



Informativa progetto SHEEP&GOAT

Sustainability Health Environment Economy Profitability & Genomic Organization Animal (pheno)Typing

PSRN 2014 - 2022 – Biodiversità – Sottomisura 10.2

Brescia, 31/05/2022

Dott. Alessio Negro – Ufficio Studi – a.negro@assonapa.it

Sito: www.assonapa.it

Gli argomenti che tratteremo



In questa presentazione verranno trattati i seguenti argomenti:

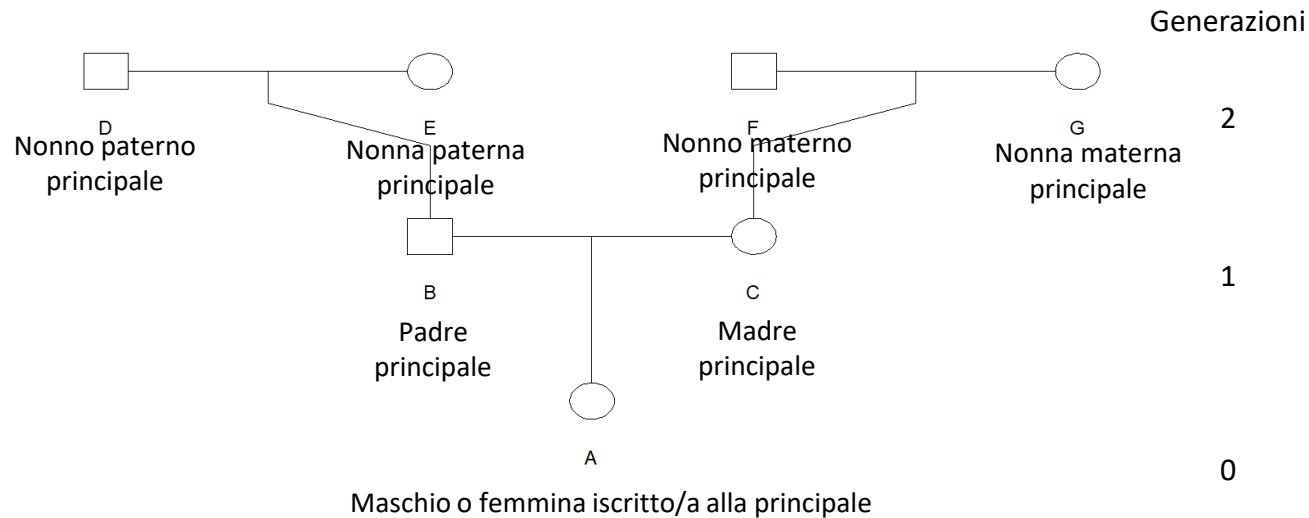
- [Le regole di iscrizione di un soggetto al Libro Genealogico di Camosciata delle Alpi e Saanen;](#)
- Informativa progetto SHEEP&GOAT (PSRN 2014-2022).

Disciplinare del libro Genealogico delle razze Camosciata delle Alpi e Saanen

Il Libro Genealogico delle razze Camosciata delle Alpi e Saanen è suddiviso in 2 sezioni:

1. Principale:

- tutti i soggetti che discendono da genitori e nonni iscritti alla medesima sezione principale;
- femmine con padre e nonno materno iscritti alla sezione principale e con madre e nonna materna iscritte almeno alla supplementare.

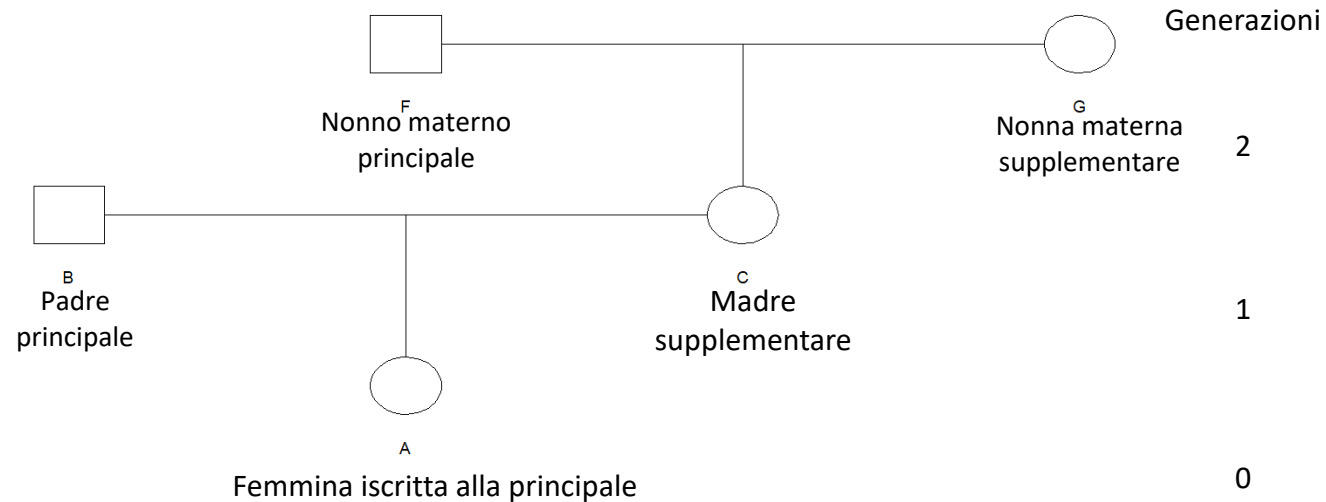


Disciplinare del libro Genealogico delle razze Camosciata delle Alpi e Saanen

Il Libro Genealogico delle razze Camosciata delle Alpi e Saanen è suddiviso in 2 sezioni:

1. Principale:

- tutti i soggetti che discendono da genitori e nonni iscritti alla medesima sezione principale;
- femmine con padre e nonno materno iscritti alla sezione principale e con madre e nonna materna iscritte almeno alla supplementare.

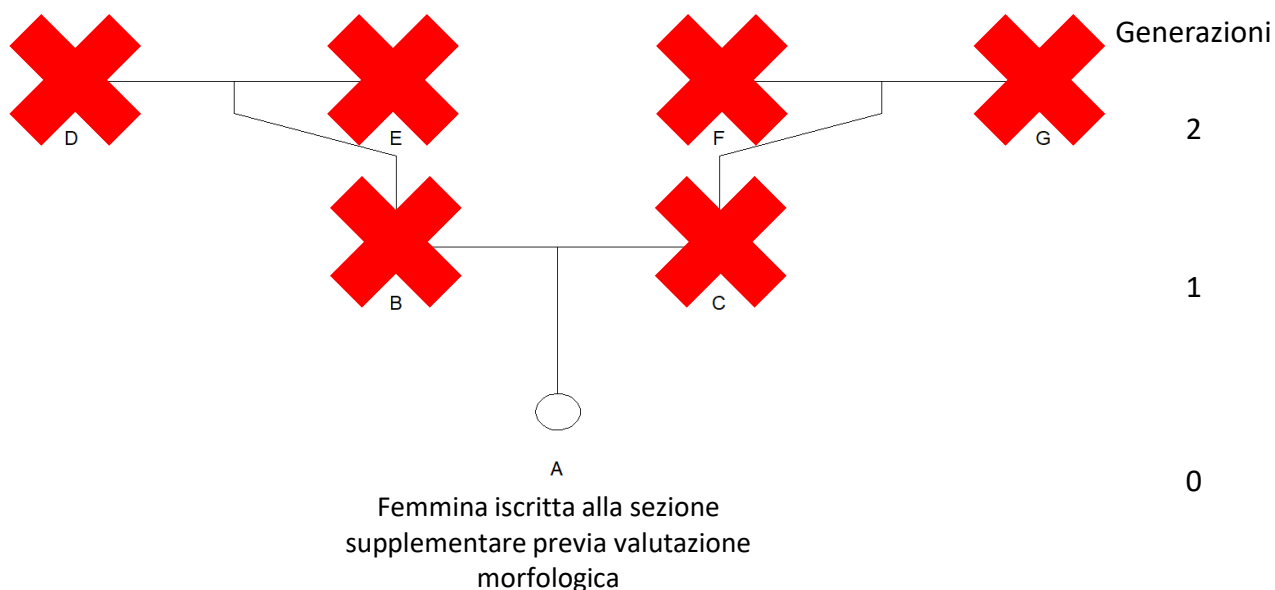


Disciplinare del libro Genealogico delle razze Camosciata delle Alpi e Saanen

Il Libro Genealogico delle razze Camosciata delle Alpi e Saanen è suddiviso in 2 sezioni:

2. Supplementare:

- femmine figlie di uno o entrambi i genitori sconosciuti previo valutazione morfologica dell'esperto di razza;
- femmine con padre iscritto alla principale e madre iscritta alla supplementare con nonno materno sconosciuto o non iscritto alla sezione principale e/o nonna materna sconosciuta o non iscritta al L.G..

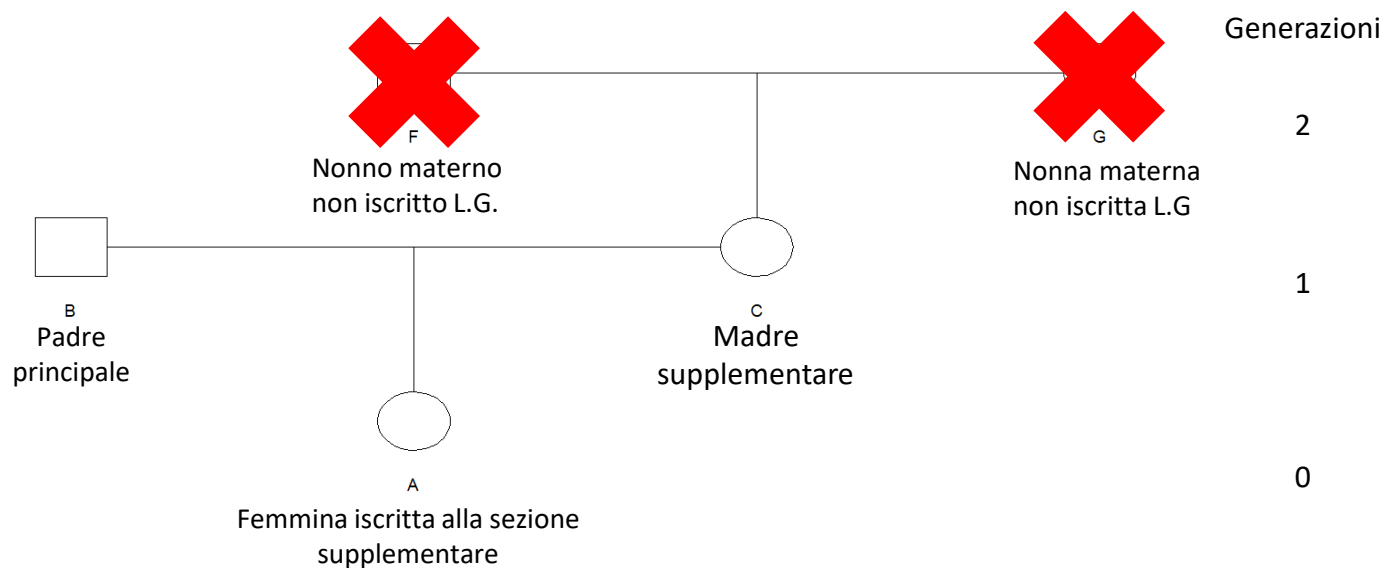


Disciplinare del libro Genealogico delle razze Camosciata delle Alpi e Saanen

Il Libro Genealogico delle razze Camosciata delle Alpi e Saanen è suddiviso in 2 sezioni:

2. Supplementare:

- femmine figlie di uno o entrambi i genitori sconosciuti previo valutazione morfologica dell'esperto di razza;
- femmine con padre iscritto alla principale e madre iscritta alla supplementare con nonno materno sconosciuto o non iscritto alla sezione principale e/o nonna materna sconosciuta o non iscritta al L.G..



Sono autorizzati alla riproduzione nel L.G. i soggetti maschi con le seguenti caratteristiche

Saanen:

- iscrizione alla sezione principale del L.G.;
- accertamento di parentela (DNA);
- **indice Aggregato Qualità $\geq + 20$** ;
- requisiti morfo-funzionali.

Camosciata delle Alpi:

- iscrizione alla sezione principale del L.G.;
- accertamento di parentela (DNA);
- **indice Aggregato Qualità ≥ 0** ;
- requisiti morfo-funzionali.

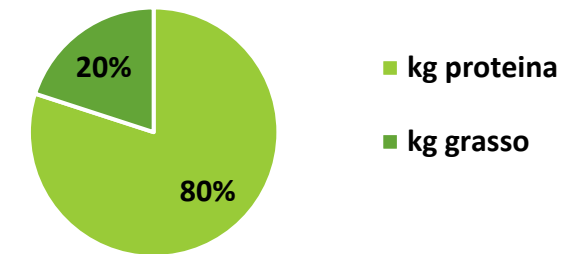
Difetti morfologici e genetici comportanti l'esclusione dall'iscrizione a LG:

- Ernia ombelicale;
- Difetti di dentizione, prognatismo;
- Criptorchidismo anche monolaterale;
- Ermafroditismo;
- Macchie sul mantello (solo Saanen).

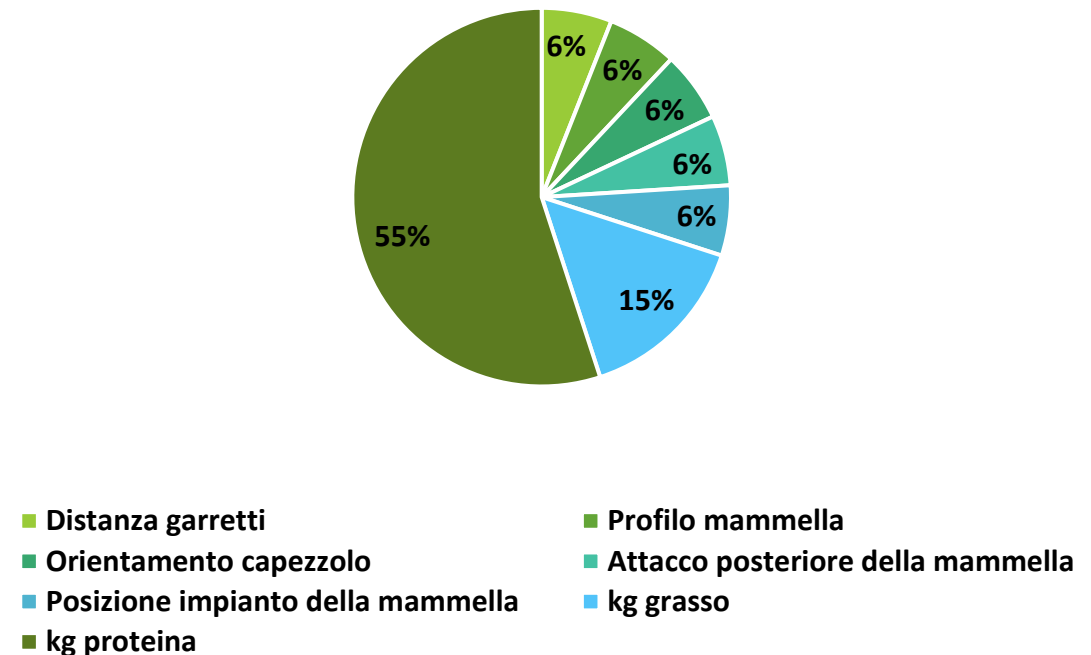
Indici genetici calcolati sulle razze Camosciata delle Alpi e Saanen

- Latte, Grasso e Proteina (Kg e %)
- Morfologia
- Indice Aggregato Produzione (Indice Qualità)
- Indice Aggregato Produzione e Morfologia (Indice Globale)

Indice aggregato Qualità (IQ)



Indice aggregato Globale (IG)

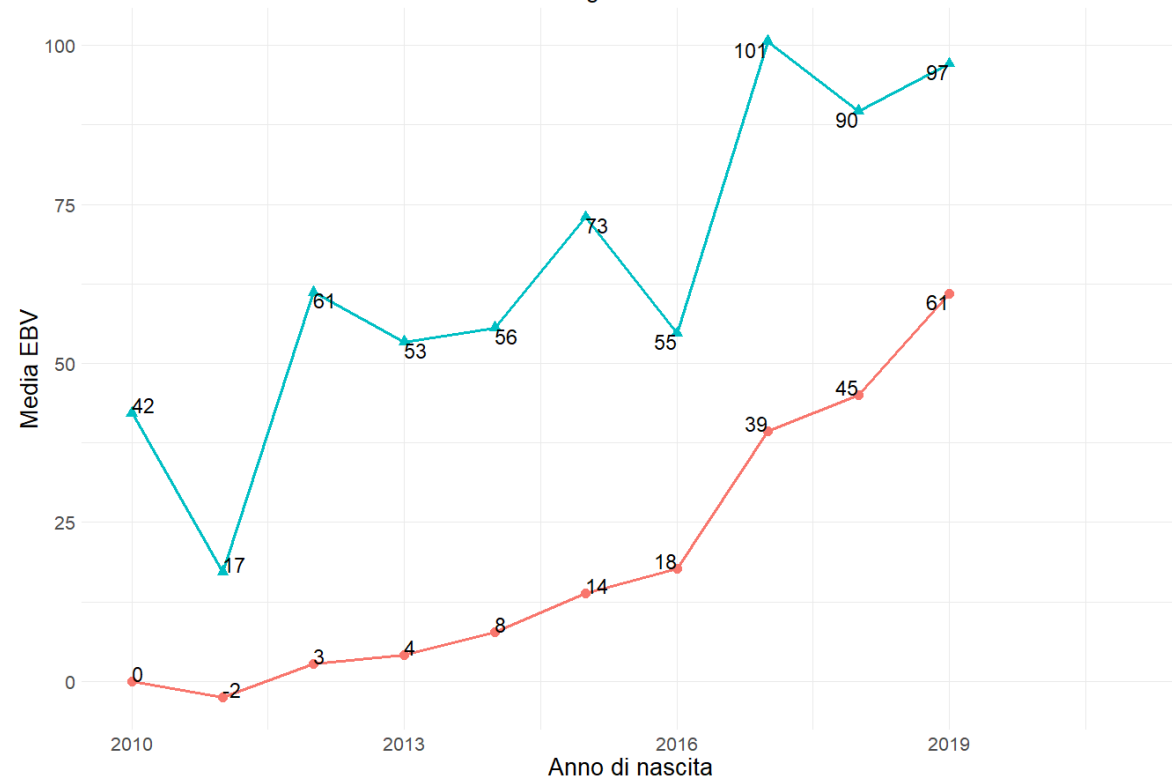


Trend genetico Indice Qualità (IQ)

Dal 2010 al 2019

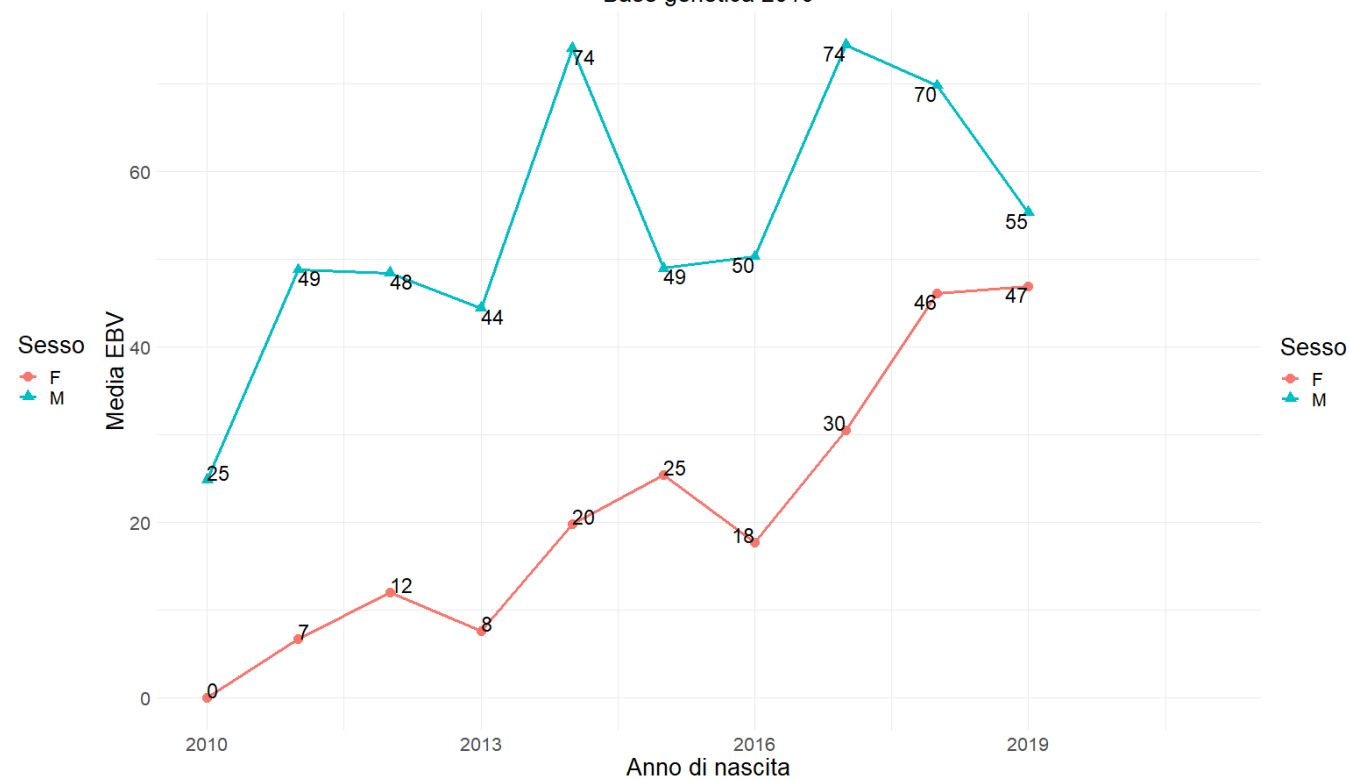
Camosciata delle Alpi

Trend genetico Indice Qualità (IQ)
Base genetica 2010



Saanen

Trend genetico Indice Qualità (IQ)
Base genetica 2010



Gli argomenti che tratteremo



In questa presentazione verranno trattati i seguenti argomenti:

- Le regole di iscrizione di un soggetto al Libro Genealogico di Camosciata delle Alpi e Saanen;
- [Informativa progetto SHEEP&GOAT \(PSRN 2014-2022\).](#)

Dal Progetto CHEESR

al progetto SHEEP&GOAT

2017

2021

2023



F.E.A.S.R.
Fondo Europeo Agricolo
per lo Sviluppo Rurale

Progetto finanziato nell'ambito della
Sottomisura 10.2 - PSRN 2014-2020

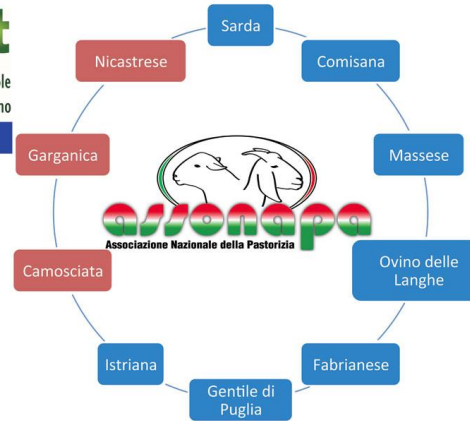
Autorità di gestione:
Direzione Generale dello Sviluppo Rurale

Ministero delle politiche agricole alimentari, forestali e turismo

"L'Europa investe nelle zone rurali"

mipaaft

ministero delle politiche agricole
alimentari, forestali e del turismo

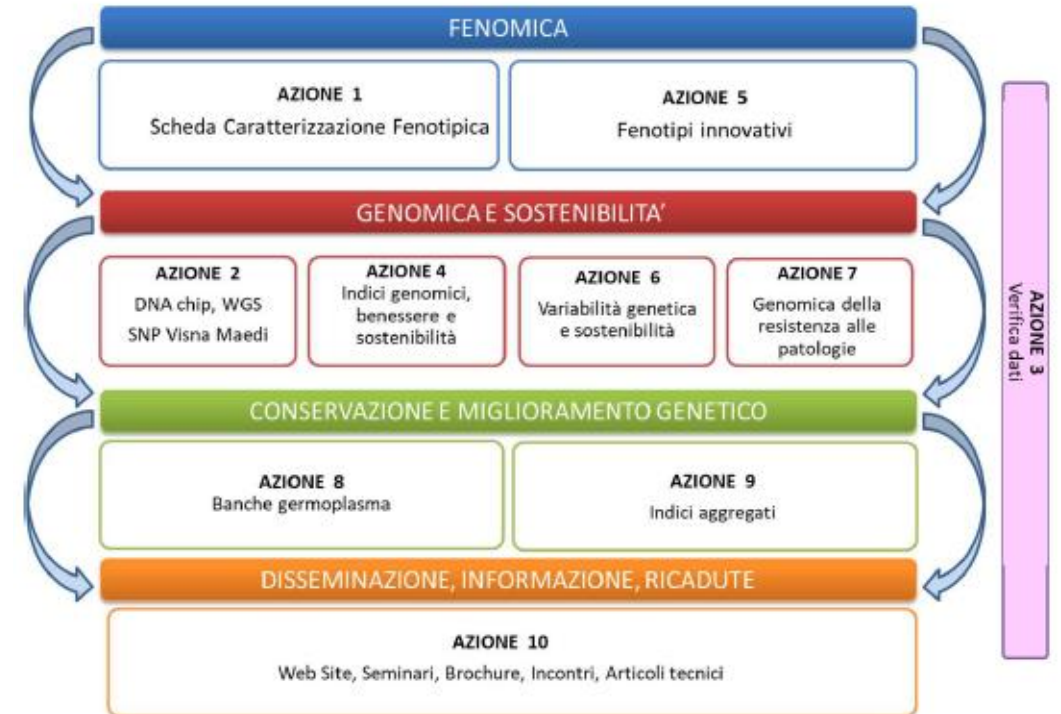


"CHEESR"

**Conservation, Health and Efficiency
Empowerment of Small Ruminant**



SHEEP&GOAT



I risultati sono stati pubblicati sul sito www.assonapa-cheesr.it

Azione 1 - Caratterizzazione fenotipica delle razze e delle specie autoctone

1. Aggiornamento e/o ottimizzazione delle schede di valutazione morfo-funzionale per ovini e caprini sviluppate nel progetto CHEESR;
2. Sviluppo di una scheda di valutazione morfologica semplificata per ovini da carne (Merinizzata Italiana).
3. Redazione di schede per l'identificazione dei riproduttori oviscaprini (Dati fenotipici e dati genetici/genomici);
4. Rilevazione delle caratteristiche qualitative del vello.

Valutazione Morfofunzionale dei riproduttori caprini:

* Valutazione Morfologica Lineare (LG) di 5 Caratteri (6 note elementari su scala da 1 a 9) e 16 Difetti Morfo Genetici
 * Valutazione Funzionale e Benessere (PSRN) 4 Caratteri (2 misure cm, 1 nota elementari su scala da 1 a 9, 1 nota su scala da 0 a 5) e 12 Difetti Morfo Funzionali
 G. Bruni e G. Zanatta - Versione 2 Maggio 2019

SCHEDA LG		SCHEDA PSRN	
MAMMELLA 1 - Profilo 5: sistema orizzontale 1 2 3 4 5 6 7 8 9		CORPO 1 - Circonferenza toracica (cm) Misure senza colori (algoritmo)	
MAMMELLA 2 - Posizione impianto 5: sistema livello garretto 1 2 3 4 5 6 7 8 9		CAPEZZOLI 2 - Lunghezza anteriore (cm) 1 2 3 4 5 6 7 8 9	
CAPEZZOLI 3 - Orientamento 3: 45 gradi 5: verticali 1 2 3 4 5 6 7 8 9		MAMMELLA 3 - Attacco anteriore 2: verticale 4: 45 gradi 1 2 3 4 5 6 7 8 9	
MAMMELLA 4 - Attacco posteriore 1: 3 cm 5: 7 cm 9: 11 cm 1 2 3 4 5 6 7 8 9		GESTIONE 4 - BCS Lombare Nota 0 Nota 1 Nota 2 Nota 3 Nota 4 Nota 5	
APPIOMBI 5 - Distanza garretti 1 2 3 4 5 6 7 8 9		DIFETTI MORFO FUNZIONALI (CODICI): 1 Linea Dorsale (insellata) 2 Angolo Groppa (spiovente) 3 Pastorali (che cedono) 4 Apertura Piedi (molto aperti) 5 Pareggio Unghie (mal pareggiate) 6 Mammella Leggermente Sbilanciata (<3cm) 7 Mammella Mediamente Sbilanciata (>3cm) 8 Mammella Fortemente Sbilanciata (1 quarto) 9 Una Ciste (alla base del capezzolo) 10 Più Cisti (alla base del capezzolo) 11 Indurimento Mammella Monolaterale 12 Indurimento Mammella Bilaterale	

DIFETTI MORFO GENETICI (CODICI):

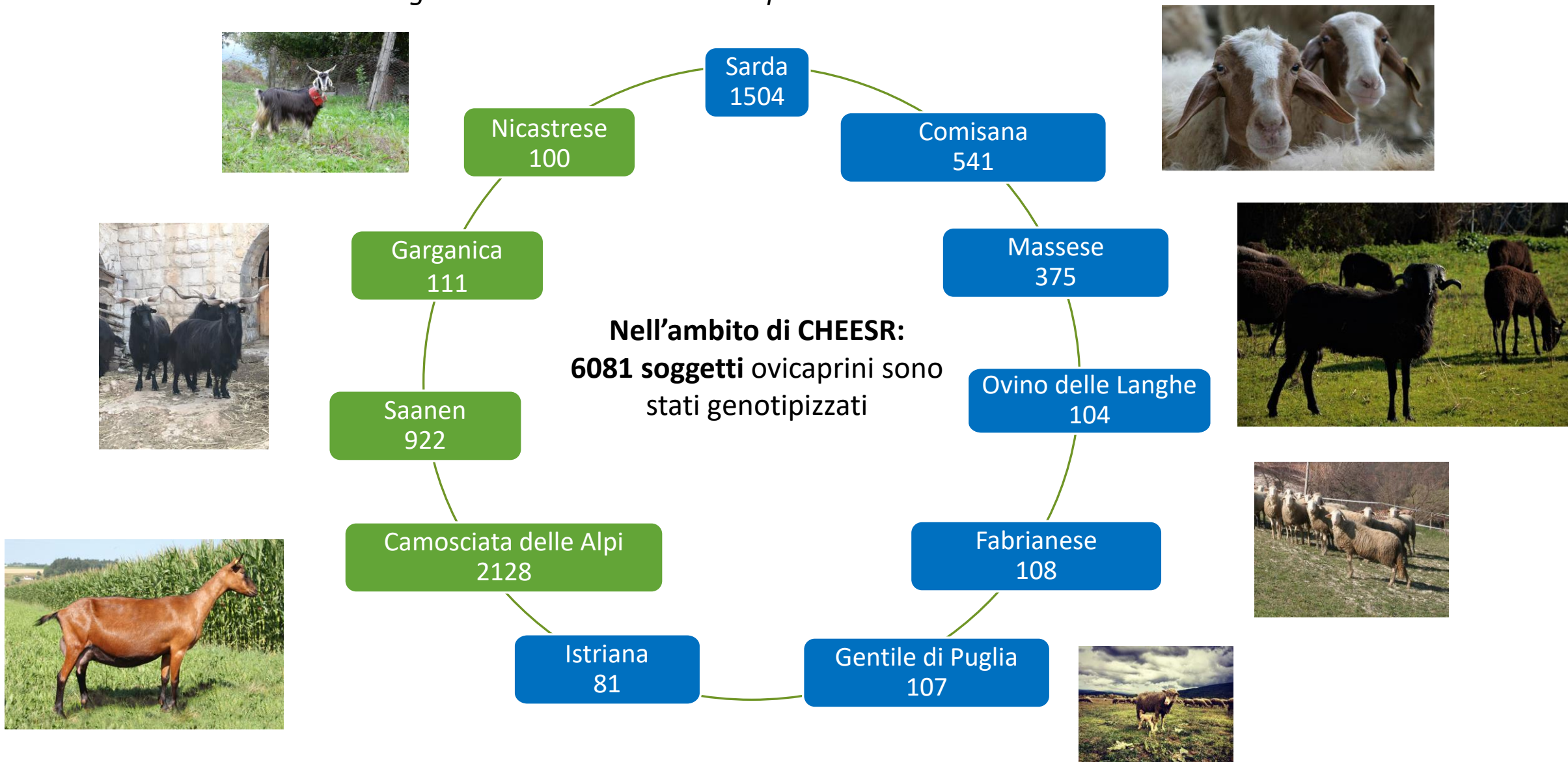
1	Gravi difetti di appiombamento
2	Mammella sbilanciata
3	Capezzoli accessori
4	Doppi capezzoli
5	Emia ombelicale
6	Gravi difetti di dentizione
7	Emafroditismo
8	Criptorchidismo
9	Gravi difetti di maturazione
10	Difetti di mantello (tollerati)
11	Gravi difetti di mantello (non tollerati)
12	Mammella porosa
13	Gravi difetti forma capezzolo
14	Capezzoli strozzati
15	Malformazione capezzoli (maschi)
16	Altri difetti

NOTE ESPICATIVE:

=>	Difetti arti anteriori (carpi o polsi)
=>	Sostituito da Cod. 6-7-8 PSRN
=>	Capezzoli aoc. (anche maschi)
=>	Doppi capezzoli o sfinteri
=>	Difetti mandibola (corta o lunga)
=>	Codici tipo genetico
=>	Codici tipo genetico

Alla palpazione

Azione 2 - Caratterizzazione genetica delle razze e delle specie allevate in Italia



Azione 2 - Caratterizzazione genetica delle razze e delle specie allevate in Italia

- Genotipizzazione (con SNP chip a media densità) per l'**analisi della biodiversità** di 1 maschio e di 1 femmina per allevamento, per tutte le razze ovicaprine con almeno 3 allevamenti iscritti (totale **1400 ovini** e **1300 caprini**):
 - **30 razze ovine** (da un minimo di 14 ad un massimo di 60 riproduttori per razza);
 - **29 razze caprine** (da un minimo di 11 ad un massimo di 60 riproduttori).
- Genotipizzazione (con SNP chip a media densità) di soggetti che sono stati sottoposti alla valutazione della qualità del vello:
 - 200 soggetti di Merinizzata Italiana;
 - 50 soggetti di Gentile di Puglia;
 - 50 soggetti di Sopravissana.

Azione 2 - Caratterizzazione genetica delle razze e delle specie allevate in Italia

- Genotipizzazione (con SNP chip a media densità) di soggetti attivi in popolazione **per il calcolo degli indici genomici**:
 - **1.000 soggetti di razza Camosciata delle Alpi** (previsti 150 maschi e 850 femmine);
 - **800 soggetti di razza Saanen** (previsti 100 maschi e 700 femmine);
 - 700 soggetti di razza Comisana;
 - 400 soggetti di razza Massese;
 - 1.600 soggetti di Sarda.
- **Whole Genome Sequencing (WGS)**: Al fine di migliorare le stime degli indici genomici delle razze ovine e caprine con maggior completezza di dati genomici, verranno realizzati 35 WGS con lo scopo di poter imputare i genotipi di sequenza agli individui genotipizzati con il chip a media densità. Genotipizzazione di:
 - **4 becchi di razza Camosciata delle Alpi** (in popolazione);
 - **4 becchi di razza Saanen** (in popolazione)
 - 9 arieti di razza Sarda (allevamento di Monastir);
 - 9 arieti di razza Comisana (nucleo di Asciano);
 - 9 arieti di razza Massese (nucleo di Asciano).

Azione 2 - Caratterizzazione genetica delle razze e delle specie allevate in Italia

La genotipizzazione nell'ambito di SHEEP&GOAT in sintesi:

- **4.400 ovini** con SNP chip a media densità;
- **3.100 caprini** con SNP chip a media densità;
- **35 WGS.**

TOTALE 7.535 GENOTIPIZZAZIONI

Azione 3 - Verifica di congruenza dei dati e delle informazioni

Nell'ambito di CNESSR

Table 1: Numero soggetti con valutazione PSRN e numero di allevamenti

Camoscita delle Alpi	
N. Soggetti	3896.0
N. Maschi	166.0
N.Femmine	3730.0
% M	4.3
% F	95.7
N. Allevamenti	85.0

Table 2: Statistiche descrittive dei caratteri lineari della scheda di valutazione morfofunzionale PSRN

	Mean	Median	Sd	Kurtosis	Skewness	Min	Ist_Qu	IIIrd_Qu	Max	N.Miss	N.oss
Circonferenza toracica	88.6	88.0	6.9	4.3	0.5	60.00	84.00	93.00	131.0	31	3865
Lunghezza capezzolo	5.1	5.0	1.6	4.6	0.9	1.00	4.00	6.00	14.0	171	3725
Attacco Anteriore	3.4	3.0	1.1	3.8	0.6	1.00	3.00	4.00	8.0	171	3725
Body Condition Score (BCS)	2.6	2.5	0.4	6.2	0.6	1.00	2.25	2.75	5.0	332	3564



Table 3: Frequenze dei tipi di mantello

Tipo di Mantello (Codice)	N. soggetti	%
Camosciato (13)	3088	84.60
Policromo (65)	131	3.59
Congelato (66)	111	3.04
Nero (67)	101	2.77
British (68)	212	5.81
Caramel (69)	7	0.19

Table 4: Frequenze dei difetti morfofunzionali PSRN (vedasi figura 1)

Difetto PSRN	N. soggetti	%
1	14	0.36
2	38	0.98
3	28	0.72
4	4	0.10
5	50	1.28
6	250	6.42
7	94	2.41
8	90	2.31
9	28	0.72
10	35	0.90
11	4	0.10
12	4	0.10

Azione 3 - Verifica di congruenza dei dati e delle informazioni

L'azione 3 è incentrata sul controllo dei dati anagrafici, quali – quantitativi e genomici che verrà svolto attraverso lo sviluppo di apposite procedure informatiche. Tra le attività che verranno svolte vi saranno:

- **Valutazione della congruenza delle informazioni** (considerando il sesso, la data di nascita, la data di inseminazione/monta, la data di parto e la lunghezza della gestazione).
- **Verranno realizzati una serie di test di parentela della progenie femminile di arieti/becchi i cui indici genetici per la produzione di latte risultassero nel top 10%** della razza considerato il loro potenziale impatto sulla popolazione in selezione (validazione dei gruppi di monta delle razze Camosciata delle Alpi, Saanen e Sarda).
- I dati **fenotipici/biometrici** raccolti nell'ambito delle diverse azioni saranno sottoposti a verifica utilizzando sia parametri di popolazione classici (e.g. **media, minimo, massimo, deviazione standard ecc.**), che utilizzando soglie biologiche identificate a priori (età minima al primo parto, età massima al primo parto), nonché analisi della varianza (**ANOVA**), della covarianza (**ANCOVA**) per studiare fattori influenzanti i fenotipi rilevati.

Azione 3 - Verifica di congruenza dei dati e delle informazioni

- La qualità delle **informazioni genomiche** saranno verificate attraverso lo **sviluppo una serie di apposite pipeline**, da utilizzare sia per controllare **i singoli soggetti campionati che il singolo marcatore entro gruppo di individui** (ripetibilità dei singoli genotipi con cui verranno identificati e scartati marcatori non ripetibili, discendenza mendeliana con cui verranno scartati individui anomali, di frequenza di genotipi mancanti per scartare marcatori instabili, identificazione di marcatori rari ($MAF < 0.01$), possibili errori di calling e marcatori non in equilibrio di Hardy-Weinberg).

Azione 4 - Stima di indici genetici e genomici e gestione riproduttiva in relazione alle nuove finalità

INDICI GENETICI E GENOMICI

Carattere	Razza	Indice per			Metodo	Risultati (Evidenze / riferimenti / link)	
		Benessere	Efficienza riproduttiva	Riduzione delle emissioni			
Cellule somatiche	Camosciata delle Alpi	X			ssGBLUP	Indice	Descrizione Indice
	Saanen	X			ssGBLUP	Indice	Descrizione Indice
	Comisana	X			ssGBLUP	Indice	Descrizione Indice
	Massese	X			ssGBLUP	Indice	Descrizione Indice
Persistenza della lattazione	Comisana	X		X	Produzione latte a 40 giorni	Indice	Descrizione Indice
	Massese	X		X	Produzione latte a 70 giorni	Indice	Descrizione Indice
Score locomozione	Camosciata delle Alpi	X			ssGBLUP	Indice	Descrizione Indice
	Comisana	X			ssGBLUP	Indice	Descrizione Indice
	Massese	X			ssGBLUP	Indice	Descrizione Indice
Score benessere	Camosciata delle Alpi	X			ssGBLUP	Indice	Descrizione Indice
	Comisana	X			ssGBLUP	Indice	Descrizione Indice
	Massese	X			ssGBLUP	Indice	Descrizione Indice
Body Condition Score (BCS)	Camosciata delle Alpi	X			ssGBLUP	Indice	Descrizione Indice
	Comisana	X			ssGBLUP	Indice	Descrizione Indice
	Massese	X			ssGBLUP	Indice	Descrizione Indice
Interparto	Comisana		X		ssGBLUP	Indice	Descrizione Indice
	Massese		X		ssGBLUP	Indice	Descrizione Indice
Età primo parto	Comisana		X		ssGBLUP	Indice	Descrizione Indice
	Massese		X		ssGBLUP	Indice	Descrizione Indice
Numero nati	Comisana		X		BLUP	Indice	Descrizione Indice
Nati morti	Massese		X		BLUP	Indice	Descrizione Indice
Aggregato capacità riproduttiva	Comisana		X		Interparto e età al primo parto	Indice	Descrizione Indice
	Massese		X			Indice	Descrizione Indice
Resistenza ai parassiti	Comisana	X			BLUP	Indice	Descrizione Indice
	Massese	X			BLUP	Indice	Descrizione Indice

Nell'ambito di CHEESR

Azione 4 - Stima di indici genetici e genomici e gestione riproduttiva in relazione alle nuove finalità

Nell'ambito dell'azione 4 saranno sviluppati indici genetici/genomici nelle razze ovicaprine, sia in popolazione e sia in stazione di controllo, su nuovi caratteri legati al **benessere** e alla **salute animale**, all'**efficienza produttiva e riproduttiva** e alla **riduzione delle emissioni**.

- Razze coinvolte: Camosciata delle Alpi, Saanen, Ovino delle Langhe, Comisana, Massese, Sarda.
- In particolare, per le razze **Camosciata delle Alpi** e **Saanen** saranno sviluppati degli **indici genetici/genomici** in popolazione per i seguenti 6 caratteri:

	Carattere
1	Numero di nati vivi per parto
2	Età al primo parto
3	Interparto
4	Persistenza della lattazione
5	Longevità produttiva
6	Cellule somatiche

Azione 5 - ...Rilevamento dati in stazione di controllo in ambiente controllato...



Tipo di dato raccolto	1. Asciano	2. Monastir	3. Laurenzana
Attitudine casearia (tempo di coagulazione del latte e consistenza del coagulo)	X		
Urea nel latte	X		
Infestazione da nematodi (Fecal Eggs Count FEC)	X	X	
Dati climatici (Temperatura e umidità)	X	X	X
Ingestione alimentare (solo su razza Comisana)	X		
Circonferenza scrotale	X		X
Rilevazione della qualità del vello (sui maschi)			X
Misura dei pesi e delle misure biometriche (circonferenza del torace, lunghezza del tronco, larghezza anteriore groppa ecc.)			X

Azione 6 - Monitoraggio della diversità genetica tra ed entro le razze autoctone italiane e relativa valutazione

CHEESR: Alcuni risultati sull'analisi dei pedigree.

Table 1: Consistenze

	SAANEN
Totale animali registrati	141063
Maschi	8914
Femmine	132149
% Maschi	6
% Femmine	94
F/M	15
Animali vivi	15941
Maschi vivi	499
Femmine vive	15442
% Maschi vivi	3
% Femmine vive	97
F/M animali vivi	31
N. allevamenti con animali vivi	206

Table 4: Statistiche descrittive delle summary del pedigree dei soggetti vivi

	Mean	Median	Sd	Kurtosis	Skewness	Min	Ist_Qu	IIIrd_Qu	Max	N.Miss	N.oss
equiGen	2.082	0.500	2.605	2.514	0.932	0.000	0.000	4.104	10.551	0	15941
fullGen	0.929	0.000	1.407	4.626	1.571	0.000	0.000	1.000	7.000	0	15941
maxGen	5.693	1.000	6.903	1.770	0.648	0.000	0.000	12.000	23.000	0	15941
PCI	0.290	0.000	0.388	2.069	0.870	0.000	0.000	0.609	1.000	0	15941
Inbreeding	0.011	0.000	0.038	36.004	5.290	0.000	0.000	0.000	0.505	0	15941

Table 5: Dimensione effettiva (N_e) e incremento d'inbreeding calcolato sulla popolazione vivente

	SAANEN
N_e (vivi)	1450.1395
DeltaF (vivi)	0.0003

Mapa di consanguineità per regione

Note: 83.5 % allevamenti localizzati

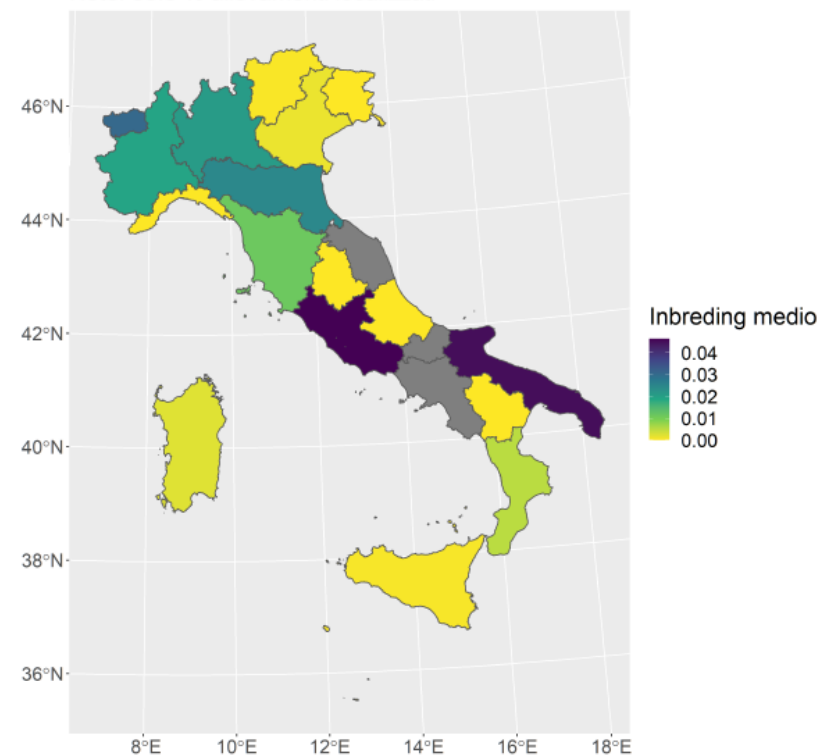


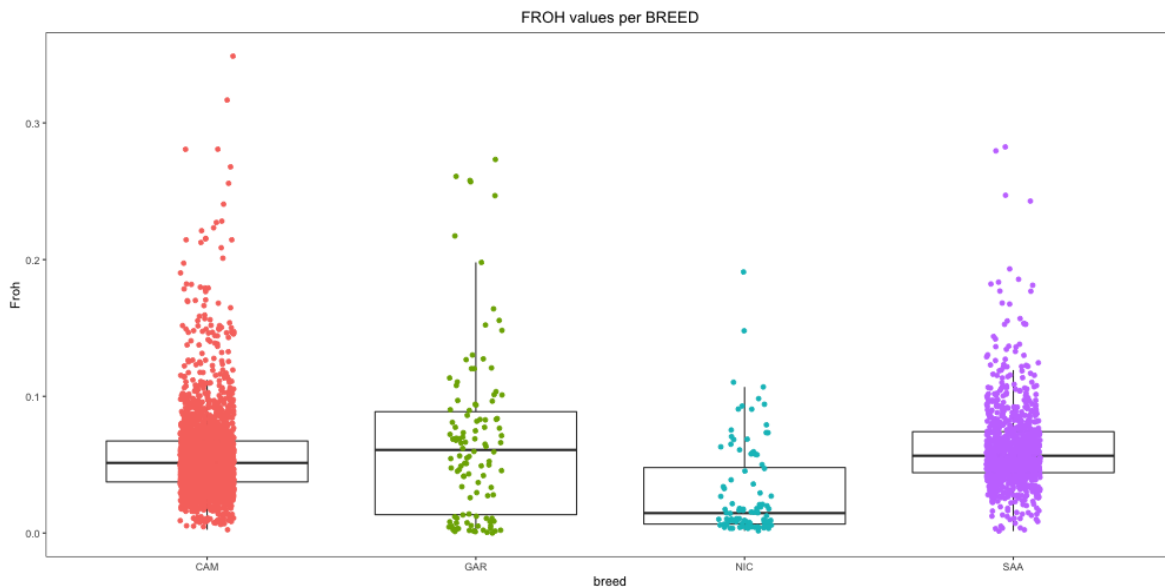
Figure 2: Mappa di Consanguineità

Azione 6 - Monitoraggio della diversità genetica tra ed entro le razze autoctone italiane e relativa valutazione

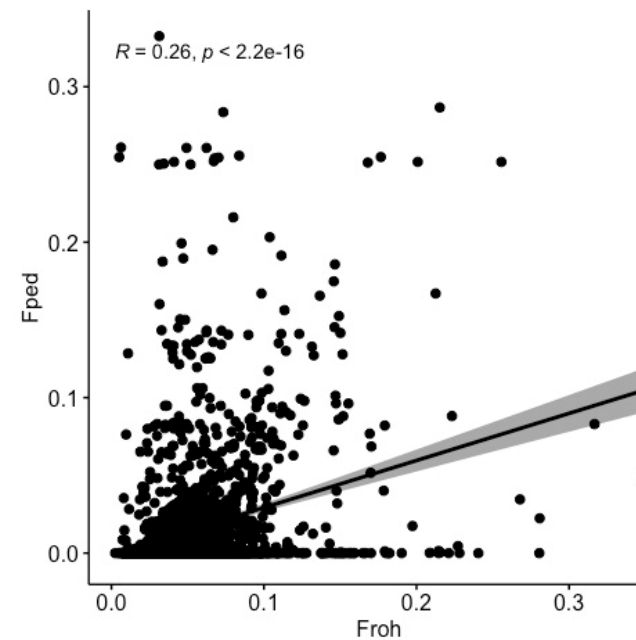
CHEESR: Alcuni risultati sull'analisi dei dati genomici.

Analisi delle *Runs of Homozygosity* (ROH)

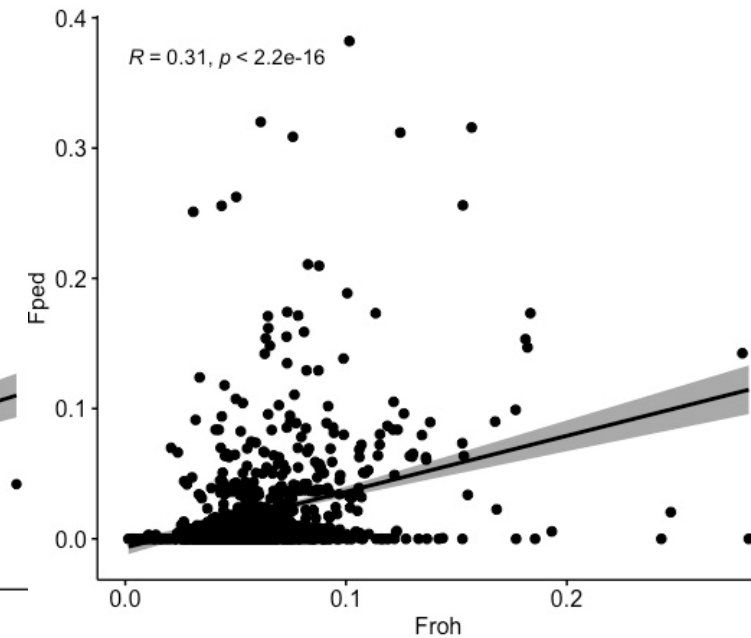
Razza	Numero ROH	Lunghezza media	Lunghezza totale	F_{ROH}
CAMOSCIATA DELLE ALPI	36.137	160.587	4.275	0.065
GARGANICA	29.289	189.246	5.295	0.077
NICASTRESE	20.080	87.718	3.505	0.036
SAANEN	35.795	173.550	4.723	0.071



Camosciata delle Alpi



Saanen



Razza	Correlazione $F_{ROH} - F_{PED}$	P-value
CAMOSCIATA DELLE ALPI	0.26	< 0.0001
SAANEN	0.31	< 0.0001

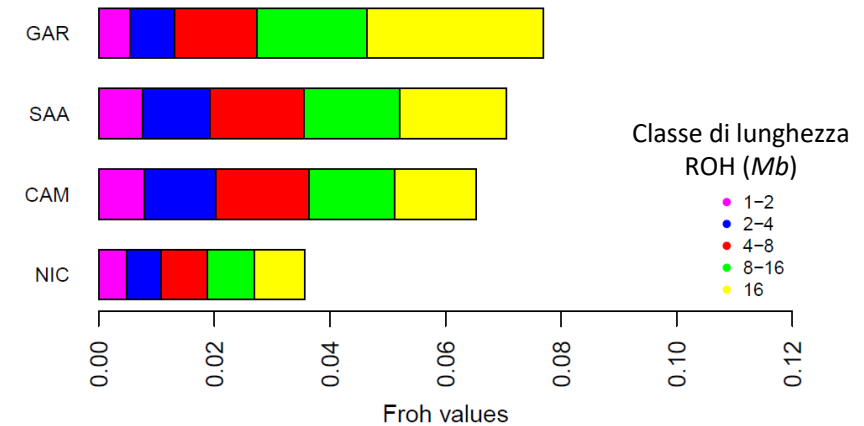
Azione 6 - Monitoraggio della diversità genetica tra ed entro le razze autoctone italiane e relativa valutazione

CHEESR: Alcuni risultati sull'analisi dei dati genomici.

Datazione dell'inbreeding genomico

Classe di lunghezza delle ROH	Datazione inbreeding
$ROH \leq 2 \text{ Mb}$	~ 25 generazioni fa
$2 \text{ Mb} < ROH \leq 4 \text{ Mb}$	$\sim 25 - 12$ generazioni fa
$4 \text{ Mb} < ROH \leq 8 \text{ Mb}$	$\sim 12 - 6$ generazioni fa
$8 \text{ Mb} < ROH \leq 16 \text{ Mb}$	$\sim 6 - 3$ generazioni fa
$ROH > 16 \text{ Mb}$	< 3 generazioni fa

Inbreeding per classe di ROH



← Generazioni fa
25 < 3

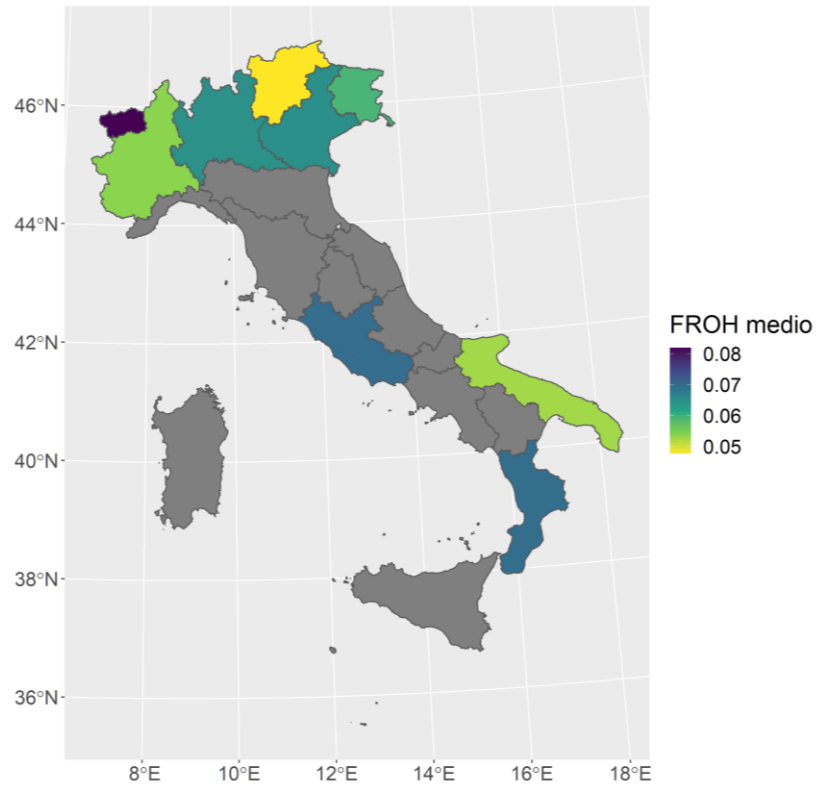
Azione 6 - Monitoraggio della diversità genetica tra ed entro le razze autoctone italiane e relativa valutazione

CHEESR: Alcuni risultati sull'analisi dei dati genomici.

Saanen

Mappa di consanguineità genomica per regione

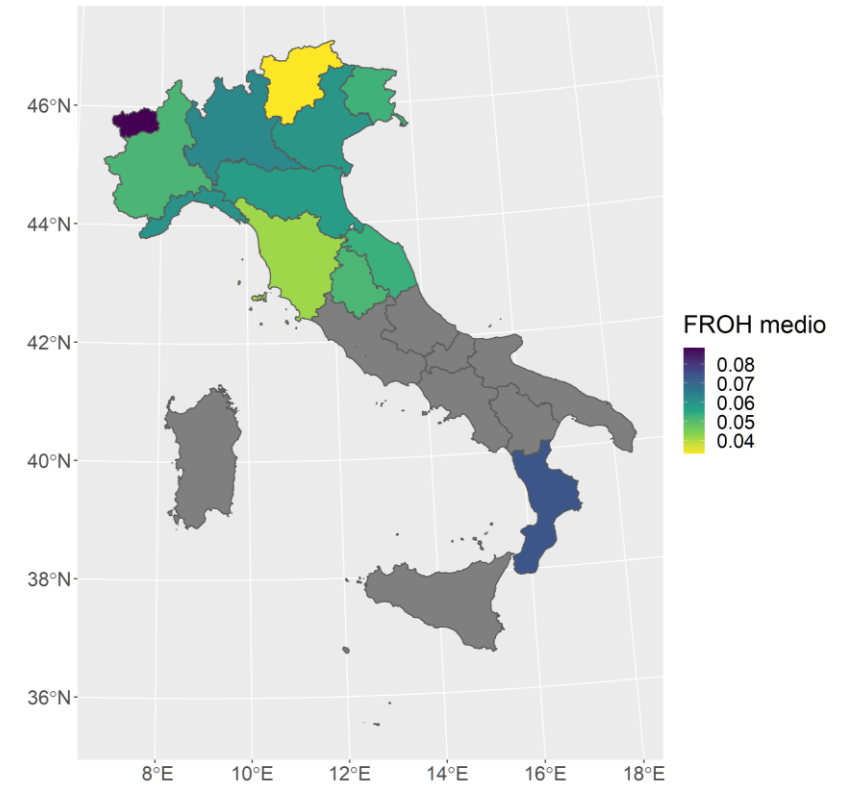
Note: 83.5 % allevamenti localizzati



Camosciata delle Alpi

Mappa di consanguineità genomica per regione

Note: 80.9 % allevamenti localizzati



Azione 6 - Monitoraggio della diversità genetica tra ed entro le razze autoctone italiane e relativa valutazione

1. **Studio della biodiversità e della consanguineità** attraverso l'analisi sia dei dati genomici e sia dei dati anagrafici (analisi delle *Runs of Homozygosity*, F_{ROH} , analisi della struttura della popolazione, stima dei parametri di eterozigotà, stima della dimensione effettiva, produzione di mappe della biodiversità);
2. **Analisi dei servizi ecosistemici e della sostenibilità ambientale** (Sviluppo e somministrazione e analisi di questionari);
3. **Analisi delle condizioni climatiche in cui le razze ovicaprine italiane sono allevate** (raccolta di variabili climatiche di un campione rappresentativo di razze ovicaprine autoctone e identificazione di genotipi resilienti ai futuri stress).

Azione 7 - Valutazione ed individuazione di caratteri di resistenza genetica degli animali di interesse zootecnico alle malattie

Nell'ambito dell'azione 7:

- sarà verificato il livello di infestazione da Nematodi gastrointestinali e sarà stimata la resistenza genetica alle parassitosi per le razze Comisana, Massese e Sarda (presso i centri di Asciano e Monastir).
- Saranno verificate le frequenze alleliche per la Visna-Maedi nella razza ovina Sarda (nell'allevamento di Monastir e in popolazione)

Azione 8 - Raccolta di materiale biologico e germoplasma

Nell'ambito dell'azione 8 di **SHEEP&GOAT** saranno svolte delle attività di conservazione della biodiversità attraverso la raccolta di materiale seminale. L'azione prevede:

1. Formazione del personale di Asso.Na.Pa. attraverso l'organizzazione di giornate formative tenute dai ricercatori dell'Istituto di Biologia e Biotecnologia (IBBA – CNR);
2. Raccolta di materiale seminale da almeno **10 razze**, tra cui le razze Comisana e Massese allevate al Centro di Ovinicoltura Asciano e altre razze autoctone coinvolte nelle azioni 1 e 2;
3. Il seme sarà prelevato da **almeno 5 riproduttori maschi** da cui si stima di produrre almeno **40 dosi/ariete (totale almeno 2.000 dosi)**;
4. Valutazione della fertilità maschile mediante valutazione della qualità del materiale seminale di riproduttori ovini e caprini (analisi della motilità degli spermatozoi, della concentrazione spermatica e della vitalità cellulare);
5. Verrà eseguito uno screening sanitario per ciascun riproduttore (specifico per specie) per verificare la presenza/assenza di eventuali patogeni trasmissibili con il materiale seminale.

Azione 9 - Elaborazione delle informazioni raccolte

L'azione 9, inerente alle elaborazione dei dati raccolti, nell'ambito di **SHEEP&GOAT** prevede:

- I dati raccolti nelle azioni 1 e 5, saranno inseriti in un database che sarà sviluppato sul server di AssoNaPa e sarà anche accessibile dalle procedure di verifica, estrazione e controllo del dato. Inoltre, saranno sviluppate pipeline specifiche per la creazione in tempo reale di report sintetici contenenti una serie di statistiche sui dati inseriti, modificati, aggiornati ed analizzati.
- I dati genomici raccolti nell'azione 2 saranno immagazzinati nel server AssoNaPa utilizzando il software SNPpit (<https://thesnpvit.net/>, <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5079601/>) un database estremamente efficiente sviluppato in C e Perl e strutturato su PostgreSQL.
- A partire dallo sviluppo degli indici genetici e genomici nell'ambito dell'azione 4 saranno sviluppati degli indici aggregati (attraverso la teoria dell'indice di selezione). **Si prevede di sviluppare quattro indici aggregati (benessere, longevità, caseificazione e indici di selezione complessivo).**
- A partire dalle informazioni anagrafiche e genomiche raccolte nell'ambito del presente progetto saranno sviluppati dei piani di accoppiamento utilizzando la metodologia **Optimal Contribution Selection (OCS)** proposta da Meuwissen (1997) e utilizzando il software EVA (<https://www.nordgen.org/en/farm-animals/resources/ocs/>).

Azione 10 - Azioni di informazione, disseminazione e preparazione di report tecnici tematici e relazioni tecnico-scientifiche, anche attraverso ausili informatici e telematici

L'azione 10 si occuperà della divulgazione degli obiettivi e dei risultati del progetto attraverso:

- Un sito web;
- 2 brochure (una iniziale e una finale);
- delle newsletter (almeno 5);
- convegni, seminari, webinar ed incontri tecnici.



Seguiteci sui nostri profili social



Assonapa



asso.na.pa



Azione 10 - Azioni di informazione, disseminazione e preparazione di report tecnici tematici e relazioni tecnico-scientifiche, anche attraverso ausili informatici e telematici

ASPA, 2021

Pubblicazioni nell'ambito di CHEESR

EAAP, 2020

Genomic Inbreeding of Nicastrrese: Conservation of an Autochthonous Italian Goat Breed

M. Cortellari, A. Negro, A. Bionda, A. Cesarani, N. Maciotta, S. Grande, S. Biffani and P. Crepaldi



Nicastrrese breed:

- Dairy goat
- From Calabria

“CHEESR”

Conservation, Health and Efficiency
Empowerment of Small Ruminant



A Comparison between Pedigree and Genomic Inbreeding to Improve the Management of Delle Langhe, a Dairy Italian Sheep Population

M. Cortellari, A. Negro, A. Bionda, A. Cesarani, N. Maciotta, S. Grande, S. Biffani and P. Crepaldi



Delle Langhe breed:

- Dairy sheep
- From Piedmont

“CHEESR”

Conservation, Health and
Efficiency Empowerment of
Small Ruminant

Materials and Methods

Merinizzata Italiana sheep breed: genetic gain after 20 years of Performance Test

Francesca Maria Sarti^a, Samira Giovannini^a, Camillo Pieramati^b, Pancrazio Presi^c, Silverio Grande^c

^aDipartimento di Scienze Agrarie, Alimentari e Ambientali (DSA3), Perugia, Italy

^bDipartimento di Medicina Veterinaria (DMV), Perugia, Italy

^cAssociazione Nazionale della Pastorizia (ASSO.NA.PA.), Rome, Italy

Contact francesca.sarti@unipg.it

Inbreeding depression in small ruminants: from pedigree to genomic estimation

Cortellari M., Negro A., Bionda A., Frattini S., Grande S., Crepaldi P.

UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI MILANO
matteo.cortellari@unimi.it

DiSAA
DIPARTIMENTO DI SCIENZE AGRARIE, ALIMENTARI E AMBIENTALI



UNIVERSITÀ
DEGLI STUDI
DI MILANO



Exploring pedigrees: an overall picture of small Italian ruminant biodiversity

¹Negro A., ¹Cortellari M., ¹Bionda A., ³Biffani S., ²Grande S., ¹Crepaldi P.

¹Dipartimento di Scienze Agrarie e Ambientali: produzione, territorio, agroenergia, University of Milan, Milan, Italy

²Direzione, Associazione Nazionale della Pastorizia, Rome, Italy

³Istituto di biologia e biotecnologia agraria (IBBA), Consiglio Nazionale delle Ricerche (CNR), Milan, Italy



UNIVERSITÀ
DEGLI STUDI
DI MILANO



Genomic tools to support breed assignment in small ruminants

¹Negro A., ¹Cortellari M., ¹Bionda A., ¹Stefano Frattini, ³Biffani S., ²Grande S., ¹Crepaldi P.

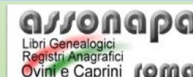
¹Dipartimento di Scienze Agrarie e Ambientali: produzione, territorio, agroenergia, University of Milan, Milan, Italy

²Direzione, Associazione Nazionale della Pastorizia, Rome, Italy

³Istituto di biologia e biotecnologia agraria (IBBA), Consiglio Nazionale delle Ricerche (CNR), Milan, Italy



UNIVERSITÀ
DEGLI STUDI
DI MILANO



Application of single-step GBLUP in Italian Comisana sheep

³Biffani S., ⁴Cesarani A., ¹Negro A., ¹Cortellari M., ²Grande S., ¹Crepaldi P., ⁴Maciotta N.

¹Dipartimento di Scienze Agrarie e Ambientali: produzione, territorio, agroenergia, University of Milan, Milan, Italy

²Direzione, Associazione Nazionale della Pastorizia, Rome, Italy

³Istituto di biologia e biotecnologia agraria (IBBA), Consiglio Nazionale delle Ricerche (CNR), Milan, Italy

⁴Department of Agricultural Sciences, University of Sassari, Sassari, Italy

*I partner di **SHEEP&GOAT :***



UNIVERSITÀ
DEGLI STUDI
DI MILANO



UNIVERSITÀ
DEGLI STUDI
DEL MOLISE



Agris

Agenzia pro-sa chrica in agricoltura
Agenzia regionale per la ricerca in agricoltura



REGIONE AUTONOMA
DI SARDIGNIA
REGIONE AUTONOMA
DELLA SARDEGNA



Consiglio Nazionale
delle Ricerche



A.D. 1308

unipg

UNIVERSITÀ DEGLI STUDI
DI PERUGIA



UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI NAPOLI
FEDERICO II



Brescia, 31/05/2022



Grazie per l'attenzione!

