

**SCHEMA DI PROGETTO NEL CASO DI PROPONENTE SINGOLO**  
**PSRN-Biodiversità – sottomisura 10.2**  
*(Progetto pluriennale 2016-2019)*

<b>1. Comparto zootecnico</b>	<i>OVICAPRINO</i>
<b>2. Titolo del progetto:</b>  <b>Acronimo:</b>	<b>Conservation, Health and Efficiency Empowerment of Small Ruminant</b>  <b>CHEESR</b>
<b>3. Proponente</b>	Denominazione: <b>Associazione Nazionale della Pastorizia (AssoNaPa)</b> Indirizzo: <b>via G. Tomassetti, 9 – 00161 Roma</b> Tel.: <b>0685451277</b> e-mail: <b>info@assonapa.it</b> PEC: <b>assonapa@legalmail.it</b> Codice fiscale: <b>03396810586</b> Partita IVA <b>01193561006</b> Rappresentante legale: <b>Stefano Sanna</b> Sito WEB: <b>www.assonapa.it</b> Conto corrente dedicato: <b>IT39Q0100503200000000016281</b>
<b>4. Costo totale del progetto (€)</b>	<i>3.999.740,62</i>
<b>5. Durata del progetto</b>	<i>32 mesi</i>

## **6. Descrizione del progetto**

### **6.1 Sintesi del progetto**

Il presente progetto si propone di introdurre nell'ambito della realtà allevatoriale ovi-caprina italiana una serie di azioni legate alla raccolta ed utilizzo di dati fenotipici e molecolari con l'obiettivo di renderne l'allevamento finalmente sostenibile e competitivo. A questo si aggiunge anche la creazione di una biobanca per la salvaguardia delle risorse genetiche presenti sul territorio.

Considerato l'elevato numero di tipi genetici autoctoni presenti sul territorio italiano (35 razze caprine e 48 razze ovine), ne saranno identificati 10 che diventeranno i case-studies del progetto stesso. Su queste razze si attiveranno azioni di caratterizzazione fenotipica e genetica utilizzando arrays molecolari e approcci metodologici di ultima generazione (e.g Single Step Genomic Blup, stima consanguineità basata sulle regioni di omozigosità- ROH) al fine di produrre servizi direttamente utilizzabili dagli allevatori. Si prevede che le azioni svolte e completate su queste 10 razze possano servire da volano per la loro applicazione anche nelle restanti razze presenti sul territorio.

Su tutte le altre razze saranno invece effettuate azioni che presuppongono il solo utilizzo di dati anagrafici classici e di fenotipi attualmente già disponibili.

Particolare riguardo sarà anche dato alla raccolta di fenotipi legati al benessere degli animali, raccolta che avverrà sia in stazioni sperimentali che in aziende iscritte al Libro Genealogico o al Registro Anagrafico.

Tra i caratteri considerati ci saranno parametri legati alla salute della mammella, alla riproduzione, alle infezioni gastrointestinali da nematodi nonché all'effetto dello stress caldo.

Le razze ovi-caprine considerate e sulle quali si svilupperanno le attività più innovative saranno: 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. Parte dell'attività verrà inoltre svolta presso le stazioni di controllo di Asciano (Siena), Monastir (Cagliari) e Bonassai (Sassari), in particolare per quanto riguarda le azioni relative alla raccolta dati legati al benessere ed alla salute degli animali. Per il raggiungimento dei diversi obiettivi, Assonapa si avvarrà di collaborazioni con il Dipartimento di Medicina Veterinaria dell'Università degli Studi di Milano (DIMEVET-UNIMI), dell'Istituto di Biologia e Biotecnologia Agraria (IBBA) del CNR, del Servizio di Ricerca per la Zootecnia della Sardegna (AGRIS), del Dipartimento di Medicina Veterinaria e Produzioni Animali dell'Università degli Studi di Napoli Federico II (DMVPA), del Dipartimento Agricoltura, Ambiente e Alimenti dell'Università degli Studi del Molise (DAAA), del Dipartimento di Scienze Agrarie, Alimentari ed Ambientali dell'Università di Perugia (DSA3) e del Dipartimento di AGRARIA - Sezione Scienze Zootecniche (DAGR) e del Dipartimento di Medicina Veterinaria (DMV) dell'Università degli Studi di Sassari.

Infine, tutta l'attività svolta sarà accompagnata da azioni di divulgazione con l'obiettivo di coinvolgere non solo tutti gli allevatori ma anche e soprattutto l'opinione pubblica.

## **6.2 Inquadramento del progetto negli obiettivi della programmazione del PSRN**

L'obiettivo primario della strategia nazionale della biodiversità è rappresentata dallo sviluppo di nuove azioni per la conservazione della biodiversità animale nelle specie d'interesse zootecnico, attraverso il mantenimento e l'uso sostenibile della variabilità genetica e con l'implementazione di azioni innovative che vadano ad affiancarsi agli strumenti tradizionalmente utilizzati in questo ambito (tenuta dei Libri Genealogici e dei Registri Anagrafici) (sottomisura 10.2). Contestualmente, il presente progetto si pone l'obiettivo del miglioramento delle performance degli allevamenti italiani basato sull'impiego di strumenti innovativi e caratteri che rappresentino le vere priorità della zootecnia futura. In particolare, verranno considerati: il miglioramento delle specie e razze allevate in termini di adattamento agli effetti dei cambiamenti climatici (aumento della resilienza); il miglioramento degli aspetti generali del benessere animale; il miglioramento dell'efficienza produttiva e riproduttiva intesa soprattutto come qualità e sostenibilità delle produzioni; il miglioramento della resistenza naturale degli animali alle patologie e con questo la progressiva riduzione dell'utilizzo di farmaci in allevamento. Il progetto, pertanto, si inquadra perfettamente negli obiettivi della misura 10.2 ed in particolare nella conservazione della biodiversità, resistenza a malattie, benessere e sostenibilità ambientale.

## **6.3 Stato dell'arte generale sull'argomento del progetto**

La salvaguardia della biodiversità è diventata da tempo una priorità della politica agricola europea e riveste un ruolo centrale all'interno del presente piano di sviluppo rurale nazionale. Per quanto riguarda le razze di interesse zootecnico italiane, il concetto di biodiversità è principalmente legato alle razze autoctone a limitata diffusione, quelle cioè che popolano zone rurali svantaggiate, spesso legate a tradizioni storiche allevatorie e a produzioni tipiche locali. La scomparsa di queste razze comporterebbe dunque l'impoverimento del patrimonio naturalistico nazionale, lo spopolamento e il definitivo abbandono dei territori rurali, l'aumento del degrado ambientale dovuto alla mancanza del presidio antropico, la perdita delle produzioni tipiche locali e delle tradizioni culturali legate alle singole razze, in particolare quelle legate alla pastorizia. Più in generale, tutti gli organismi viventi, con le loro specifiche diversità genetiche e

biologiche, mantengono in equilibrio gli ecosistemi del nostro pianeta. L'impoverimento della variabilità genetica, ossia la presenza sul pianeta di un numero limitato di razze con un patrimonio genetico troppo omogeneo, comporta quindi rischi enormi per la nostra sopravvivenza. Ciascuna razza infatti ha peculiarità proprie in termini di resistenza alle malattie e facilità di adattamento alle avversità climatico-ambientali, che la rendono unica e indispensabile per contrastare i mutamenti che interessano il nostro pianeta. A gennaio 2016 la FAO ha pubblicato il secondo *Rapporto sullo Stato delle Risorse Genetiche Animali del mondo per l'Alimentazione e l'Agricoltura*. Secondo tale rapporto oltre il 17% delle specie animali domestiche sono a rischio di estinzione mentre di oltre il 58% non si hanno informazioni a causa della mancanza di dati sulle dimensioni e sulla strutturazione delle popolazioni. In Italia un numero consistente di razze è considerato autoctono avendo origine e peculiarità sviluppate solo nel territorio italiano. In particolare le razze Ovine e Caprine, tranne la razza Saanen, sono tutte considerate tipi genetici autoctoni come riportato nell'allegato 4 del presente bando. Nel rapporto FAO 2016 viene evidenziato che la causa principale dell'erosione genetica sono gli incroci indiscriminati di razze, il crescente utilizzo di razze non autoctone a vantaggio di un ristretto numero di razze cosmopolite più produttive e il declino dei tradizionali sistemi di produzione animale. La FAO individua nella descrizione degli ambienti di allevamento e nel monitoraggio delle tendenze demografiche delle singole razze il primo passo verso la salvaguardia della biodiversità animale, accompagnato dalla costituzione di una banca genetica (raccolta di materiale genetico degli animali in via di estinzione come sperma, cellule e pelle, surgelati e conservati per memorizzare le caratteristiche del Dna) e da azioni di conservazione in situ, nel loro habitat naturale, di animali vivi. Il percorso di recupero comprende dunque la protezione dell'ecosistema e delle tradizioni di allevamento assieme alla valorizzazione economica delle produzioni. Dal punto di vista della gestione delle razze, la conservazione si concretizza con la loro caratterizzazione e il contenimento della consanguineità in quanto il suo aumento determina il fenomeno denominato *Inbreeding Depression*, ossia depressione da consanguineità. Questo fenomeno è connesso a meccanismi genetici di trasmissione di alleli alterati ai discendenti che determina un impoverimento nelle capacità produttive, riproduttive e sanitarie della progenie, mettendo quindi a rischio la sopravvivenza della razza stessa.

Nel corso degli anni si è definito il grado di vulnerabilità delle singole razze che ha portato alla classificazione adottata dalla FAO del loro stato di rischio e alla definizione del grado di minaccia legato al trend demografico, ossia alla possibilità futura di crescita o di riduzione. Circa il 50% delle razze ovine di registro Anagrafico sono classificate a rischio, mentre delle razze caprine circa il 30%. L'ASSONAPA gestisce 10 razze Ovine a 4 razze caprine attraverso il Libro Genealogico che prevede un piano di selezione con obiettivi definiti. Le restanti 38 razze Ovine e 31 razze Caprine sono gestite attraverso il Registro Anagrafico in cui la selezione non è ammessa in quanto porta con sé un aumento fisiologico della consanguineità ed essendo razze a numerosità limitata, favorirebbe una loro più rapida estinzione. Anche la selezione delle razze gestite con il Libro Genealogico deve comunque tener conto del controllo della consanguineità.

In particolare sono diversi gli aspetti che dovranno essere affrontati e tra questi la diversità e la selezione genetica, soprattutto in virtù delle possibilità offerte dalle nuove frontiere della genomica, gli aspetti legati al benessere, inteso come resistenza ai parassiti e allo stress da caldo ma anche la conservazione della biodiversità, con l'applicazione delle metodologie adeguate e disponibili.

### **Diversità genetica**

La diversità genetica di una specie zootecnica dipende dalla variabilità genetica entro e tra razze, linee e popolazioni. Mantenere la massima quantità di variazione nelle risorse genetiche animali è importante per poter applicare in futuro nuove strategie di selezione e per scegliere animali adatti a produrre in condizioni agro-climatiche e di allevamento diverse. Inoltre la diversità genetica delle specie zootecniche è di grande interesse scientifico, per la comprensione delle basi molecolari della variabilità fenotipica (FAO, 2007) e per la ricostruzione della storia evolutiva degli animali domestici (Groeneveld et al., 2010, Ajmone Marsan et al., 2010). Negli ultimi 25 anni molte razze locali si sono estinte e un numero sempre crescente è a rischio di estinzione a causa della diffusione di una zootecnia di tipo industriale basata sull'allevamento di poche razze altamente produttive e dell'abbandono delle aree agricole marginali. Dal punto di vista produttivo, le razze locali non sono competitive nei confronti delle razze industriali, ma hanno caratteristiche di rusticità, di adattamento a clima, malattie e condizioni di allevamento e di qualità dei prodotti che sarebbe utile conservare. La conservazione, tranne che in pochi casi virtuosi, è un costo, e le risorse sono limitate. In queste condizioni l'utilizzo di marcatori molecolari, varianti del DNA che vengono evidenziate in laboratorio con diverse tecnologie rappresentano lo strumento idoneo per questo tipo di attività. I marcatori molecolari

possono essere utilizzati per studiare il genoma a livello di: i) singolo individuo, per verificare paternità, maternità, consanguineità e valore genetico; ii) di famiglia, per stimare le relazioni di parentela genomica tra individui imparentati; iii) di razza, per stimare la struttura genetica, la consanguineità media, la dimensione effettiva della popolazione e per l'assegnazione di animali, o prodotti derivati da singoli animali, alla razza di origine; iv) di specie, per valutare le relazioni e il flusso genico tra razze e per identificare componenti animali in diete complesse (es. farine di carne). L'efficacia e il campo di applicazione di molte di queste metodiche sono aumentati con l'utilizzo dei pannelli di SNP ad alta densità. Combinando pannelli di SNP e algoritmi di analisi specifici è possibile, ad esempio, identificare gruppi di individui imparentati senza disporre di informazioni relative alla razza d'origine, creando così un sistema di tracciabilità alimentare basato sul DNA e complementare alla etichettatura.

## **Selezione Genetica**

### **Ovini**

La scarsa efficacia dei programmi di selezione attualmente in atto e la lentezza nell'aggiornamento degli obiettivi e degli strumenti della selezione anche nella razza Sarda, che pur si avvantaggia di un schema di selezione ben strutturato, mette a rischio la sopravvivenza delle razze ovine da latte italiane, minacciate dalla diffusione di razze straniere (Lacaune e Assaf in particolare) più produttive e considerate più efficienti. La selezione genetica negli ovini basata sull'approccio quantitativo ha raggiunto risultati apprezzabili in termini di progresso genetico per la produzione di latte per capo. Lo schema più efficiente si basa sulla gestione piramidale della popolazione, con all'apice gli allevamenti del nucleo di selezione dove vengono applicati i controlli funzionali e le registrazioni delle genealogie. La dimensione ottimale del nucleo dovrebbe essere fra il 10 e il 20% della popolazione totale. Questo schema è stato applicato in Francia, Spagna e Italia (Carta et al., 2009).

I risultati migliori sono stati ottenuti in Francia dove i capi coinvolti sono circa il 21% della popolazione totale. L'incidenza della fecondazione artificiale (FA) va dal 30% all'85% nelle diverse razze. Nella razza Lacaune è stato raggiunto un progresso genetico annuo di 6 litri di latte grazie a un servizio di assistenza tecnica ben organizzato e un elevato livello gestionale delle aziende (Barillet, 2007).

In Spagna si sono applicate due strategie differenti: nelle aree caratterizzate da produzioni protette con marchi di qualità, si sono migliorate le razze locali; nelle altre ci si è indirizzati verso l'importazione di razze specializzate altamente produttive che attualmente rappresentano il 35% del totale (Ugarte et al., 2001). Il nucleo di selezione è circa il 13% del totale dei capi. L'incidenza della FA varia dal 30% al 50%. Il progresso genetico annuo realizzato varia dai 2 ai 3 litri.

In Italia, la metà degli ovini da latte sono allevati in Sardegna. Solo nella razza Sarda è stato adottato uno schema razionale orientato a incrementare la produzione di latte per capo. I capi coinvolti nello schema di selezione sono circa l'8.8% del totale. Il resto, circa 10.000 aziende, usufruisce del miglioramento genetico attraverso l'acquisto di riproduttori dal nucleo. Lo schema di selezione della razza Sarda presenta attualmente varie difficoltà dovute alla riduzione dei fondi per l'attività di selezione e al decremento dell'incidenza della FA (sotto l'8%). L'attività di selezione ha consentito di ottenere un incremento genetico annuo di 2 litri di latte per capo e per lattazione e di incrementare la frequenza dei genotipi resistenti alla Scrapie. La razza Sarda è diffusa anche nella penisola per la sua capacità produttiva ma recentemente si sta assistendo all'introduzione di capi di razze esotiche altamente produttive quali la Lacaune. Nella situazione attuale non è ancora possibile introdurre nello schema altri obiettivi di selezione legati alla qualità casearia del latte, al suo valore caseario e nutrizionale e alla resistenza alle malattie a causa della insufficiente struttura organizzativa e degli elevati costi di registrazione dei fenotipi nonché della difficoltà di reperire i fondi necessari. Altro aspetto di fondamentale importanza è la resistenza alle malattie e in particolare lo stato di salute della mammella che si riflette sia sulla resa totale in latte sia su altri parametri qualitativi fondamentali, come il numero di cellule somatiche, la quantità di proteine presenti e la loro composizione relativa. In questo senso è importante studiare il determinismo genetico della mastiti cliniche e sub-cliniche nonché di alcuni suoi indicatori quali le cellule somatiche. Alcuni risultati del programma europeo di ricerca 3SR hanno consentito di identificare regioni genomiche implicate nel determinismo genetico del contenuto in cellule somatiche nella razza Sarda. Gli studi terranno conto di quanto già evidenziato. In queste condizioni, ha grande interesse negli ovini da latte il vantaggio potenziale dell'applicazione della selezione assistita da geni sia per accelerare la selezione di caratteri misurati abitualmente, che per avviare la selezione di caratteri troppo costosi da misurare. Negli ultimi anni l'avvento di nuove tecnologie molecolari "high throughput" ha permesso l'analisi approfondita del genoma degli ovini. In particolare sono stati sviluppati degli arrays che permettono di analizzare contemporaneamente migliaia di SNP. Inoltre si sono recentemente

rese disponibili nuove tecnologie per il sequenziamento di interi genomi, che hanno portato nel 2013 al sequenziamento del genoma ovino. AGRIS ha recentemente concluso la partecipazione a un progetto di ricerca europeo (3SR) finanziato dalla UE nell'ambito del 7°PQ che aveva l'obiettivo, attraverso l'applicazione delle più innovative tecnologie di genomica "high-throughput", della genomica comparata e di quella funzionale, combinate con il sequenziamento del genoma, di contribuire alla comprensione delle basi genetiche dei caratteri che stanno alla base di una produzione sostenibile, della sanità degli ovini e dei caprini e dei prodotti da essi derivati nonché fornire strumenti per il loro miglioramento. Obiettivo finale era quello di identificare marcatori strettamente associati a mutazioni causative o le mutazioni stesse da utilizzare in selezione. I caratteri oggetto di studio erano la suscettibilità/resistenza alle mastiti, agli strongili gastro-intestinali e alla paratubercolosi, patologie di grande impatto sulle popolazioni ovine e caprine europee per i costi dei trattamenti farmacologici, la riduzione delle performances e i possibili effetti negativi sulla qualità igienico-sanitaria delle produzioni. Erano comunque inclusi nel progetto anche i caratteri produttivi e i recenti sviluppi della genetica molecolare costituiscono quindi un'importante occasione per ripensare i modelli sino a ora applicati. Ulteriori ritardi nella applicazione di strategie efficaci di miglioramento genetico rischiano di rendere non competitivo l'allevamento della razza Sarda anche in presenza di produzioni di alta qualità le quali avrebbero in queste condizioni costi di produzione non economicamente sostenibili.

In ultima analisi si rende necessario sviluppare programmi per il rilancio del miglioramento genetico della pecora di razza Sarda volti a ridurre il rischio di una sua sostituzione con razze di miglior valore genetico per l'insieme dei caratteri di rilevanza economica.

### **Caprini**

La selezione genomica è oramai diventata la metodologia di routine per il calcolo del valore genetico degli animali da reddito soprattutto nei bovini da latte e in quelli da carne. Questo è stato possibile soprattutto grazie allo scambio di genotipi tra i vari paesi, che ha di fatto permesso la creazione di popolazioni di riferimento composte da migliaia di animali con valutazioni genetiche tradizionali molto accurate. Attraverso questo scambio di informazioni e con l'applicazione di algoritmi di calcolo più o meno complessi è quindi possibile stimare il valore genomico di un soggetto giovane, anche privo di fenotipi.

Nel caso delle capre da latte, il settore del "breeding" non è così evoluto ma in alcuni paesi del mondo è stata sviluppata una valutazione genetica nazionale come in Canada, Francia, Stati Uniti, Norvegia ed Italia (Bélichon et al., 1999; Montaldo and Manfredi, 2002) che fornisce agli allevatori tutta una serie di informazioni da poter utilizzare in ambito selettivo.

La recente introduzione da parte di Illumina di un chip di genotipizzazione (GoatSNP50 BeadChip - Tosser-Klopp et al, 2014 ) contenente 52295 marcatori ha permesso di poter applicare gli strumenti genomici anche nella specie caprina. La Francia è stato il primo paese a utilizzare queste nuove informazioni e nel 2014 è stata introdotta una valutazione genomica per le razze Saanen e Camosciata (Carillier et al., 2013), utilizzando circa 2800 soggetti genotipizzati. In questo caso la metodologia utilizzata è stata quella classica che prevede una prima fase con la creazione e successiva genotipizzazione di un gruppo di animali di riferimento (animali con indici genetici accurati) utilizzati per stimare il valore del singolo marcatore ed una fase successiva in cui le stime vengono utilizzate per calcolare il valore genetico di tutti i soggetti genotipizzati. Questo tipo di approccio (utilizzo dei fenotipi dei soli animali genotipizzati) ha ottenuto risultati molto positivi nelle razze bovine da latte e in alcune razze bovine da carne ma presuppone che il numero di animali che compongono la popolazione di riferimento sia piuttosto grande. Una popolazione troppo piccola porta a delle stime poco accurate, perdendo di fatto il principale vantaggio dell'utilizzo della genomica ai fine della selezione genetica.

Sulla base di queste considerazioni, è stato sviluppato un metodo alternativo che prevede l'uso contemporaneo di tutte le informazioni disponibili: i fenotipi, l'anagrafica tradizionale e la genomica (Legarra et al., 2009; Misztal et al., 2009; Christensen and Lund, 2010). Questo metodo, denominato "single step", può essere applicato a popolazioni di dimensioni variabili ed ha il grande vantaggio non solo di utilizzare le informazioni classiche delle valutazioni genetiche (i.e., fenotipi originali e anagrafiche) ma anche di produrre valutazione "genomiche" (i.e. più accurate) per tutti gli animali inseriti nel calcolo, indipendentemente dalla loro genotipizzazione (Mucha et al., 2015; Mouresan et al., 2016, Lourenco et al., 2015). Ovviamente il numero di individui genotipizzati rispetto al totale dei presenti, come anche la loro distribuzione all'interno della popolazione e il fenotipo oggetto di selezione avranno sempre un impatto sull'accuratezza del risultato finale (Lourenco et al., 2015) ma è indubbio che questo nuovo approccio apre nuove importanti prospettive all'applicazione della genomica a razze di dimensioni ridotte.

## **Benessere**

Le infestazioni da parassiti gastroenterici rappresentano una delle condizioni cliniche più frequenti negli animali da reddito. Nella specie ovina la sintomatologia può variare da subclinica, senza sintomi evidenti, a perdita di peso, fino ad anemia e diarrea con esiti letali. Alcuni effetti indiretti della presenza parassitaria sono costituiti da perdita proteica per la sintesi di proteine nella risposta immunitaria o ridotta ingestione di alimento; si annovera, tra gli effetti delle parassitosi, anche una maggiore suscettibilità ad altri patogeni. Alcuni Autori hanno riportato una perdita di produzione lattea di circa 0.35 Kg/giorno in bovine da latte infestate da nematodi gastrointestinali, mentre per la specie ovina non vi sono stime precise. La resistenza ai trattamenti antielmintici e i cambiamenti climatici probabilmente porteranno ad una modificazione della distribuzione e della prevalenza dei parassiti, con impatti consistenti sulle produzioni animali.

La selezione per la resistenza alle infezioni gastrointestinali da nematodi si basa solitamente sull'utilizzo del contenuto di uova nelle feci (*Faecal Egg Count*, FEC), come indicatore indiretto. Studi preliminari condotti su razze ovine pure e su popolazioni back-cross (Riggio et al., 2014) hanno evidenziato come la genomic selection possa essere una valida opzione se utilizzata entro popolazione.

Un altro aspetto interessante legato al benessere degli animali è quello legato alla risposta dell'organismo allo stress da caldo. Ogni animale ha una zona di comfort termico, nella quale la spesa energetica per la termoregolazione è minima. La presenza di temperature ambientali elevate e in particolare di eventi climatici estremi (ondate di calore), che si presentano sempre con maggiore frequenza, determinano un cambiamento del microclima di stalla, con conseguente condizioni di stress per l'organismo animale. Per contrastare questa situazione l'animale modifica il proprio comportamento, in particolare riducendo l'assunzione di cibo e incrementando quella dell'acqua, aumentando la frequenza respiratoria e la sudorazione e, oltre il limite al quale non riesce a termoregolare, va incontro ad un aumento della temperatura corporea. In queste condizioni le funzioni fisiologiche e metaboliche sono alterate con variazioni significative del metabolismo energetico, lipidico, proteico, minerale e della funzionalità epatica, dello stato ossidativo e del sistema immunitario che possono portare alla comparsa o all'aumento della incidenza di malattie metaboliche e infettive. Inoltre, le capacità produttive (quantitative) e riproduttive vengono alterate ed in casi estremi l'animale arriva alla morte. Per valutare l'effetto del caldo sugli animali di allevamento sono stati messi a punto diversi indici, più o meno complessi, che esprimono contemporaneamente l'influenza dei diversi fattori meteorologici che influenzano l'ambiente atmosferico (temperatura, umidità, movimento dell'aria, irraggiamento solare, ecc.). Tra questi, quello più diffusamente impiegato è il Temperature-Humidity Index (THI), che esprime l'effetto combinato di temperatura e umidità secondo la relazione:  $THI = (1.8 \times AT + 32) - (0.55 - 0.55 \times RH) \times [(1.8 \times AT + 32) - 58]$  (Kelly and Bond, 1971). I cambiamenti climatici e la variabilità meteorologica associati spesso da una crescente diffusione e intensificazione dei fenomeni estremi (alluvioni, siccità, onde di caldo, ecc.), rendono necessaria l'individuazione di strategie di adattamento al caldo, da poter impiegare nei sistemi zootecnici, al fine di mitigare gli effetti negativi sulla produzione e sul benessere degli animali. Per ridurre l'impatto dello stress termico sulle performance degli animali durante la stagione calda è necessario impiegare soluzioni di tipo integrato.

Un considerevole numero di studi ha oramai evidenziato come il problema dello stress termico sia trasversale a tutte le specie e tipologie di allevamento manifestandosi con l'insorgenza di una serie di problematiche di varia natura (patologie respiratorie, zoppie, dismetabolie digestive, minori consumo di alimento) che si ripercuotono sulle produzioni e sul benessere influenzando di fatto la sostenibilità stessa dell'allevamento (Nardone et al., 2006; Nardone et al., 2010; Robinson et al., 1986; Zumbach et al., 2008a; Fragomeni et al., 2015; Zumbach et al., 2008b, Freitas et al., 2006).

In quest'ottica, mettere a punto un sistema di raccolta dati in stazione di controllo attraverso il quale poter valutare la risposta dell'organismo a questo tipo di stress rappresenta un valore aggiunto e uno strumento adeguato ai fini del miglioramento delle gestione degli allevamenti ovini.

## **Conservazione**

La crioconservazione di materiale genetico delle razze locali di interesse zootecnico può avere diversi obiettivi. Nella creazione di una raccolta e nel completamento di raccolte precedentemente avviate è necessario definire gli obiettivi desiderati perché tipo e quantità di materiale da stoccare sono funzione di questi.

Gli obiettivi sono generalmente definiti nei termini del futuro utilizzo del materiale stoccato (Hiemstra, 2003):

- supporto alle popolazioni conservate in vivo, quale backup nel caso avvengano problemi genetici (per esempio, eccessiva consanguineità), o per aumentare la dimensione effettiva di popolazione attraverso schemi di riproduzione specifici;
- ricostituire la razza nel caso di estinzione o di perdita di una sua parte consistente;
- creare nuove linee o razze in caso di estinzione della razza;
- backup per re orientare rapidamente la struttura genetica di popolazione (per esempio, recuperare caratteri deterioratisi nel corso della selezione);
- ricerca.

Le diverse strategie nazionali e le dimensioni del budget contribuiscono alla definizione degli obiettivi.

Il materiale biologico (seme, oociti, embrioni, cellule somatiche) si differenzia per l'informazione genetica che porta e per la sua efficacia nel conseguire i diversi obiettivi sopra riportati (Gandini e Oldenbroek, 2007). Il materiale biologico si differenzia anche nei costi di prelievo e di stoccaggio, costi che cambiano con l'introduzione di nuove tecniche o il loro affinamento e che sono anche funzione della disponibilità di infrastrutture e di know-how nell'area geografica in questione.

Tipo e quantità di materiale biologico da raccogliere sono funzione degli obiettivi di crioconservazione e dello stato dell'arte delle tecniche di crioconservazione nella specie considerata.

Questo aspetto è stato maggiormente analizzato nel caso in cui l'obiettivo è la ricostruzione della razza in estinzione (Boettcher e coll., 2005) e nel caso in cui l'obiettivo è il controllo della deriva genetica (Mewuissen, 2007), mentre non esistono in letteratura analisi approfondite nel caso di altri obiettivi, quali per esempio l'introggressione o la creazione di linee/razze sintetiche.

Altri aspetti da considerare nella creazione e/o gestione di una riserva di materiale genetico includono l'organizzazione del programma nazionale, la gestione dei vincoli sanitari, gli aspetti legali quali proprietà, diritto di accesso e trasferimento tra i Paesi segnatari della Convenzione sulla Diversità Biologica del materiale biologico (Hiemstra, 2003).

### **Bibliografia**

- Ajmone Marsan, P., Garcia, JF., Lenstra, JA., Globaldiv Consortium (2010). On the Origin of Cattle: How Aurochs Became Cattle, Colonized the World. *Evolutionary Anthropology*, 19: 148–157.
- Barillet, F. 2007. Genetic improvement for dairy production in sheep and goats. *Small Rumin. Res.* 70:60–75
- Bélichon, S., E. Manfredi, and A. Piacère. 1999. Genetic parameters of dairy traits in the Alpine and Saanen goat breeds. *Genet. Sel. Evol.* 31:529–534.
- Boettcher, P.J., Stella, A. Pizzi, F., Gandini, G. (2005 )The combined use of embryos and semen for cryogenic conservation of mammalian livestock genetic resources. *Genetics, Selection Evolution* 37 : 657-675.
- Carillier et al., 2013 C. Carillier, H. Larroque, I. Palhière, V. Clément, R. Rupp, C. Robert-Granié. 2013. A first step toward genomic selection in the multi-breed French dairy goat population *J. Dairy Sci.*, 96 (2013), pp. 7294–7305
- Carta A, S Casu, S Salaris. 2009. Invited review: Current state of genetic improvement in dairy sheep. *Journal of dairy science* 92 (12), 5814-5833
- Christensen, O. F., and M. S. Lund. 2010. Genomic prediction when some animals are not genotyped. *Genet. Sel. Evol.* 42:2.
- FAO , (2007). The State of the World's Animal Genetic Resources for Food, Agriculture. FAO , Rome.
- Fragomeni, B. D., S. Tsuruta, D. A. L. Lourenco, K. Gray, Y. Huang, and I. Misztal. 2015. Genomic mitigation of seasonality effect on carcass weight in commercial pigs. *J. Anim. Sci.* 93(Suppl. S3):847. (Abstr.)
- Freitas, M. S., I. Misztal, J. Bohmanova, and J. West. 2006. Utility of on- and off-farm weather records for studies in genetics of heat tolerance. *Livest. Sci.* 105:223–228. doi:10.1016/j.livsci. 2006.06.011
- Gandini G., Oldenbroek, K. (2007) Strategies for moving from conservation to utilisation. In: Oldenbroek, K. (Ed.) *Utilisation and conservation of farm animal genetic resources*. Pp 232. Wageningen Academic Publishers, Wageningen.
- Groeneveld, LF., Lenstra, JA., Eding, H., Toro, MA., Scherf, B., Pilling, D., Negrini, R., Finlay, EK., Jianlin, H., Groeneveld, E., Weigend, S., Globaldiv Consortium G. (2010). Genetic diversity in farm animals - a review. *Anim Genet.* 41 Suppl 1:6-31.

- Hiemstra, S.J. (curatore), (2003). Guidelines for the constitution of national cryopreservation programmes for farm animals. Publication n. 1 of the European Regional Focal point on Animal Genetic Resources.
- Legarra, A., Aguilar, I., Misztal, I., 2009. A relationship matrix including full pedigree and genomic information. *J Dairy Sci* 92, 4656-4663
- Leutenegger A.L., Prum B., Génin E., Verny C., Lemainque A., Clerget-Darpoux F., Thompson E.A.. 2003. Estimation of the inbreeding coefficient through use of genomic data. *Am J Hum Genet.* 2003 Sep;73(3):516-23
- Li, E. 2002. Chromatin modification and epigenetic reprogramming in mammalian development. *Nat Rev Genet*; 2002, 3: 662–73
- Lourenco, D. A. L., S. Tsuruta, B. O. Fragomeni, Y. Masuda, I. Aguilar, A. Legarra, J. K. Bertrand, T. S. Amen, L. Wang, D. W. Moser, and I. Misztal. 2015. Genetic evaluation using singlestep genomic best linear unbiased predictor in American Angus. *J. Anim. Sci.* 93:2653–2662. doi:10.2527/jas.2014-8836
- Meuwissen, (2007) T.H.E. Operation of conservation schemes. In: K. Oldenbroek (Ed.) Utilisation and conservation of farm animal genetic resources. Pp 232. Wageningen Academic Publishers, Wageningen.
- Misztal, I., Legarra, A., Aguilar, I., 2009. Computing procedures for genetic evaluation including phenotypic, full pedigree, and genomic information. *J Dairy Sci* 92, 4648-4655.
- Montaldo, H. H., and E. Manfredi. 2002. Organisation of selection programmes for dairy goats. Pages 1–8 in Proc. 7th World Congr. Genetics Appl. Livest. Prod. Institut National de la Recherche Agronomique (INRA), Montpellier, France.
- Mouresan E.F., Altarriba J., Moreno C., Munilla S., González-Rodríguez A., Varona L. 2017. Performance of genomic selection under a single-step approach in autochthonous Spanish beef cattle populations. *J Anim Breed Genet.* 2017 Feb 6. doi: 10.1111/jbg.12253
- Mucha, S., R. Mrode, M. Coffey, and J. Conington. 2015. Estimation of genomic breeding values for milk yield in UK dairy goats. *J.Dairy Sci.* 98:8201-8
- Nardone, A., B. Ronchi, N. Lacetera, and U. Bernabucci. 2006. Climatic effects on productive traits in livestock. *Vet. Res. Commun.* 30(Suppl. 1):75–81. doi:10.1007/s11259-006-0016-x
- Nardone, A., B. Ronchi, N. Lacetera, M. S. Ranieri, and U. Bernabucci. 2010. Effects of climate changes on animal production and sustainability of livestock systems. *Livest. Sci.* 130:57–69.
- Nicolazzi E.L., S. Biffani, G. Jansen, 2013. Short communication: imputing genotypes using PedImpute fast algorithm combining pedigree and population information. *Journal of dairy science* 96 (4), 2649-2653.
- Riggio V., Abdel-Aziz M., Matika O., Moreno C.R., Carta A., Bishop S.C. (2014). Accuracy of genomic prediction within and across populations for nematode resistance and body weight traits in sheep. *Animal*, 8:520-528208
- Robinson, J. B., D. R. Ames, and G. A. Milliken. 1986. Heat production of cattle acclimated to cold, thermoneutrality and heat when exposed to thermoneutrality and heat stress. *J. Anim. Sci.* 62:1434–1440. doi:10.2527/jas1986.6251434x
- Tosser-Klopp, G., P. Bardou, O. Bouchez, C. Cabau, R. Crooijmans, Y. Dong, and C. Donnadiu-Tonon. 2014. Design and characterization of a 52K SNP chip for goats. *PLoS ONE* 9(1):E86227.. doi:10.1371/journal.pone.0086227
- Ugarte E., Ruiz R., Gabiña D., Beltran de Heredia I., 2001. Impact of high-yielding foreign breeds on the Spanish dairy sheep industry. In: *Livestock Production Science*, 71, p. 3-10
- Van Raden, P. M. (2008). Efficient methods to compute genomic predictions. *J. Dairy Sci.*, 91:4414-4423
- Zumbach, B., I. Misztal, S. Tsuruta, J. P. Sanchez, M. Azain, W.Herring, J. Holl, T. Long, and M. Culbertson. 2008a. Genetic components of heat stress in finishing pigs: Development of a heat load function. *J. Anim. Sci.* 86:2082–2088. doi:10.2527/ jas.2007-0523
- Zumbach, B., I. Misztal, S. Tsuruta, J. P. Sanchez, M. Azain, W.Herring, J. Holl, T. Long, and M. Culbertson. 2008b. Genetic components of heat stress in finishing pigs: Parameter estimation. *J. Anim. Sci.* 86:2076–2081. doi:10.2527/jas.2007-0282



#### **6.4 Obiettivi del progetto, suddivisi per anno. Tali obiettivi dovranno essere significativi e coerenti con quanto previsto dalla sottomisura 10.2.**

Gli obiettivi del progetto divisi per anno sono:

##### **Anno 1**

- Sviluppo attività per caratterizzazione fenotipica e genetica (definizione della scheda da utilizzare per il rilevamento dati in stalla, selezione stalle/animali)
- Sviluppo attività raccolta dati in stazione di controllo (stress termico, nematodi, capacità riproduttiva)
- Sviluppo attività raccolta germoplasma (BioBanca, formazione veterinari)
- Sviluppo area sito web dedicata

##### **Anno 2**

- Caratterizzazione fenotipica e genetica
- Stima parametri genetici per caratteri benessere in popolazione e in stazione di controllo (stress da caldo, capacità riproduttiva, resistenza nematodi)
- Sviluppo modelli valutazione genomica
- Calcolo parentele e consanguineità
- Sviluppo di linee guida per gestione piccole razze
- Raccolta germoplasma
- Validazione e controllo dati raccolti
- Attività divulgativa

##### **Anno 3**

- caratterizzazione fenotipica e genetica
- calcolo indici genetici/genomici per caratteri benessere in popolazione ed in stazione di controllo (stress da caldo, capacità riproduttiva, resistenza nematodi)
- sviluppo programmi accoppiamenti ottimizzati e personalizzati
- calcolo distanze genetiche e struttura di popolazione
- consolidamento raccolta germoplasma
- attività divulgativa

#### **6.5 Descrizione del progetto suddivisa per azioni indicate all'articolo 3 dell'avviso pubblico, avendo cura di illustrare, tra l'altro, gli elementi necessari all'attribuzione dei punteggi di cui all'articolo 9 – Criteri di selezione, dell'avviso pubblico.**

**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 1.1:** Sviluppo scheda caratterizzazione fenotipica e formazione sul relativo utilizzo.

**Attività 1.2:** raccolta dati in stalla/stazione di controllo.

**Azione 2:** *Caratterizzazione genetica delle razze e delle specie autoctone ed allevate in Italia (es. azioni di caratterizzazione genetica per l'individuazione di linee di sangue da conservare e valorizzare, integrate, tra l'altro, dall'utilizzo di marcatori molecolari genetici (MAS), da segmenti di DNA informativi (GAS), dalla genomica(GS) e dall'epigenetica);*

L'attività svolta nella presente azione verrà focalizzata sui 10 tipi genetici autoctoni ovi-caprini (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) e su una razza caprina ad ampia diffusione (Saanen) e si concentrerà sull'introduzione ex novo dello strumento di caratterizzazione genomica con Chip a DNA a media e bassa densità (54K per i caprini e 50K e 18K per gli ovini).

L'attività sarà differenziata a seconda del tipo genetico e della sua consistenza.

**Attività 2.1** Nel caso delle razze Pecora Istriana, Ovino delle Langhe, Pecora Fabrianese, Pecora Gentile di Puglia, capra Garganica e capra Nicastrese saranno genotipizzati 100 individui per razza in più allevamenti (2 razze per anno). Questo campionamento, che potrà integrarsi con archivi genomici già disponibili da progetti preesistenti (ad es. Italian Goat Consortium - <http://www.goatit.eu/>, e Biovita Consortium), permetterà attraverso le opportune analisi bioinformatiche di soddisfare l'obiettivo Caratterizzazione genetica delle razze e delle specie autoctone allevate in Italia. Al fine di ottimizzare il campionamento, la scelta degli animali da genotipizzare sarà fatta previa analisi della struttura di popolazione, utilizzando le informazioni disponibili presso i Libri Genealogici ed i Registri Anagrafici del Proponente.

Queste genotipizzazioni consentiranno quindi di ottenere stime genomiche della consanguineità, della originalità e della variabilità genetica, attraverso studi su ROH e LD, firme della selezione, suddivisione della popolazione in eventuali linee di sangue, valorizzazione di marcatori privati idonei alla definizione anche probabilistica della tracciabilità dei prodotti (vedi azione 6, attività 1).

**Attività 2.2** Nel caso delle altre razze (Pecora Sarda, Pecora Comisana, Pecora Massese, capra Camosciata delle Alpi e capra Saanen) la genotipizzazione avverrà lungo tutta la durata del progetto ed oltre che alla caratterizzazione genetica sarà anche finalizzata allo sviluppo e/o consolidamento di un approccio "genomico" alle valutazioni genetiche (GS) – vedi azione 4 attività 2, 3 e 4. Nel caso della specie caprina saranno genotipizzati 3600 soggetti (2400 Camosciata e 1200 Saanen) mentre nel caso della specie ovina saranno genotipizzati complessivamente 2100 soggetti (1500 sarde, 400 Comisane, 200 Massesi). Di questi 2100 soggetti, 1300 saranno genotipizzati con il chip Illumina Ovine SNP 50 e la restante parte con il chip ridotto Illumina Ovine SNP LD, in modo tale da ottimizzare l'informazione ed il costo. Il genotipo dei soggetti genotipizzati a bassa densità sarà ricostruito utilizzando software specifici di imputazione (Nicolazzi et al, 2013). Anche in questo caso la scelta degli animali da genotipizzare sarà effettuata previa verifica della struttura di popolazione condotta utilizzando le informazioni anagrafiche in possesso del Libro Genealogico ed identificando i soggetti fondatori ed i loro discendenti.

**Attività 2.3** Le informazioni raccolte nell'attività 2.1 e 2.2 saranno anche utilizzate ai fini dello sviluppo di un chip ridotto per diagnosi parentela, identificazione e tracciabilità razziale dei prodotti ed eventualmente per patologie o altri difetti (MAS + GAS).

**Attività 2.4** Epigenetica Seme (5 animali/razza). Col termine "epigenetica" vuole intendersi lo studio delle modificazioni strutturali del genoma che influenzano l'espressione genica senza però alterare la sequenza nucleotidica sottostante (Li, E. 2002). Tra i vari meccanismi epigenetici, uno dei principali, la metilazione del DNA, è stata spesso chiamata in causa in numerose funzioni biologiche tra cui la spermatogenesi, ed è considerata un meccanismo in grado di influenzare la fertilità maschile. Al fine di valutare il rapporto tra livello di metilazione e caratteristiche del seme raccolto (attività 8), saranno sottoposti a metilazione e successivo sequenziamento i campioni di seme provenienti da 5 animali per razza. I risultati ottenuti saranno quindi sottoposti ad una serie di analisi statistiche per verificare eventuali associazioni.

**Azione 3:** *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 e quindi:

**Attività 3.1** Controllo sul dato anagrafico (date di nascita, inseminazione/parto congruenti, sesso, verifica ascendenti)

**Attività 3.2** Verifica del dato quantitativo (media, minimo, massimo, deviazione standard, skewness, kurtosis, leverage).

**Attività 3.3** Verifica dato qualitativo (classi utilizzate, frequenza e distribuzione).

**Attività 3.4** Qualità dato genomico (numero di campioni per singolo nucleotide, numero di cluster per marcatore, percentuale campioni a bassa intensità, separazione e percentuale eterozigoti, verifica cromosomi sex-linked).

Nel caso di ciascuna categoria saranno sviluppate pipeline bioinformatiche ad-hoc con report finali riassuntivi al fine di identificare eventuali *pattern* nei dati raccolti.

**Azione 4:**

*Stima di indici genetici e genomici, di piani di accoppiamento e gestione riproduttiva in relazione alle nuove finalità (benessere animale, emissioni gas ad effetto serra nell'ambiente, miglioramento dell'efficienza riproduttiva e salvaguardia della biodiversità);*

I dati raccolti nelle azioni 1, 2, 5 e 8 saranno propedeutici allo sviluppo di indici genetici e genomici con l'obiettivo di fornire agli allevatori strumenti di selezione per caratteri attualmente non disponibili. Questo soprattutto nell'ottica di fornire strumenti finalizzati al benessere animale e di migliorare la capacità di resistenza/resilienza degli animali e il loro adattamento alle condizioni di allevamento.

Le linee di azione si svilupperanno parallelamente su due direzioni, interessando sia la specie caprina che quella ovina:

- utilizzo di metodologie già validate ed applicate (valutazioni genetiche tradizionali)
- applicazione di metodologie innovative (valutazioni genomiche)

Nel caso della specie ovina, le attività saranno svolte sia nell'ambito della produzione di latte che in quella della carne.

**Attività 4.1 :** stima parametri genetici per caratteri legati al benessere (Cellule Somatiche, BCS, Capacità riproduttiva intesa come intervallo tra i parti, ritorni in calore, età alla prima inseminazione/gruppo di monta). Questa attività sarà svolta utilizzando le informazioni già in possesso del soggetto Proponente ed integrandole con quanto raccolto durante il progetto stesso, in particolar modo nelle stazioni di controllo considerate

**Attività 4.2 :** Sviluppo Valutazione Genomica Razza Camosciata delle Alpi e Razza Saanen utilizzando metodo *Single Step GBLUP*

- genotipizzazione di 3600 soggetti (2400 Camosciata e 1200 Saanen) soggetti nell'arco dei 3 anni del progetto. Gli animali saranno scelti sulla base di un'analisi della struttura della popolazione italiana in modo tale da indentificare quelli maggiormente informativi
- utilizzo di modello *Single Step GBLUP* per la stima di valori genomici per i caratteri legati al benessere (Cellule Somatiche, BCS, Locomozione, Capacità riproduttiva intesa come intervallo tra i parti, ritorni in calore, età alla prima inseminazione/gruppo di monta)

**Attività 4.3 :** Razze Comisana e Massese (stazione di controllo Asciano): nel caso di queste 2 razze si procederà sia a sviluppare valutazioni genetiche di tipo "tradizionale" (i.e. utilizzando fenotipi ed anagrafiche) che valutazioni genomiche (GS) dove si prevede di integrare il dato tradizionale con le informazioni derivanti dall'attività di genotipizzazione. In particolare si prevede di sviluppare le seguenti valutazione genetiche:

- a. Stima indice genetico/genomico locomozione
- b. Stima indice genetico/genomico Cellule Somatiche
- c. Stima indice genetico/genomico Efficienza riproduttiva (numero di parti, numero nati/parto, numero nati morti, ritorni in calore)
- d. Valutazione genetica/genomica per la resistenza alle infezioni gastrointestinali da nematodi (vedi azione 7)
- e. Valutazione genetica per la persistenza della lattazione
- f. Valutazione stress da caldo

**Attività 4.4.:** Razza sarda – nel caso della razza sarda, l'attività di genotipizzazione coinvolgerà 1500 soggetti e andrà a raccordarsi con quanto già avviato nel progetto MIGLIOVIGENSAR, di cui il proponente è unità operativa. Parte delle genotipizzazioni saranno svolte nell'ambito dell'allevamento genomico di Monastir e si concentreranno sulla linea femminile, sulla quale viene svolta una importante attività di fenotipizzazione. Parallelamente, al fine di valutare l'impatto della genomica a livello di allevamento e per avere dati utili ai fini di validazione, saranno anche genotipizzati una serie di giovani arieti presenti nelle aziende che utilizzano la fecondazione artificiale. Il rapporto tra femmine e maschi si prevede di 30-70

**Attività 4.5.:** Razze da carne (Razze Fabrianese, Appenninica e Bergamasca - stazione di controllo Asciano) – Valutazione stress da caldo su accrescimenti. Si prevede l'attivazione di prove di performance al fine di selezionare riproduttori adattati all'ambiente di allevamento ed in particolare tollerante agli stress termici. L'attività prevede:

- 30 capi per razza,
- 1 ciclo per anno della durata di 180 giorni (aprile-settembre).
- Misurazioni (altezza garrese, larghezza groppa, lunghezza tronco, circonferenza toracica).
- Rilevazione difetti morfologici.
- 4 pesate.
- Stima parametri genetici e valutazione genetica BLUP

- Stima effetto stress da caldo

**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.

In relazione al rilevamento dati in stazione di controllo, il progetto prevede presso la stazione di controllo di Asciano le seguenti attività:

**Attività 5.1** Resistenza a parassiti: Conta delle uova nelle feci (azione 7)

**Attività 5.2** Raccolta dati Cellule Somatiche, Sanità della Mammella ed Efficienza Riproduttiva (numero parti, numero nati, numero nati morti, parto/aborti, ritorni in calore)

**Attività 5.3** Raccolta tare genetiche Razza Comisana e Massese (utilizzo scheda sviluppata nell'azione 4.1)

**Attività 5.4** Raccolta dati prove di performance (Razze Fabrianese, Appenninica e Bergamasca)

**Attività 5.5** Raccolta dati climatici attraverso l'installazione di 2 centraline meteo con sonda di misura di temperatura e umidità atmosferica (Tolleranza al calore)

Le informazioni saranno quindi utilizzate per lo sviluppo di valutazioni genetiche finalizzate al benessere come riportato nell'azione 4 e 7.

**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 6.1** Utilizzo su 10 TGA di informazioni derivanti da array molecolari ai fini del monitoraggio della diversità genetica e delle *signatures of selection*, determinanti nella gestione e aggiornamento di programmi di breeding e conservazione. Dai dati si ricaveranno una serie di indicatori di variabilità genetica tra cui:

- Numero di SNPs polimorfici
- Eterozigosità attesa e osservata
- Distanza genetica media
- Calcolo Inbreeding utilizzando 5 metodi diversi:
  - Calcolato come eccesso di omozigosi ( $\frac{1}{m} \sum_{i=1}^m 1 - \frac{c_i(2-c_i)}{2p_i(1-p_i)}$ ) dove  $m$  è il numero di SNPs,  $p_i$  è la frequenza del primo allele e  $c$  il numero di copie
  - Calcolato sulla base della formula di VanRaden (2008)
  - Calcolato sulla base della formula di Leutenegger (2003)
  - Calcolato utilizzando le *runs of homozygosity* – (ROH)
  - Calcolato sulla base delle sole informazioni anagrafiche tradizionali
- Visualizzazioni dei risultati attraverso mappe geografiche consanguineità (sviluppate utilizzando coordinate geografiche allevamento)

**Attività 6.2** Nel caso dei tipi genetici non compresi nel piano di genotipizzazione (75 TGA) saranno sviluppate una serie di azioni basate sulle informazioni anagrafiche tradizionali.

In questo caso verranno calcolati ed utilizzati ai fini della salvaguardia della biodiversità i seguenti parametri:

1. Numero di ascendenti conosciuti per individuo
2. Soggetti fondatori e *gene-origin*
3. Consanguineità individuale
4. Parentela entro azienda, regione, popolazione
5. Dimensione Effettiva della Popolazione ( $N_e$ )
6. Mappe geografiche consanguineità (sviluppate utilizzando coordinate geografiche allevamento)
7. Utilizzo modelli Optimal Contribution (OC)

**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 7.1** Raccolta periodica di un campione rappresentativo delle stazioni di controllo coinvolte (circa 50 animali/stazione) e successiva analisi al fine di valutare il grado di infestazione e decidere eventuale campionamento di tutti gli animali presenti. In caso affermativo gli animali dell'intero gregge verranno prelevati individualmente e si procederà alla conta delle FEC. Si prevedono tra i 2 e 3 campionamenti individuali all'anno.

**Attività 7.2** I dati raccolti sui singoli individui verranno quindi sottoposti ad analisi statistica allo scopo di verificare quali siano i fattori ambientali che influenzano questo carattere al fine di identificare gli animali più resistenti alle parassitosi. Sfruttando inoltre le informazioni genealogiche relative agli animali misurati si procederà alla stima della componente genetica della variabilità del carattere (stima dell'ereditabilità). Sulla base di questi risultati si procederà alla stima di eventuali indici genetici/genomici, sfruttando la genotipizzazione effettuata come da azione 2,8).

**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 8.1** Sviluppo attività presso la “Criobanca del Germoplasma Animale - Giuseppe Rognoni” a Lodi (<http://www.ibba.cnr.it/index.php/attivita-di-ricerca/224>). Individuazione di un secondo sito di stoccaggio per minimizzare i rischi di perdita di materiale (Stazione di controllo di Asciano – AssoNaPa).

**Attività 8.2** Sviluppo protocollo raccolta seme e formazione del personale

**Attività 8.3** Individuazione, sulla base di informazioni storiche (struttura dell'allevamento e scambi di riproduttori tra allevatori), e/o genealogiche e/o molecolari, di un set di riproduttori maschi tra loro poco parenti e con buona morfologia, dai quali prelevare il materiale seminale da conservare e distribuire agli allevatori.

**Attività 8.4** Raccolta e stoccaggio per ciascuna razza di 650-750 dosi da 25 animali donatori secondo il protocollo sviluppato nell'attività 8.2

**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 9.1** Sviluppo indice aggregato benessere. Gli indici per le cellule somatiche, per la sanità della mammella e per la locomozione saranno combinati in un unico indice aggregato benessere.

**Attività 9.2** Sviluppo indice aggregato Capacità Riproduttiva. I singoli indici genetici ottenuti attraverso l'azione 4.1 saranno combinati in un indice aggregato, ponderando ciascun carattere sulla base delle correlazioni genetiche tra i caratteri considerati.

**Attività 9.3** Studi di Associazione. Utilizzando le informazioni sulle tare genetiche e sui genotipi saranno condotti studi di associazione per identificare eventuali regioni causali o comunque regioni dove mappano geni di eventuale interesse.

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

Al fine di divulgare tra gli allevatori e gli operatori del settore le attività svolte nel presente progetto, saranno sviluppate una serie di iniziative che abbiano come obiettivo la diffusione dei risultati. Questo tipo di attività va anche intesa in termini di sviluppo di una piattaforma Open-data, così come descritto nella seguente sezione 6.7, e che permetta l'accesso dei dati/risultati prodotti in modo semplice e dinamico.

Le attività di divulgazione possono essere così riassunte:

**Attività 10.1** Organizzazione di 4 meeting a carattere regionale e nazionale con gli allevatori

**Attività 10.2** Organizzazione di 4 convegni con approfondimenti ed aggiornamenti sullo stato di avanzamento del progetto

**Attività 10.3** Partecipazione a convegni internazionali con presentazione di report scientifici con risultati preliminari

**Attività 10.4** Sviluppo area dedicata al progetto nel sito web

**Attività 10.5** Pubblicazioni di report e documenti tecnico-scientifici per la diffusione e divulgazione dei risultati conseguiti nelle diverse azioni sviluppate nei tre anni di durata del progetto. Si prevedono 2 pubblicazioni/anno

## **6.6 Descrizione delle risorse, delle modalità e degli strumenti da utilizzare per la realizzazione delle attività oggetto di contributo pubblico, con particolare riferimento a:**

Tutte le attività saranno coordinate dall'AssoNaPa, che si avvarrà inoltre di alcune importanti collaborazioni con il Dipartimento di Medicina Veterinaria dell'Università degli Studi di Milano (DIMEVET-UNIMI), dell'Istituto di Biologia e Biotecnologia Agraria (IBBA) del CNR, del Servizio di Ricerca per la Zootecnia della Sardegna (AGRIS), del Dipartimento di Medicina Veterinaria e Produzioni Animali dell'Università degli Studi di Napoli Federico II (DMVPA), del Dipartimento Agricoltura, Ambiente e Alimenti dell'Università degli Studi del Molise (DAAA), del Dipartimento di Scienze Agrarie, Alimentari ed Ambientali dell'Università di Perugia (DSA3), del Dipartimento di AGRARIA - Sezione Scienze Zootecniche (DAGR) e del Dipartimento di Medicina Veterinaria dell'Università degli Studi di Sassari.

La scelta di avvalersi delle suddette strutture attraverso collaborazioni formalizzate da una serie di lettere di intenti allegate al presente progetto, è basata su provate competenze scientifiche nell'ambito dell'allevamento ovi-caprino. Competenze che vanno dalla gestione genetica di popolazioni zootecniche per quanto riguarda la loro conservazione ai fini della salvaguardia della biodiversità e del loro miglioramento genetico, agli aspetti molecolari relativi alla tracciabilità dei prodotti, alla quantificazione della biodiversità e al riconoscimento raziale ed individuale.

In particolare il Servizio di Ricerca per la Zootecnia della Sardegna (AGRIS) collabora sin dagli anni 80 con ASSONAPA nello sviluppo di strumenti per il miglioramento genetico degli ovini. In particolare hanno fornito supporto tecnico-scientifico per: la messa a punto e successiva applicazione delle tecniche di riproduzione artificiale; il disegno dello schema di selezione degli ovini di razza Sarda; la valutazione genetica animal model dei riproduttori per la produzione di latte, il disegno di protocolli semplificati di controllo funzionale per la qualità e la qualità chimica del latte; la messa a punto della scala lineare di valutazione della morfologia mammaria; la definizione dello standard di razza della Pecora Nera di Arbus. I tecnici di AGRIS hanno inoltre contribuito a disegnare il Piano di Selezione per la Resistenza alla Scrapie e realizzato con finanziamento MIPAAF le analisi genetiche necessarie alla sua applicazione nella razza Sarda. I ricercatori di AGRIS inoltre collaborano o sono membri effettivi delle Comitati Tecnici dei Controlli Funzionali e dei Libri Genealogici. In questo contesto, nel 2007 AGRIS Sardegna ha siglato con ASSONAPA un'apposita convenzione per la gestione del Centro Arieti di Razza Sarda di Bonassai e lo sviluppo di ricerche nel campo del miglioramento genetico degli ovini. Sempre in collaborazione con ASSONAPA, AGRIS ha avviato ricerche nel campo della genetica molecolare con la prospettiva di una sua implementazione negli schemi di selezione ovini. In particolare, in qualità di partner di ASSONAPA ha partecipato a numerosi progetti europei (Genesheepsafety e 3SR) e ai programmi ministeriali SELMOL e INNOVAGEN. Per la realizzazione di queste ricerche ha costituito un gregge di circa 1000 capi ovini rappresentativi della razza Sarda in selezione completamente dedicato alla sperimentazione sul miglioramento genetico ovino. Sin dalla sua costituzione nel 1999, gli animali del gregge sono stati misurati per una serie di caratteri di interesse economico e tutti tipizzati con l'Ovine-BeadChip-50K di Illumina. L'equipe di Genetica e Biotecnologie è costituita da 7 ricercatori, genetisti quantitativi e molecolari, con più di 10 anni di esperienza.

Infine, il prof. Pagnacco (DIMEVET-UNIMI), il prof. Pilla (DAAA), il prof. Panella (DSA3) e il prof. Macciotta (DAGR) sono, rispettivamente, presidente e membri della Commissione Tecnica Centrale AssoNaPa.



I curricula di tutti responsabili dei relativi gruppi di ricerca sono allegati al presente progetto.

Le attività che prevedono raccolta dati in stazione sperimentale vedranno il coinvolgimento delle stazioni di controllo di Asciano (Siena), Monastir (Cagliari) e Bonassai (Sassari).

### **Stazione di Controllo di Asciano (SI)**

Il Centro Genetico è collocato all'interno di un'azienda agraria sita in località Le Cortine nel comune di Asciano (SI). L'estensione globale dell'azienda è di circa 280 ha di cui 205 coltivabili comprendenti due aree irrigue completamente meccanizzate di circa 30 ha di estensione totale. Il rimanente della superficie aziendale è costituita da boschi, invasi acquiferi e tare.

L'Azienda Agricola possiede inoltre una serie di fabbricati alcuni dei quali in uso mentre altri, necessitanti di opere di ristrutturazione e non funzionali alle attuali esigenze operative di Assonapa. Il Centro Genetico vero e proprio è ubicato su un appezzamento di circa 7 ha ed ha una superficie coperta di oltre 10.000 mq. La struttura del centro genetico è composta da:

- 4 capannoni per pecore in produzione, di cui 3 da 480 posti mangiatoia e 1 da 440 per un totale di 1880 posti mangiatoia;
- 2 locali per il giovane bestiame da 700 capi totale;
- 2 fabbricati per gli arieti da 240 posti mangiatoia cadauno;
- 7 locali per lo svezzamento degli agnelli da 100 capi cadauno;
- una serie di strutture di servizio tra cui fienili, deposito alimenti, letamai, silos, sala di mungitura, sala latte, uffici etc. Attualmente sono ospitati 1500 animali di cui 1040 di razza comisana (120 maschi e 920 femmine) e 457 di razza massese (70 maschi e 387 femmine), pari al 50% circa del carico massimo calcolato in funzione dei posti mangiatoia disponibili.

Il centro genetico opera attraverso l'attuazione di uno schema nucleo per entrambe le razze ospitate (Massese e Comisana) i cui obiettivi sono l'aumento della produzione del latte, dei titoli grasso e proteina, della fertilità e delle caratteristiche morfo-funzionali relative agli standard di razza. Inoltre entrambi i nuclei sono stati selezionati e vengono mantenuti strettamente scrapie-free.

Nel caso della raccolta dati nella stazione di controllo di Siena ci si avvarrà della Consulenza di una società veterinaria (CONIVE), con la quale esiste una collaborazione oramai decennale nell'assistenza veterinaria relativamente alla gestione farmaci e ricettazione, alla profilassi diretta delle malattie, al controllo igienico-sanitario dell'allevamento e degli impianti, al controllo parassitologico, al benessere animale, alla gestione e controllo della riproduzione, dello svezzamento precoce, dell'allattamento artificiale e dell'alimentazione del bestiame.

### **Centro Arieti di Bonassai (SS)**

La fecondazione artificiale (FA) rappresenta uno degli strumenti portanti dello schema di selezione della razza ovina Sarda senza il quale è tecnicamente impossibile ottenere alcun risultato in termini di miglioramento genetico. La combinazione di FA e monta naturale controllata ha consentito di raggiungere attualmente un progresso genetico annuo che pone lo schema di selezione della razza Sarda fra quelli più efficienti al mondo per gli ovini da latte.

Avendo compreso la funzione della FA, agli inizi degli anni 90 l'IZCS decise di realizzare il Centro Arieti in Sardegna, in interazione con ASSONAPA che è lo strumento del Ministero dell'AGRICOLTURA per l'attuazione delle attività di promozione del miglioramento genetico per gli ovini. In particolare, ASSONAPA riceve nell'ambito dei programmi annuali da essa predisposti, il finanziamento per la realizzazione delle prove di progenie e in particolare della FA. E' evidente che l'inclusione della FA sulla pecora Sarda nei programmi annuali di ASSONAPA è responsabilità di Assonapa e non esiste al momento alcun accordo diretto Regione Sardegna-Ministero che assicuri la continuità di questo finanziamento.

La scelta di collocare il Centro a Bonassai deriva dalla necessità di sfruttare le sinergie evidenti che si creano per la presenza di un gregge sperimentale, di personale addetto agli allevamenti e tecnico scientifico e di altre facilitazioni che rendono economicamente sostenibile l'attività del centro che altrimenti risulterebbe troppo onerosa. E' evidente inoltre la ricaduta positiva per la ricerca e la sperimentazione.

Nella campagna FA 2016 sono state prodotte 3381 dosi di cui:

- 2566 in 89 allevamenti iscritti al LG (91 interventi). Di questi, 72 aderiscono al progetto CCBA;
- 815 nelle aziende sperimentali di AGRIS.

### Stazione di controllo di Monastir (Cagliari)

L'allevamento genomico Monastir (Cagliari) è costituito da circa 900 pecore in mungitura generate da arieti provenienti dal Centro Arieti o comunque da arieti di grande impatto sulla popolazione, con l'obiettivo di rappresentare l'intera variabilità genomica della popolazione in selezione. Le pecore vengono controllate per i caratteri produttivi classici (quantità e qualità casearia del latte), morfologia mammaria e velocità di mungitura oltre che per cellule somatiche e mastiti cliniche e grado di infestione da Strongili gastrointestinali.

La partecipazione delle diverse istituzioni/enti nelle varie azioni è sintetizzata nella seguente tabella:

	Azione 1	Azione 2	Azione 3	Azione 4	Azione 5	Azione 6	Azione 7	Azione 8	Azione 9	Azione 10
<b>ASSONAPA<sup>1</sup></b>	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X
<b>DIMEVET<sup>2</sup></b>	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X
<b>IBBA<sup>3</sup></b>								X		
<b>AGRIS<sup>4</sup></b>	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X
<b>DMVPA<sup>5</sup></b>							X			
<b>DAAA<sup>6</sup></b>			X		X					
<b>DSA3<sup>7</sup></b>			X		X					
<b>DAGR<sup>8</sup></b>	X	X	X	X	X	X		X	X	X
<b>DMV<sup>9</sup></b>							X			
<b>CONIVE<sup>10</sup></b>					X					
<b>CINF<sup>11</sup></b>									X	

<sup>1</sup> Personale ASSONAPA; <sup>2</sup> Dipartimento di Medicina Veterinaria dell'Università degli Studi di Milano; <sup>3</sup> Istituto di Biologia e Biotecnologia Agraria; <sup>4</sup> Servizio di Ricerca per la Zootecnia della Sardegna; <sup>5</sup> Dipartimento di Medicina Veterinaria e Produzioni Animali dell'Università degli Studi di Napoli Federico II; <sup>6</sup> Dipartimento Agricoltura, Ambiente e Alimenti, Università del Molise; <sup>7</sup> Dipartimento di Scienze Agrarie, Alimentari ed Ambientali, Università di Perugia; <sup>8</sup> Dipartimento di AGRARIA - Sezione Scienze Zootecniche - Università di Sassari; <sup>9</sup> Dipartimento di Medicina Veterinaria - Università di Sassari; <sup>10</sup> Consulenza Veterinaria; <sup>11</sup> Consulenza Informatica

Le diverse azioni presuppongono anche l'acquisto di attrezzature di vario genere che saranno poi utilizzate nell'ambito di ogni singola attività.

Le attrezzature acquistate e l'azione corrispondente nella quale saranno utilizzate è riassunta nella seguente tabella:

	AZIONI									
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
<b>Centraline Rilevamento THI</b>										
Centraline H21-USB					X					
Acquisto S-THB_M008					X					
Cable USBmb					X					
<b>Palmari Caratterizzazione Fenotipica</b>										
Palmari Work About P4 Long + GPS	X				X					
Docking Station	X				X					
Batteria aggiuntiva - Super Hi Capacity 4400mAh	X				X					
Contratto di Assistenza tecnica 36 mesi	X				X					
AIR300 Reader	X				X					
AEA580 External Stick Antenna	X				X					
<b>Computer</b>										
Desktop	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X
LapTop	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X
<b>Bilancia Rilevamento Pesì</b>										
Cassa pesatura ovini ScanWeigh XL (F047 2004 30)					X					
Bilancia computer TSì					X					
Lettore stazionario Gallagher BR + antenna					X					
Trasporto (bilancia elettronica pesatura ovini)					X					

**6.7 Descrizione delle modalità utilizzate dal beneficiario per la disseminazione dei risultati e l'accesso agli stessi in modalità *open data*, da parte dei soggetti interessati.**

Fatta salva la riservatezza dei soggetti a cui i dati si riferiscono e che andrà garantita ai sensi del D. Lgs. n. 196/2003, tutte le informazioni raccolte durante il presente progetto (raw data e reportistica) saranno disponibili e scaricabili dal Web, attraverso un server dedicato o in hosting presso un provider Web.

I dati saranno quindi pubblicati sul Web utilizzando un API (Application Public Interface) e saranno strutturati e leggibili dai computer attraverso formati non proprietari (es. CSV - Comma Separated Value - invece di Excel). Saranno anche collegati ad un URI (Uniform Resource Identifier), rispettando le specifiche W3C per identificare le cose di cui si parla, in modo che gli utenti possano puntare (linkare) a ciò che viene pubblicato. Tutto questo permetterà di collegare tra loro dati pubblicati da entità differenti per produrre contenuti più ampi, interessanti e utili.

### **6.8 Descrizione dell'organizzazione del proponente e della struttura adibita alla realizzazione del progetto, di cui al punto 3.7 dell'articolo 5 dell'avviso pubblico.**

L'ASSONAPA è l'associazione nazionale della pastorizia e gestisce le razze Ovine e Caprine degli allevamenti Italiani, ha carattere assistenziale tecnico ed economico e non persegue fini di lucro. Essa si propone l'incremento, il miglioramento, la tutela e la valorizzazione degli allevamenti ovini e caprini e delle produzioni derivate e la conservazione della biodiversità delle razze allevate in Italia attraverso la gestione dei Libri Genealogici e dei Registri Anagrafici. Più particolarmente l'Associazione:

- attua, ai fini del miglioramento morfo-geno-funzionale delle razze ovine e caprine allevate in Italia, sotto la sorveglianza e con le modalità stabilite dal MiPAAF , l'istituzione, il funzionamento e la Gestione dei libri Genealogici, di concerto con la Commissione Tecnica Centrale attuando le direttive impartite dalla stessa;
- collabora con gli organi statali e pubblici competenti e con gli Istituti di ricerca e di sperimentazione nella impostazione ed effettuazione di studi e ricerche volti alla soluzione di problematiche inerenti il settore della pastorizia;
- promuove ed organizza d'intesa con le Associazioni Allevatori iniziative atte a mettere in evidenza i progressi realizzati attraverso la selezione delle razze ovine e caprine oggetto di miglioramento;

Nell'anno 2016, l'ASSONAPA ha gestito i dati anagrafici, morfologici e di parentela di 83 razze per un totale di 592.233 capi. Le consistenze e i conteggi delle attività svolte sono riportate in tabella 1 e 2. Nella stessa tabella viene indicato lo stato di rischio definito dalla FAO e il tipo genetico con cui la razza è classificata nell'allegato 4 del presente bando.

**Tabella 1 Consistenze ASSONAPA al 31.12.2016. Pecore.**

					TIPO Genetico (all.4)	Stato di Rischio FAO	N. val. morfologiche (2014-2015-2016)	N. accert. parentela (2014-2015-2016)	N. animali con deposito DNA (2014-2015-2016)
Consistenze 31.12.2016									
Razza	Maschi	Femmine	Tot Capi	n° Aziende					
	<b>OVINI LIBRI GENEALOGICI</b>								
APPENNINICA	394	8.071	8.465	190	TGA		2.552	134	307
BERGAMASCA	196	7.215	7.411	63	TGA		568	16	62
COMISANA	344	10.247	10.591	187	TGA		629	410	953
DELLE LANGHE	148	2.954	3.102	51	TGA		503	138	222
FABRIANESE	47	1.756	1.803	39	TGA			63	89
MASSESE	372	8.164	8.536	96	TGA		2.065	399	788
MERINIZZATA ITALIANA	608	17.222	17.830	164	TGA		2.567	750	1.071
PINZIRITA	18	6.623	6.641	108	TGA				35
SARDA	13.294	289.973	303.267	1.117	TGA		6.707	8.546	12.843
VALLE DEL BELICE	1.712	91.105	92.817	773	TGA		3.348	864	3.731
<b>Totali</b>	<b>17.133</b>	<b>443.330</b>	<b>460.463</b>	<b>2.788</b>					
<b>OVINI REGISTRI ANAGRAFICI</b>									
ALPAGOTA	34	1427	1461	52	TGA	D			
ALTAMURANA	16	579	595	11	TGA	DM			
BAGNOLESE	175	3313	3488	92	TGA	DM	33		13
BARBARESCA	34	720	754	13	TGA		89		62
BIELLESE	78	829	907	19	TGA				190
BRIANZOLA	65	355	420	26	TGA	X			
BRIGASCA	3	130	133	2	TGA	D			
BROGNE	54	1221	1275	24	TGA				
CORNELLA BIANCA	10	138	148	3	TGA	C			
CORNIGLIO	14	114	128	10	TGA	C			3
FRABOSANA	105	1646	1751	51	TGA	D			
GARFAGNINA BIANCA	41	345	386	23	TGA	DM	5		31
GENTILE DI PUGLIA	137	2499	2636	32	TGA		487		100
ISTRIANA (CAROLINA)	48	323	371	6	TGA	C			
JURASCHAF - GIURASSICA	59	196	255	44	Non in elenco				
LAMON	37	138	175	23	TGA	DM			
LATICAUDA	86	1328	1414	63	TGA		189		147
MOSCIA LECCESE	24	988	1012	21	TGA				
NERA DI ARBUS	218	4513	4731	69	TGA		1.019		18
NOSTRANA	0	1	1	1	TGA				
PECORA DELL'AMIATA	54	973	1027	36	Non in elenco				
PECORA DI CORTENO	18	216	234	12	TGA	DM			
PLEZZANA	2	85	87	4	TGA				
POMARANCINA	67	909	976	33	TGA	D			39
ROSSET	68	264	332	52	TGA	C			
SALTASASSI	2	8	10	1	TGA	D			
SAMBUCANA	82	1338	1420	52	TGA				
SAVOIARDA	19	150	169	8	TGA	C			
SCHNALSERSCHAF	84	244	328	23	TGA				
SCHWARZ BRAUNES BERGSCHAF	104	332	436	65	TGA				
SCHWARZNASENSCHAF	9	22	31	4	TGA				
SOPRAVISSANA	332	5615	5947	54	TGA	D	2.007	19	136
TACOLA	116	4202	4318	51	TGA	D			7
TIROLER BERGSCHAF	355	1116	1471	162	TGA				
TIROLER STEINSCHAF	10	27	37	3	TGA				
VICENTINA O FOZA	15	51	66	9	Non in elenco				
VILLNOESSER SCHAF-FIEMMESE	148	655	803	84	TGA				
ZERASCA	7	9	16	5	TGA				
<b>Totali</b>	<b>2.730</b>	<b>37.019</b>	<b>39.749</b>	<b>1.243</b>			<b>22.768</b>	<b>11.339</b>	<b>20.847</b>

**Tabella 2 Consistenze ASSONAPA al 31.12.2016. Capre.**

		Consistenze 31.12.2016				TIPO Genetico (all.4)	Stato di Rischio FAO	N. val. morfologiche (2014-2015-2016)	N. accert. parentela (2014-2015-2016)	N. animali con deposito DNA (2014-2015-2016)
Razza		Maschi	Femmine	Tot Capi	n° Aziende					
CAPRINI LG	CAMOSCIATA DELLE ALPI	488	12.216	12.704	249	TGA		3.916	76	226
	CAPRA SARDA	819	22.806	23.625	166	TGA	D	8.567		
	MALTESE	67	1.625	1.692	36	TGA		31	1	3
	SAANEN	658	15.843	16.501	231	Ampia Diff.				
	<b>Totali</b>	<b>2.032</b>	<b>52.490</b>	<b>54.522</b>	<b>682</b>					
CAPRINI REGISTRI ANAGRAFICI	ALPINA	12	273	285	57	TGA		151		
	ARGENTATA DELL'ETNA	17	791	808	34	TGA	D	12		
	BIANCA MONTICELLANA	28	939	967	18	TGA		14		
	BIONDA ADAMELLO	117	1.846	1.963	114	TGA	D	108		
	CAMPOBASSO GRIGIA MOLISANA	1	10	11	2	TGA	D			
	CAPESTRINA	15	296	311	22	TGA		8		
	CAPRA DELL'ASPROMONTE	429	7.565	7.994	116	Non in elenco				
	CAPRA PEZZATA MOCHENA	21	183	204	35	TGA				
	CILENTANA FULVA	9	100	109	10	TGA	D			
	CILENTANA GRIGIA	3	17	20	9	TGA	D			
	CILENTANA NERA	41	517	558	34	TGA	D			
	CIOCIARA GRIGIA	5	114	119	13	TGA		5		
	DI MONTECRISTO	7	17	24	1	TGA	n.p.d.			
	DI POTENZA	40	666	706	19	TGA	D			
	FRISA VALTELLINESE	60	725	785	51	TGA				
	GARFAGNANA	13	161	174	7	TGA				
	GARGANICA	62	2.614	2.676	63	TGA				
	GIRGENTANA	62	784	846	19	TGA	D	49		
	GRIGIA VALLE LANZO FIURINÁ	24	215	239	20	TGA				
	JONICA	11	330	341	9	TGA				
	LARIANA O DI LIVO	36	579	615	50	TGA	X			
	MESSINESE	16	2.278	2.294	41	TGA				
	NICASTRESE	161	3.416	3.577	47	TGA		1.260		
	OROBICA	116	1.178	1.294	93	TGA				
	ROCCAVERANO	37	571	608	28	TGA	D	1		
	ROSSA MEDITERRANEA	17	384	401	13	TGA				
	RUSTICA DI CALABRIA	301	3.936	4.237	97	TGA		916		
	SARDA PRIMITIVA	210	3.719	3.929	57	TGA		1.318		
	VALDOSTANA	74	701	775	130	TGA		544		
	VALLESANA	15	152	167	14	TGA		1		
	VERZASCHESE	38	424	462	22	TGA				
	<b>Totali</b>	<b>1.998</b>	<b>35.501</b>	<b>37.499</b>	<b>1.245</b>					
								<b>21.392</b>	<b>113</b>	<b>429</b>

**Stato di Rischio**

C=critical

D=endangered

M=maintained

X=extincted

Come si può vedere dai dati, il lavoro di accertamento di parentela si è concentrato maggiormente sulle razze di Libro genealogico ovine, in particolare nella razza Sarda. Rispetto alla consistenza ISTAT 2015, l'ASSONAPA controlla oltre il 7,0% dei capi ovini e il 9,6% di quelli caprini.

L'ASSONAPA ha alle sue dipendenze, includendo la direzione, 8 figure professionali assunte a tempo indeterminato (una attualmente in congedo parentale) e 8 operai stagionali assunte a tempo determinato. Il curriculum e l'esperienza lavorativa di ciascuna figura sono allegate al presente documento.

Responsabile Scientifico *Senior* del Progetto è il Dr. Pancrazio Fresi, laureato in Scienze Agrarie, assunto in Assonapa dal 1992 e responsabile delle valutazioni genetiche per la specie caprina ed ovina.

Esperto *junior* è il Dr. Silverio Grande, attuale direttore dell'Associazione Nazionale della Pastorizia. Il Dr. Grande, laureato in Produzioni Animali, lavora nell'ambito delle Associazioni Allevatori dal 2008 ed ha una comprovata esperienza professionale sia nei bovini che negli ovini da latte.

Tecnico qualificato *junior* è il Dr. Giovanni Festante, laureato in Scienze Agrarie e dal 1990 responsabile del libro genealogico e dei registri anagrafici per la specie caprina ed ovina.

Responsabile amministrativo *senior* del Progetto è il Dr. Riccardo Salvatori, laureato in Economia e Commercio e assunto da Assonapa dal 10 maggio 2017 con la qualifica di Capo Servizio Centrale e con funzioni di responsabile amministrativo (inquadramento Area 1 Livello 2). Tale figura avendo lavorato nell'ambito delle Associazioni Nazionali Allevatori dal marzo 2008 ha acquisito, tra l'altro, esperienza nella gestione amministrativa di progetti finanziati con fondi pubblici nazionale nel comparto zootecnico, con particolare attenzione al monitoraggio e alla rendicontazione degli stessi e pertanto in grado di assicurare lo svolgimento degli adempimenti amministrativi dell'Associazione.

## 6.9 Articolazione temporale delle azioni (cronoprogramma) e risultati attesi (verificabili). Descrizione del materiale informativo.

Le diverse attività, suddivise nelle relative azioni, saranno distribuite nei 3 anni del progetto secondo il seguente cronoprogramma.

Ad ogni attività corrisponde anche un risultato atteso espresso sotto forma di Indicatori Oggettivamente Verificabili (e.g. ereditabilità del carattere, numero di dati raccolti)

<i>Azione 1. Caratterizzazione fenotipica delle razze e delle specie autoctone;</i>						
Attività	Cronoprogramma			Risultati Attesi (IOV)		
	Anno 1	Anno 2	Anno 3	2017	2018	2019
<b>Attività 1.1</b> Sviluppo scheda caratterizzazione fenotipica				Scheda Caratterizzazione Fenotipica		
<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
<i>Azione 2. Caratterizzazione genetica delle razze e delle specie autoctone ed allevate in Italia ;</i>						
Attività	Cronoprogramma			Risultati Attesi (IOV)		
	Anno 1	Anno 2	Anno 3	2017	2018	2019
<b>Attività 2.1-</b> razze Pecora Istriana, Ovino delle Langhe, Pecora Fabrianese, Pecora Gentile di Puglia, capra Garganica e capra Nicastrese				Genotipizzazione >=100 animali per razza; 2 razze	Genotipizzazione >=100 animali per razza; 2 razze	Genotipizzazione >=100 animali per razza; 2 razze
<b>Attività 2.2</b> Pecora Sarda, capra camosciata delle Alpi, Capra Saanen, Pecora Comisana e Pecora Massese				Genotipizzazione >=500 animali	Genotipizzazione >=1500 animali	Genotipizzazione >=1000 animali

<b>Attività 2.3</b> Sviluppo chip ridotto per parentela, tracciabilità razziale, patologie					Chip preliminare- SNP utilizzati	Chip definitivo- SNP utilizzati
<b>Attività 2.4</b> Epigenetica Seme				>=3 soggetti/razza (<=2 razze)	>=3 soggetti/razza (<=2 razze)	>=3 soggetti/razza (<=2 razze)
<i>Azione 3. Verifica di congruenza dei dati e delle informazioni</i>						
	<b>Cronoprogramma</b>			<b>Risultati Attesi (IOV)</b>		
Attività	<b>Anno 1</b>	<b>Anno 2</b>	<b>Anno 3</b>	<b>2017</b>	<b>2018</b>	<b>2019</b>
<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%)
<b>Attività 3.2</b> Verifica del dato quantitativo				Statistiche sui caratteri analizzati	Statistiche sui caratteri analizzati	Statistiche sui caratteri analizzati
<b>Attività 3.3</b> Verifica dato qualitativo				Frequenze	Frequenze	Frequenze
<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%)
<i>Azione 4 Stima di indici genetici e genomici, di piani di accoppiamento e gestione riproduttiva in relazione alle nuove finalità</i>						
	<b>Cronoprogramma</b>			<b>Risultati Attesi (IOV)</b>		
	<b>Anno 1</b>	<b>Anno 2</b>	<b>Anno 3</b>	<b>2017</b>	<b>2018</b>	<b>2019</b>
<b>Attività 4.1</b> : stima parametri genetici caratteri benessere				Ereditabilità e parametri genetici per Cellule Somatiche, intervallo tra i parti, età prima inseminazione	Ereditabilità e parametri genetici per BCS, Locomozione	
<b>Attività 4.2</b> : Sviluppo Valutazione Genomica Razza Camosciata delle Alpi e Saanen (metodo Single Step GBLUP)				>= 500 soggetti genotipizzati	>= 1000 soggetti genotipizzati	>= 1000 soggetti genotipizzati;
<b>Attività 4.3</b> : Razze Comisana e Massese (stazione di controllo Asciano)					Trend genetico Cellule Somatiche, intervallo tra i parti, età prima inseminazione; stima effetto stress da caldo	Trend genetico BCS, Locomozione, nati morti; ereditabilità persistenza
<b>Attività 4.4.</b> : Razza sarda				>= 200 soggetti genotipizzati	>= 700 soggetti genotipizzati	>= 500 soggetti genotipizzati;
<b>Attività 4.5:</b> Razze da carne (stazione di controllo Asciano)					Valutazione Stress da caldo (variazione osservata per punto di THI); Ereditabilità	Valutazione Stress da caldo (variazione osservata per punto di THI)
<i>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</i>						

<i>controllo in ambiente controllato;</i>						
	Cronoprogramma			Risultati Attesi (IOV)		
	Anno 1	Anno 2	Anno 3	2017	2018	2019
<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
<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
<b>Attività 5.3</b> Raccolta tare genetiche Razza Comisana e Massese				Incidenza tare/difetti	Incidenza tare/difetti	Incidenza tare/difetti
<b>Attività 5.4</b> Raccolta dati prove di performance (Razze Fabrianese, Appenninica e Bergamasca)					Incrementi Giornalieri	Incrementi Giornalieri
<b>Attività 5.5</b> raccolta dati climatici (Tolleranza al calore)					Andamento THI (media, massimo, minino)	Andamento THI (media, massimo, minino)
<i>Azione 6 Monitoraggio della diversità genetica nelle razze autoctone italiane e relativa valutazione</i>						
	Cronoprogramma			Risultati Attesi (IOV)		
	Anno 1	Anno 2	Anno 3	2017	2018	2019
<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
<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, $N_e$ e consanguineità media per >=50 razze	Numero di ascendenti conosciuti per individuo, $N_e$ e consanguineità media per >=50 razze	Numero di ascendenti conosciuti per individuo, $N_e$ e consanguineità media per >=50 razze
<i>Azione 7 Valutazione ed individuazione di caratteri di resistenza genetica alle principali malattie di interesse zootecnico</i>						
	Cronoprogramma			Risultati Attesi (IOV)		
	Anno 1	Anno 2	Anno 3	2017	2018	2019
<b>Attività 7.1</b> Verifica livello di infestazione Nematodi e raccolta individuale				Incidenza infestazione	Incidenza infestazione	Incidenza infestazione
<b>Attività 7.1</b> Analisi					Ereditabilità carattere	Indice genetico



statistica dei dati				resistenza	carattere resistenza	
<i>Azione 8 Raccolta di materiale biologico e germoplasma</i>						
	<b>Cronoprogramma</b>			<b>Risultati Attesi (IOV)</b>		
	<b>Anno 1</b>	<b>Anno 2</b>	<b>Anno 3</b>	<b>2017</b>	<b>2018</b>	<b>2019</b>
<b>Attività 8.1 :</b> Costituzione Biobanca				Elenco attrezzature		
<b>Attività 8.2:</b> Sviluppo protocollo raccolta seme e formazione del Personale				Protocollo Raccolta seme	Protocollo Raccolta seme	
<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)
<b>Attività 8.4</b> Raccolta e stoccaggio dosi				>=100 dosi	>=200 dosi	>=200 dosi
<i>Azione 9 Elaborazione delle informazioni raccolte</i>						
	<b>Cronoprogramma</b>			<b>Risultati Attesi (IOV)</b>		
	<b>Anno 1</b>	<b>Anno 2</b>	<b>Anno 3</b>	<b>2017</b>	<b>2018</b>	<b>2019</b>
<b>Attività 9.1</b> Sviluppo indice aggregato benessere					Ereditabilità Indice Aggregato	
<b>Attività 9.2</b> Sviluppo indice aggregato Capacità riproduttiva						Ereditabilità Indice Aggregato
<b>Attività 9.3</b> Studi di associazione						Numero SNPs significativi
<i>Azione 10 Azioni di accompagnamento: azioni di informazione, disseminazione e preparazione di report tecnici tematici e relazioni tecnico-scientifiche, anche attraverso ausili informatici e telematici</i>						
	<b>Cronoprogramma</b>			<b>Risultati Attesi (IOV)</b>		
Attività 1	<b>Anno 1</b>	<b>Anno 2</b>	<b>Anno 3</b>	<b>2017</b>	<b>2018</b>	<b>2019</b>
Organizzazione di meeting provinciali, regionali e nazionali con gli allevatori				Organizzazione >=1 meeting	Organizzazione >=1 meeting	Organizzazione >=1 meeting
Partecipazione a convegni internazionali					Abstract	Abstract
Sviluppo sito web con area dedicata				Numero di accessi	Numero di accessi	Numero di accessi

**6.10 Qualunque altro elemento, non precedentemente indicato, utile a descrivere il progetto quale, ad esempio, descrizione delle modalità di monitoraggio interno del progetto e verifica dei risultati, ostacoli prevedibili ed azioni correttive, ricadute e benefici, etc.**

Tutta l'attività del progetto sarà monitorata attraverso report trimestrali azione-specifici che in forma estremamente sintetica descriveranno i risultati conseguiti e serviranno anche per identificare eventuali criticità. In quest'ottica, i principali ostacoli che si prevede di incontrare sono legati all'identificazione delle stalle e degli animali da campionare. Tutte le stalle e gli individui da campionare saranno identificati previa accurata analisi basata sulle informazioni disponibili al momento. Ciò non toglie che possano però insorgere difficoltà oggettive che ne impediscano il campionamento (e.g., chiusura stalla, morte/vendita animale). In questi casi, fatte salve le necessità del progetto, si provvederà ad un nuovo campionamento.

Un'altra considerazione deve essere fatta in relazione alle razze scelte come *case studies*. Se da un lato c'è la consapevolezza della necessità di sviluppare nuove azioni per la conservazione della biodiversità animale ed il miglioramento delle produzioni, passando soprattutto attraverso nuovi strumenti (e.g. genomica), dall'altro l'elevato numero di razze ovi-caprine presenti sul territorio italiano pone delle limitazioni all'applicazione di tali attività su tutto il territorio nel breve periodo. Ecco quindi che al fine di ottimizzare le risorse disponibili e di utilizzarle allo scopo di mettere a punto sistemi che possano poi essere applicati con successo immediato su tutte le razze, si è deciso di lavorare su un numero ridotto di razze (circa il 10% del totale). Queste razze dovevano rappresentare in modo equilibrato le diverse realtà (Nord, Centro, Sud e Isole), le diverse specie (Ovini e Caprini), le diverse dimensioni in termini di popolazione (e.g. Razza Sarda, Capra Nicastrése), il tipo di allevamento (prevalentemente intensivo, brado). Sulla base di queste considerazioni sono state scelte le 10 razze coinvolte nel presente progetto. Nel caso in cui l'utilizzo di una di queste razze risulti di difficile attuazione o ponga vincoli tecnici e/o economici non considerati nel presente progetto, si provvederà a sostituirla con un'altra, salvaguardando le dimensioni e le tipicità.

Nel contesto zootecnico sopra descritto, si possono anche definire punti di forza e di debolezza del sistema ed elencare minacce e opportunità che possono essere mitigate e colte con le attività che si vogliono sviluppare

#### ***I punti di forza (interni al sistema).***

- Presenza dell'Associazione sul territorio in maniera capillare attraverso gli uffici periferici di L.G. e R.A. (ARA-AIPA e APA)
- Presenza sul territorio di un consistente corpo di esperti di razza in grado di valutare i capi e supportare gli allevatori
- Utilizzo di una consistente banca dati con informazioni genealogiche per l'implementazione di un sistema di monitoraggio del rischio di erosione genetica delle razze
- Informazioni genealogiche per la corretta gestione della riproduzione in allevamento per il controllo della consanguineità a salvaguardia della diversità genetica
- Consolidata esperienza nella selezione di riproduttori resistenti alla scrapie
- Gestione di Centri Genetici
- Programmi di selezione per le razze di Libro Genealogico, con produzione di riproduttori di elevato valore genetico
- Consolidato sistema per la verifica delle parentele
- Incontri periodici con gli allevatori
- Collaborazioni in essere con agenzie regionali o altri centri di ricerca o universitari interessati all'attuazione di programmi zootecnici in campo ovi-caprino

#### ***I punti di debolezza (interni al sistema).***

- Poca penetrazione nella realtà zootecnica ovina e caprina dell'associazione
- Scarsa propensione degli allevatori verso l'associazionismo e il cooperativismo
- Scarso utilizzo della fecondazione strumentale, in particolare negli ovini
- Complessità nella gestione del sistema di miglioramento genetico
- Mancanza di implementazioni di strumenti per la diffusione di tecnologia e informatizzazione delle aziende ovi-caprine

#### ***Opportunità (esterne al sistema).***

- Presenza di importanti e numerose filiere di produzione di derivati dell'allevamento ovi-caprino molti dei quali garantiti da DOP, IGP, STG
- Sviluppo di nuove filiere derivanti dall'allevamento ovi-caprino, legate sempre più a razze e territori
- Possibilità di collaborazione con le filiere legate alla certificazione della razza
- Numero elevato di razze (tipi genetici) con ampia variabilità genetica

- Rilevanza socio-economica degli allevamenti in aree marginali svantaggiate
- Elevata biodiversità in numero di razze e popolazioni presenti
- Disponibilità di genotipi autoctoni adattabili ad ambienti svantaggiati, idonei a nuovi obiettivi di selezione, resistenti a nuove patologie
- Disponibilità di prodotti diversificati idonei a conquistare nuovi spazi di mercato
- Ritrovato interesse dei mercati internazionali per i prodotti dell'allevamento ovi-caprino nazionale.
- Rinnovata attenzione dei consumatori italiani ai prodotti alimentari nazionali.

***Minacce (esterne al sistema).***

- Sostituzione delle razze nazionali con razze estere
- Inadeguato sostegno al comparto, all'attività di selezione e di tutela delle biodiversità
- Frodi sui mercati internazionali dove è più debole la difesa delle DOP
- Importazioni di animali vivi destinati alla macellazione e poi immessi illegalmente nel circuito dei riproduttori
- Mancanza di un sistema centralizzato di *biorepository* di materiale genetico delle razze a rischio di estinzione
- Rischio estinzione di alcune razze/popolazioni italiane di interesse locale
- Ridotta disponibilità di materia prima da impiegare nella produzione di prodotti tipici
- Scarso impiego di tecnologia e informatica per la gestione degli allevamenti
- Perdita di competitività delle aziende zootecniche in aree svantaggiate

Il Presidente

Stefano SANNA

