}



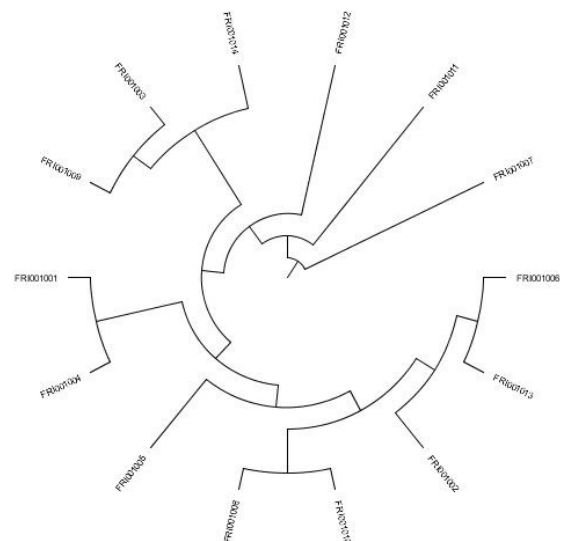
Distribuzione allevamenti



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

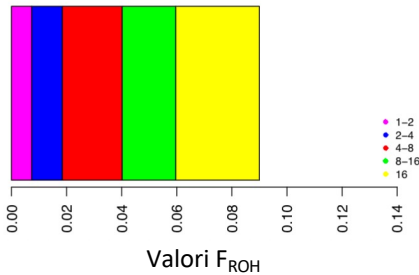
H_e Attesa 0.37

H_o Osservata 0.36

N° allevamenti 17

N° soggetti 400

Classi F_{ROH}



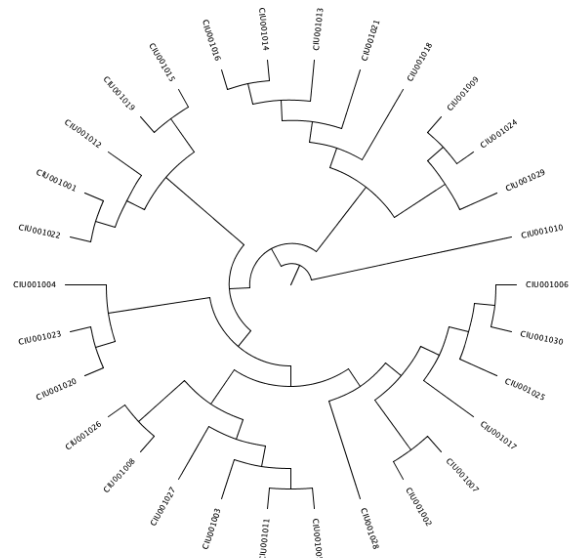
Distribuzione allevamenti



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

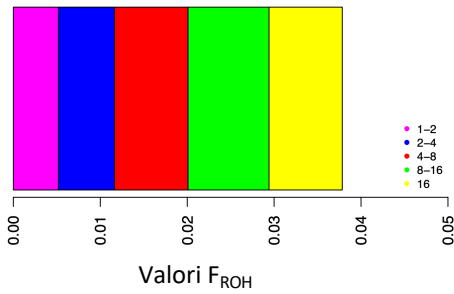
H_e Attesa 0.414

H_o Osservata 0.408

N° allevamenti 73

N° soggetti 5684

Classi F_{ROH}



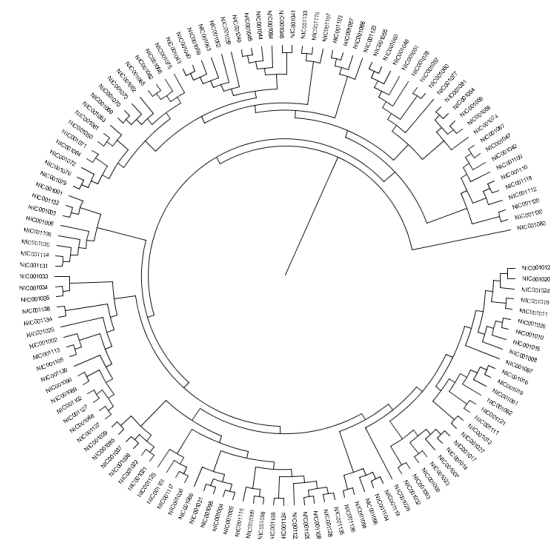
Distribuzione allevamenti



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

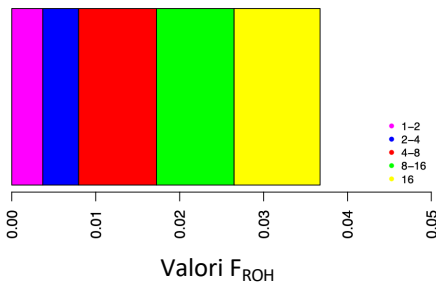
H_e Attesa 0.413

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

