



Informativa progetto SHEEP&GOAT

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

PSRN 2021 - 2023 – Biodiversità – Sottomisura 10.2

Vicenza, 11/02/2021

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

Sito: 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

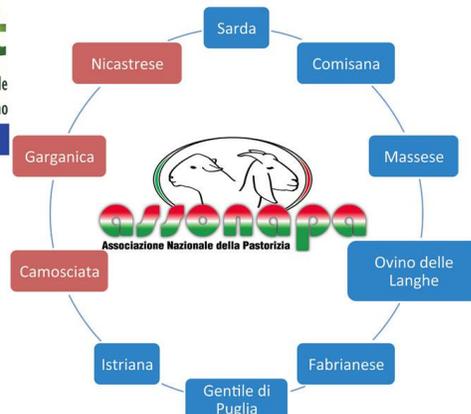
Progetto finanziato nell'ambito della
Sottomisura 10.2 - PSRN 2014-2020

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

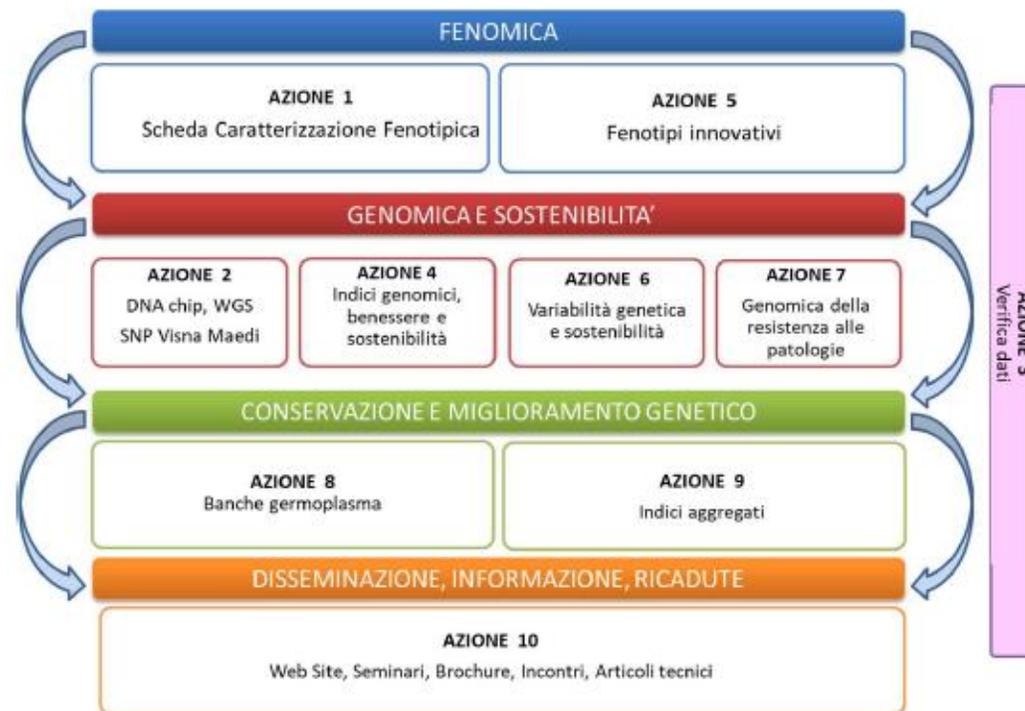
"L'Europa investe nelle zone rurali"

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

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 | | | | |
| Attività 1.1 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 | 1.1_A_SchedaPSRN_Valutazione_Morfologica_Caprini 1.1_B_SchedaPSRN_Valutazione_Morfofunzionale_Ovini |
| Attività 1.2 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 | 1.2_A_ElencoAllevamentiVisitatiPSRN_ValutazioneMorfoFunzionale 1.2_B_Valutazioni_MorfoFunzionali_PSRN_CamosciataAlpi 1.2_C_Valutazioni_MorfoFunzionali_PSRN_Garganica 1.2_D_Valutazioni_MorfoFunzionali_PSRN_Nicastrese 1.2_E_Valutazioni_MorfoFunzionali_PSRN_Massese 1.2_F_Valutazioni_MorfoFunzionali_PSRN_Comisana.xlsx |

Vicenza, 11/02/2022

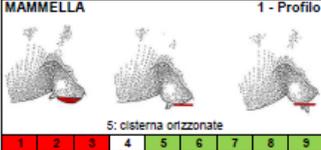
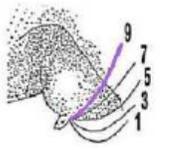
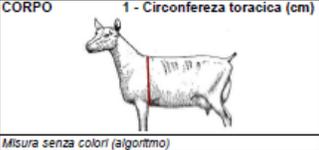
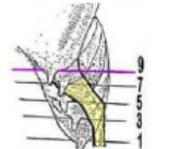
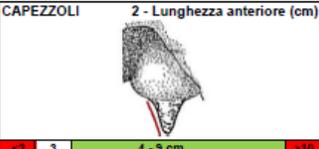
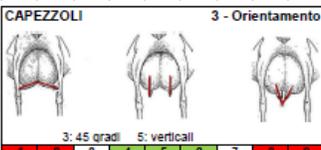
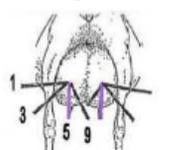
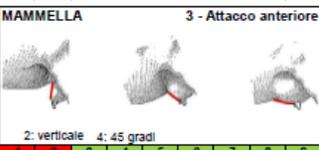
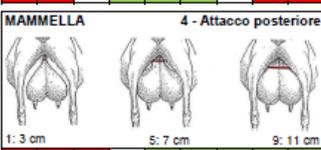
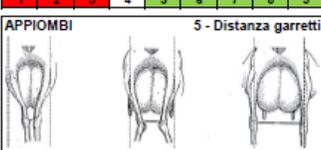
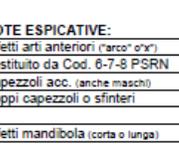
Azione 1 - Caratterizzazione fenotipica delle razze e delle specie autoctone

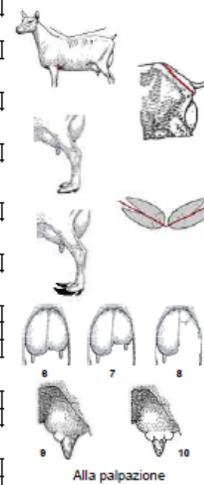
Nell'ambito di SHEEP&GOAT

1. Aggiornamento e/o ottimizzazione delle schede di valutazione morfo-funzionale (ovini e caprini);
2. Redazione di schede per l'identificazione dei riproduttori ovicaprini (Dati fenotipici e dati genetici/genomici);
3. Rilevazione delle caratteristiche qualitative del vello (razze: Merinizzata Italiana, Gentile di Puglia e Sopravissana).

Valutazione Morfofunzionale dei riproduttori caprini:

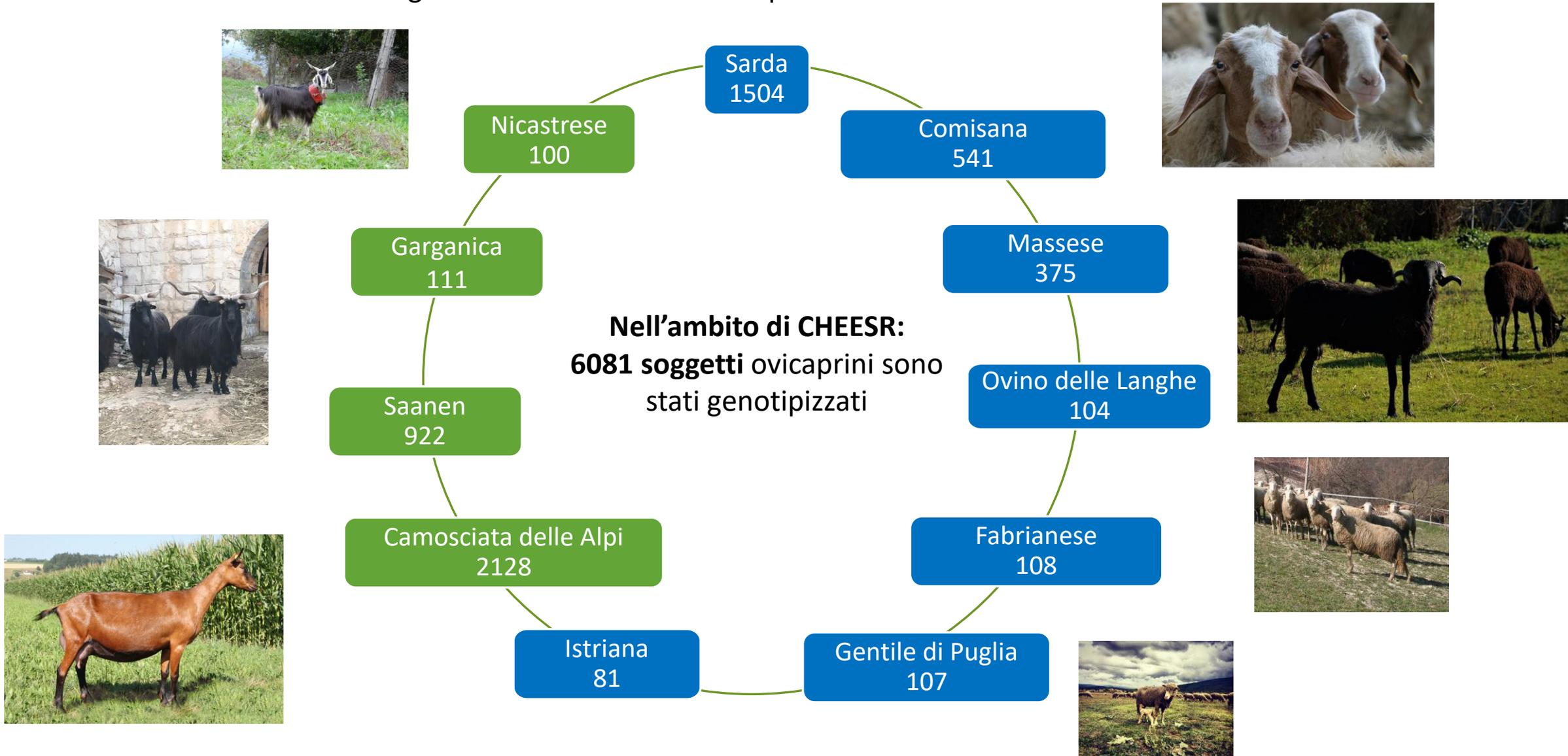
* Valutazione Morfologica Lineare (LG) di 5 Caratteri (6 note elementari su scala da 1 a 9) e 16 Difetti Morfo Genetici
 * Valutazione Funzionale e Benessere (PSRN) 4 Caratteri (2 misure cm, 1 nota elementari su scala da 1 a 9, 1 nota su scala da 0 a 5) e 12 Difetti Morfo Funzionali
 G. Bruni e G. Zanatta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

| SCHEDA LG | | SCHEDA PSRN | |
|--|--|--|--|
| MAMMELLA 1 - Profilo  |  | CORPO 1 - Circonferenza toracica (cm) Misura senza colori (algoritmo) |  |
| MAMMELLA 2 - Posizione impianto  |  | CAPEZZOLI 2 - Lunghezza anteriore (cm) ≤ 2 3 4-9 cm ≥ 10 |  |
| CAPEZZOLI 3 - Orientamento  |  | MAMMELLA 3 - Attacco anteriore 2: verticale 4: 45 gradi |  |
| MAMMELLA 4 - Attacco posteriore  |  | GESTIONE 4 - BCS Lombare Nota 0 Nota 1 Nota 2 Nota 3 Nota 4 Nota 5 |  |
| APPIOMBI 5 - Distanza garretti  | DIFETTI MORFO FUNZIONALI (CODICI): 1 Linea Dorsale (insellata) 2 Angolo Groppa (spiovente) 3 Pastoralis (che cedono) 4 Apertura Piedi (molto aperti) 5 Pareggio Unghie (mal pareggiate) |  | DIFETTI MORFO FUNZIONALI (CODICI): 6 Mammella Leggermente Sbilanciata (<math>< 3\text{cm}</math>) 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) |
| DIFETTI MORFO GENETICI (CODICI): 1 Gravi difetti di appiombio 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 cornatura 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 ("arco" o "x") => Sostituito da Cod. 6-7-8 PSRN => Capezzoli acc. (anche maschi) => Doppi capezzoli o sfinteri => Difetti mandibola (corta o lunga) => Codici tipo genetico => Codici tipo genetico |  | DIFETTI MORFO FUNZIONALI (CODICI): 11 Indurimento Mammella Monolaterale 12 Indurimento Mammella Bilaterale |



Alla palpazione

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



Vicenza, 11/02/2022

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 | | | | |
| Attività 3.1 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 |
| Attività 3.2 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 |
| Attività 3.3 Verifica dato qualitativo | Frequenze | Frequenze | Frequenze | Analisi della frequenza dei caratteri qualitativi | SI | 1 | |
| | | | | | | 2 | 3.3_A_FrequenzeCaratteriQualitativiPSRN_CapriniOvini_Step1_2_3 |
| | | | | | | 3 | |
| Attività 3.4 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 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 |



Nell'ambito di CHEESR

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

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 | 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

Indice Cellule Somatiche Camosciata delle Alpi

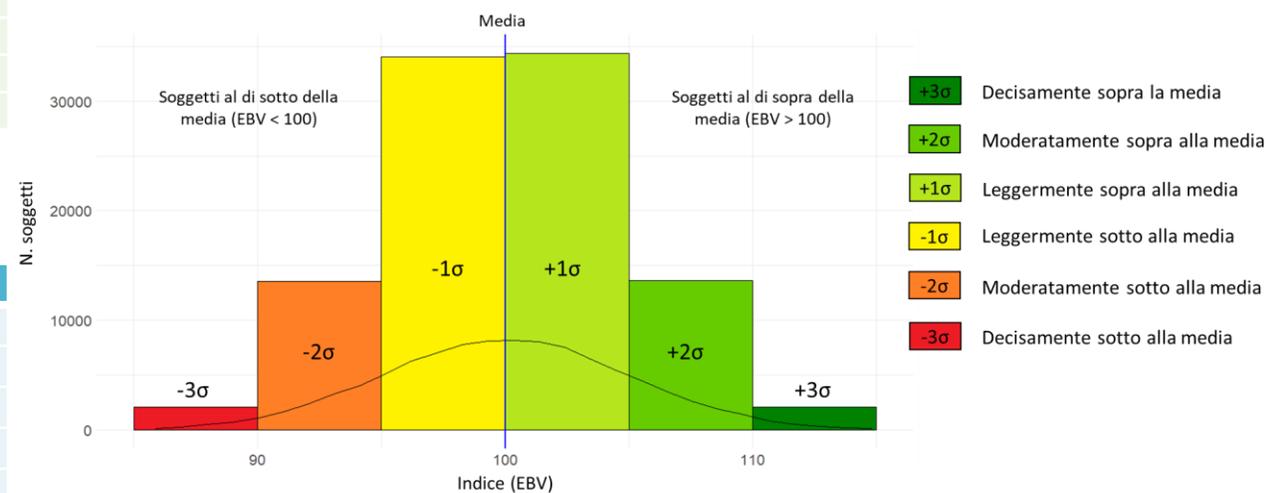
| CLASSIFICA | MATRICOLA | RAZZA | SESSO | ANNO DI NASCITA | EBV100 | ACCURATEZZA |
|------------|----------------|-----------------------|-------|-----------------|--------|-------------|
| 1 | IT004000130845 | Camosciata delle Alpi | F | 2016 | 114 | 70 |
| 2 | IT004000130823 | Camosciata delle Alpi | F | 2017 | 110 | 70 |
| 3 | IT004000162106 | Camosciata delle Alpi | F | 2018 | 110 | 72 |
| 4 | IT006000036641 | Camosciata delle Alpi | F | 2016 | 109 | 71 |
| 5 | IT006000036652 | Camosciata delle Alpi | F | 2016 | 109 | 71 |
| 6 | IT006000036606 | Camosciata delle Alpi | F | 2016 | 109 | 71 |
| 7 | IT097000132821 | Camosciata delle Alpi | F | 2017 | 109 | 73 |
| 8 | IT004000149516 | Camosciata delle Alpi | F | 2017 | 108 | 71 |
| 9 | IT006000036763 | Camosciata delle Alpi | F | 2017 | 108 | 71 |
| 10 | IT004000130826 | Camosciata delle Alpi | F | 2017 | 107 | 70 |

Indice Cellule Somatiche Saanen

| CLASSIFICA | MATRICOLA | RAZZA | SESSO | ANNO DI NASCITA | EBV100 | ACCURATEZZA |
|------------|----------------|--------|-------|-----------------|--------|-------------|
| 1 | IT004000130845 | Saanen | F | 2016 | 114 | 70 |
| 2 | IT004000130823 | Saanen | F | 2017 | 110 | 70 |
| 3 | IT004000162106 | Saanen | F | 2018 | 110 | 72 |
| 4 | IT006000036641 | Saanen | F | 2016 | 109 | 71 |
| 5 | IT006000036652 | Saanen | F | 2016 | 109 | 71 |
| 6 | IT006000036606 | Saanen | F | 2016 | 109 | 71 |
| 7 | IT097000132821 | Saanen | F | 2017 | 109 | 73 |
| 8 | IT004000149516 | Saanen | F | 2017 | 108 | 71 |
| 9 | IT006000036763 | Saanen | F | 2017 | 108 | 71 |
| 10 | IT004000130826 | Saanen | F | 2017 | 107 | 70 |

Nell'ambito di CHEESR

Esempio di distribuzione di un indice (EBV) con media pari a 100 e deviazione standard (σ) pari a 5



Vicenza, 11/02/2022

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.
- 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...

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 | | | | |
| Attività 5.1 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 | |
| Attività 5.2 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 | |
| Attività 5.3 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 | |
| Attività 5.5 Raccolta dati climatici (Tolleranza al calore) | | Andamento THI (media, massimo, minimo) | Andamento THI (media, massimo, minimo) | Analisi dell'andamento del THI | SI | 2 | 5.5_A_AnalisiAndamentoTHI_Step2_3 |
| | | | | | | 3 | |

Vicenza, 11/02/2022

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 |

Vicenza, 11/02/2022

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 | | | | |
| Attività 6.1 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 | 6.1_A_NumeroSNPpolimorfici_EterozigositàAttesaOsservata_Step2 |
| | | | | | | 3 | 6.1_B_InbreedingGenomico_DistanzeGenetiche_Step3 |
| Attività 6.2 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 | 6.2_C_AnalisiDeiPedigree_Step3 |
| | | | | | | 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

| 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 | |
|---------------|-----------|
| Ne (vivi) | 1450.1395 |
| DeltaF (vivi) | 0.0003 |

Mappa di consanguineita' per regione
Note: 83.5 % allevamenti localizzati

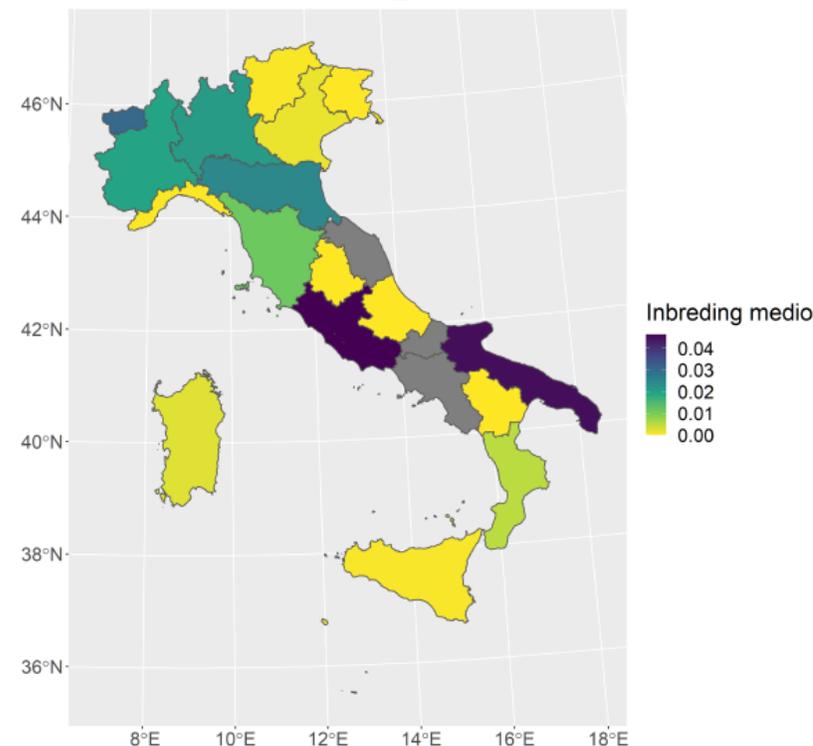


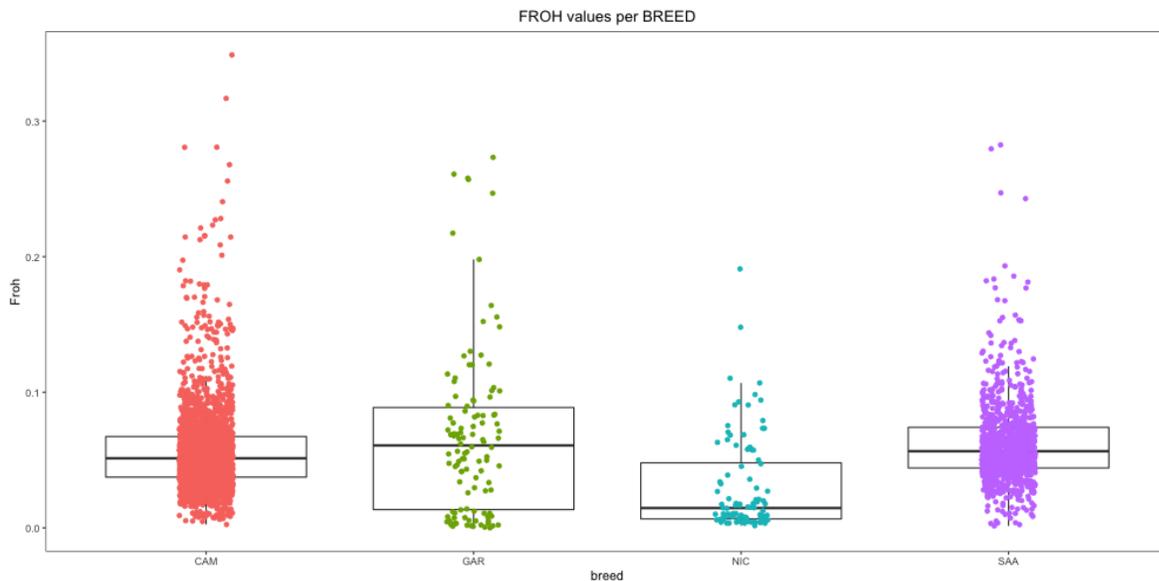
Figure 2: Mappa di Consanguineità

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

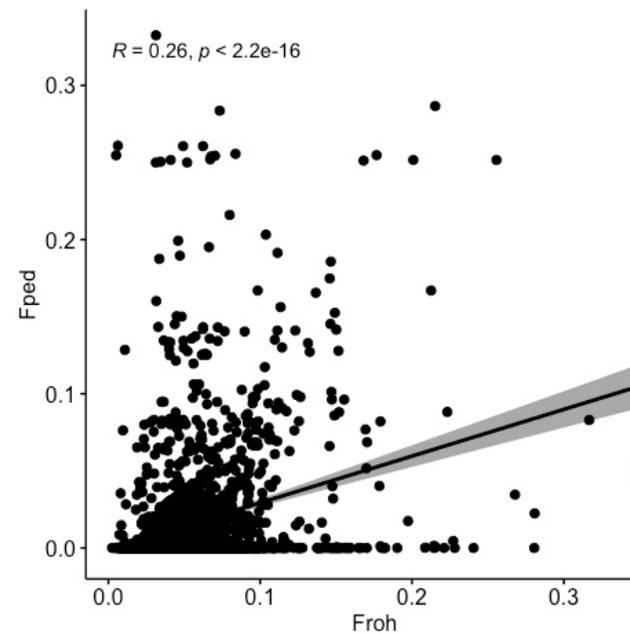
CHEESR: Alcuni risultati sull'analisi dei dati genomici.

Analisi delle *Runs of Homozygosity* (ROH)

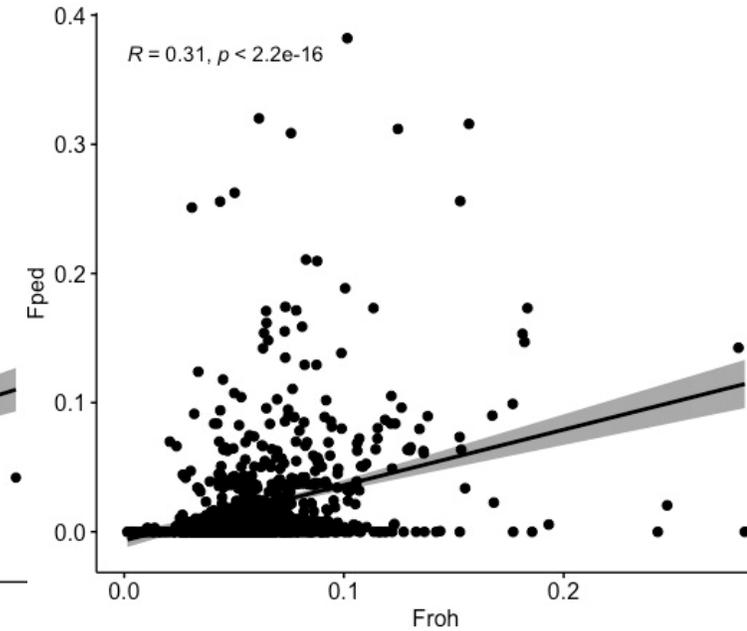
| Razza | Numero ROH | Lunghezza media | Lunghezza totale | F _{ROH} |
|-----------------------|------------|-----------------|------------------|------------------|
| CAMOSCIATA DELLE ALPI | 36.137 | 160.587 | 4.275 | 0.065 |
| GARGANICA | 29.289 | 189.246 | 5.295 | 0.077 |
| NICASTRESE | 20.080 | 87.718 | 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 |

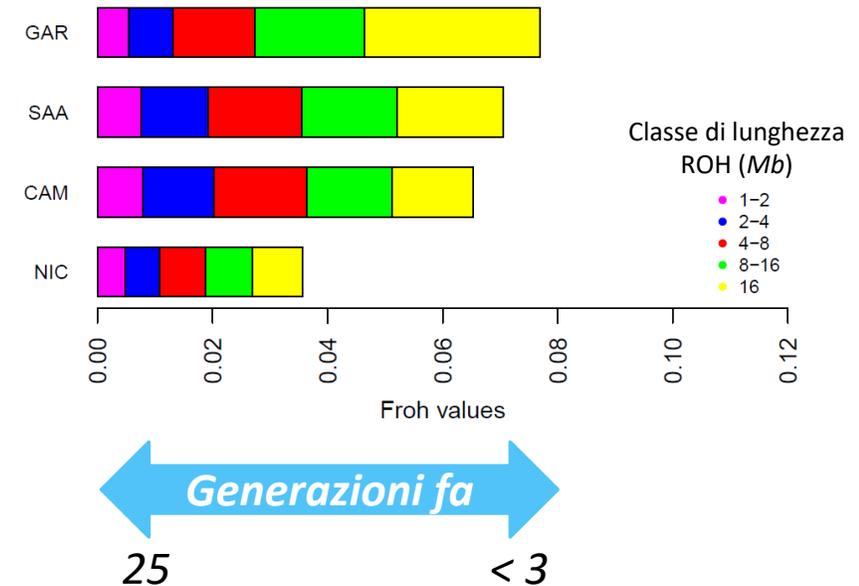
Azione 6 - Monitoraggio della diversità genetica tra ed entro le razze autoctone italiane e relativa valutazione

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 <i>fa</i> |
| $2 \text{ Mb} < ROH \leq 4 \text{ Mb}$ | $\sim 25 - 12$ generazioni <i>fa</i> |
| $4 \text{ Mb} < ROH \leq 8 \text{ Mb}$ | $\sim 12 - 6$ generazioni <i>fa</i> |
| $8 \text{ Mb} < ROH \leq 16 \text{ Mb}$ | $\sim 6 - 3$ generazioni <i>fa</i> |
| $ROH > 16 \text{ Mb}$ | < 3 generazioni <i>fa</i> |

Inbreeding per classe di ROH

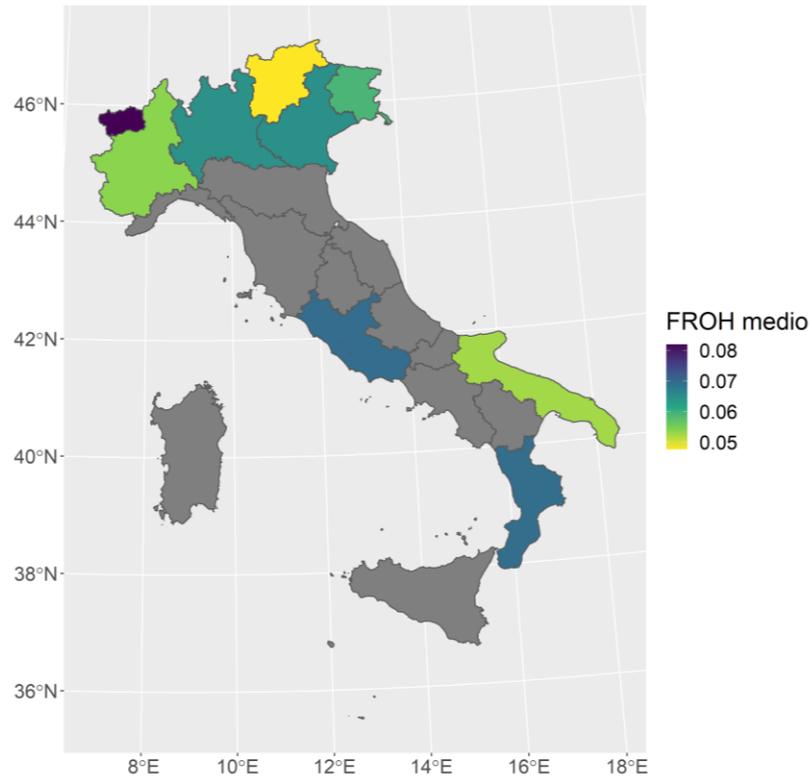


Azione 6 - Monitoraggio della diversità genetica tra ed entro le razze autoctone italiane e relativa valutazione

CHEESR: Alcuni risultati sull'analisi dei dati genomici.

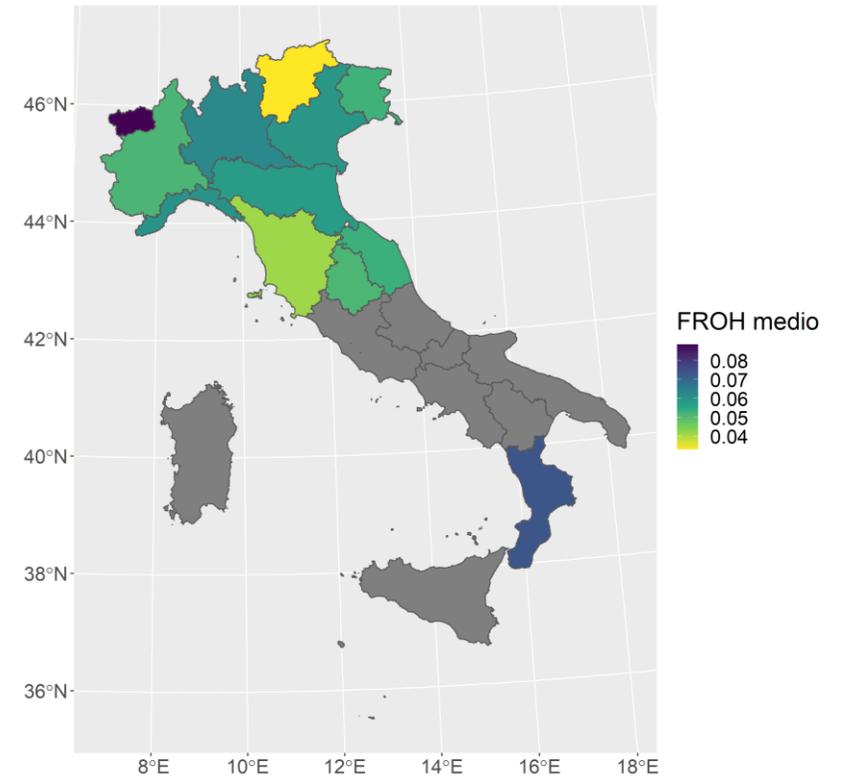
Saanen

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

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 eterozigotità, 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 | | | | |
| Attività 7.1 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 | |
| Attività 7.2 Analisi statistica dei dati | | Ereditabilità carattere resistenza | Indice genetico carattere resistenza | Stima dell'ereditabilità e dell'indice genetico | SI | 2 | |
| | | | | | | 3 | |

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 | | | | |
| Attività 8.1 Costituzione Biobanca | Elenco attrezzature | | | Predisposizione della Biobanca | SI | 1 | |
| Attività 8.2 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 | |
| Attività 8.3 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 | |
| Attività 8.4 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 | |

Vicenza, 11/02/2022

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 | | | | |
| Attività 9.1 Sviluppo indice aggregato benessere | | Ereditabilità Indice Aggregato | | Stima ereditabilità e dell'indice aggregato | SI | 2 | 9.1_A_Risposta_alla_selezione_N.NatiSCS_Comisana_Step2 |
| Attività 9.2 Sviluppo indice aggregato Capacità riproduttiva | | | Ereditabilità Indice Aggregato | Stima ereditabilità e dell'indice aggregato | SI | 3 | 9.2_A_IndiceAggregatoCapacitàRiproduttiva_ComisanaMassese_Step3 |
| | | | | | | 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://thesnppit.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/>).

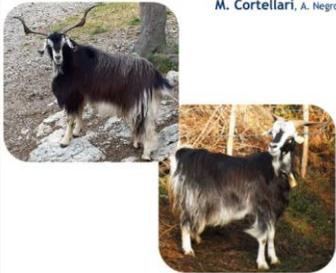
Azione 10 - Azioni di informazione, disseminazione e preparazione di report tecnici tematici e relazioni tecnico-scientifiche, anche attraverso ausili informatici e telematici

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. Macciotta, 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. Macciotta, 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

ASPA, 2021





UNIVERSITÀ
DEGLI STUDI
DI MILANO



assonapa
Libri Genealogici
Registri Anagrafici
Ovini e Caprini roma



Consiglio Nazionale
delle Ricerche



DiSAA
DIPARTIMENTO
DI SCIENZE
AGRICOLE E
AMBIENTALI
ZOOTECNIA

Exploring pedigrees: an overall picture of small Italian ruminant biodiversity

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

¹ Dipartimento di Scienze Agrarie e Ambientali : produzione , territorio, agroenergia, University of Milan, Milan, Italy
² Direzione, Associazione Nazionale della Pastorizia, Rome, Italy
³ Istituto di biologia e biotecnologia agraria (IBBA), Consiglio Nazionale delle Ricerche (CNR), Milan, Italy



UNIVERSITÀ
DEGLI STUDI
DI MILANO



assonapa
Libri Genealogici
Registri Anagrafici
Ovini e Caprini roma



Consiglio Nazionale
delle Ricerche



DiSAA
DIPARTIMENTO
DI SCIENZE
AGRICOLE E
AMBIENTALI
ZOOTECNIA

Genomic tools to support breed assignment in small ruminants

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

¹ Dipartimento di Scienze Agrarie e Ambientali : produzione , territorio, agroenergia, University of Milan, Milan, Italy
² Direzione, Associazione Nazionale della Pastorizia, Rome, Italy
³ Istituto di biologia e biotecnologia agraria (IBBA), Consiglio Nazionale delle Ricerche (CNR), Milan, Italy



UNIVERSITÀ
DEGLI STUDI
DI MILANO



assonapa
Libri Genealogici
Registri Anagrafici
Ovini e Caprini roma



Consiglio Nazionale
delle Ricerche



DiSAA
DIPARTIMENTO
DI SCIENZE
AGRICOLE E
AMBIENTALI
ZOOTECNIA

Application of single-step GBLUP in Italian Comisana sheep

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

¹ Dipartimento di Scienze Agrarie e Ambientali : produzione , territorio, agroenergia, University of Milan, Milan, Italy
² Direzione, Associazione Nazionale della Pastorizia, Rome, Italy
³ Istituto di biologia e biotecnologia agraria (IBBA), Consiglio Nazionale delle Ricerche (CNR), Milan, Italy
⁴ Department of Agricultural Sciences, University of Sassari, Sassari, Italy

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 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

Grazie per l'attenzione!

