



# ***Informativa progetto SHEEP&GOAT***

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

PSRN 2020 - 2023 – Biodiversità – Sottomisura 10.2

Foggia, 11/03/2021

**Dott. Alessio Negro** – Ufficio Studi – [a.negro@assonapa.it](mailto:a.negro@assonapa.it)

Sito: [www.assonapa.it](http://www.assonapa.it)

Dal Progetto CHEESR

al progetto SHEEP&GOAT

2017

2021

2023



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

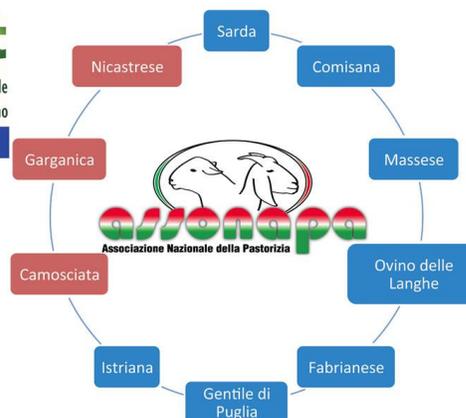
Progetto finanziato nell'ambito della  
Sottomisura 10.2 - PSRN 2014-2020

Autorità di gestione:  
Direzione Generale dello Sviluppo Rurale  
Ministero delle politiche agricole alimentari, forestali e turismo

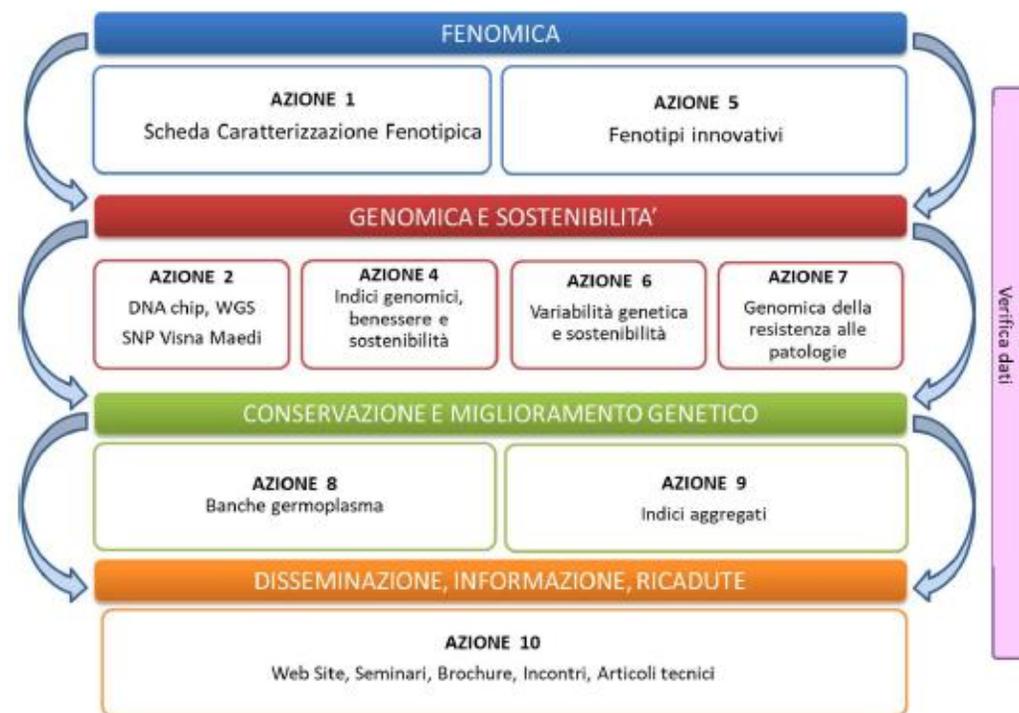
**"L'Europa investe nelle zone rurali"**

**mipaft**

ministero delle politiche agricole  
alimentari, forestali e del turismo



## SHEEP&GOAT



## "CHEESR"

Conservation, Health and Efficiency  
Empowerment of Small Ruminant



I risultati sono stati pubblicati sul sito [www.assonapa-cheesr.it](http://www.assonapa-cheesr.it)

# Azione 1 - Caratterizzazione fenotipica delle razze e delle specie autoctone

## Nell'ambito di CHEESR

### Azione 1

#### Caratterizzazione fenotipica delle razze e delle specie autoctone (es. descrittori primari e secondari delle razze, biometrici, somatici, body condition score, ecc.)

Per le specie ovi-caprine oggetto del presente progetto l'attività di caratterizzazione fenotipica coinvolgerà i 10 tipi genetici autoctoni selezionati (Pecora Sarda, Pecora Istriana, Pecora Comisana, Pecora Massese, Ovino delle Langhe, Pecora Fabrianese, Pecora Gentile di Puglia, capra Camosciata delle Alpi, capra Garganica e capra Nicastrese) prediligendo i seguenti caratteri: apparato mammario, apparato locomotore, BCS, presenza tare e/o difetti.

La raccolta dati avverrà sia in popolazione che in stazione sperimentale, avvalendosi delle stazioni di controllo di Asciano (Siena), Monastir (Cagliari) e Bonassai (Sassari).

Durante il primo anno di attività sarà sviluppata una scheda di valutazione ad-hoc che sarà poi utilizzata in campo. La scheda conterrà un punteggio per ciascuna delle macro regioni precedentemente identificate, oltre che un flag per presenza (1) o assenza (0) di una serie tare e/o difetti. Queste informazioni consentiranno una nuova e più completa descrizione delle razze a livello fenotipico, enfatizzando gli eventuali caratteri deleteri o sfavorevoli.

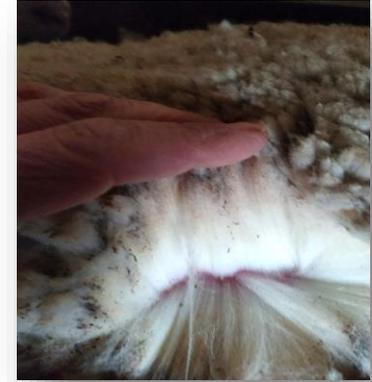
Inoltre, i dati raccolti saranno propedeutici alle successive azioni di caratterizzazione genetica (azione 2), di stima di indici genetici/genomici finalizzati al benessere (azione 4), di rilevamento dati in stazione di controllo (azione 5) ed all'individuazione di caratteri di resistenza genetica (azione 7).

Attività	Risultati attesi (IOV)			Attività svolta	Obiettivo raggiunto (SI/NO)	Step	Risultati (Evidenze / riferimenti / link)
	Step 1	Step 2	Step 3				
<b>Attività 1.1</b> Sviluppo scheda caratterizzazione fenotipica	Scheda Caratterizzazione Fenotipica			Sviluppo di due schede di caratterizzazione fenotipica, una per le razze caprine e una per le razze ovine	SI	1	<a href="#">1.1_A_SchedaPSRN_Valutazione_Morfologica_Caprini</a> <a href="#">1.1_B_SchedaPSRN_Valutazione_Morfofunzionale_Ovini</a>
<b>Attività 1.2</b> Raccolta dati in stalla		Dati raccolti in >=4 razze e 40 allevamenti	Dati raccolti in >=4 razze e 40 allevamenti	Visita di 92 allevamenti di Camosciata delle Alpi, Garganica, Nicastrese, Comisana e Massese	SI	2  3	<a href="#">1.2_A_ElencoAllevamentiVisitatiPSRN_ValutazioneMorfoFunzionale</a> <a href="#">1.2_B_Valutazioni_MorfoFunzionali_PSRN_CamosciataAlpi</a> <a href="#">1.2_C_Valutazioni_MorfoFunzionali_PSRN_Garganica</a> <a href="#">1.2_D_Valutazioni_MorfoFunzionali_PSRN_Nicastrese</a> <a href="#">1.2_E_Valutazioni_MorfoFunzionali_PSRN_Massese</a> <a href="#">1.2_F_Valutazioni_MorfoFunzionali_PSRN_Comisana.xlsx</a>



# Rilevazione delle caratteristiche qualitative del vello

- Sugli ovini verrà intrapresa una **valutazione delle caratteristiche della lana**, e in particolare per le razze **Merinizzata, Sopravissana e Gentile di Puglia**.
- Questa attività prevede la **raccolta di campioni di lana**, sui quali verranno effettuate **l'analisi del diametro delle fibre e la rilevazione del coefficiente di variazione e della confortabilità**.



RAZZA	Rilevazione su	Stazione di controllo (Laurenzana)	In popolazione (almeno 10 allevamenti)
Merinizzata Italiana	100 arieti	X	
Sopravissana	50 riproduttori		X
Gentile di Puglia	50 riproduttori		X

# Rilevazione delle caratteristiche qualitative del vello

La valutazione della qualità della lana verrà effettuata attraverso lo strumento **Optical Fiber Diameter Analyser (OFDA)**. Saranno rilevati i seguenti parametri:

- **media del diametro** in micron ( $\mu\text{m}$ ) e il **coefficiente di variabilità (CV)** delle fibre del campione di lana;
- **la lunghezza** delle fibre;
- **la curvatura (crimp)** delle fibre;
- **il fattore di comfortabilità** (che rappresenta il numero di fibre con diametro inferiore a  $30 \mu\text{m}$ ).

Classificazione commerciale della lana	$\mu\text{m}$
Ultrafine	13-16
Fine	17-24
Croisé	25-40
Da materasso	>40

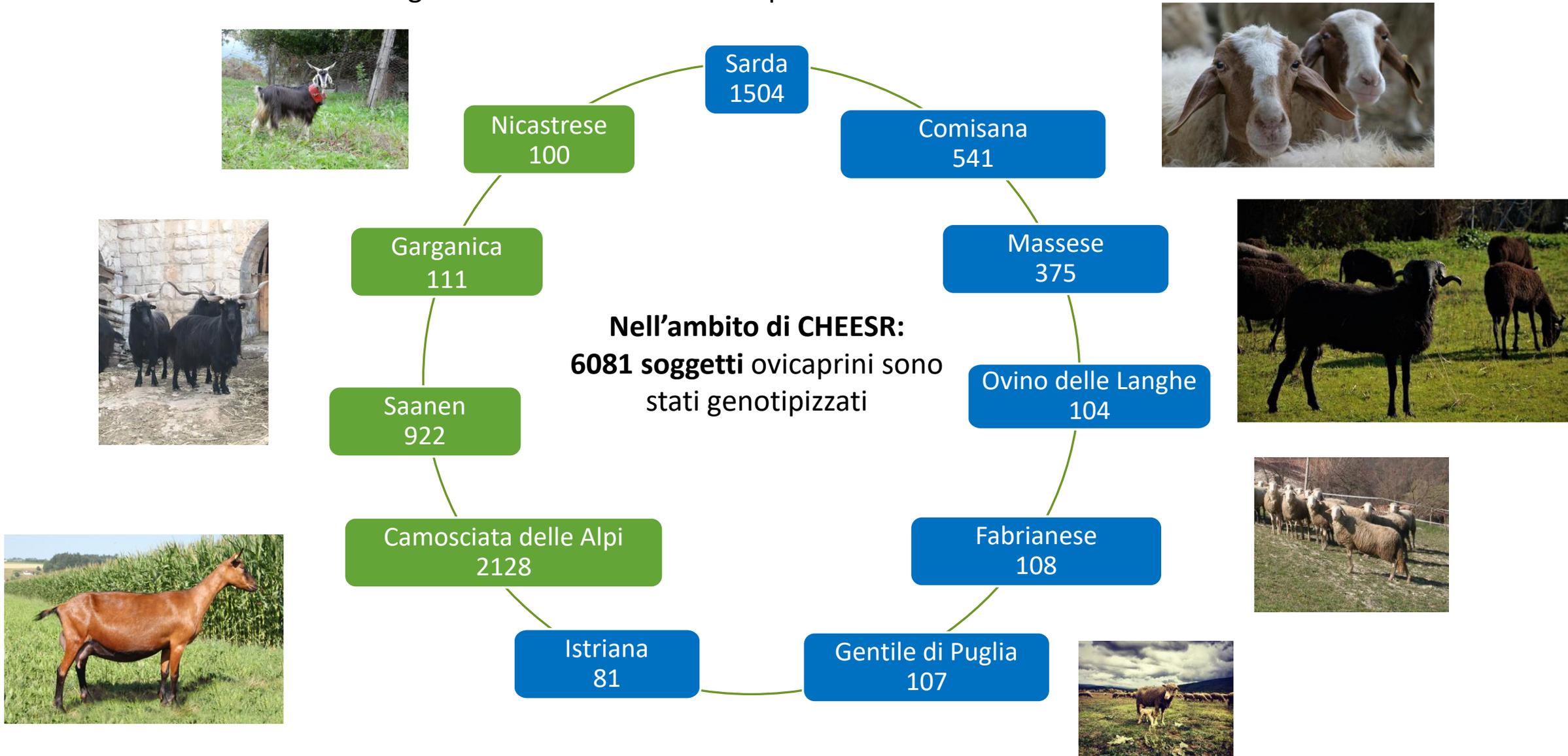
Una lana con più del 95% di fibre con diametro inferiore a  $30 \mu\text{m}$  è considerata di ottima qualità per manufatti di alto pregio.

## Lab Measurement

(4-150 $\mu\text{m}$  Diameter)  
Wool, Cashmere, Alpaca  
and Glass etc  
OFDA 2000, OFDA 4000



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



Foggia, 11/03/2022

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

### Nell'ambito di SHEEP&GOAT

- **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

### Nell'ambito di SHEEP&GOAT

- **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.

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

### Nell'ambito di SHEEP&GOAT

- **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:
  - 9 arieti di razza Sarda (allevamento di Monastir);
  - 9 arieti di razza Comisana (nucleo di Asciano);
  - 9 arieti di razza Massese (nucleo di Asciano);
  - 4 becchi di razza Camosciata delle Alpi (in popolazione);
  - 4 becchi di razza Saanen (in popolazione).

## 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 CHEESR

### Verifica di congruenza dei dati e delle informazioni

Tutte le azioni elencate nel presente bando presuppongono che i dati raccolti vengano previamente validati attraverso una serie di metodologie statistiche e controlli sistematici atti ad individuare eventuali anomalie o deviazioni dalla normalità.

Le metodologie applicate dipenderanno dal tipo di dato raccolto.

Attività	Risultati attesi (IOV)			Attività svolta	Obiettivo raggiunto (SI/NO)	Step	Risultati (Evidenze / riferimenti / link)
	Step 1	Step 2	Step 3				
<b>Attività 3.1</b> Controllo sul dato anagrafico	Numero di incongruenze anagrafiche sul totale dei record controllati (attese < 15%)	Numero di incongruenze anagrafiche sul totale dei record controllati (attese < 15%)	Numero di incongruenze anagrafiche sul totale dei record controllati (attese < 15%)	Valutazione incongruenze sulla base dell'età e sulla base degli errori mendeliani per le razze caprine e le razze ovine	SI	1	3.1_A_VerificaInformazioniAnagrafiche_Step1
						2	3.1_B_VerificaInformazioniAnagrafiche_Step2
						3	3.1_C_VerificaInformazioniAnagrafiche_Step3
<b>Attività 3.2</b> Verifica del dato quantitativo	Statistiche sui caratteri analizzati	Statistiche sui caratteri analizzati	Statistiche sui caratteri analizzati	Analisi delle produzioni, della morfologia e dei difetti	SI	1	3.2_A_AnalisiDescrittiva_ProduzionissGBLUP_CamoscitaDelleAlpi 3.2_B_AnalisiDescrittiva_ProduzionissGBLUP_Saanen 3.2_C_AnalisiDescrittiva_ProduzioniCelluleeSomatiche_ComisanaMassese
						2	3.2_D_AnalisiDescrittiva_MorfologiaPSRN_CamosciataDelleAlpi 3.2_DI_AnalisiDescrittiva_Locomozione_CamosciataDelleAlpi_Step2 3.2_E_AnalisiDescrittiva_MorfologiaPSRN_Garganica 3.2_F_AnalisiDescrittiva_MorfologiaPSRN_Nicastrese
						3	3.2_G_AnalisiDescrittiva_Morfologia_LocomozioneBenessere_PSRN_Comisana 3.2_H_AnalisiDescrittiva_Morfologia_LocomozioneBenessere_PSRN_Massese
<b>Attività 3.3</b> Verifica dato qualitativo	Frequenze	Frequenze	Frequenze	Analisi della frequenza dei caratteri qualitativi	SI	1	
						2	3.3_A_FrequenzeCaratteriQualitativiPSRN_CapriniOvini_Step1_2_3
						3	
<b>Attività 3.4</b> Qualità dato genomico	Statistiche qualità genotipi (numero genotipi scartati su totale genotipizzati, atteso < 25%)	Statistiche qualità genotipi (numero genotipi scartati su totale genotipizzati, atteso < 25%)	Statistiche qualità genotipi (numero genotipi scartati su totale genotipizzati, atteso < 25%)	Analisi della qualità dei genotipi	SI	1	
						2	3.4_A_QualitàDeiGenotipi
						3	

## Azione 3 - Verifica di congruenza dei dati e delle informazioni



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

Garganica	
N. Soggetti	206.0
N. Maschi	18.0
N. Femmine	188.0
% M	8.7
% F	91.3
N. Allevamenti	7.0

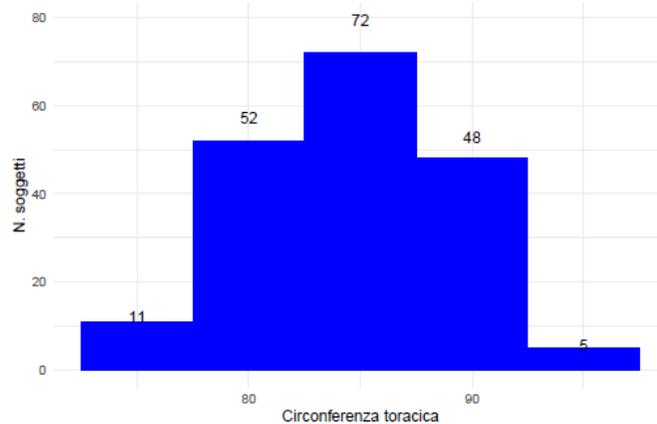
Table 2: Statistiche descrittive dei caratteri lineari della scheda di valutazione morfofunzionale PSRN

	Mean	Median	Sd	Kurtosis	Skewness	Min	Ist_Qu	IIIrd_Qu	Max	N.Miss	N.oss
Circonferenza toracica	84.5	85.0	4.5	2.6	-0.1	74.0	82.0	88.0	95.0	18	188
Lunghezza capezzolo	3.9	4.0	0.9	3.5	0.2	1.0	3.0	4.0	7.0	23	183
Attacco Anteriore	2.1	2.0	0.9	2.6	0.5	1.0	1.0	3.0	4.0	77	129
Body Condition Score (BCS)	2.6	2.5	0.4	6.0	-1.0	1.0	2.5	3.0	4.0	19	187

Table 3: Frequenze dei difetti morfofunzionali PSRN (vedasi figura 1)

Difetto PSRN	N. soggetti	%
1	23	11.17
2	40	19.42
3	0	0.00
4	17	8.25
5	5	2.43
6	14	6.80
7	4	1.94
8	0	0.00
9	5	2.43
10	5	2.43
11	11	5.34
12	0	0.00

Grafico 1: Distribuzione del carattere circonferenza toracica (cm)



## Nell'ambito di CHEESR

Grafico 2: Distribuzione del carattere lunghezza del capezzolo (cm)

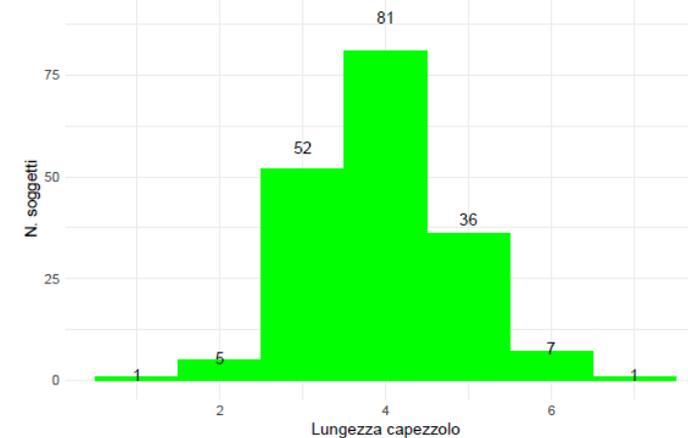
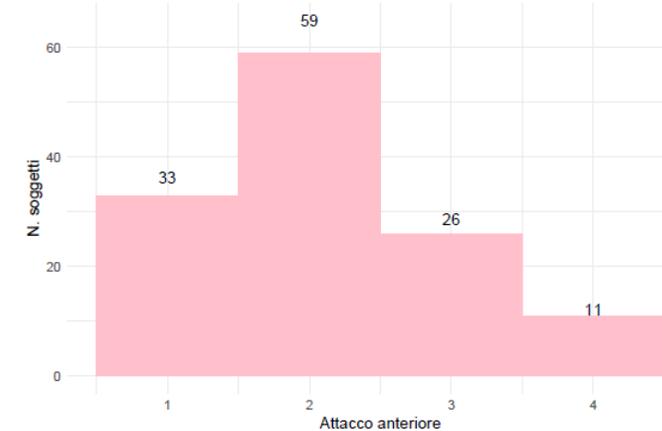


Grafico 3: Distribuzione del carattere attacco anteriore (scala da 1 a 9)



Foggia, 11/03/2022

## Azione 3 - Verifica di congruenza dei dati e delle informazioni

### Nell'ambito di SHEEP&GOAT

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

### Nell'ambito di SHEEP&GOAT

- 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	<a href="#">Indice</a>	<a href="#">Descrizione Indice</a>
	Saanen	X			ssGBLUP	<a href="#">Indice</a>	<a href="#">Descrizione Indice</a>
	Comisana	X			ssGBLUP	<a href="#">Indice</a>	<a href="#">Descrizione Indice</a>
	Massese	X			ssGBLUP	<a href="#">Indice</a>	<a href="#">Descrizione Indice</a>
Persistenza della lattazione	Comisana	X		X	Produzione latte a 40 giorni	<a href="#">Indice</a>	<a href="#">Descrizione Indice</a>
	Massese	X		X	Produzione latte a 70 giorni	<a href="#">Indice</a>	<a href="#">Descrizione Indice</a>
Score locomozione	Camosciata delle Alpi	X			ssGBLUP	<a href="#">Indice</a>	<a href="#">Descrizione Indice</a>
	Comisana	X			ssGBLUP	<a href="#">Indice</a>	<a href="#">Descrizione Indice</a>
	Massese	X			ssGBLUP	<a href="#">Indice</a>	<a href="#">Descrizione Indice</a>
Score benessere	Camosciata delle Alpi	X			ssGBLUP	<a href="#">Indice</a>	<a href="#">Descrizione Indice</a>
	Comisana	X			ssGBLUP	<a href="#">Indice</a>	<a href="#">Descrizione Indice</a>
	Massese	X			ssGBLUP	<a href="#">Indice</a>	<a href="#">Descrizione Indice</a>
Body Condition Score (BCS)	Camosciata delle Alpi	X			ssGBLUP	<a href="#">Indice</a>	<a href="#">Descrizione Indice</a>
	Comisana	X			ssGBLUP	<a href="#">Indice</a>	<a href="#">Descrizione Indice</a>
	Massese	X			ssGBLUP	<a href="#">Indice</a>	<a href="#">Descrizione Indice</a>
Interparto	Comisana		X		ssGBLUP	<a href="#">Indice</a>	<a href="#">Descrizione Indice</a>
	Massese		X		ssGBLUP	<a href="#">Indice</a>	<a href="#">Descrizione Indice</a>
Età primo parto	Comisana		X		ssGBLUP	<a href="#">Indice</a>	<a href="#">Descrizione Indice</a>
	Massese		X		ssGBLUP	<a href="#">Indice</a>	<a href="#">Descrizione Indice</a>
Numero nati	Comisana		X		BLUP	<a href="#">Indice</a>	<a href="#">Descrizione Indice</a>
Nati morti	Massese		X		BLUP	<a href="#">Indice</a>	<a href="#">Descrizione Indice</a>
Aggregato capacità riproduttiva	Comisana		X		Interparto e età al primo parto	<a href="#">Indice</a>	<a href="#">Descrizione Indice</a>
	Massese		X			<a href="#">Indice</a>	<a href="#">Descrizione Indice</a>
Resistenza ai parassiti	Comisana	X			BLUP	<a href="#">Indice</a>	<a href="#">Descrizione Indice</a>
	Massese	X			BLUP	<a href="#">Indice</a>	<a href="#">Descrizione Indice</a>

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 di **SHEEP&GOAT** 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, Ovino delle Langhe, Comisana, Massese, Sarda, Merinizzata Italiana.

N	Carattere	Metodo	Massese	Comisana	Merinizzata
1	N. Nati vivi per parto	ssGBLUP	X	X	
2	Età al primo parto	ssGBLUP	X	X	
3	Cellule somatiche	ssGBLUP	X	X	
4	Persistenza della lattazione	ssGBLUP	X	X	
5	Qualità del latte	ssGBLUP	X	X	
6	Caseificazione	ssGBLUP	X	X	
7	Efficienza alimentare	ssGBLUP		X	
8	Resistenza ai nematodi	ssGBLUP	X	X	
9	BCS	BLUP/ssGBLUP			X
10	Accrescimento	BLUP/ssGBLUP			X
11	Morfologia	GBLUP/ssGBLUP			X

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

### Nell'ambito di CHEESR

#### Azione 5

**Miglioramento delle risorse genetiche animali ad interesse zootecnico (RGAiz), valutazione della consanguineità e della diversità genetica nelle popolazioni e calcolo dell'inbreeding, rilevamento dati in stazione di controllo in ambiente controllato**

Per quanto attiene alle attività relative al calcolo e valutazione della consanguineità ed alla diversità genetica si rimanda a quanto riportato nella azione 6.

Attività	Risultati attesi (IOV)			Attività svolta	Obiettivo raggiunto (SI/NO)	Step	Risultati (Evidenze / riferimenti / link)
	Step 1	Step 2	Step 3				
<b>Attività 5.1</b> Resistenza a parassiti: Conta delle uova nelle feci	>=1 allevamento campionato	>=300 animali controllati; statistiche descrittive	>=300 animali controllati; statistiche descrittive	Campionamento di un totale di 968 soggetti del Centro Genetico di Asciano	SI	1	5.1_A_Resistenza_parassiti_Step1_2_3 5.1_B_SoggettiCampionamentoFecale
						2	
						3	
<b>Attività 5.2</b> Raccolta dati Locomozione, Cellule Somatiche, Sanità della Mammella ed Efficienza Riproduttiva	Media Mensile cellule somatiche; incidenza nati/morti; incidenza ritorni in calore	Media Mensile cellule somatiche; incidenza nati/morti; incidenza ritorni in calore	Media Mensile cellule somatiche; incidenza nati/morti; incidenza ritorni in calore	Calcolo di: Media Mensile cellule somatiche; incidenza nati/morti; incidenza ritorni in calore	SI	1	5.2_A_AnalisiDescrittiva_ProduzioniCelluleeSomatiche_ComisanaMassese_Step1_2_3 5.2_B_NatiViviNatiMorti_ComisanaMassese_Step1_2_3.pdf 5.2_C_IncidenzaRitorniCalore_Step1_2_3
						2	
						3	
<b>Attività 5.3</b> Raccolta tare genetiche Razza Comisana e Massese	Incidenza tare/difetti	Incidenza tare/difetti	Incidenza tare/difetti	Calcolo dell'incidenza delle tare e dei difetti nelle razze Comisana e Massese	SI	1	5.3_A_IncidenzaTareDifetti_ComisanaMassese_Step1_2_3
						2	
						3	
<b>Attività 5.5</b> Raccolta dati climatici (Tolleranza al calore)		Andamento THI (media, massimo, minino)	Andamento THI (media, massimo, minino)	Analisi dell'andamento del THI	SI	2	5.5_A_AnalisiAndamentoTHI_Step2_3
						3	

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

### Nell'ambito di SHEEP&GOAT



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

Foggia, 11/03/2022

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

## Nell'ambito di CHEESR

### Azione 6

#### Monitoraggio della diversità genetica nelle razze autoctone italiane e relativa valutazione

Le attività incluse nella presente azione saranno diversificate sulla base della disponibilità o meno di materiale genomico (i.e., genotipi).

Secondo quanto previsto nell'azione 2, oltre 6000 individui appartenenti a 10 tipi genetici autoctoni ovi-caprini saranno genotipizzati durante i 3 anni di attività del progetto mentre nel caso dei rimanenti TGA (75) saranno disponibili le informazioni anagrafiche "tradizionali" (i.e. pedigree).

Sulla base di questa disponibilità saranno sviluppate 2 attività distinte in modo tale da fornire comunque un servizio di monitoraggio a tutte le razze, sebbene sviluppato a partire da dati di diversa natura.

Attività	Risultati attesi (IOV)			Attività svolta	Obiettivo raggiunto (SI/NO)	Step	Risultati (Evidenze / riferimenti / link)
	Step 1	Step 2	Step 3				
<b>Attività 6.1</b> Utilizzo di informazioni derivanti da array molecolari ai fini del monitoraggio della diversità genetica e delle <i>signatures of selection</i>		Numero di SNPs polimorfici, Eterozigosità attesa e osservata	Distanza genetica media, inbreeding medio	Calcolo del numero di SNPs polimorfici, eterozigosità attesa e osservata, distanze genetiche medie ed inbreeding genomico	SI	2	<a href="#">6.1_A_NumeroSNPpolimorfici_EterozigositàAttesaOsservata_Step2</a>
						3	<a href="#">6.1_B_InbreedingGenomico_DistanzeGenetiche_Step3</a>
<b>Attività 6.2</b> Utilizzo di informazioni tradizionali ai fini del monitoraggio della diversità genetica e delle <i>signatures of selection</i>	Numero di ascendenti conosciuti per individuo, Ne e consanguineità media per >=50 razze	Numero di ascendenti conosciuti per individuo, Ne e consanguineità media per >=50 razze	Numero di ascendenti conosciuti per individuo, Ne e consanguineità media per >=50 razze	Analisi complessiva di 82 pedigree delle razze ovicaprine e pubblicazione di 11 report delle razze case - studies e dalla razza Saanen	SI	1	<a href="#">6.2_C_AnalisiDeiPedigree_Step3</a>
						2	
						3	

# 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

GENTILE DI PUGLIA	
Totale animali registrati	36088
Maschi	2638
Femmine	33450
% Maschi	7
% Femmine	93
F/M	13
Animali vivi	7132
Maschi vivi	366
Femmine vive	6766
% Maschi vivi	5
% Femmine vive	95
F/M animali vivi	18
N. allevamenti con animali vivi	50

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

GENTILE DI PUGLIA	
$N_e$ (vivi)	1041.6528
DeltaF (vivi)	0.0005



Mappa di consanguineita' per regione

Note: 86 % allevamenti localizzati

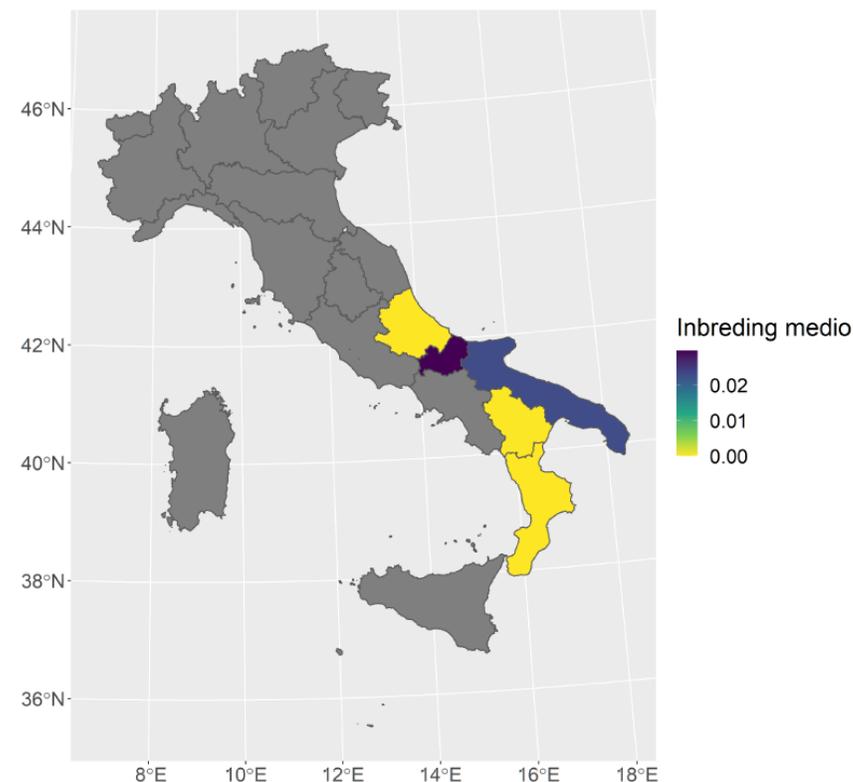


Table 4: Statistiche descrittive delle summary del pedigree dei soggetti vivi

	Mean	Median	Sd	Kurtosis	Skewness	Min	Ist_Qu	IIIrd_Qu	Max	N.Miss	N.oss
equiGen	1.453	1.000	1.535	2.613	0.874	0.000	0.000	2.594	6.170	0	7132
fullGen	0.846	1.000	0.941	3.660	1.081	0.000	0.000	1.000	4.000	0	7132
maxGen	2.662	1.000	3.078	2.228	0.873	0.000	0.000	6.000	11.000	0	7132
PCI	0.278	0.250	0.310	2.609	0.879	0.000	0.000	0.400	1.000	0	7132
Inbreeding	0.011	0.000	0.041	27.733	4.715	0.000	0.000	0.000	0.342	0	7132

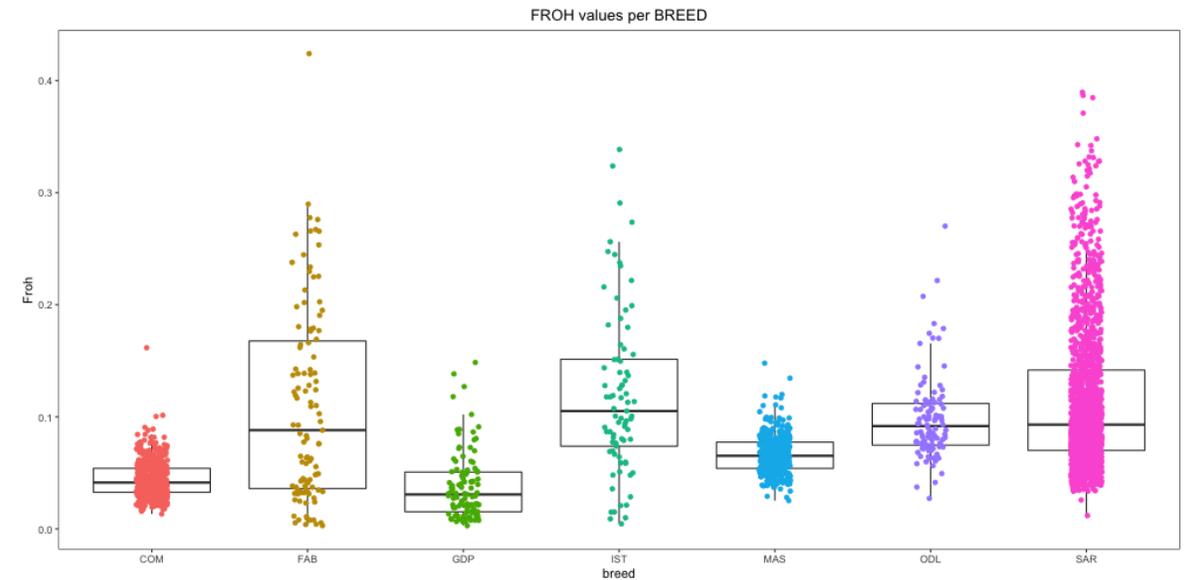
Foggia, 11/03/2022

## 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 Homozigosity* (ROH)

Razza	Numero ROH	Lunghezza media	Lunghezza totale	$F_{ROH}$
COMISANA	40.159	125.312	3.071	0.051
FABRIANESE	40.411	311.737	6.600	0.128
GENTILE DI PUGLIA	27.267	109.966	3.621	0.045
ISTRIANA-CARSOLINA	52.827	343.599	6.025	0.141
MASSESE	56.097	189.754	3.371	0.078
OVINO DELLE LANGHE	66.558	288.171	4.263	0.118



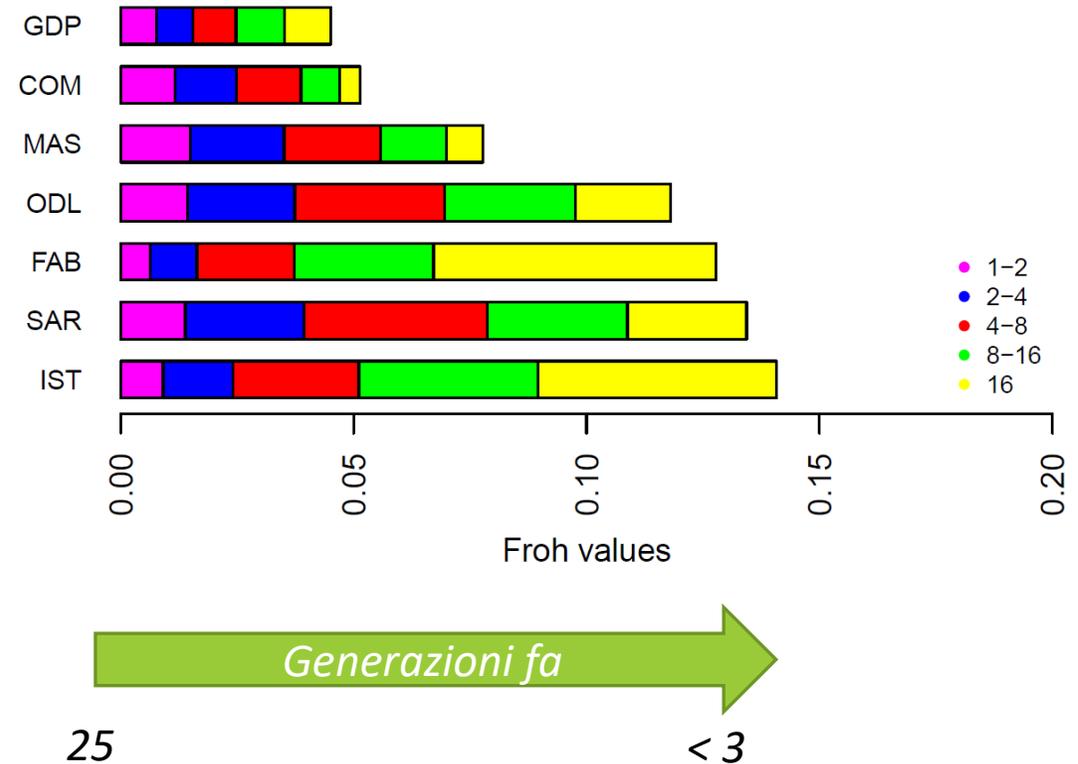
## Azione 6 - Monitoraggio della diversità genetica tra ed entro le razze autoctone italiane e relativa valutazione

CHEESR: Alcuni risultati sull'analisi dei dati genomici.

### Datazione dell'inbreeding genomico

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

### Inbreeding per classe di ROH



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

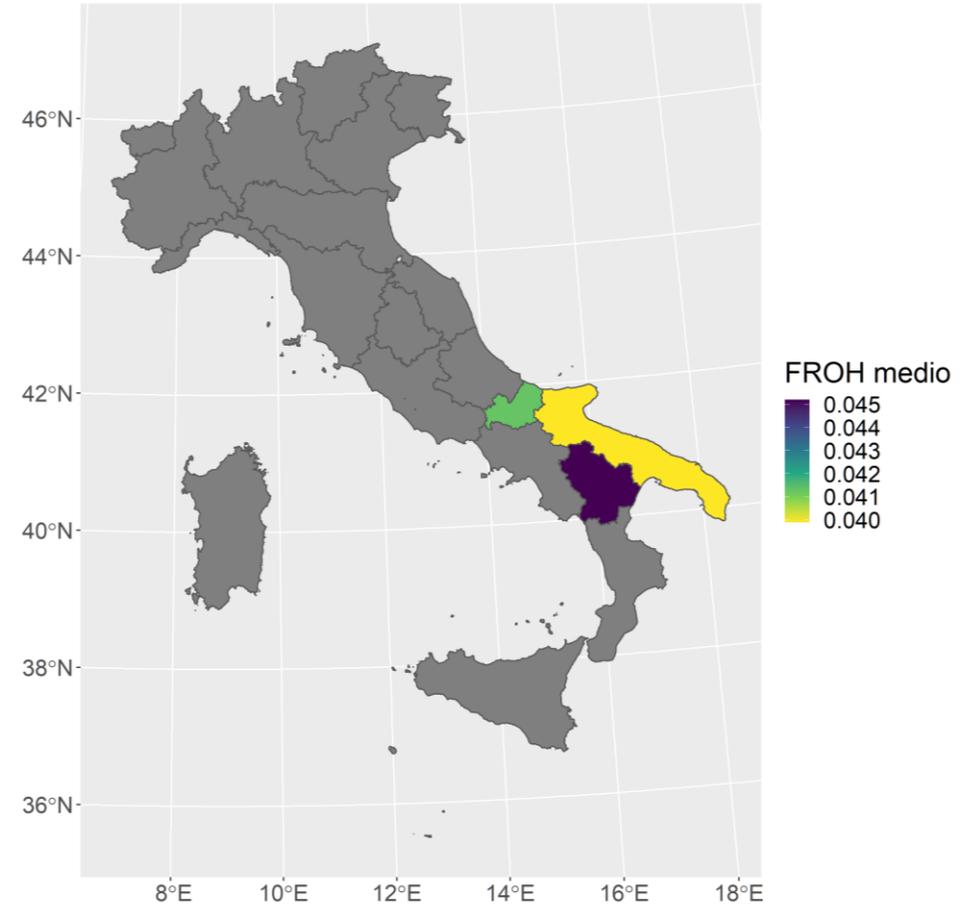
CHEESR: Alcuni risultati sull'analisi dei dati genomici.

Gentile di Puglia



Mappa di consanguineita' genomica per regione

Note: 86 % allevamenti localizzati



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

### Nell'ambito di SHEEP&GOAT

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 eterozigosità, 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 di CHEESR

### Azione 7

#### Valutazione ed individuazione di caratteri di resistenza genetica alle principali malattie di interesse zootecnico

Al fine di sviluppare metodologie di selezione genetica/genomica per la resistenza a caratteri del benessere, saranno raccolti in stazione sperimentale (Centro Genetico di Asciano – Siena e Centro Genetico Agris) informazioni su i nematodi gastrointestinali misurati attraverso la conta delle uova per grammo di feci (Fecal Eggs Count, FEC) rilevata all'esame copromicroscopico quali-quantitativo (metodo McMaster secondo Raynaud, 1970 e metodo Flotac).

Attività	Risultati attesi (IOV)			Attività svolta	Obiettivo raggiunto (SI/NO)	Step	Risultati (Evidenze / riferimenti / link)
	Step 1	Step 2	Step 3				
<b>Attività 7.1</b> Verifica livello di infestazione Nematodi e raccolta individuale	Incidenza infestazione	Incidenza infestazione	Incidenza infestazione	Calcolo dell'incidenza per campionamento	SI	1	7.1_7.2_A_RelazioneUNIMOL_Step1_2_3 7.1_7.2_B_IncedenzaParassitosi_Step1_2_3
						2	
						3	
<b>Attività 7.2</b> Analisi statistica dei dati		Ereditabilità carattere resistenza	Indice genetico carattere resistenza	Stima dell'ereditabilità e dell'indice genetico	SI	2	
						3	

Foggia, 11/03/2022

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

### **Nell'ambito di SHEEP&GOAT**

Nell'ambito dell'azione 7:

- sarà verificato il livello di infestazione da Nematodi 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 di CHEESR

#### Azione 8

##### Raccolta di materiale biologico e germoplasma (DNA, materiale seminale, ovuli ed embrioni, ecc.)

Obiettivo generale è da un lato la corretta gestione della variabilità genetica delle razze RA, nell'ottica di sviluppare e implementare modelli di gestione a basso costo da replicarsi in futuro nelle diverse razze italiane e dall'altro raccogliere e genotipizzare un numero consistente di soggetti appartenenti a tipi genetici autoctoni al fine delle azioni 2, 4, 5 e 6.

La gestione della variabilità genetica avverrà attraverso due strumenti: 1) raccolta e conservazione di materiale rappresentativo della razza, da utilizzare come back up nel medio e lungo termine nel caso insorgano problemi genetici nella razza; 2) raccolta e distribuzione di materiale a sostegno dell'allevamento, favorendo al contempo una corretta gestione della variabilità genetica.

Per quanto riguarda le genotipizzazioni, come già esposto nell'azione 2, i soggetti saranno selezionati all'interno dei 10 tipi genetici e genotipizzati con i 2 tipi di pannelli attualmente disponibili: Goat 50K SNP BeadChip e OvineSNP50 BeadChip. Il campionamento avverrà tramite tampone nasale in occasione dell'attività di caratterizzazione fenotipica (azione 1).

Attività	Risultati attesi (IOV)			Attività svolta	Obiettivo raggiunto (SI/NO)	Step	Risultati (Evidenze / riferimenti / link)
	Step 1	Step 2	Step 3				
<b>Attività 8.1</b> Costituzione Biobanca	Elenco attrezzature			Predisposizione della Biobanca	SI	1	
<b>Attività 8.2</b> Sviluppo protocollo raccolta seme e formazione del Personale	Protocollo Raccolta seme	Protocollo Raccolta seme		Sviluppo e formazione del personale sul protocollo di raccolta del seme	SI	1	
						2	
<b>Attività 8.3</b> Individuazione di un set di riproduttori maschi	>=20 soggetti/razza (<=9 razze)	>=20 soggetti/razza (<=9 razze)	>=20 soggetti/razza (<=9 razze)	Individuazione dei riproduttori maschi (vedasi relazione CNR e file integrativo con le liste degli animali)	SI	1	8.1_8.2_8.3_8.4_A_Relazione_IBBA_CNR_Step1_2_3 8.3_B_IndividuazioneRiproduttoriMaschi_Step1_2_3
						2	
						3	
<b>Attività 8.4</b> Raccolta e stoccaggio dosi	>=100 dosi	>=200 dosi	>=200 dosi	Raccolta e stoccaggio di 1025 dosi di seme appartenenti a 56 soggetti di razza Comisana, Massese, Nicastrese, Garganica, Gentile di Puglia e Delle Langhe	SI	1	
						2	
						3	

Foggia, 11/03/2022

## Azione 8 - Raccolta di materiale biologico e germoplasma

Nell'ambito dell'azione 8 di **SHEEP&GOAT** saranno svolte delle attività di conservazione della biodiversità **Ex-Situ** 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

### Nell'ambito di CHEESR

#### Azione 9

##### Elaborazione delle informazioni raccolte (es. elaborazione di indicatori ed indici tali da minimizzare l'impatto ambientale degli allevamenti)

Sulla base di quanto rilevato nelle azioni 1 e 4 e delle attività svolte nell'azione 5, saranno sviluppati ed elaborati degli indici aggregati attualmente non disponibili combinando le informazioni derivanti da caratteri diversi (e.g. sanità della mammella e funzionalità apparato locomotore). L'obiettivo è quello di sviluppare nuovi strumenti di gestione/selezione del benessere animale che potranno essere inseriti negli schemi selettivi in andamento od utilizzati per definire ex-novo nuovi obiettivi di selezione.

Attività	Risultati attesi (IOV)			Attività svolta	Obiettivo raggiunto (SI/NO)	Step	Risultati (Evidenze / riferimenti / link)
	Step 1	Step 2	Step 3				
<b>Attività 9.1</b> Sviluppo indice aggregato benessere		Ereditabilità Indice Aggregato		Stima ereditabilità e dell'indice aggregato	SI	2	<a href="#">9.1_A_Risposta_alla_selezione_N.NatiSCS_Comisana_Step2</a>
<b>Attività 9.2</b> Sviluppo indice aggregato Capacità riproduttiva			Ereditabilità Indice Aggregato	Stima ereditabilità e dell'indice aggregato	SI	3	<a href="#">9.2_A_IndiceAggregatoCapacitàRiproduttiva_ComisanaMassese_Step3</a>
						3	

## 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

ASPA, 2021

## Pubblicazioni nell'ambito di CHEESR

EAAP, 2020

### Genomic Inbreeding of Nicastrese: Conservation of an Autochthonous Italian Goat Breed



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

Nicastrese 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. Macchiotta, 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<sup>a</sup>, Samira Giovannini<sup>a</sup>, Camillo Pieramati<sup>b</sup>, Pancrazio Fresi<sup>c</sup>, Silverio Grande<sup>c</sup>

<sup>a</sup>Dipartimento di Scienze Agrarie, Alimentari e Ambientali (DSA3), Perugia, Italy

<sup>b</sup>Dipartimento di Medicina Veterinaria (DMV), Perugia, Italy

<sup>c</sup>Associazione Nazionale della Pastorizia (ASSO.NA.PA.), Rome, Italy

Contact [francesca.sarti@unipg.it](mailto:francesca.sarti@unipg.it)

### Exploring pedigrees: an overall picture of small Italian ruminant biodiversity

<sup>1</sup>Negro A., <sup>1</sup>Cortellari M., <sup>1</sup>Bionda A., <sup>3</sup>Biffani S., <sup>2</sup>Grande S., <sup>1</sup>Crepaldi P.

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

<sup>2</sup>Direzione, Associazione Nazionale della Pastorizia, Rome, Italy

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

### Genomic tools to support breed assignment in small ruminants

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

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

<sup>2</sup>Direzione, Associazione Nazionale della Pastorizia, Rome, Italy

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

### Application of single-step GBLUP in Italian Comisana sheep

<sup>3</sup>Biffani S., <sup>4</sup>Cesarani A., <sup>1</sup>Negro A., <sup>1</sup>Cortellari M., <sup>2</sup>Grande S., <sup>1</sup>Crepaldi P., <sup>4</sup>Macchiotta N.

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

<sup>2</sup>Direzione, Associazione Nazionale della Pastorizia, Rome, Italy

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

<sup>4</sup>Department of Agricultural Sciences, University of Sassari, Sassari, Italy

Foggia, 11/03/2022

**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 di **SHEEP&GOAT** 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.



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



UNIVERSITÀ  
DEGLI STUDI  
DI MILANO



UNIVERSITÀ  
DEGLI STUDI  
DEL MOLISE



**Agris**

Agenzia pro sa chira in agricultura  
Agenzia regionale per la ricerca in agricultura



REGIONE AUTONOMA  
DI SARDEGNA  
REGIONE AUTONOMA  
DELLA SARDEGNA



Consiglio Nazionale  
delle Ricerche



A.D. 1308

**unipg**

UNIVERSITÀ DEGLI STUDI  
DI PERUGIA



UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI NAPOLI  
**FEDERICO II**

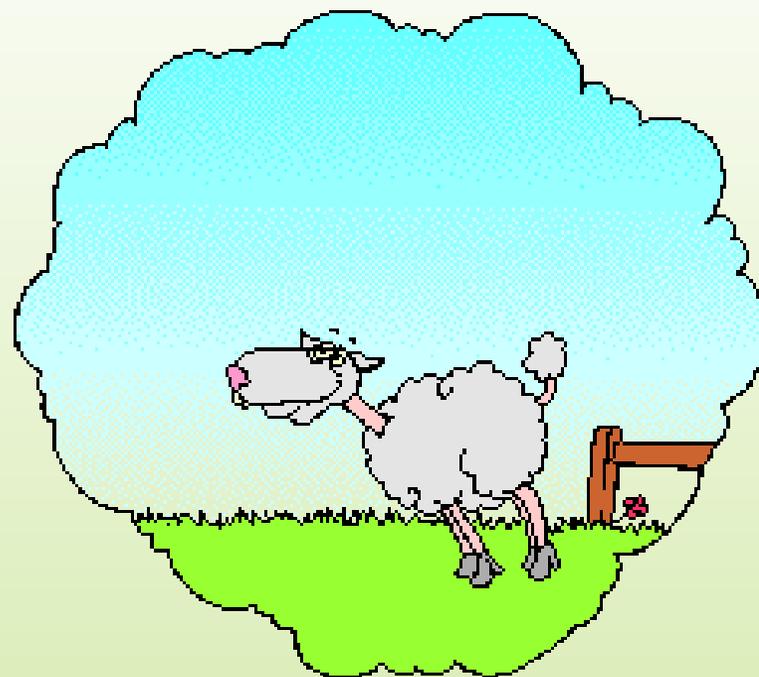


**PSRN**  
PROGRAMMA  
DI SVILUPPO  
RURALE  
NACIONALE  
2014-2020  
Sostentiamo il futuro delle zone rurali

Foggia, 11/03/2022



Fondo Europeo Agricolo per lo  
Sviluppo Rurale



***Grazie per l'attenzione!***