



## Relazione sullo stato avanzamento lavori e raggiungimento obiettivi terzo anno (step 3)

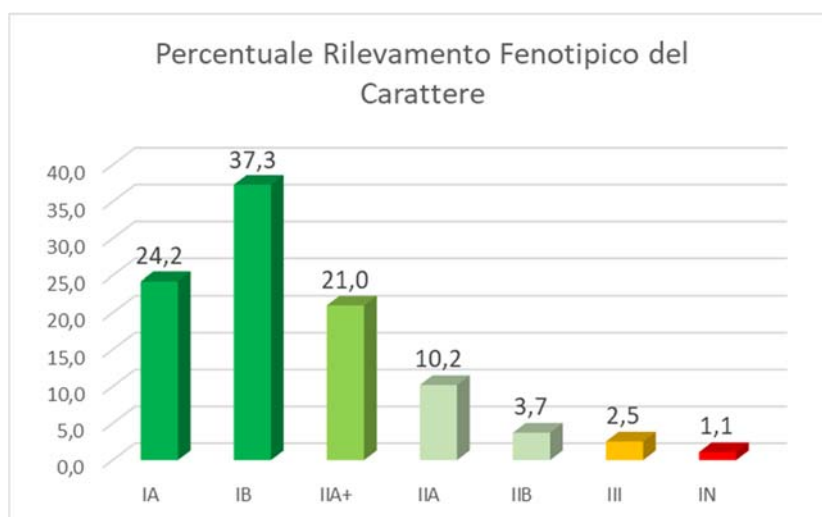
Redatta da ANACRHA.I con il supporto scientifico del Dipartimento Medicina Veterinaria - Università di Perugia e della Dott.ssa Antonia Bianca Samorè

### Relazione tecnica-operativa per la parte di progetto relativa al Cavallo di Razza Haflinger

La relazione sullo stato di avanzamento del progetto e raggiungimento obiettivi terza annualità (step 3), evidenzia i lavori svolti e gli obiettivi raggiunti rispetto a quanto indicato nel progetto. Tutti gli obiettivi previsti per il terzo step sono stati raggiunti e rendicontati nell'allegato 5 del riepilogo sulle attività. La seguente relazione integra l'allegato 5 e riporta le azioni i cui risultati necessitano di descrizione/statistica/evidenza.

#### CARATTERIZZAZIONE FENOTIPICA DEL CARATTERE

L'attività di rilevamento dei dati è stata preceduta dalla definizione dei caratteri da rilevare e dallo studio e prova sul campo delle schede di rilevamento dati. I rilevamenti sono stati eseguiti sull'intero territorio nazionale al fine di fornire una rappresentatività dei dati consona ai numeri della popolazione presente nelle diverse aree geografiche. Le caratterizzazioni fenotipiche rilevate riguardano il rilevamento del carattere – temperamento; le voci analizzate sono: nervosismo, amichevolezza con le persone, cooperazione, scattosità ed eccitabilità. Per quanto riguarda invece la valutazione finale assegnata ai soggetti Haflinger viene valutata e fatta una media sulle seguenti voci: 1) Soggetto piazzato alla mano, 2) dare i piedi, 3) Test di avvicinamento al sellaggio, 4) Test su ostacoli eseguiti alla mano, 5) Sorprese acustiche e visive. Nel grafico sotto, è possibile vedere la percentuale della valutazione finale dei soggetti che hanno ricevuto la valutazione fenotipica per il carattere/indole.

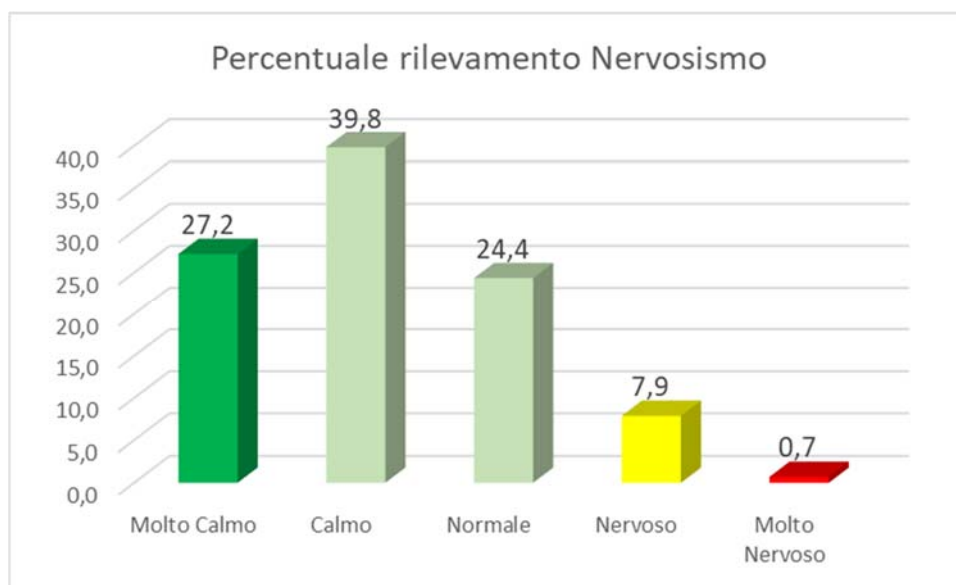


Il numero totale dei cavalli oggetto delle nuove caratterizzazioni fenotipiche è stato di 834. Nella terza annualità ne sono stati eseguiti 220 (40 il n° previsto negli obiettivi), molto superiore all'obiettivo previsto, grazie al fatto che abbiamo progettato una scheda di rilevamento dati che comprende il Body Condition Score , il Rilevamento Morfologico, il questionario sanitario e il rilevamento fenotipico del carattere. Così facendo in una sola scheda reperiamo tutti i dati richiesti nel PSRN Equinbio.2 2020-2023.

Di seguito si riportano in dettaglio alcuni rilevamenti effettuati sulle nuove Caratterizzazioni Fenotipiche più importanti; come già indicato nella fase progettuale gli stessi, verranno implementati nelle annualità successive e al termine del progetto si procederà, dove possibile, all'utilizzo degli stessi per la produzione di nuovi indici genetici.

### **Carattere Nervosismo –**

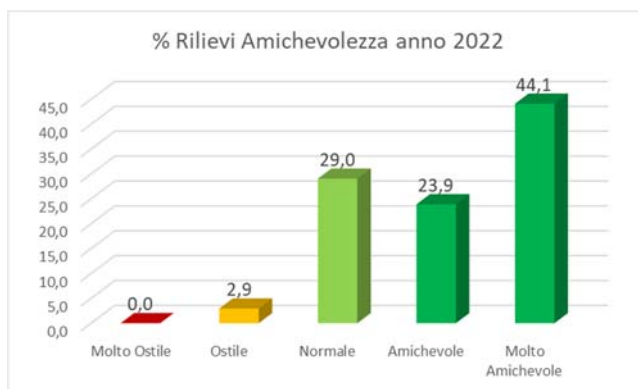
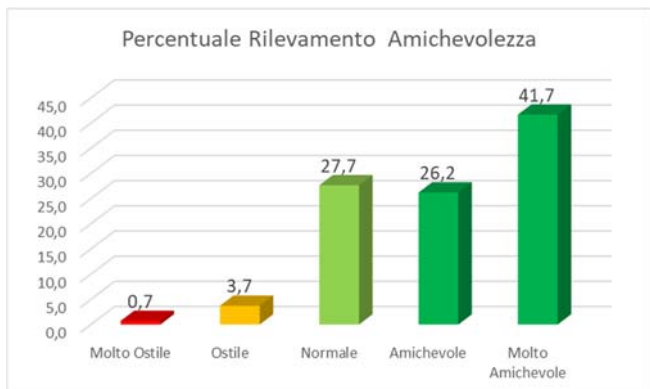
Il Nervosismo rappresenta una caratterizzazione importante per una razza molto utilizzata per la sella e sempre più diffusa nello sport. I valori rilevati, consultabili nel grafico sotto, hanno evidenziato che il 67 % dei soggetti ha un carattere Calmo o Molto Calmo, il 24,4% ha un buon carattere nella norma e solo l'8,6% ha un carattere nervoso. Questi dati relativi al carattere, rilevato dagli Esperti di Razza, evidenzia una prevalenza di soggetti di oltre il 90 % con un temperamento tra calmo e molto calmo. Questo elemento è molto ricercato dal mercato in quanto evidenzia soggetti sicuri e mansueti idonei per il lavoro a sella e attacchi. La maggioranza dei soggetti che andiamo ad analizzare sono cavalli sdomi poichè tendenzialmente giovani (3 anni) ma sicuramente abituati al contatto umano. Sarebbe interessante analizzare anche con lo stesso metodo tutti i soggetti di razza haflinger di pari età bradi e poco avvezzi al contatto umano.



### **Carattere - Amichevolezza con le persone –**

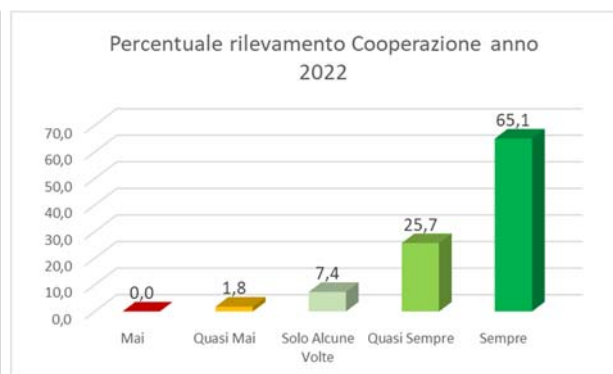
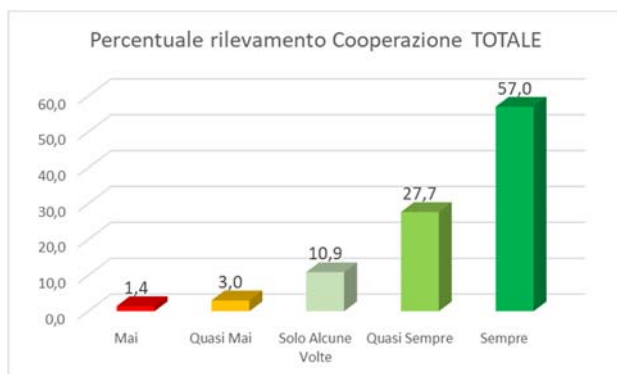
Un'altra caratteristica presa in considerazione dalla nuova scheda del PSRN Equinbio.2 relativa al temperamento del carattere è la qualità del comportamento con le persone che fornisce indicazioni riguardo all'atteggiamento dell'animale in relazione alle persone ed al loro approccio. Un cavallo che si propone con un atteggiamento amichevole con le persone si è dimostrato più idoneo per un più facile apprendimento al lavoro e all'addestramento, oltre ad essere anche un cavallo più sicuro e adatto anche per i più giovani e i neofiti. Dai dati si evidenzia che il 41,7 % dei soggetti ha manifestato un carattere amichevole e molto amichevole con l'uomo. Inoltre un 53,9% dei soggetti sono stati valutati con un comportamento abbastanza amichevole o considerato nella norma da parte di un equide nei confronti dell'uomo. Anche in questo caso ci sono stati soltanto pochissimi soggetti che hanno dimostrato un

carattere poco affidabile, con una percentuale pari al 4.4 %. Tali dati raccolti a testimonianza tangibile che il cavallo haflinger ha un carattere molto Amichevole ed è idoneo ad essere addestrato per l'utilizzo ludico sportivo.



### Carattere Cooperazione

Altro aspetto molto importante e molto correlato con le altre due voci, nervosismo e amichevolezza con le persone, è la cooperazione dell'equide con l'uomo. In questo caso i dati rilevati, attraverso varie richieste durante la fase di valutazione da parte del preparatore dell'equide si sono rivelati molto positivi. Infatti ben il 82.3% dei Cavalli ha dimostrato degli ottimi risultati, sempre o quasi sempre collaborativo con il preparatore, rispondendo perfettamente ai comandi. Il 14% dei soggetti invece, è risultato collaborativo solo alcune volte, mentre solo il 3.6% sono stati classificati come caparbi e non rispondenti ai comandi chiesti.

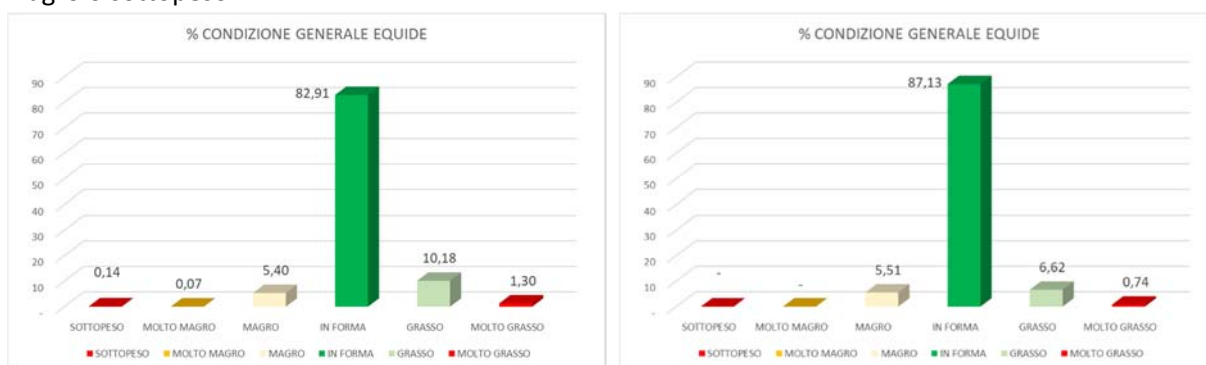


Da questi dati si evince che l'Haflinger è un cavallo quasi sempre cooperative e disponibile alle richieste del presentatore. Il dato è molto valido, infatti, gli equidi al momento della valutazione non sono preparati per andare a sella e sono in età tendenzialmente molto giovane. In questa età i cavalli dimostrano una maggiore difficoltà, rispetto ad un soggetto adulto, nell'assecondare le richieste dell'uomo. ANACRHA1 è molto soddisfatta di questi dati proprio perché sono di fondamentale importanza per avviare un equide al diporto, turismo equestre e attività sportive.

## Body Condition Score

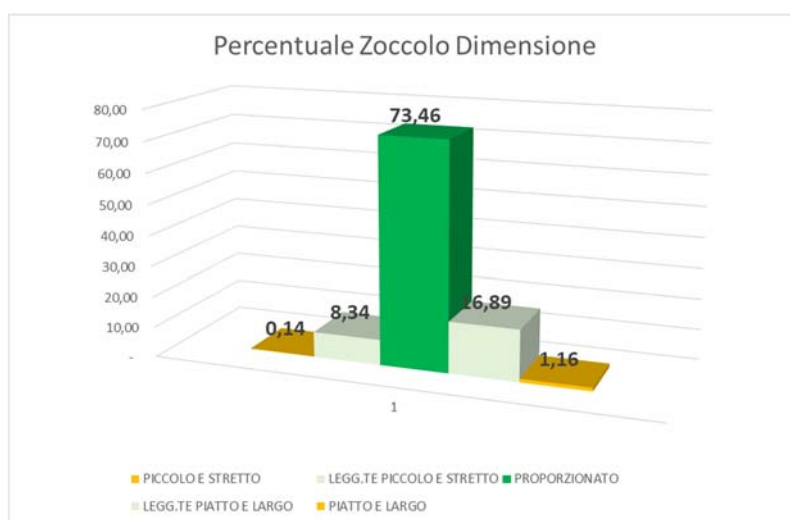
I grafici riportati di seguito riepilogano i valori rilevati con la caratterizzazione tramite Body Condition Score dello stato di forma dei cavalli esaminati in tutto il progetto Equinbio.2 sia quelli esaminati solo nell'ultimo step (terzo Step anno2022).

Questa serie di dati, ci mostra comunque una popolazione che in gran parte gode di uno stato di forma ottimale, fatto condizionato probabilmente anche dalla destinazione d'uso degli attuali cavalli Haflinger, che sono per lo più utilizzati per lo sport e il tempo libero. Infatti il totale dei soggetti, rilevato in tutto il progetto Equinbio.2 fino ad oggi, in stato di forma ottimale sono pari al 82,91 %, questo significa che l'allevatore segue i consigli dei valutatori per poter presentare un soggetto in forma con un'accurata alimentazione e conseguente benessere del cavallo. Inoltre, lo stesso utilizzo nell'addestramento, partecipa in maniera ottima allo stato di forma muscolo-scheletrico dell'animale. Addirittura nell'ultimo anno (2022) il dato dei soggetti in forma è salito al 87,13 % e non abbiamo rilevato nel corso dell'anno nessun soggetto magro o sottopeso.



Il grafico è relativo allo stato di forma generale dei soggetti esaminati in questi anni di progetto PSRN Equinbio ed Equinbio.2. I soggetti esaminati sono 1463, ed evidenzia che solo il 5,40 % risulta essere magro, l'10,18 % risulta essere leggermente grasso o grasso e solo il 1,44 % essere nella categoria più a rischio di benessere animale per lo stato di salute dell'equide che vede soggetti Molto magri o Molto grassi.

## Rilevamento Fenotipico – Qualità Zoccolo – Dimensione Zoccolo - Pastoia

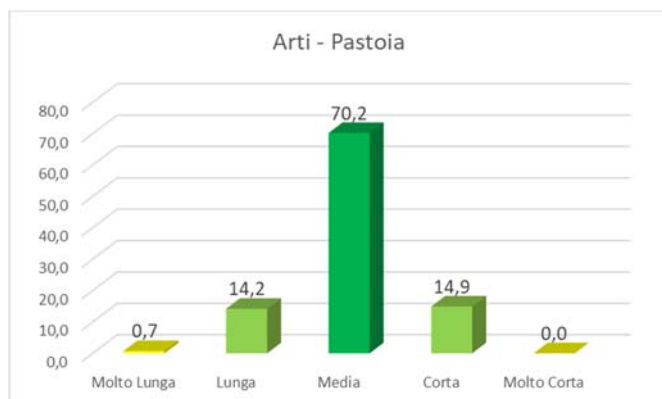


Tra i dati rilevati più importanti abbiamo anche il rilevamento della Pastoia, la qualità e la dimensione dello zoccolo. Questi dati sono di fondamentale importanza per arrivare a calcolare a fine progetto PSRN Equinbio.2 i nuovi indici genetici di Arti e Appiombi relativi alla Razza Haflinger.

Infatti una pastoia con una lunghezza media e uno zoccolo

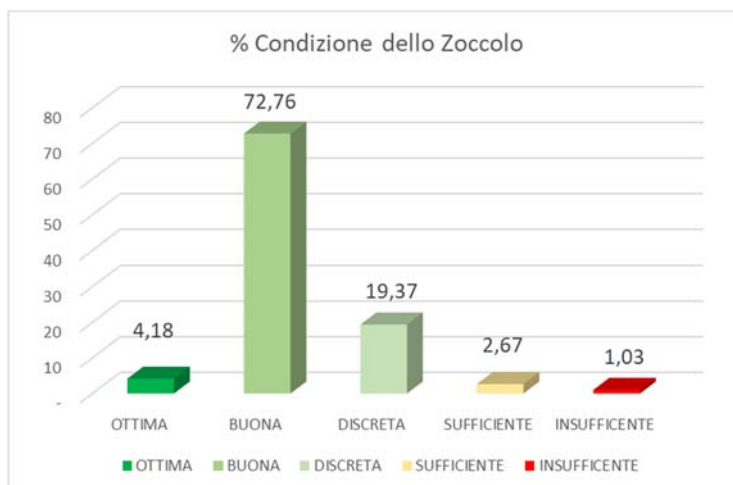
proporzionato, consentono all'Equide una maggiore stabilità nei movimenti e una meccanica dell'arto funzionale, evitando di stressare i legamenti e tendini dell'arto, nonché una maggior longevità e salute generale non sottovalutabile, soprattutto per un cavallo sportivo.

Mentre, ad esempio, una Pastoia più lunga e uno zoccolo piccolo e stretto, hanno una minore stabilità al pascolo (specialmente nei terreni di collina o montagna con pendenze importanti) e procurano all'animale maggiore stress a livello del tendine dell'arto, che può in alcuni casi portare ad un'inflammazione dei tendini.



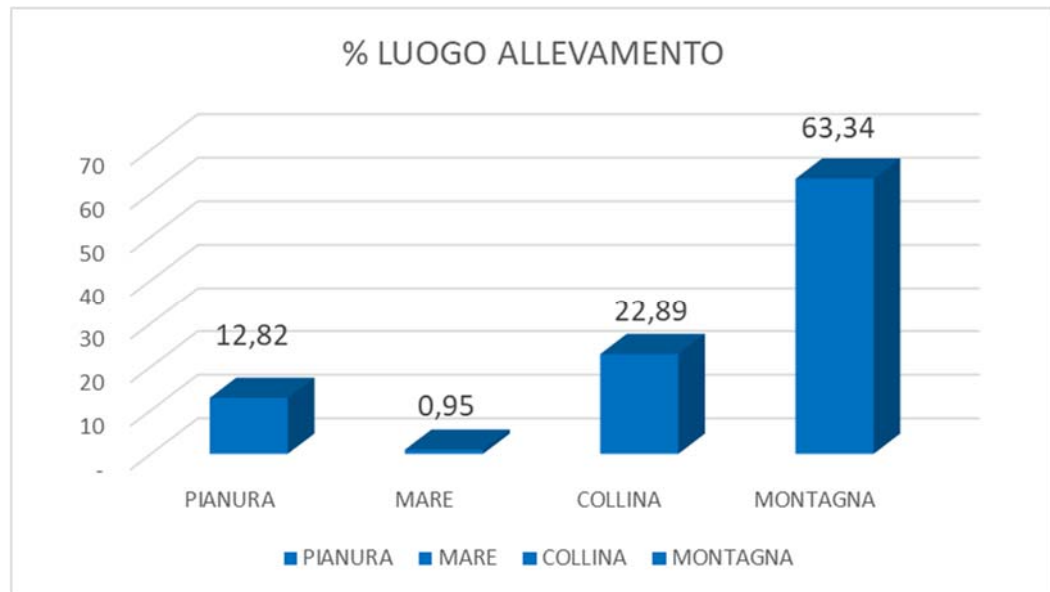
I dati rilevati in questo terzo step, sono molto buoni, infatti abbiamo trovato soltanto lo 0,14% con uno zoccolo piccolo e stretto e l'1,16% di equidi con lo zoccolo piatto e largo. Mentre è stata rilevata una pastoia molto lunga solo per lo 0,7 % dei soggetti valutati. I dati più incoraggianti ed ottimali per l'equide nei suoi arti li abbiamo riscontrati con i seguenti risultati: il 73,46 % con uno zoccolo proporzionato e il 70,2 % con una pastoia nella media.

Altri dati molto interessanti derivano dalla qualità dello zoccolo dell'equide con il 72,76% di soggetti aventi degli zoccoli di qualità buona con un'unghia compatta senza deterioramento del tessuto. Il 4,18% ha invece ricevuto un ottimo nella sua qualità degli zoccoli ritenuti perfetti da parte dell'Ispettore di Razza. Lo zoccolo del cavallo è un vero fenomeno anatomico. Il cavallo, di fatto, si appoggia costantemente sulla punta dei piedi o delle dita. Esiste un detto: "No hoof, no horse" (niente zoccolo, niente cavallo), proprio per sottolineare che la buona qualità dello zoccolo è un prerequisito essenziale per un cavallo sano e dinamico. Una cattiva posizione o una scarsa qualità dello zoccolo possono ripercuotersi in maniera negativa rapidamente su tutto il corpo del cavallo. Fortunatamente soltanto l'1,03% dei soggetti valutati hanno ottenuto un risultato di insufficiente e solo il 2,67 % un sufficiente. Nel complesso lo zoccolo del cavallo Haflinger ha una buona struttura della muraglia con un'unghia solida e per questo la maggior parte non hanno problemi di sfaldamento della punta della muraglia.



## CAVALLO HAFLINGER – ZONA DI ALLEVAMENTO

Il cavallo Haflinger è la razza italiana più consistente con quasi 10.000 soggetti puri, iscritti al Libro Genealogico. Numeri sicuramente importanti che diventano ancora più significativi se si considera che l'Haflinger è l'unico cavallo italiano diffuso su tutto il territorio nazionale, da nord a sud, isole comprese. Un successo che è giustificato oltre che dalla straordinaria bellezza di questo cavallo, anche dalla sua immutata rusticità che la selezione ha saputo sapientemente preservare. Infatti da tutti i dati rilevati in questa fase di PSRN del Progetto EQUINBIO.2 possiamo dire che l'Haflinger è un cavallo forte, in grado di sfruttare pascoli marginali e poveri. Anche nell'utilizzo sportivo o amatoriale a sella o attaccato, garantisce caratteristiche di resistenza, facilità ed economia nella gestione che rappresentano un valore aggiunto unico. E' per questo che l'Haflinger si è diffuso a livello mondiale, con una presenza di soggetti in costante crescita in tutti e cinque i continenti. Entrando più nel dettaglio possiamo vedere che il 63,34% di Haflinger è allevato in montagna, il 22,89 % in zona collinare, il 12,82 % in pianura e solo l'0,95% in zona di mare o isole. (grafico sotto).



## LA CONSANGUINEITA'

Quando si parla di selezione e di variabilità genetica, imprescindibile è l'indagine sulla somiglianza tra gli individui di una popolazione e sui parametri di consanguineità e parentela.

La consanguineità (o *inbreeding*) è la probabilità che un individuo presenti, nel suo patrimonio genetico, due copie identiche dello stesso allele presente in uno o più antenati comuni sia al padre che alla madre; rappresenta, quindi, la conseguenza dell'accoppiamento fra parenti, sia diretti (ad esempio, padre e figlia, nonno e nipote) che collaterali (ad esempio, fratello e sorella, mezzi fratelli). Questa probabilità che l'individuo abbia due alleli uguali a un dato locus viene misurata attraverso il coefficiente di consanguineità ( $F$ ), introdotto dal genetista americano Sewall Wright.

Il coefficiente di consanguineità relativo al singolo individuo permette di valutare il livello di variabilità genetica all'interno di una popolazione e, anche, di misurare l'aumento del grado di omozigosi ( $\Delta F$ ) in seguito all'impiego del *line-breeding*, accoppiamento fra consanguinei.

Esistono due tipi di consanguineità:

1. Alleli identici per discendenza (*identical by descent*), quando i loci si trovano allo stato omozigote per discendenza mendeliana, ovvero l'individuo riceve geni che derivano dalla duplicazione di un gene originariamente presente in un antenato comune ai due genitori (parenti); in questo caso, gli individui vengono detti autozigoti;
1. Alleli identici in stato (*alike in state*), quando i loci si trovano allo stato omozigote per rimescolamento genetico (non sono copie provenienti da un antenato identificabile); in questo caso, gli individui vengono detti allozigoti.

Gli effetti della consanguineità risultano meno evidenti all'interno di un singolo allevamento, mentre diventano più chiari sul totale della razza (Paparelli et al., 2013). Tra gli effetti positivi abbiamo, ad esempio, quello di "prepotenza genetica", un vantaggio per quanto riguarda la migliore trasmissione di

quei caratteri selezionati e desiderati, ma sono tanti gli effetti negativi della consanguineità che va, difatti, controllata e mantenuta a bassi livelli per i seguenti motivi:

1. riduce la variabilità genetica presente all'interno della popolazione, con il rischio di perdere geni che potrebbero avere effetti positivi;
2. riduce la capacità di adattamento all'ambiente e di risposta alla selezione;
3. provoca la comparsa di anomalie, dovute ad alleli recessivi portatori di effetti indesiderati, a causa di accoppiamenti fra "portatori sani" imparentati;
4. provoca un effetto generale denominato "depressione da consanguineità", ovvero si verifica una depressione dei caratteri produttivi e riproduttivi, con calo delle produzioni di latte, carne e uova, flessione degli incrementi ponderali, peso corporeo e taglia, riduzione della sopravvivenza. Il fenomeno risulta particolarmente evidente negli aspetti riproduttivi, quali fertilità, durata della gestazione, indice di inseminazione; più è elevata la consanguineità maggiore è il rischio di aborto e di mortalità neonatale.

Mentre la consanguineità è un concetto relativo all'individuo, la parentela è la somiglianza relativa ai genomi di due individui.

La parentela (o *relationship*) è la probabilità che due individui abbiano, nel loro patrimonio genetico, due copie identiche dello stesso allele derivanti da un antenato in comune. È una misura associata a una specifica coppia di individui e viene indicata dal coefficiente di parentela o di correlazione (R). In relazione all'analisi che andremo a svolgere, vengono calcolati i coefficienti di parentela media all'interno di una razza o popolazione, conosciuti come *Average Relatedness* (AR), ovvero la probabilità che un allele scelto casualmente dall'intera popolazione appartenga a un dato animale, indice della parentela media di un individuo con il resto dei soggetti appartenenti alla stessa razza.

I vantaggi dell'utilizzo di AR sono:

1. Il costo computazionale per il calcolo dei coefficienti AR è simile a quello per il calcolo della matrice di parentela, poiché entrambi utilizzano algoritmi comuni;
2. l'AR di un fondatore indica il suo contributo genetico alla popolazione;
3. può essere utilizzato anche come misura della consanguineità della popolazione, poiché tiene conto sia dei coefficienti di consanguineità che di *coancestry*;
4. può essere utilizzato come indice per mantenere lo stock genetico iniziale, scegliendo come riproduttori quelli con il valore AR più basso;
5. in alternativa o in aggiunta a F, può essere utilizzato per prevedere la consanguineità a lungo termine di una popolazione, perché tiene conto della percentuale del pedigree completo proveniente da un fondatore a livello della popolazione;
6. può essere utilizzato per calcolare la dimensione effettiva della popolazione fondatrice come l'inverso della somma dei quadrati dei coefficienti AR tra gli animali fondatori.

Un'unità di misura di base comune sia alla consanguineità che alla parentela è il coefficiente di *kinship*, detto anche *coancestry*. Il *coancestry* ( $f_{ij}$ ) è definito come la probabilità che estraendo a caso due geni allo stesso locus in due individui i e j, questi siano identici per discendenza. È una misura che indica la



somiglianza dei genomi di due individui. Altra caratteristica di  $f_{ij}$  è quella di essere uguale al coefficiente di consanguineità della progenie k di i e j (Pagnacco, 2008).

Nell'ambito del progetto EQUINBIO 2- PSNR 2020-2023, sottomisura 10.2 i ricercatori del Centro di Ricerca sul Cavallo Sportivo – CRCS hanno progettato un software per lo studio di diversi parametri genetici relativi alla popolazione Haflinger.

Il parametro F relativo alla **consanguineità individuale**, definito come la probabilità che un individuo abbia due alleli identici per discendenza, viene calcolato secondo la formula di Meuwissen e Luo (1992) che, avvalendosi di un algoritmo di tipo tradizionale, consente di stimare valori di *inbreeding* individuali attribuendo ai soggetti a genealogia ignota un valore di consanguineità pari a 0.

Per ogni generazione, viene calcolato l'**incremento di consanguineità ( $\Delta F$ )** mediante la formula classica  $\Delta F = \frac{F_t - F_{t-1}}{1 - F_{t-1}}$ , dove  $F_t$  e  $F_{t-1}$  rappresentano la consanguineità media alla generazione i-esima.

Tale software consente di calcolare  $\Delta F$  per una determinata sottopopolazione di riferimento utilizzando uno dei diversi approcci basati sulla regressione. In primo luogo, lo calcola come:  $\Delta F = \frac{F_t - F_{t-1}}{1 - F_{t-1}} \approx \frac{b}{1 - (F_t - b)}$ , dove  $F_t$  è la F media della sottopopolazione di riferimento e b il coefficiente di regressione dei singoli coefficienti di consanguineità per le generazioni complete equivalenti.

Inoltre tale software include tra le sue funzioni la stima delle dimensioni effettive della popolazione dall'aumento individuale della consanguineità ( $\Delta F_i$ ), seguendo l'approccio proposto da Gutiérrez et al. (2008), nella forma proposta da Gutiérrez et al. (2009). I coefficienti  $\Delta F_i$  vengono calcolati come  $\Delta F_i = 1 - \sqrt[t]{1 - F_i}$ , dove  $F_i$  è il coefficiente individuale di consanguineità e t il numero di "generazioni complete equivalenti" (Maignel et al., 1996).

Può, inoltre, essere calcolato un errore standard di  $\overline{N_e}$  dalla deviazione standard di  $\overline{\Delta F}$  e dalla radice quadrata della numerosità (n) della sottopopolazione di riferimento, come:  $\sigma_{\overline{N_e}} = 2\overline{N_e}^2 \sigma_{\Delta F} \frac{1}{\sqrt{\overline{N_e}}}$ .

Inoltre, seguendo dei ragionamenti simili a quelli del caso precedente sull'aumento individuale della consanguineità ( $\Delta F_i$ ), viene stimata la numerosità effettiva delle popolazioni dall'**aumento del coancestry** per tutte le coppie di individui j e k ( $\Delta c_{jk}$ ) in una sottopopolazione di riferimento. Questo parametro è calcolato come:  $\Delta c_{jk} = 1 - \left(\frac{g_j + g_k}{2}\right) \sqrt{1 - c_{jk}}$ , dove  $c_{jk}$  è il valore della consanguineità corrispondente alla prole di j e k, mentre  $g_j$  e  $g_k$  rappresentano la generazione equivalente degli individui j e k. Calcolando la media dell'aumento del coancestry per tutte le coppie di individui in una sottopopolazione di riferimento, possiamo stimare la reale numerosità effettiva della popolazione sulla base dei *coancestries* come  $\overline{N_{ec}} = \frac{1}{2\Delta c}$ , la quale fornirebbe informazioni sulla numerosità effettiva di una popolazione sotto accoppiamento casuale. Può essere, anche in questo caso, calcolato un errore standard del  $\overline{N_{ec}}$  dalla deviazione standard di questi aumenti del *coancestry* ( $\sigma_{\Delta c}$ ) e dalla radice quadrata della dimensione effettiva del numero effettivo dei *coancestries* accoppiati, nella sottopopolazione di riferimento, come:



$$\sigma_{\overline{N}_{ec}} = 2\overline{N}_{ec}^2 \sigma_{\Delta c} \frac{1}{\sqrt{\frac{\overline{N}_{ec}(\overline{N}_{ec}-1)}{2}}}$$

Il software studiato dal CRCS consente anche di calcolare i **coefficienti di consanguineità parziali** da un dato numero di fondatori o antenati, seguendo Lacy et al. (1996). Il coefficiente di consanguineità parziale è la probabilità che un individuo sia omozigote (identico per discendenza) per un allele discendente dal fondatore specificato. La somma, tra tutti i fondatori, dei coefficienti di consanguineità parziale per un discendente è uguale al coefficiente di consanguineità per quell'individuo.

### Andamento della consanguineità nell'Haflinger negli ultimi anni (1962-2022)

La consanguineità si accumula qualora gli accoppiamenti tra parenti vengono ripetuti nelle generazioni e, quindi, dipende sempre dalla parentela tra i due riproduttori. Coefficienti di consanguineità elevati relativi ai genitori non necessariamente sfociano in un'elevata consanguineità dei puledri. Se stalloni e fattrici con coefficienti di consanguineità elevati sono accoppiati con individui geneticamente lontani da loro, ovvero non parenti, nascono puledri con valori di consanguineità minori dei loro. Analogamente, accoppiamenti tra uno stallone e una fattrice con ridotta consanguineità, ma strettamente imparentati tra loro,

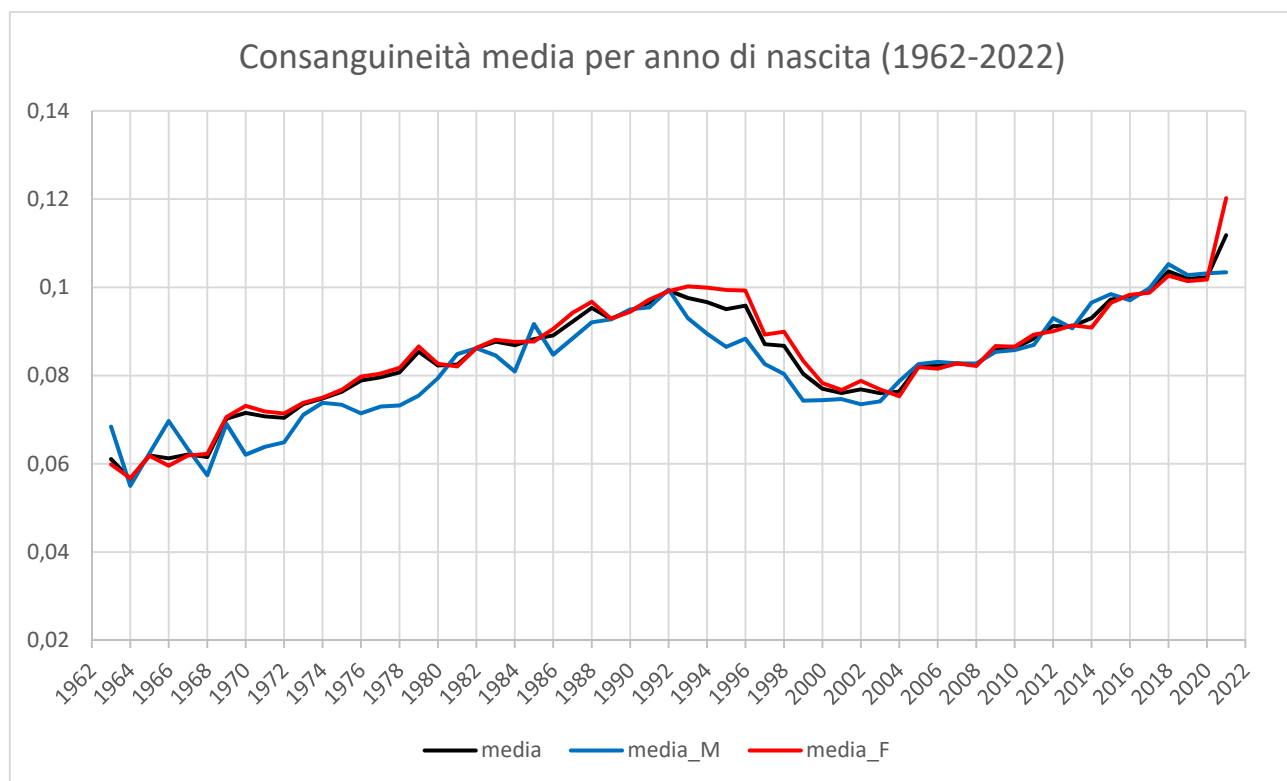


Figura 3: andamento dei coefficienti di consanguineità media per anno di nascita dei cavalli iscritti al Libro Genealogico (1962-2022). Progetto EQUINBIO 2- PSNR 2020-2023, sottomisura 10.2.

porterebbero a puledri consanguinei, con un coefficiente di consanguineità tanto più elevato quanto più i due genitori sono parenti.

Il coefficiente di consanguineità del nuovo nato è, perciò, determinato dalla scelta dell'accoppiamento tra due riproduttori e, in particolare, dipende dal livello di parentela esistente tra i genitori.

Alla luce di questo, a livello di popolazione, il fattore principale da considerare non è il valore assoluto medio della consanguineità nella popolazione, ma piuttosto l'andamento dei coefficienti di consanguineità individuali negli anni.

Come possiamo vedere dal grafico, a partire dai primi anni di registrazioni nel Libro Genealogico, l'aumentare del numero di ascendenti registrati in archivio e, soprattutto, il completamento delle cinque generazioni di antenati necessarie per l'iscrizione al Libro, hanno portato, fino agli anni 1992-1995, a un aumento progressivo dei coefficienti di consanguineità medi per anno di nascita.

È chiaro, infatti, che se non si conoscono gli ascendenti di un cavallo, non si hanno notizie sull'eventuale parentela tra i loro genitori e, di conseguenza, il coefficiente di consanguineità calcolato risulta ridotto. Al contrario, all'aumentare del numero di antenati registrati, si registrano anche un numero maggiore di parentele e, di conseguenza, è possibile il calcolo accurato e realistico del coefficiente di consanguineità. Successivamente a questo primo periodo, per un decennio circa, a partire dagli anni '90, la popolazione Haflinger in Italia risulterebbe avere coefficienti di consanguineità medi in calo, fino agli anni 2001-2003. Questo è il periodo di grande fermento nella selezione genetica in Italia: l'introduzione del programma di selezione moderno e il calcolo di valutazione genetica di tutti i cavalli nella popolazione italiana ha spinto gli allevatori a scegliere, per la propria fattrice, anche stalloni che sono risultati essere geneticamente lontani, ovvero meno imparentati, ricorrendo a volte anche a una grande mobilità sul territorio nazionale. Oltre a questi effetti a livello nazionale, l'archivio di Libro Genealogico registra in quegli anni anche un certo numero di importazioni di riproduttori dall'estero, frutto della selezione di altri paesi europei. Questi cavalli, seppure in numero contenuto, ma raramente strettamente imparentati con i cavalli Haflinger italiani, hanno contribuito a ridurre la parentela media tra i genitori delle generazioni successive e, quindi, a contenere i coefficienti di consanguineità nella popolazione.

Ciò nonostante, dopo il periodo di calo, i coefficienti di consanguineità medi hanno ripreso lentamente a crescere pur rimanendo costanti nell'ultimo triennio (10,1%, 10,2% e 10,1%). Tuttavia tale incremento risulta, al momento, contenuto e in linea con la bibliografia di popolazioni equine con un Libro Genealogico sostanzialmente chiuso, come nel caso del cavallo Haflinger. È, però, importante controllare e limitare ai parametri attuali l'incremento di consanguineità nella popolazione italiana.

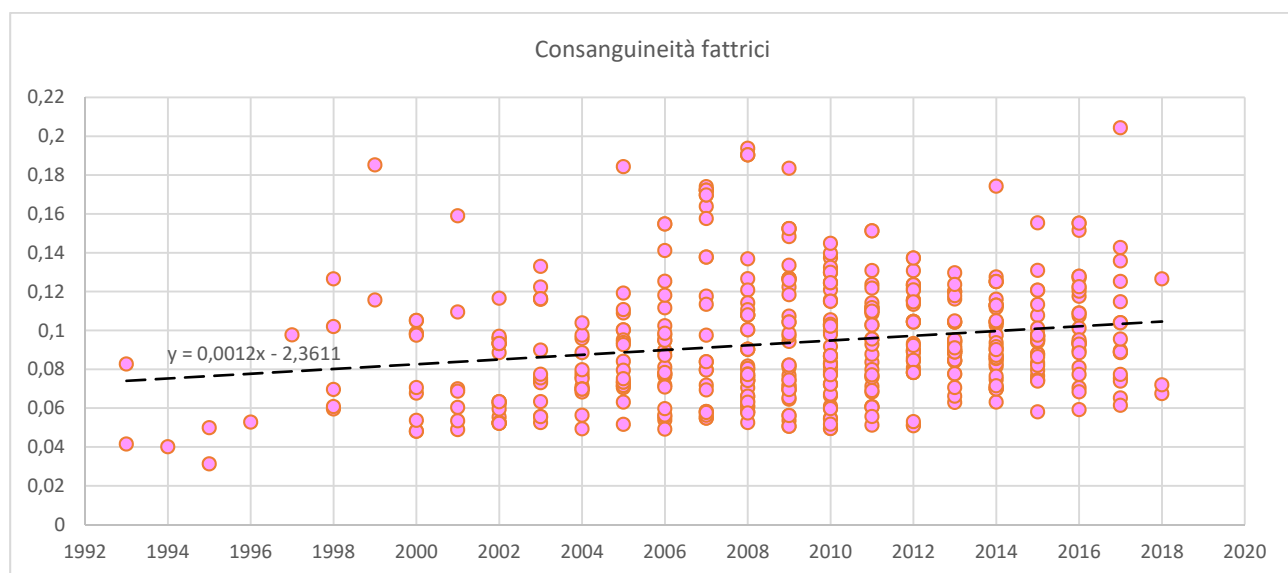
Per riassumere, il coefficiente medio di consanguineità (F) della popolazione di riferimento risulta essere del 8,229%. Questo dipende fortemente dalla completezza e dalla qualità del pedigree, in quanto esiste una correlazione positiva tra i due parametri (Valera et al., 2005; Druml et al., 2009). Tale valore sebbene ancora non pericoloso risulta essere superiore a quello riscontrato nel nell'Anglo-Arabo pari a 1,20%, così come quella della popolazione del Maremmano che registra un valore pari a 2,94%.

Per quanto riguarda il coefficiente di parentela media (AR), il suo valore è di 13,76%. Il valore della parentela media può essere utilizzato per conservare il patrimonio genetico di una razza; infatti, l'utilizzo di riproduttori con AR bassi serve per contenere la consanguineità, in quanto ci si aspetta che essi bilancino il contributo dei fondatori nella popolazione.

Per un controllo ancora più minuzioso, è stato sviluppato un software per il calcolo del coefficiente di consanguineità del futuro puledro in base a un determinato accoppiamento tra uno stallone e una fattrice, messo a disposizione di tutti gli allevatori. Questo strumento permetterà, quindi, di considerare anche la consanguineità del futuro nato tra i parametri per la programmazione del piano di accoppiamenti; lo scopo è quello di contribuire a ridurre i casi estremi di elevata consanguineità nei nuovi nati e di controllare, indirettamente, anche l'andamento della consanguineità media nella popolazione.

### Consanguineità nelle fattrici Haflinger

È stata calcolata la consanguineità per 494 fattrici fornite da ANACRHA1 che hanno mostrato un coefficiente di consanguineità medio pari a 0.0942 (9.42%). Tale coefficiente è risultato leggermente superiore rispetto alla media della razza con un incremento dello 0,12% per anno di nascita.



## STUDIO E STIMA DELLE COMPONENTI DELLA VARIANZA INDICE GENETICO “ CORRETTEZZA DEGLI ARTI”

Il dataset fornito da ANACRHAI al Centro di Ricerca sul Cavallo Sportivo era costituito da 16.881 record relativi alla rilevazione lineare dei caratteri:

ARTI:            qualità (**ART\_QUAL**),  
  
                  anteriori visti di fronte (**ANT\_F**),  
  
                  Posteriori visti di lato (**POS\_L**),  
  
                  Posteriori visti da dietro (**POS\_D**)

ANDATURE:    Impulso (**IMP**)

**I soggetti sotto riportati non disponendo di data di nascita sono stati eliminati poiché era impossibile determinarne “l’età alla valutazione”:**

PED_ID	Data_estesa_val	Anno_val	nome	Codice_soggetto
16361	06/02/2021	2021	EGNA	BZ29648
16169	17/09/2020	2020	FERRARA DI MONTEBALD	VR11541
15752	12/09/2018	2018	CALCI	528005000031794
12158	01/05/2010	2010	TRAVAGLIATO	VE11041
11253	05/10/2008	2008	BIENNO	A.23747/T
11338	05/10/2008	2008	BIENNO	TN12621
9608	08/10/2005	2005	CALDARO	AR11900
9611	08/10/2005	2005	CALDARO	VR11249
9263	20/10/2004	2004	CONA VENETA	BZ21574
9134	09/10/2004	2004	EGNA	BZ21836
8813	21/10/2003	2003	CONA	BZ20972
8626	26/07/2003	2003	FERRARA MONTEBALDO	VR11218
7267	27/01/2001	2001	EBBS (A.)	A.00254/T
6210	10/09/1999	1999	CAROVILLI (IS)	IS10811
6205	10/09/1999	1999	CAROVILLI (IS)	IS10812
5279	08/01/1998	1998	MELDOLA	FO10868
5060	12/10/1997	1997	AGNONE	AR11699
5157	12/10/1997	1997	AGNONE	AR11704
4062	16/09/1996	1996	CARPI (MO)	MO10884

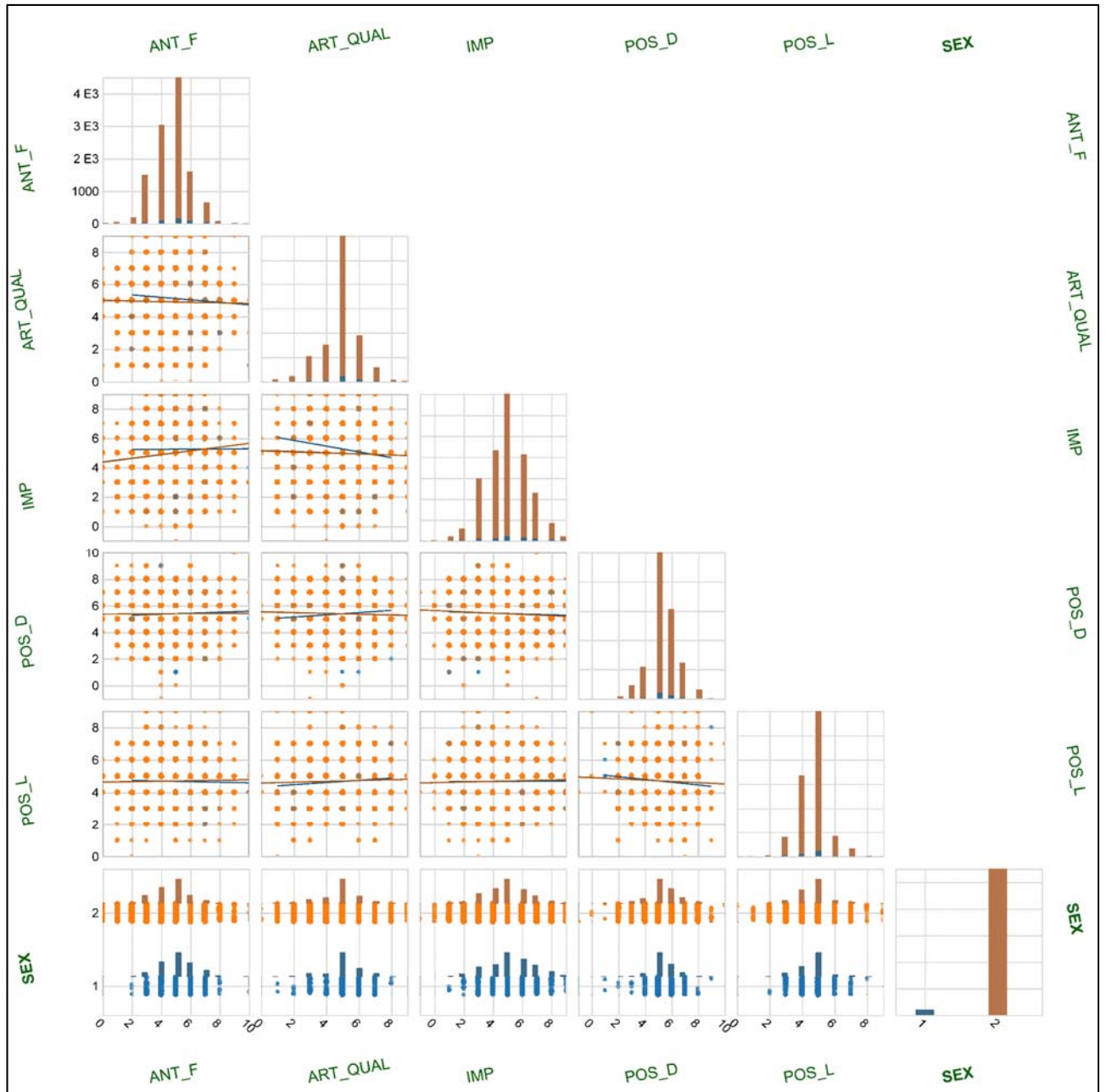
I soggetti TV10918 e TN12042 sono stati eliminati poiché presentavano nelle valutazioni tutti valori “-1”

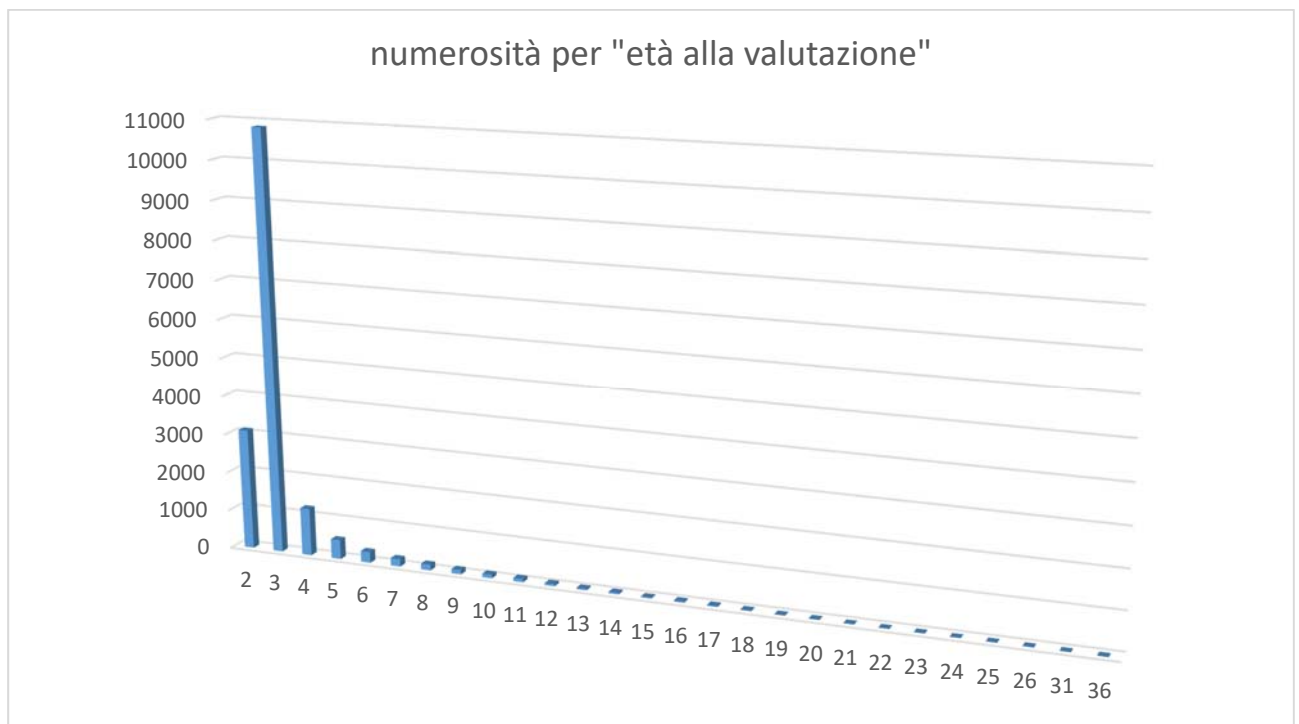
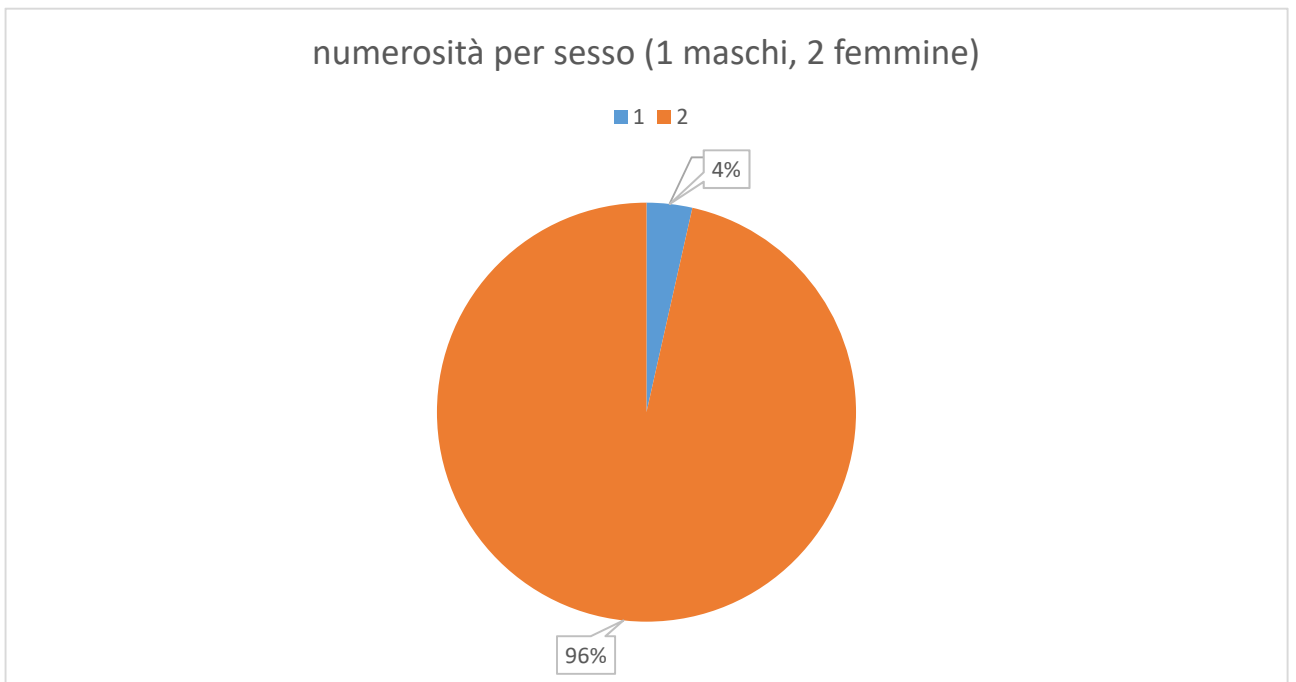
I soggetti BZ13510 e BZ14021 risultavano duplicati.

### Statistiche descrittive :

ANT_F	ART_QUAL	IMP	POS_D	POS_L	SEX
Min. : 0.000	Min. : 0.000	Min. : 1.000	Min. : 1.000	Min. : 0.000	M: 382

1st Qu.:	4.000	1st Qu.:	5.000	1st Qu.:	4.000	1st Qu.:	5.000	1st Qu.:	4.000	F:	10464
Median :	5.000	Median :	5.000	Median :	5.000	Median :	5.000	Median :	5.000		
Mean :	4.684	Mean :	4.894	Mean :	4.959	Mean :	5.379	Mean :	4.688		
3rd Qu.:	5.000	3rd Qu.:	5.000	3rd Qu.:	6.000	3rd Qu.:	6.000	3rd Qu.:	5.000		
Max. :	10.000	Max. :	9.000	Max. :	9.000	Max. :	10.000	Max. :	9.000		





La percentuale di soggetti raggruppati per "età alla valutazione" è del 18% per i soggetti di età fino a 2 anni, del 65% per quelli esclusivamente di 3 anni e del 17% per quelli con "età alla valutazione" superiore ai 3 anni

### Stima dell'Indice e delle componenti della varianza

Nell'analisi genetica di qualsiasi fenotipo quantitativo vi è un parametro che assume una grandissima importanza non solo di descrizione generale delle caratteristiche di quel fenotipo, ma anche di pratica utilità operativa per la selezione. Si tratta dell'ereditabilità, un parametro che misura la facilità con cui i genitori trasmettono ai figli un determinato fenotipo. Per esempio, se la progenie di uno stallone molto

alto è tutta mediamente molto più alta della media, significa che questo carattere (l'altezza al garrese) viene trasmesso facilmente e si parla quindi di elevata ereditabilità. Al contrario, se un soggetto ha un'andatura ottimale ma i suoi figli no, significa che il carattere è poco trasmissibile e quindi poco ereditabile. Il diverso comportamento ereditario dei caratteri che misuriamo sugli animali è noto agli allevatori da tempo memorabile, ma ha sempre rappresentato qualcosa di misterioso e di difficilmente spiegabile in assenza di una interpretazione genetica dei fatti biologici.

Il fenomeno biologico della diversa ereditabilità dei caratteri quantitativi viene esattamente spiegato dal rapporto:  $h^2 = \sigma^2_G / \sigma^2_P$  che dice quale parte della variabilità fenotipica sia attribuibile a variabilità genetica. Questo rapporto, che assume evidentemente valori compresi tra 0 e 1, ma che può anche essere espresso in percentuale, assumerà quindi valori bassi quando  $\sigma^2_G$  sarà piccola in relazione a  $\sigma^2_P$ . In questi casi la maggior parte della  $\sigma^2_P$  sarà dovuta a variabilità ambientale e il cammino della selezione sarà lento e faticoso. Se invece  $h^2$  è elevato la variabilità fenotipica sarà quasi tutta spiegata da variabilità genetica, avendo quella ambientale scarsa importanza. La scelta di un fenotipo superiore equivarrà quindi alla scelta di un genotipo superiore e tutta la progenie rispecchierà le caratteristiche del genitore. Per esempio, lo stallone alto avrà una progenie tutta alta.

Valori elevati di ereditabilità (0,50 - 0,80) indicano che la variabilità fenotipica è molto ben spiegata da quella genetica. In buona sostanza il fenotipo di un animale rispecchia bene il suo genotipo perché l'ambiente ha uno scarso effetto su quel carattere. In questi casi scegliere gli animali in base al fenotipo dà risultati soddisfacenti in termini di selezione perché scegliamo molto probabilmente anche gli animali con genotipo migliore. Solitamente i caratteri che descrivono la morfologia degli animali hanno elevata ereditabilità. Le misure somatiche e dello sviluppo muscolare ad esempio rientrano in questo gruppo e giustificano la scelta dei riproduttori in base alle loro *performance* misurate a parità di condizioni ambientali (Performance Test).

Valori di ereditabilità intermedia (0,20 - 0,50) suggeriscono che il genotipo possa essere anche molto mascherato dalle condizioni ambientali e che pertanto una scelta basata sui soli fenotipi dei candidati alla selezione possa dare risultati incostanti.

Valori bassi di ereditabilità (0 - 0,20) annunciano possibilità selettive limitate. Il genotipo in questi casi è quasi completamente mascherato dall'ambiente e il fenotipo del genitore non dà praticamente alcuna indicazione utile per prevedere il genotipo di un individuo.

Se i caratteri misurati sono più di uno possiamo realizzare:

- più indici *single trait*, uno per ogni carattere misurato, ma ciascuno basato sulla sola informazione contribuita da quel carattere ignorando quindi le correlazioni genetiche e fenotipiche che lo legano agli altri caratteri misurati. Questo approccio è quello più semplice dal punto di vista della complessità del calcolo, ma è anche quello che, trascurando informazioni la cui raccolta ha avuto comunque un certo costo, spreca per così dire delle risorse disponibili;



- più indici *multiple trait*, uno per ogni carattere misurato, ma tenendo conto delle correlazioni genetiche e fenotipiche che legano i diversi caratteri. Questo è l'approccio più corretto, ma anche quello più laborioso. Una legittima giustificazione per non utilizzare il metodo *MT* si verifica quando le correlazioni tra i caratteri sono molto piccole, cioè vicine a zero, oppure stimate in modo inaffidabile. Merita di essere menzionato il fatto che le correlazioni genetiche, cruciali per questo tipo di indice, sono soggette ad ampie variazioni statistiche se vengono calcolate con metodi rudimentali o su campioni di dati insufficienti.

Le Associazioni delle razze più evolute tendono a fornire agli allevatori indici *MT* per i diversi caratteri che vengono rilevati, nonché un *indice aggregato* in base al quale l'Associazione stessa indica i riproduttori più importanti (i maschi solitamente). la complessità del calcolo degli indici *MT* fa sì che talvolta si elaborino solo indici *ST*, ma questo dipende da condizioni di ordine tecnico che possono variare nel tempo e che sono specifiche di ogni singola realtà zootecnica

Gli indici *MT* includono quindi, opportunamente pesate per le varianze e covarianze genetiche e fenotipiche, anche le informazioni fornite da un diverso carattere che aumenta la precisione della stima e come vedremo permette un più celere progresso genetico nella popolazione

È intuitivo quindi che l'ideale sarebbe disporre di un unico indice che permetta di scegliere senza incertezze l'animale migliore. Un tale indice include il merito genetico per i diversi caratteri valutati, ciascuno "pesato" per un coefficiente di importanza nell'ambito del contesto delle prestazioni desiderate.

Per la stima dell'indice genetico "**correttezza degli arti**" sono stati utilizzati i 10.846 soggetti che corrispondevano ai soli cavalli valutati all'età di 3 anni (65% del campione totale).

I caratteri utilizzati per lo studio del modello sono stati quelli relativi agli arti e alle andature: qualità arti (**ART\_QUAL**), anteriori visti di fronte (**ANT\_F**), Posteriori visti di lato (**POS\_L**), Posteriori visti da dietro (**POS\_D**) e Impulso (**IMP**).

Per la stima dell'ereditabilità, delle componenti della varianza e degli indici BLUP AM *MT* è stato utilizzato il seguente modello statistico:

$$Y_{ijkl} = \mu + \text{SESSO}_i + \text{ESPERTO}_j + a_k + e_{ijkl}$$

dove:  $Y$  = caratteri osservati;  $\mu$  = media;  $\text{SESSO}_i$  = effetto fisso del sesso ( $i = 1$  maschio,  $2$  femmina);  $\text{ESPERTO}_j$  = effetto fisso del valutatore ( $j = 1 - 19$ );  $a$  = effetto casuale animale ( $k = 1 - 62865$ ),  $e$  = residuo.

Nella tabella sottostante sono riportati, le ereditabilità dei caratteri (in diagonale), le correlazioni genetiche (sopra la in diagonale) e quelle fenotipiche (sotto la in diagonale).

	ART_QUAL	ANT_F	POS_L	POS_D	IMP
ART_QUAL	<b>0,29 ± 0,022</b>	-0.03 ± 0.064	0.05 ± 0.081	-0.20 ± 0.075	-0.08 ± 0.065
ANT_F	-0.02 ± 0.018	<b>0,27 ± 0,021</b>	-0.18 ± 0.081	0.16 ± 0.075	0.17 ± 0.065
POS_L	-0.02 ± 0.017	0.04 ± 0.017	<b>0,13 ± 0,018</b>	-0.19 ± 0.093	0.01 ± 0.082
POS_D	0.03 ± 0.017	-0.01 ± 0.017	0.00 ± 0.015	<b>0,15 ± 0,017</b>	-0.09 ± 0.078
IMP	-0.01 ± 0.018	0.04 ± 0.017	0.05 ± 0.016	-0.00 ± 0.016	<b>0,23 ± 0,020</b>

Le ereditabilità dei caratteri stimati ricadono nella categoria di quelli a ereditabilità bassa o intermedia variando da un minimo di 0,13 a un massimo di 0,29.

Le correlazioni genetiche e fenotipiche sono tutte basse e in alcuni casi negative sottolineando la nota difficoltà che si ha nel selezionare caratteri di questo tipo. Tali valori consentono pertanto di dire che in questo caso anche la stima di indici single trait sarebbe efficace, ma come ben noto una serie di numeri tende a confondere le scelte dell'allevatore che invece vengono facilitate dall'espressione del valore genetico dell'animale, rispetto alla media, in un unico indice aggregato:

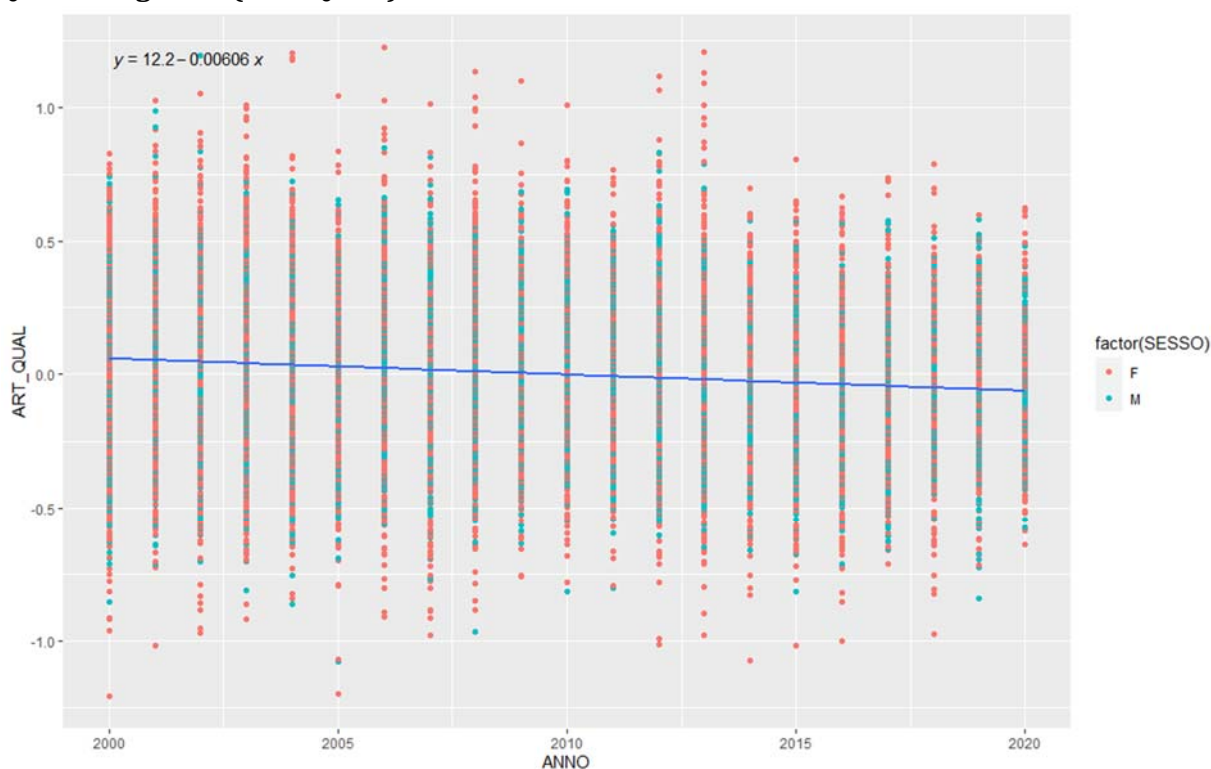
$$\text{IND TOT} = 0,2 * \text{ART\_QUAL} + 0,2 * \text{ANT\_F} + 0,2 * \text{POS\_L} + 0,2 * \text{POS\_D} + 0,2 * \text{IMP}$$

ad ogni carattere è stata data la stessa enfasi selettiva poiché tutti contribuiscono allo stesso modo, o meglio, sembrerebbero avere lo stesso peso, nel determinare una buona "correttezza degli arti".

Scopo dell'Associazione di razza sarà rielaborare o rivedere i coefficienti utilizzati in base agli schemi selettivi desiderati.

## Trend genetico degli indici BLUP AM per anno di nascita dei caratteri considerati

### Qualità degli arti (ART\_QUAL)

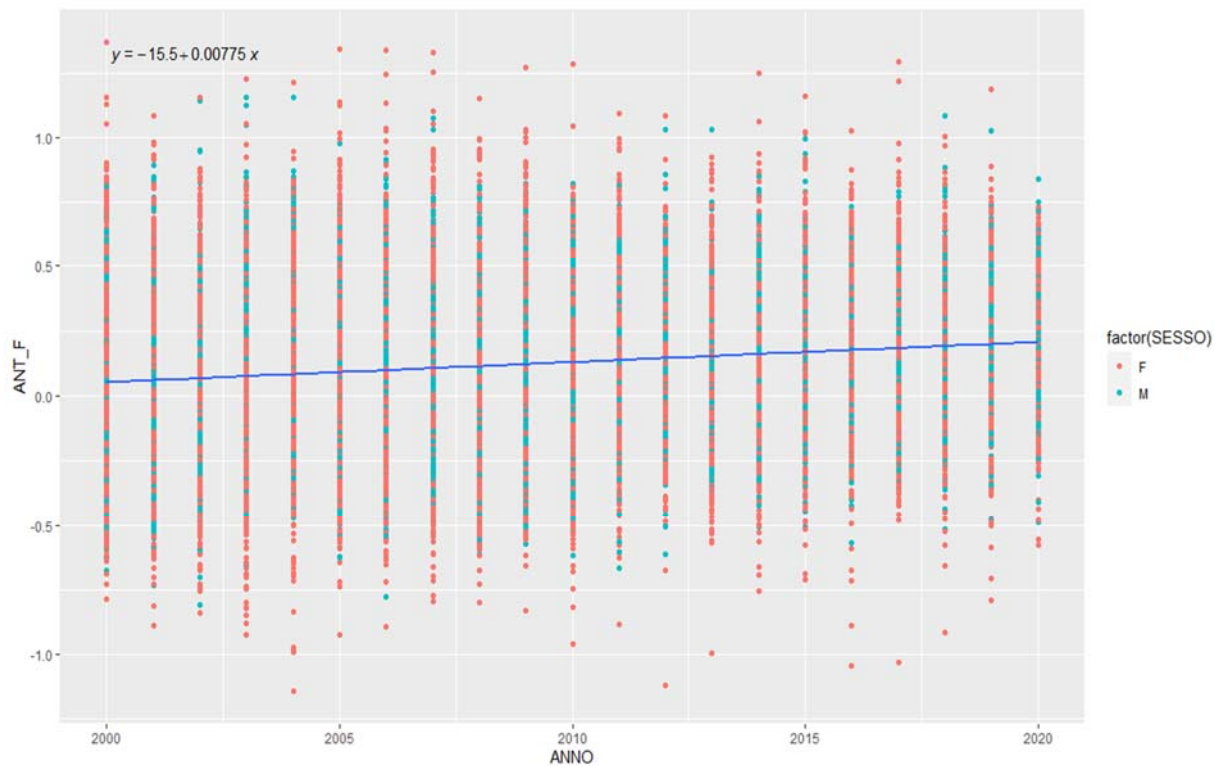


Qualità / Qualität			
Esili e gracili / Schwach	0	1	2
Più leggeri ma asciutti / Leicht		3	4
Asciutti e proporzionati / Proportionert			5
Robusti e grossolani / Grob		6	7
Grossolani pesanti / Schwer	8	9	10

$h^2 = 0,29$

Nonostante il valore più alto di ereditabilità, il trend decrescente degli indici BLUP AM indica l'inefficacia della valutazione di questo carattere ai fini del progresso genetico. Questo, infatti, potrebbe incontrare difficoltà nella valutazione da parte degli esperti di razza.

**Anteriori visti di fronte (ANT\_F),**

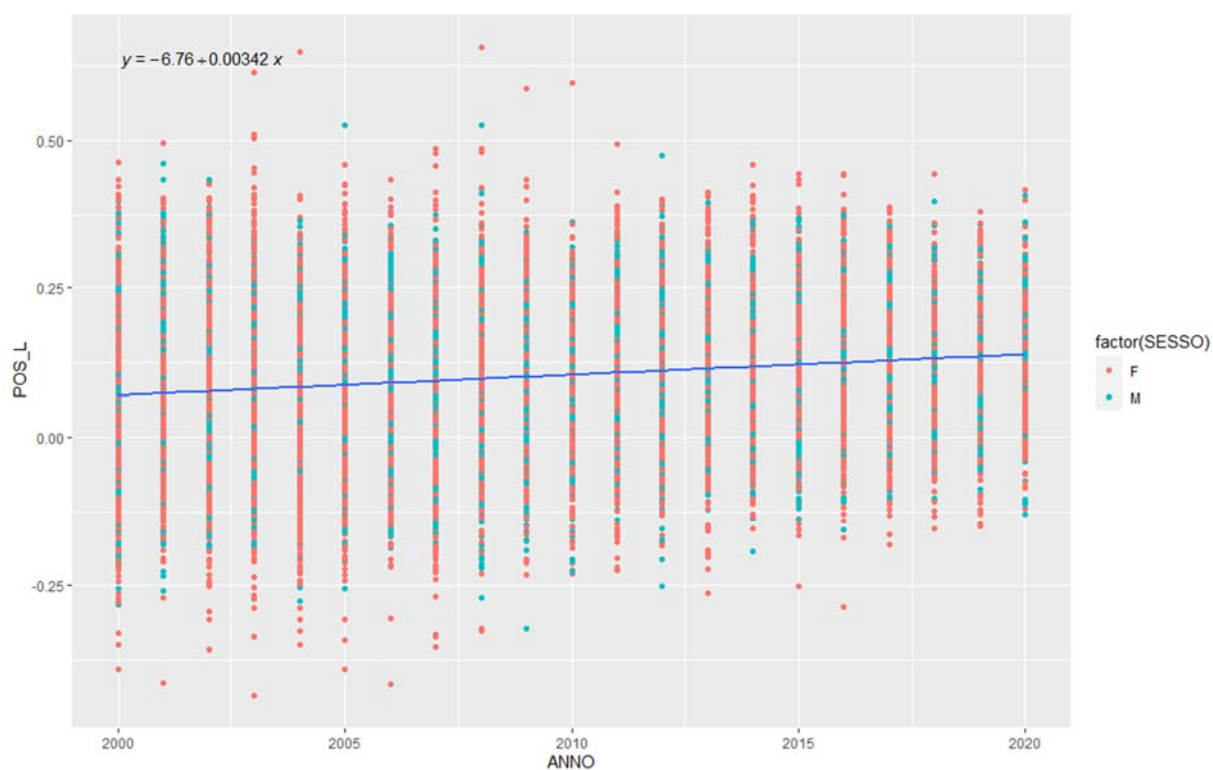


Appiombi di fronte / Stellung von vorne			
Molto cagnolo / Stark zeheneng	0	1	2
Cagnolo / Zeheneng		3	4
Corretti / Korrekt			5
Mancino / Zehenweit		6	7
Molto mancino / Stark Zehenweit	8	9	10

$h^2 = 0,27$

In questo caso, a parità di ereditabilità, il trend genetico degli indici BLUP AM si presenta leggermente crescente; questo carattere quindi sembrerebbe risultare più vantaggioso ai fini del progresso genetico in quanto potrebbe essere di più facile valutazione da parte degli esperti di razza

### Posteriori visti di lato (POS\_L),

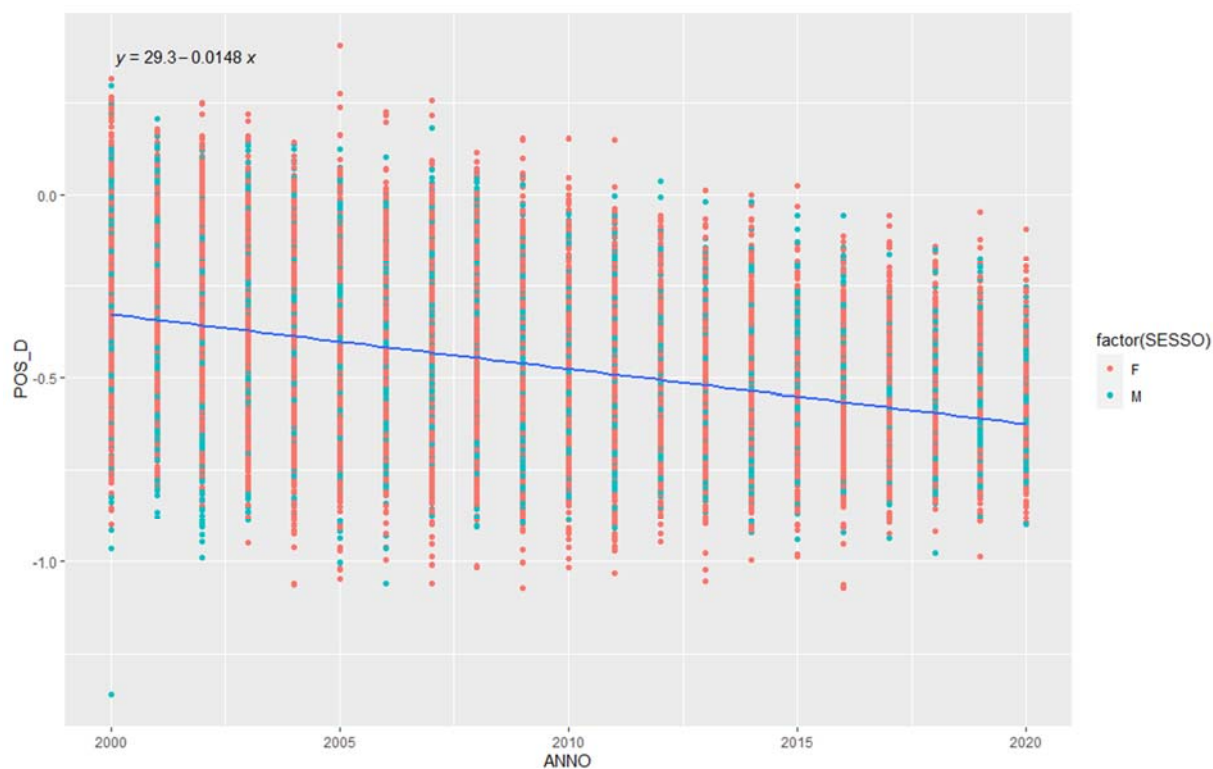


Posteriori di Lato			
Hintergliedmaßen von der seite			
Molto falciati / Stark säabelbeining	0	1	2
Falciati / säabelbeining		3	4
Corretti / Korrekt			5
Piuttosto dritti / Steil		6	7
Dritti / Gerade	8	9	10

**$h^2 = 0,13$**

In questo caso, sebbene il valore di ereditabilità sia molto basso, il trend genetico degli indici BLUP AM si presenta leggermente crescente; anche questo carattere quindi sembrerebbe risultare più vantaggioso ai fini del progresso genetico in quanto potrebbe essere di più facile valutazione da parte degli esperti di razza

## Posteriori visti da dietro (POS\_D)

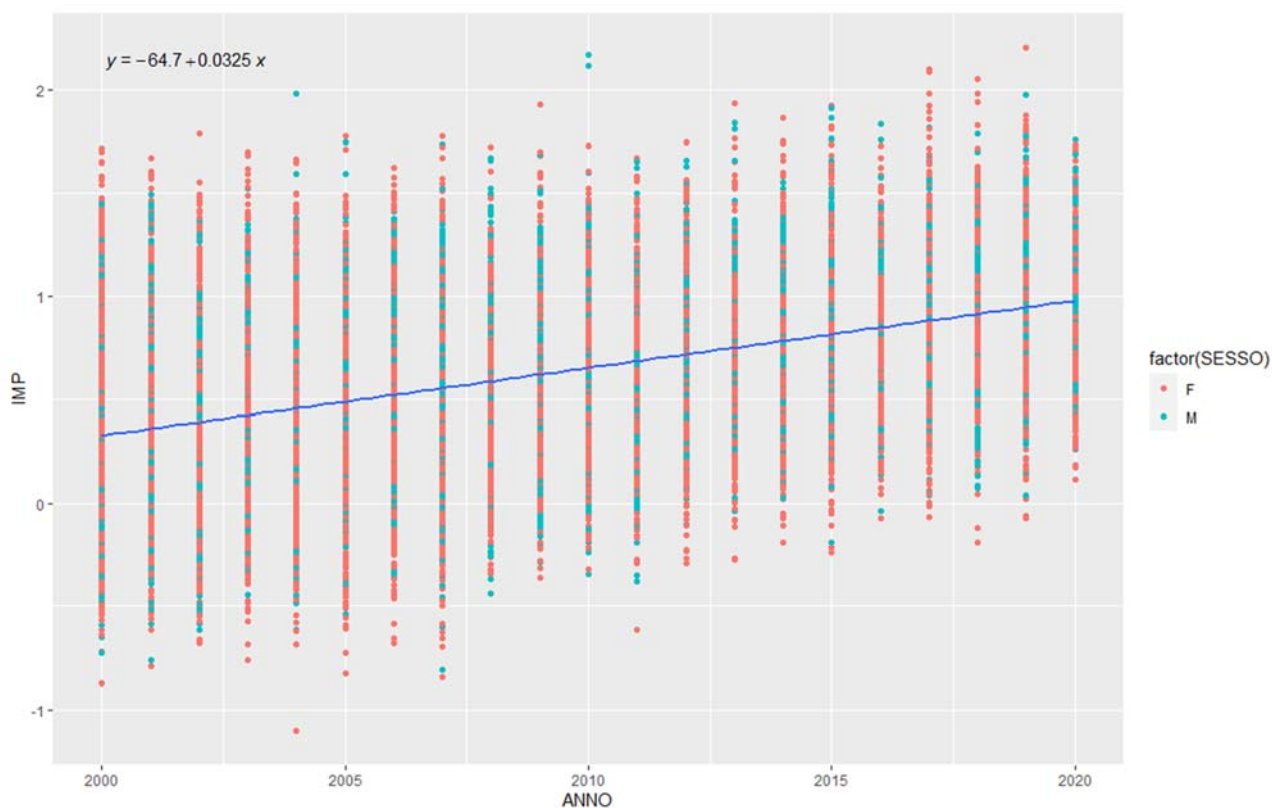


Posteriori visti da dietro					
Hintergliedmaßen von hinten					
Cagnolismo garr.aperti / faßbeining	0	1	2	3	4
Corretti / Korrekt					5
Mancinismo garr.vaccini / Kuhhessing	6	7	8	9	10

$h^2 = 0,15$

Come nei casi precedenti il trend decrescente degli indici BLUP AM indica l'inefficacia della valutazione di questo carattere ai fini del progresso genetico. A differenza del precedente, però, tale trend non è dovuto ad una difficoltà nella valutazione da parte degli esperti di razza, ma al fatto che questo carattere presenta poca variabilità poiché solo nella classe 5 trova animali corretti.

## Impulso (IMP)



ANDATURE / GÄNGE			
Impulso / Schub			
Corte e rilevate / Kurz u.erhaben	0	1	2
Corte e con poco impulso / Kurz mit wenig schub	3	4	
Sufficientemente impulso / Genügend schub			5
Ampie e con sufficiente impulso	6	7	
Raumgreifend mit Genügend schub			
Ampie e con forte impulso	8	9	10
Raumgreifend mit starkem schub			

$h^2 = 0,23$

In questo caso, il trend genetico degli indici BLUP AM si presenta tendenzialmente crescente; anche questo carattere quindi sembrerebbe risultare più vantaggioso ai fini del progresso genetico in quanto potrebbe essere di più facile valutazione da parte degli esperti di razza.



## INDICE TOTALE



$$\text{IND TOT} = 0,2 * \text{ART\_QUAL} + 0,2 * \text{ANT\_F} + 0,2 * \text{POS\_L} + 0,2 * \text{POS\_D} + 0,2 * \text{IMP}$$

L'indice totale presenta comunque un trend leggermente positivo ad evidenziare che forse la selezione di tipo fenotipico dovrebbe essere integrata assolutamente da un indice genetico.



## INDICE TOTALE 2



$$\text{IND TOT} = 0,33 * \text{ANT\_F} + 0,33 * \text{POS\_L} + 0,33 * \text{IMP}$$

Eliminando dalla stima dell'indice totale i caratteri a trend negativo, il coefficiente angolare del trend genetico aumenta (da 0,00456 a 0,0147) il che si traduce in una maggior velocità del progresso genetico.

I risultati dell'analisi genetica hanno rilevato correlazioni fenotipiche e genetiche inconsistenti. Per stilare un indice più efficace, come riportato in letteratura, sarebbe necessario inserire nella sua stima anche un carattere misurabile ad ereditabilità elevata (vedi altezza al garrese); in questo modo caratteri a bassa ereditabilità sarebbero fortemente avvantaggiati nella stima delle correlazioni genetiche e fenotipiche dall'alta ereditabilità del carattere biometrico utilizzato.

Per validare questa tipologia di valutazione lineare e quindi riuscire ad eliminare o a meglio valutare i caratteri più difficili sarebbe necessario che ciascuna esperto valuti almeno due volte lo stesso animale al fine di poter statisticamente testare la ripetibilità dell'esperto e la riproducibilità della metodologia.

## **CARATTERIZZAZIONE GENETICA – RACCOLTA MATERIALE BIOLOGICO**

Come già avvenuto nella prima annualità progettuale, abbiamo proseguito l'attività di raccolta e successiva analisi del DNA di campioni biologici prelevati su soggetti riproduttori della Razza, concentrando l'attività sui soggetti di nuova iscrizione al registro dei riproduttori della razza o su particolari soggetti individuati per l'importanza della linea femminile o maschile, anche in relazione alla biodiversità ed in ultimo anche in relazione all'origine geografica di provenienza del soggetto interessato, al fine di garantire la variabilità di campionamento. In totale sono stati raccolti e sottoposti ad analisi DNA 153 campioni biologici (obbiettivo 150) , sui quali si è proceduto alla estrazione del DNA e contestualmente all'accertamento parentale, producendo per ogni soggetto un certificato di deposito del DNA.

Questi report d'analisi sono stati inoltre informatizzati e hanno permesso la costituzione della "Banca dati dei risultati analisi genetiche", accessibile dal database di ANACRHAI per ogni soggetto interessato. A questo fine è stato implementando il software gestionale GestHaflinger con la stampa dei report del tracciato DNA e la compatibilità dei genitori del soggetto. Questo consente al software di gestire nel database anche le informazioni relative al tracciato DNA, all'esito dell'accertamento parentale e all'eventuale analisi genomica, per costituire così una banca delle informazioni genetiche e genomiche dei soggetti esaminati.

Per quanto riguarda le analisi genomiche si è inoltre provveduto a raccogliere campioni biologici (bulbi piliferi) che sono stati sottoposti ad analisi genomica, per un totale di 56 soggetti caratterizzati (obbiettivo 56) (SNPGPP 65k) nella terza annualità, come previsto dal progetto.

Questi campioni biologici sono stati raccolti, identificati in maniera univoca e stoccati, al fine di permettere il loro futuro impiego.

Per gli stessi cavalli oltre al campione inviato al laboratorio per l'analisi, si è provveduto a raccogliere un secondo campione biologico conservato per future necessità.

## **VERIFICA E CONGRUENZA DEI DATI**

Le procedure operative e le schede di rilevamento dati sviluppate nel corso della terza annualità di progetto, sono state costantemente verificate sia nella fase di impiego operativo in campo in occasione dei rilievi effettuati, sia successivamente attraverso la verifica dei dati durante l'informatizzazione degli stessi e la successiva elaborazione statistica, avvenuta dopo la verifica sulla validità dei dati presenti nel database, individuando per ogni rilevamento biometrico gli estremi minimi e massimi e l'attendibilità del dato rilevato rispetto alla media dei valori.

Si è proceduto alla verifica a campione (oltre il 35% dei rilevamenti fatti) raffrontando il dato rilevato presente sulla scheda redatta dal rilevatore rispetto al dato informatizzato dal personale nel database, al fine di limitare il più possibile la possibilità legata agli errori di digitazione.

Tutti i dati rilevati al Body Condition Score; i dati sanitari; il questionario sulla riproduzione delle fattrici e il rilevamento fenotipico del temperamento e del carattere sono stati archiviati nel software Gesthaflinger

e controllati da parte del personale dell'Ufficio anche durante le valutazioni in campo.

Nell'anno 2022 sono stati organizzati 2 corsi teorico e pratico per i rilevatori, durante le manifestazioni dell'Iscrizione Fattrici della Provincia di Bolzano a Egna (BZ) e Durante il Campionato Nazionale Puledri a Travagliato (BS), al fine di uniformare i dati raccolti dai rilevatori. La parte pratica si è incentrata in particolare sulle nuove caratterizzazioni che sono poi state oggetto di rilevamento pratico, sui cavalli presenti alle Mostre / Rassegne.

Nell'incontri di standardizzazione e aggiornamento degli Ispettori di Razza, abbiamo rivisto le procedure di rilevamento e si sono tenute attività di formazione tecnica sui rilevamenti fenotipici legati al progetto, al fine di uniformare i criteri di giudizio e misurazione da parte dei rilevatori. Successivamente si è dato ampio spazio alla parte pratica svolta sui cavalli Haflinger maschi e femmine presenti, dove i tecnici hanno esaminato e relazionato con i colleghi le scelte fatte per l'assegnazione dei punteggi sul Body Condition Score e sul rilevamento Fenotipico del carattere al fine di rilevare nel modo più corretto possibile i punteggi da riportare sulle schede ufficiali dei PSRN (Questionario Sanitario – Body Condition Score e Rilevamento fenotipico del Carattere). L'attività ha avuto, come principale obiettivo, quello di verificare la ripetibilità e l'omogeneità di rilevamento da parte dei diversi Ispettori/Rilevatori.

Si è proceduto ad un'analisi statistica dei dati dei singoli rilevatori, che sono stati confrontati per evidenziare l'omogeneità dei dati raccolti.

Sono state anche implementate funzioni di verifica autonoma da parte del software Gesthaflinger di gestione del database, al fine di scongiurare il rischio di inserimento di dati non corretti. Infatti non sarà più possibile da parte dell'operatore lasciare un campo incompleto o con un valore fuori dai parametri stabiliti.

## **ELABORAZIONE INFORMAZIONI RACCOLTE E AZIONI DI ACCOMPAGNAMENTO**

La procedura software gestionale e il database sono stati oggetto di implementazione con numerose funzionalità al fine di permettere l'informatizzazione dei dati raccolti in un unico database contenete anche i dati del Libro Genealogico implementando sia i Report sia le query di aggiornamento e di controllo sull'immissione dei dati. Il lavoro di sviluppo del software è continuo e riguarderà l'intera durata del progetto.

E' stato aggiornato il nuovo Server acquistato lo scorso anno per garantire una maggior efficienza produttiva e consentire il back-up di tutti i dati dei computer dei dipendenti dell'ufficio. Oltre a questo il Server ha la funzione di: gestione centralizzata dell'e-mail; condivisione programmi gestionali e relativi database; consentire una connettività consolidata a Internet; monitoraggio dell'accesso remoto; supporto per i dispositivi portatili; la condivisione di file e stampanti e le funzioni di backup e ripristino.

Tutte le informazioni raccolte e rilevate relative al progetto, sono state informatizzate e gli originali archiviati per successive verifiche.

Circa la disseminazione delle informazioni, sono state realizzate molte pubblicazioni on line e su riviste di settore. Sono stati organizzati diversi incontri di presentazione del progetto nel contesto di eventi allevatoriali, fiere o riunioni di settore (evidenze su allegato 5 rendicontazione).

E' stato prodotto materiale informativo che è stato distribuito in occasione , Raduni, Rassegne. Le evidenze della partecipazione sono verificabili sul sito [www.haflinger.it](http://www.haflinger.it). Il sito internet è stato aggiornato sia da un punto di vista grafico che a livello di contenuti e database. È stato aggiornato, come di consueto, il software per il calcolo della Consanguineità e l'archivio anagrafico del Cavallo Haflinger, reperibile da tutti gli allevatori per confrontare qualsiasi dato dell'equide a livello genealogico e genetico. Una nuova veste che da evidenza del progetto che rende la documentazione prodotta disponibile per chiunque fosse interessato a conoscere i dati del Progetto stesso.

www.reteservizi.it/CONSANG... — □ ×

Non sicuro | reteservizi.it/CONSANGLINEI Riduci a icona

# HAFLINGER ITALIA




**\* Verifica Consanguineità \***

**Codice Fattrice**  
**bz22957**

**Stallone**  
SCARABEO JUNIOR - Z > BG11678

**VERIFICA**

**Consanguineità:**  
**20,66 %**

A. N. A. C. R. H. A. I.  
ITALIA ASSOCIAZIONE PER  
L'ALLEVAMENTO E LA  
CONSERVAZIONE DELLA RAZZA  
HAFLINGER  
www.haflinger.it - P. 0423 450000/111999

Nel nuovo sito nell'area EQUINBIO.2, è possibile inoltre utilizzare un software da noi sviluppato che permette di calcolare e simulare l'accoppiamento di uno stallone e una fattrice, ricevendo l'indicazione circa la percentuale di consanguineità del nascituro. Per poter produrre questo strumento è stato necessario calcolare la consanguineità di tutti i possibili accoppiamenti tra gli stalloni e le fattrici viventi, per un totale di oltre 3.000.000 consanguineità calcolate.

ANAGRAFICA SOGGETTI | Gestione Utenti Webhaffinger

graficaSoggetti

CODICE:  NOME SOGGETTO:   Iniziale  Ovunque

SESSO:  MICROCHIP:  Righe per pagina:

ANNO NASCITA:   uguale  uguale o maggiore  [direzione@hafflinger.it](mailto:direzione@hafflinger.it)

**Pagina: 1 di: 9**

**ELENCO SOGGETTI n.84**

➤ ➤➤

Mostra	Codice	Microchip	Nome	Sesso	Data Nascita	Nome Stallone	Nome Fattrice	Nome Allevatore	Cognome Allevatore
	CO10958		MARA	F	20/05/1986	ACHILLE DI F/NA	BNEDDY	FRANCO	CAPRANI
	PT10864	222049622F	MARA	F	13/01/1986	ARNO DI F/NA	ZARA	S.p.a.	AZ.AGR."EUROPA METALLI L.M.I."
	TN11038		MARA	F	12/05/1986	BABA` DI F/NA	ALBA	ERNESTO	BRESCIANI
	GR10910		MARA	F	06/04/1986	DOLLARO DI F/NA	ROSA II		C.A.F.C.A.
	GR10922		MARA	F	02/07/1986	DOLLARO DI F/NA	DERIVA		C.A.F.C.A.
	TV10836		MARA	F	28/04/1986	ERCOLANO DI F/NA	C-CILIA	MANFREDO	AMM/NE COLLALTO di COLLALTO
	FI11088	1F075B6C13	MARA	F	09/05/1986	VULCANO DI F/NA	ZEISL		C.O.F.A.T.R.
	TN11003		MARA	F	05/05/1986	STRONG	GIANNA	MARIO	TURRA
	PV10920		MARA	F	18/04/1986	SADIK (SIMULAUN)	EDELWEISS	GIUSEPPE	LAZZATI
	CO10981		MARA	F	06/05/1986	NEARCO	LISAE	ADELAIDE	GALLI

➤ ➤➤

**Pagina: 1 di: 9**

# CAVALLO NORICO (NORIKER)

## NORICO: ANALISI E CONTROLLO DEL PEDIGREE E CALCOLO INDICI GENETICI BIOMETRICI

Per l'analisi del pedigree del cavallo Noriker fornito dall'Associazione Nazionale Allevatori del Cavallo di Razza Haflinger Italia - ANACRHA, i ricercatori del Centro di Ricerca sul Cavallo Sportivo - CRCS hanno progettato e realizzato appositi software "home-made" che hanno consentito la verifica delle informazioni provvedendo anche ad una verifica tramite il confronto con gli archivi del Centro di Ricerca stesso. Tali software hanno permesso di verificare il database per eventuale presenza di errori la cui correzione risulterebbe necessaria per la prosecuzione delle analisi di pedigree

Il database fornito dalla associazione di razza era costituito da 8133 record, organizzati nei seguenti campi:

- |                    |                     |                          |
|--------------------|---------------------|--------------------------|
| 1. Contatore       | 27. DATA_ATTUA      | 53. FlgEsportato         |
| 2. nProtocollo     | 28. PERC_ARABO      | 54. DataEsportazione     |
| 3. COD_SOGGET      | 29. FlgAraboManuale | 55. FlgEsportatoBDE      |
| 4. MICROCHIP       | 30. STATO           | 56. FlgVariatoBDE        |
| 5. Microchip2      | 31. DATA_TE_PA      | 57. FlgRespintoBDE       |
| 6. NOME            | 32. ESITO_TE        | 58. FlgVariatoDopoPopBDE |
| 7. COD_ALLEV       | 33. EXSOGGETTO      | 59. FlgInviareANAFase1   |
| 8. CODICEDETENTORE | 34. DTINVIO         | 60. FlgInviareANAFase2   |
| 9. DATA_NASCI      | 35. DTRICEZ         | 61. RegistroId           |
| 10. StatoNascita   | 36. MANTELLO        | 62. FlgEliteRiproduzione |
| 11. SESSO          | 37. Testa           | 63. FlgEliteSport        |
| 12. PassaportoBDE  | 38. AntSX           | 64. FlgEliteMedaglia     |
| 13. IMT            | 39. AntDX           | 65. CodiceRazza          |
| 14. DATA_IMT       | 40. PostSX          | 66. CODUELN              |
| 15. IMPTP          | 41. PostDX          | 67. DataPassBDE          |
| 16. DATA_IMTP      | 42. Annotazioni     | 68. DataVendita          |
| 17. DATA_TE_EM     | 43. COD_ISPETT      | 69. Causa                |
| 18. ESI_TE         | 44. NOMEISPE        | 70. Sezione              |
| 19. COD_STALLO     | 45. DESTINATO       | 71. Abilitazione         |
| 20. AraboPadre     | 46. FlgDPADefault   | 72. Codice_Denuncia      |
| 21. COD_FATTRI     | 47. UTENTE          | 73. Capo_Id              |
| 22. AraboMadre     | 48. DTDESTINA       | 74. PerformanceTestVal   |
| 23. DATA_MARCH     | 49. NOISCRITTO      | 75. Rual_ValFi           |
| 24. ISCRIZIONE     | 50. Esclusioni      | 76. Flgimportatobdn      |
| 25. LINEA_SANG     | 51. Modificato      |                          |
| 26. PROP_ATTUA     | 52. DataModifica    |                          |

Attraverso questi software, appositamente progettati, è stata effettuata, dopo una serie di controlli logici, la ri-numerazione dei soggetti da 1 a 8133, in maniera tale che tutti potessero essere identificati univocamente e, al contempo, venissero riorganizzati secondo una logica “temporale”, che consentisse al soggetto più anziano di essere associato ad un numero univoco più basso mentre i suoi figli ad numero sempre maggiore. Il software analizza le “triplette” (soggetto, padre, madre) utilizzando il codice alfanumerico identificativo del soggetto, quello dello stallone e della fattrice. I controlli logici effettuati dal software, tengono conto di alcuni aspetti genetici e fisiologici correlati all’animale e interessano i seguenti ambiti:

- controlli dell’auto-discendenza: mediante un apposito algoritmo, il programma è in grado di controllare che nessun animale di una genealogia abbia come antenato se stesso nel proprio albero;
- controlli del sesso: se un animale compare in due punti di un albero genealogico, esso deve sempre avere lo stesso sesso; l’algoritmo che esegue questo controllo sfrutta la collocazione dei maschi nelle posizioni “pari” (superiori) e delle femmine nelle posizioni “dispari” (inferiori) dell’albero genealogico;
- controlli delle triplete: un algoritmo controlla che un animale, presente in un albero genealogico in più di una posizione, abbia dietro di sé sempre la stessa genealogia; in altre parole, l’animale “figlio” che compare in più posizioni dell’albero deve formare sempre la medesima “tripletta” con i propri genitori;
- se un animale che compare in più punti dello stesso albero genealogico ha dietro di sé una genealogia di differente lunghezza, l’algoritmo completa automaticamente la o le generazioni che sono deducibili da altre posizioni.

**Tali software hanno permesso di appurare che gli errori individuati nel precedente step del PSRN e le loro soluzioni segnalate all’Associazione di razza sono stati correttamente implementate.**

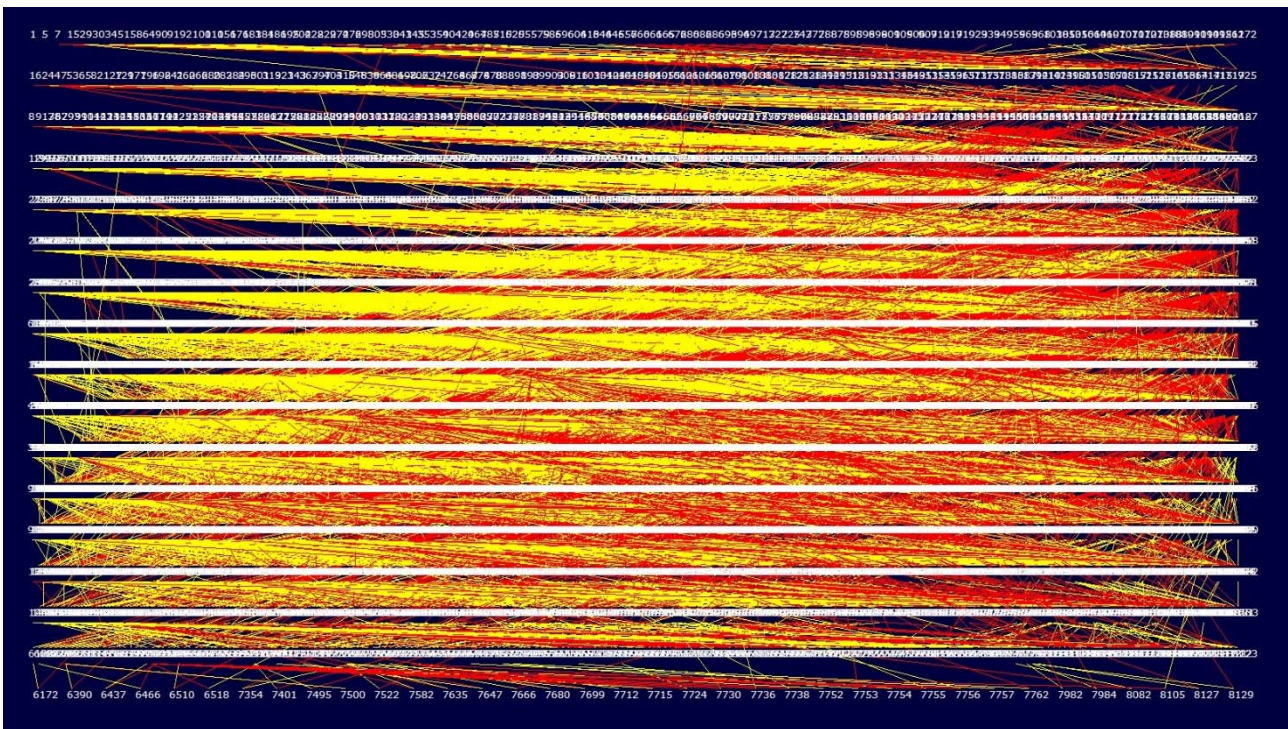
**Si raccomanda tuttavia la correzione dei seguenti problemi:**

- Animale 14.978 SUSI-ARABELLA controllare la data di nascita



- NA004/98\* è stato rinominato in NA004/98\*CRCS poiché il carattere “\*” non risulta leggibile da software informatici in quanto “carattere dedicato”;
- È necessario annullare gli spazi superflui nella formattazione dei campi del database

Sotto riportata la struttura completa del pedigree raffigurante l'intero albero genealogico con alcune informazioni relative ai singoli soggetti.



Il pedigree verificato risulta composto da un totale di **8133** soggetti, 1721 maschi e 6412 femmine. Risultano 1284 padri ignoti e 1291 madri ignote.

Successivamente è stato generato un file di statistiche relative al pedigree “ricodificato” che riporta le seguenti informazioni:

- *number of records in file*, ovvero il numero di soggetti di cui abbiamo inizialmente fornito la tripletta;
- *number of unlisted fathers*, il numero di padri che non sono riportati nella lista delle triplette dei soggetti;

- *number of unlisted mothers*, il numero delle madri che non sono riportate nella lista delle triplete dei soggetti;
- *total number of fathers*, il numero totale dei padri;
- *total number of mothers*, il numero totale delle madri;
- *maximum paternal family size*, la dimensione massima della famiglia paterna;
- *maximum maternal family size*, la dimensione massima della famiglia materna;
- *total number of individuals*, il numero totale degli individui;

Number of records in file	8133
Number of unlisted fathers	0
Number of unlisted mothers	0
Total number of fathers	1191
Total number of mothers	4955
Maximum paternal family size	60
Maximum maternal family size	9
Total number of individuals	8133

### **Andamento della consanguineità nel Noriker**

I ricercatori del CRCS attraverso il software descritto hanno calcolato i coefficienti di consanguineità individuale (F) (Wright, 1931). Il parametro F, definito come la probabilità che un individuo abbia due alleli identici per discendenza, viene calcolato secondo la formula di Meuwissen e Luo (1992) che, avvalendosi di un algoritmo di tipo tradizionale, consente di stimare valori di *inbreeding* individuali attribuendo ai soggetti a genealogia ignota un valore di consanguineità pari a 0.

Il coefficiente medio di consanguineità F della popolazione Noriker risulta essere dello 0,97%. (+0,03% rispetto al precedente anno) Tale valore è contenuto ed in linea con quello di alcune popolazioni Italiane come l'Anglo-Arabo Sardo dove è pari al 1,20%, e vicino al Maremmano che registra un valore pari a 2,94%.

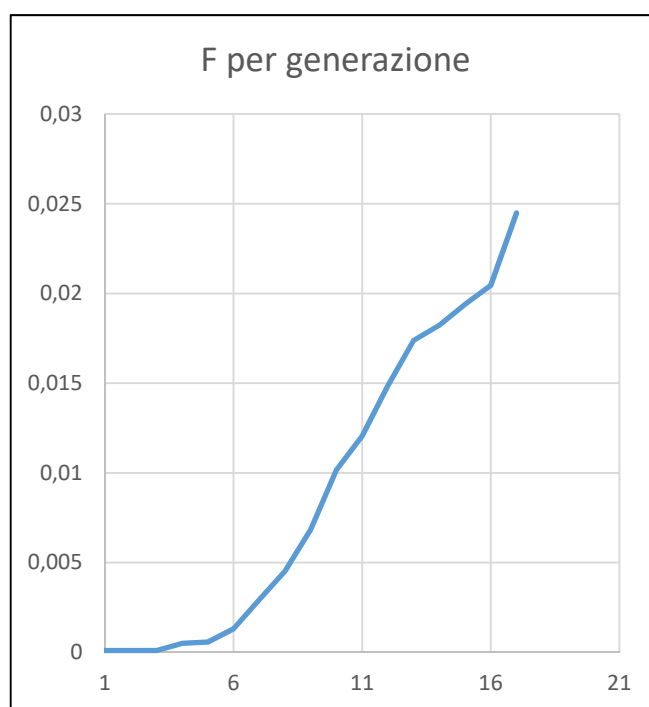
Si ricorda che tale valore, dipende fortemente dalla completezza e dalla qualità del pedigree, in quanto esiste una correlazione positiva tra i due parametri (Valera et al., 2005; Druml et al., 2009, Giontella et. al. 2020).

FIELD	# Records	Mean	Min	Max
Inbreeding	8133	0.009664491	0	0.30962

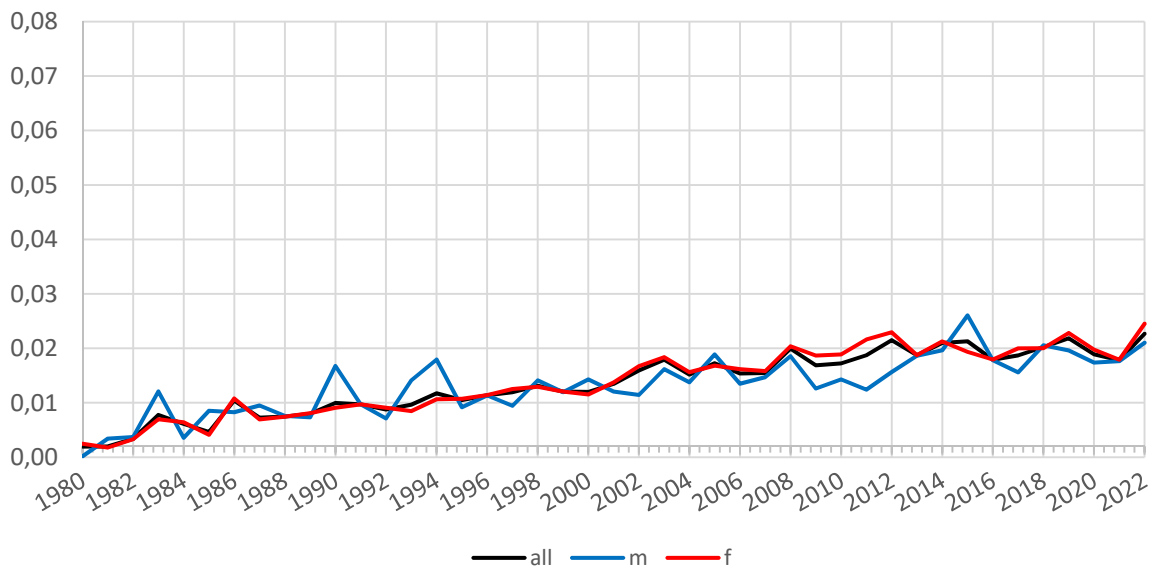
La consanguineità massima riscontrata è del 30,9% mentre il numero di animali inbreed è di 4521

Sotto riportato il numero totale degli individui e il tasso di consanguineità media per ciascuna generazione

Means by tier:		
TIER	INDIVIDUALS	Inbreeding
1	97	0
2	99	0
3	185	0
4	253	0.0004940712
5	387	0.0005652455
6	519	0.001309537
7	604	0.002936093
8	720	0.004528278
9	793	0.006839003
10	830	0.01016269
11	884	0.01205918
12	841	0.0148502
13	727	0.01738406
14	584	0.01822988
15	350	0.01940046
16	224	0.02044933
17	36	0.02448028



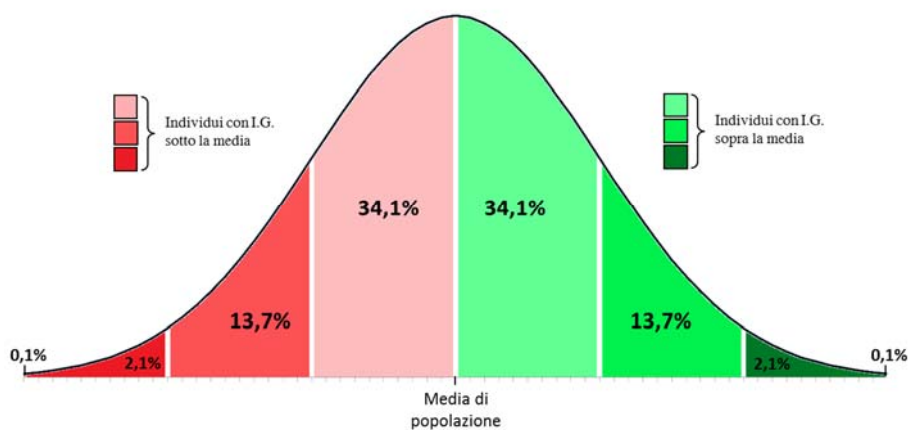
### Andamento della consanguineità per anno di nascita 1980-2022



Andamento dei coefficienti di consanguineità medi per anno di nascita nella popolazione Noriker dal 1980 al 2022.

### Indici Biometrici

L'Indice Genetico è una stima del valore genetico di un animale rispetto alla media della popolazione per il carattere preso in esame.



***Il 68,2% della popolazione ha Indice Genetico intorno alla media***

Sul fenotipo di un carattere che un animale presenta (ad esempio, l'altezza al garrese) agiscono sia dei fattori genetici che dei fattori ambientali (come sesso, alimentazione, età). La variabilità dei genotipi degli animali e la variabilità dei fattori ambientali determinano la variabilità complessiva del carattere che noi osserviamo. A seconda del carattere considerato, la variabilità può dipendere più da differenze genetiche che ambientali. Poiché, diversamente dagli effetti

ambientali, alcuni degli effetti genetici si trasmettono da genitore a figlio, è possibile, attraverso appositi calcoli, determinare la percentuale della *variabilità del carattere* (varianza fenotipica) che dipende dalla variabilità genetica: tale valore prende il nome di “**ereditabilità**” ( $h^2$ ).

Se le osservazioni vengono pre-aggiustate per gli effetti ambientali si ottengono indici di selezione di tipo BLP (Best Linear Predictor, ovvero stimatori lineari che minimizzano la varianza d'errore) ma, se il pre-aggiustamento non è corretto, possono essere distorti. Se invece, accettando una maggiore complessità di calcolo, gli effetti ambientali sono calcolati contemporaneamente alle stime dei valori genetici, si ottengono i ben noti indici BLUP (*Best* cioè migliore perché minimizza la varianza d'errore, *Linear* perché ricavato con un modello matematico di tipo lineare, *Unbiased* cioè corretto e non distorto e *Prediction* che è la previsione della stima più accurata del merito genetico dell'animale). Per poter calcolare gli Indici Genetici BLUP, oltre ai fenotipi, alle genealogie ed agli effetti ambientali che si vogliono pre-aggiustare o stimare, occorre conoscere anche parametri genetici quali l'ereditabilità, la ripetibilità (se il carattere che interessa, come nel caso dei risultati agonistici in carriera di un cavallo da sella, può essere espresso più volte nel corso della vita dell'animale) e, **se si vuole stimare contemporaneamente il valore genetico per più caratteri in un "Multiple Trait" BLUP - AM (come nel caso delle valutazioni morfologiche) e le loro correlazioni genetiche ed ambientali.**

Gli indici ricavati dal BLUP-AM consentono di dare risposta al quesito di quanto, in più o in meno, un soggetto si discosta dalla media della popolazione.

La precisione dell'indice Genetico BLUP-AM dipende dal numero di parenti (ascendenti, collaterali e discendenti) di un soggetto e quindi il valore è attendibile specialmente negli stalloni che hanno già prodotto molta progenie. Per capire il vantaggio che un Indice Genetico presenta rispetto alla semplice misurazione, poniamo il caso che uno stallone, potenzialmente molto alto, sia invece andato incontro ad un ridotto sviluppo a causa di fattori di natura ambientale: attraverso le misure di tutti i suoi parenti e conoscendo l'ereditabilità del carattere "*altezza al garrese*" si riesce a capire che si tratta di uno stallone "*geneticamente alto*" che, pertanto, probabilmente, darà figli più alti della media e anche a capire di quanto i suoi figli saranno in media più alti.

Gli Indici Genetici richiedono una capillare raccolta ed informatizzazione dei dati fenotipici, un'assoluta certezza dell'identificazione degli animali, un'ottima corrispondenza fra dati genealogici e genealogie reali ed infine una fitta rete di parentele. A regime, gli Indici Genetici

consentono valutazioni accurate soprattutto dei riproduttori già in attività e, meglio ancora, dei riproduttori i cui figli sono al contempo valutabili.

L'Associazione Nazionale Allevatori del Cavallo di Razza Haflinger Italia - ANACRHAI, ha fornito al Centro di Ricerca sul Cavallo Sportivo – CRCS un database contenente le misurazioni per altezza al garrese, circonferenza del torace e circonferenza dello stinco di soggetti di razza Norico. Il database era costituito da **924** record, organizzati nei seguenti campi:

1. Cod\_Sogget
2. Nome
3. AltGarrese
4. CircTorace
5. CircStinco
6. Totale
7. TotMedia
8. OldGFSuff
9. OldGFDiscr
10. OldGFBuono
11. OldGFMBuono
12. OldGFOttimo
13. CS
14. CD
15. CB
16. CMB
17. ValFin
18. OldCarTipici
19. OldArmonia
20. OldSviluppo
21. OldImpulso
22. DataVal
23. Specie
24. Cod\_Ispett
25. Sesso
26. Tipicita
27. Testa
28. Collo
29. TrenoAnt
30. Tronco
31. TrenoPost
32. ArtiAnt
33. ArtiPost
34. Andature
35. Meccanica
36. Passo
37. FlgRipunteggio

Tali record sono stati processati attraverso dei software appositamente progettati che hanno evidenziato le sotto riportate problematiche:

- soggetti con misurazioni non presenti o impossibili da ricostruire che sono stati eliminati:

<b>Cod_Sogget</b>	<b>Nome</b>	<b>AltGarrese</b>	<b>CircTorace</b>	<b>CircStinco</b>
985120014367499	PONTE-SARAH	0	0	0
941000011023955	LORA-FICHTE	0	0	0
ND005/95	SCHRABBI 100% SDDKBL	0	0	0
37	SAALHOF-NERO	0	0	0
3082	ESSL-NERO	0	0	0
1454	GRAPHIT-VULKAN	0	0	0
774	LOMBARD-VULKAN	0	0	0
2032	WALD-NERO	0	0	0
NBZ015/04	RAMS-NERO	0	0	0
NA007/08	ORDEN-LAURA	0	0	0
NA008/08	TAROCK-BELLA	0	0	0
153109707	ELEONORA	0	0	0
NA026/02	DORLI 153138602	0	0	0
NBZ011/06	FRAYA	0	0	0
040100000028832	FEE 040005130131509	0	168	22,5
941000015413189	NORDFEE NBZ023/14	0	205	24,5
380271006096819	PIA		200	22

380271006023775	BRANDON	154	0	0
-----------------	---------	-----	---	---

380271001015853	LUSSI	159	197	0
NA022/02	BELLA 153114602	160	196	5

968000002509629	REHBEIN-SARAH 173049	76	172	19
-----------------	----------------------	----	-----	----



- Soggetti che non è stato possibile individuare nel file di pedigree e sono stati eliminati

<b>Cod_Sogget</b>	<b>Nome</b>
173048199	RÃœSSEL-MADY
NA004/05	LORA-KLEA 163035805
143103901	LOTTE
379/2003	TERNO DEI MONTI
040007430036594	GRANDIOS VULKAN XV
985100006933283	
040005531566012	FABRICE 040005531566
NA023/04	MONTANA 153189004
NA015/06	LORE 173150806
NA023/02	STIRN-SPIAG 17303610
40098100389836	PIA
NA021/01	ANKA 163069401

- Soggetti che è stato possibile recuperare e linkare al file di pedigree

380098100625584	RUSSEL MADY 173048199
981100000012218	LORA-KLEA NA004/05 - 163035805
040098100495257	FABRICE 040005531566012
941000011026747	MONTANA NA023/04 - 153189004

- Soggetti recuperati per “refuso palese” (“7” sostituito con “1”)

941000015413204	KRISTA NBZ033/15	765	200	22
040098100360141	HANNAH	745	206	23

Tali soggetti sono stati raggruppati per classi di età così costituite come reperito in bibliografia:

<b>CLASSE ETÀ</b>	<b>n° soggetti</b>
1-2 ANNI	73
3 ANNI ADULTI	532
> 4	286

**Il database finale conteneva 891 record relativi a soggetti Norici** e alle loro misurazioni biometriche relative ad altezza al garrese, circonferenza del torace e dello stinco. Il dataset genealogico, ricavato dal database fornito da ANACRHAI, comprendeva tutte le generazioni di ascendenti, discendenti e collaterali disponibili per un totale complessivo di **8133 soggetti**.

Per ogni carattere misurato (in cm.) vengono fornite le seguenti statistiche descrittive: MEDIA, DEVIAZIONE STANDARD (DS), COEFFICIENTE DI VARIABILITA' (CV), VALORE MINIMO (MIN) e VALORE MASSIMO (MAX) rilevati.

Carattere	Media	DS	CV	Min	Max
ALTEZZA al GARRESE	159,91	3,48	2,19	145,00	174,00

Carattere	Media	DS	CV	Min	Max
CIRCONFERENZA del TORACE	203,43	10,22	5,02	157,00	244,00

Carattere	Media	DS	CV	Min	Max
CIRCONFERENZA dello STINCO	23,13	1,02	4,39	20,00	27,50

Gli indici genetici relativi ai caratteri biometrici sono stati calcolati con un modello BLUP-AM trivariato dove erano presenti gli effetti fissi dell'età (classe d'età con tre livelli) e del sesso (maschio o femmina con 2 livelli) e gli effetti casuali del cavallo e dell'errore.

Per le stime dei parametri genetici sono stati utilizzati i programmi MTDFREML (Boldman *et al.*, 1993) e BLUPF90 (Misztal *et al.*, 2016).

Sotto sono riportate le statistiche descrittive degli **EFFETTI FISSI** utilizzati nel modello:

#### SESSO

LIVELLO	codice	N°	%	Media_ALT	Media_TOR	Media_STI
maschi	1	81	9,09	162,05	202,86	24,32
femmine	2	810	90,91	159,70	203,48	23,01

#### ETÀ

LIVELLO	codice	N°	%	Media_ALT	Media_TOR	Media_STI
Classe_1	1	73	8,19	159,99	202,62	23,49
Classe_2	2	531	59,60	159,94	202,74	23,03

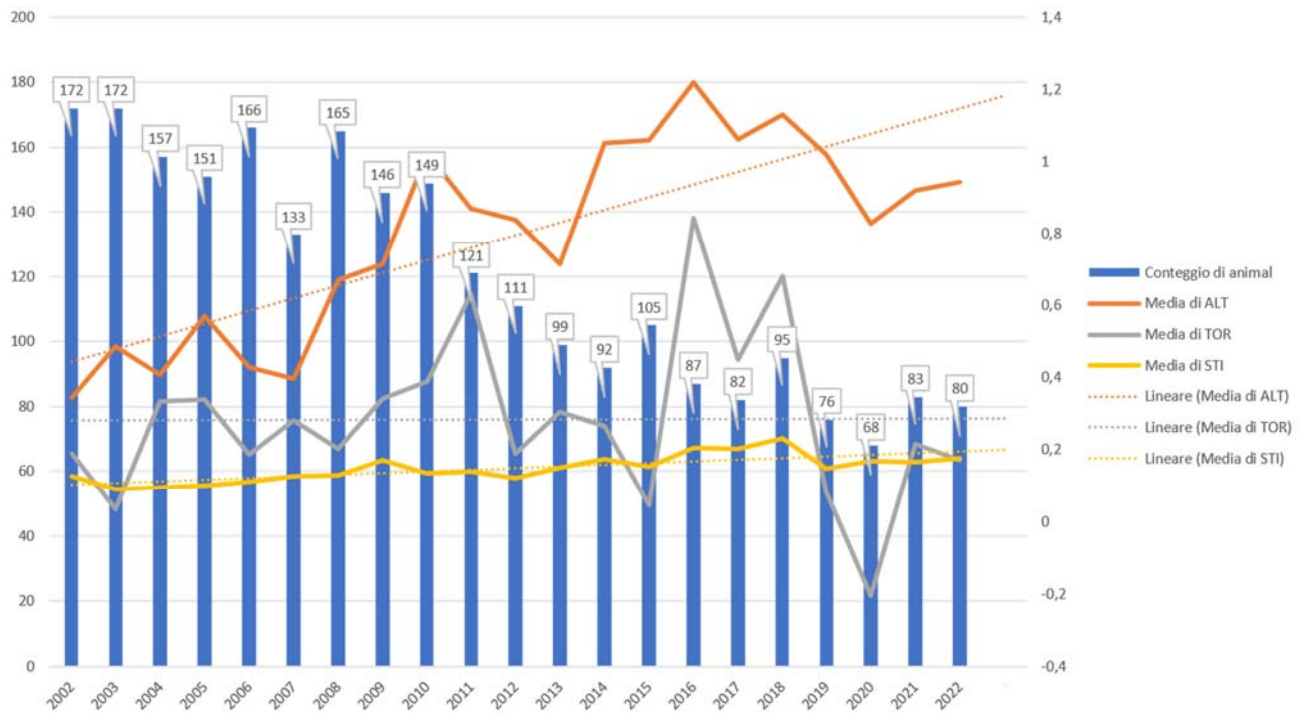
Classe_3	3	287	32,21	159,84	204,91	23,21
----------	---	-----	-------	--------	--------	-------

Nella tabella successiva vengono riportati sulla diagonale i valori di ereditabilità e le correlazioni genetiche, sopra la diagonale, relative ai caratteri oggetto di valutazione genetica della razza Norico.

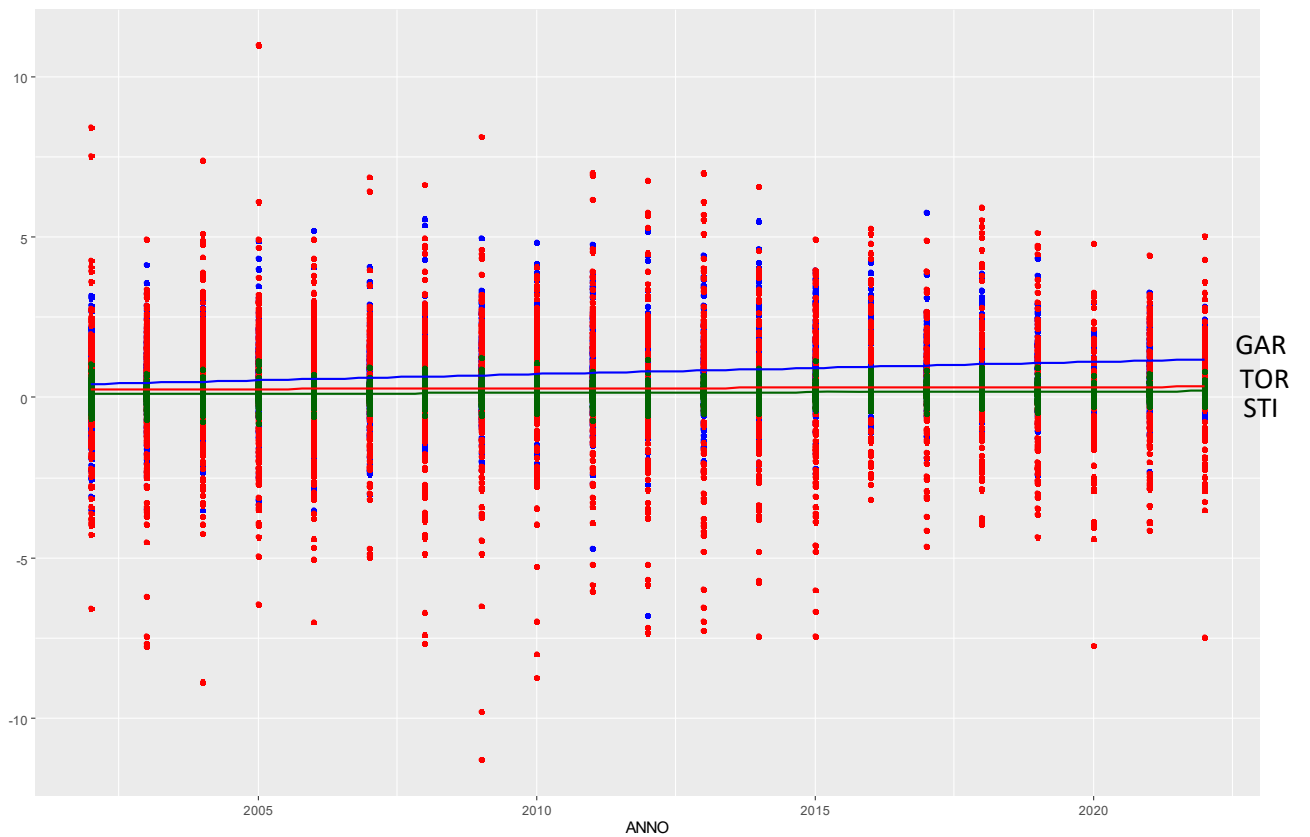
	ALTEZZA GARRESE	CIRC. del TORACE	CIRC. dello STINCO
ALTEZZA GARRESE	0,64 ± 0.08	0,71 ± 0.7	0,58 ± 0.29
CIRC. del TORACE		0,21 ± 0.07	0,67 ± 0.7
CIRC. dello STINCO			0,20±0.08

Il *Multiple Trait* è un modello con più caratteri che tiene conto del legame esistente tra i tre parametri stimati. Ciò significa che, ad esempio, nel calcolo dell'indice ALTEZZA GARRESE si è tenuto conto delle informazioni disponibili per la CIRC. del TORACE e per la CIRC. dello STINCO, questo costituisce un vantaggio per due motivi principali: gli indici genetici sono più accurati e **possono essere aggregati tra loro in un unico indice genetico finale, dove ciascun carattere contribuirà nella selezione secondo le necessità stabilite dall'Associazione di razza.**

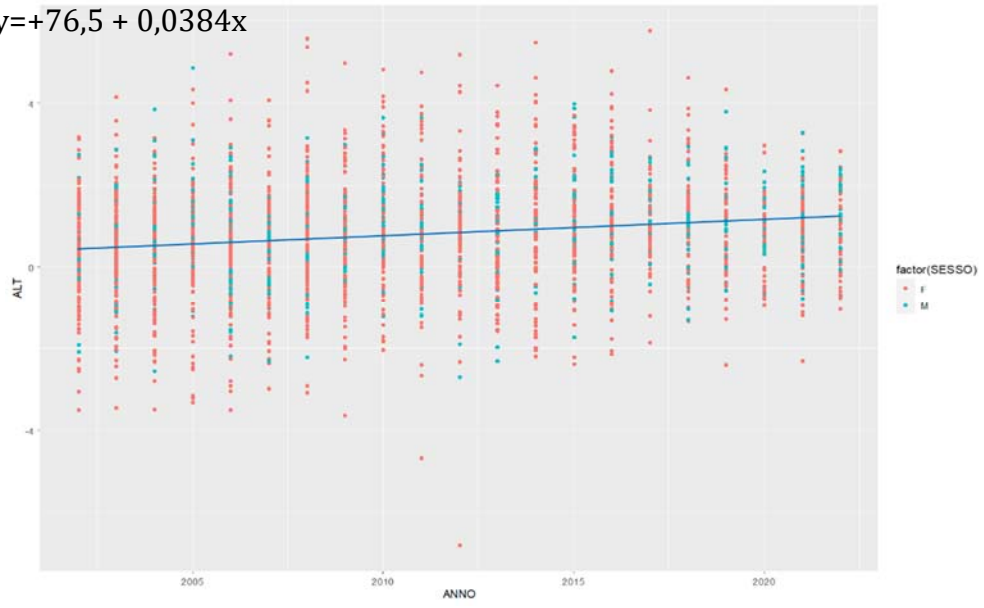
Valore genetico medio dei soggetti raggruppati per anno e loro consistenza per i tre caratteri considerati



Indici genetici per anno di nascita e sesso e trend genetici di ciascun carattere.



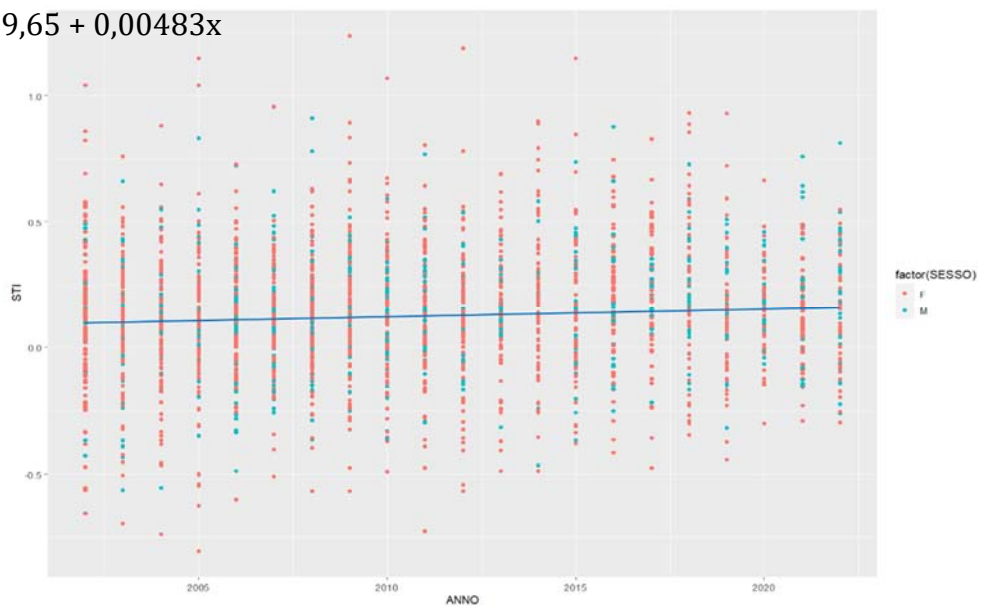
ALTEZZA  $y=+76,5 + 0,0384x$



TORACE  $y=+8,26 + 0,00425x$



STINCO  $y=-9,65 + 0,00483x$



Come si evince dai grafici, l'altezza al garrese, più ereditabile (0,64) mostra un maggiore progresso genetico mentre TORACE e STINCO con ereditabilità più basse (0,21 e 0,24 rispettivamente) mostrano un trend genetico quasi nullo che fa presagire quindi che la esclusiva selezione massale per i caratteri a bassa ereditabilità rende inefficace qualsiasi piano selettivo basato esclusivamente sul fenotipo. Pertanto, per il futuro, vista la buona quantità e qualità dei dati a disposizione e la completezza e correttezza del pedigree si consiglia fortemente il ricorso ad un indice genetico BLUP AM MT per garantire al piano selettivo un progresso genetico più veloce.

### **INDICI GENETICI BIOMETRICI – INDICI DI PEDIGREE**

Utilizzando le parentele esistenti fra tutti i 8133 soggetti compresi nell'albero genealogico della razza, è stato possibile calcolare l'ereditabilità dell'altezza al garrese (64%), della circonferenza toracica (21%), della circonferenza dello stinco (20%) e un Indice genetico biometrico, attraverso la metodologia BLUP- AM.

Il Centro di Ricerca sul Cavallo Sportivo ha preparato un tabulato (**ALLEGATO 1**), che potrà essere aggiornato annualmente, con gli Indici Genetici biometrici per altezza al garrese, circonferenza del torace e circonferenza dello stinco, l'accuratezza della stima ( $r_{TI}$ ) e relativo coefficiente di consanguineità (F) per ogni animale.

Conoscendo la media per ciascun carattere, che rispetto ai dati forniti corrisponde a:

- 159,914 cm per l'altezza al garrese
- 203,428 cm per la circonferenza del torace
- 23,126 cm per la circonferenza dello stinco

e disponendo di Indici Genetici biometrici dello stallone e fattrice, è possibile prevedere il valore medio di questi caratteri nei figli generati dal loro accoppiamento tenendo conto anche del sesso del nascituro.

Infatti una volta calcolato l'indice Genetico di pedigree del prodotto (che è la media degli Indici genetici biometrici dei genitori) e sommatogli il valore medio della popolazione, si ricava il dato biometrico atteso per un figlio maschio mentre per ottenere i valori di una figlia femmina occorre sottrarre i fattori di correzione (ricavati sulla base degli effetti ambientali) che sono:

- 2,331 per l'altezza al garrese
- 0,665 per la circonferenza del torace

- 1,03 per la circonferenza dello stinco

Si supponga di accoppiare lo stallone NERO con la fattrice PELLA 040006730014418

ID_seq	Cod_soggetto	nome	Anno nascita	sesso	consanguineità
7614	380271006110050	NERO	2019	<b>M</b>	0,02
6271	040006730014418	PELLA 040006730014418	2018	<b>F</b>	0,02

Con i seguenti indici genetici biometrici e rispettive accuratze:

ID_seq	nome	Ind_ALT	ACC_ALT	Ind_TOR	ACC_TOR	Ind_STI	ACC_STI
7614	NERO	1,124	0,9	-0,012	0,77	-1,408	0,78
6271	PELLA 040006730014418	5,357	0,9	3,333	0,76	-2,785	0,77

questi sono i valori attesi per un figlio maschio:  $((IND\_STALLONE + IND\_FATTRICE)/2) + MEDIA\ CARATTERE$

ALTEZZA al GARRESE	$\frac{1,124 + 5,357}{2} + 159,914 = 163,155\ cm$
CIRCONFERENZA del TORACE	$\frac{-0,012 + 3,333}{2} + 203,428 = 205,088\ cm$
CIRCONFERENZA dello STINCO	$\frac{-1,408 + (-2,785)}{2} + 23,126 = 21,201\ cm$

questi quelli per una figlia femmina: VAL\_ATT\_FIGLIO MASCHIO - FATTORE CORREZIONE

ALTEZZA al GARRESE	$163,155 - 2,331 = 160,823\ cm$
CIRCONFERENZA del TORACE	$205,088 - 0,665 = 204,423\ cm$
CIRCONFERENZA dello STINCO	$21,201 - 1,03 = 20,171\ cm$

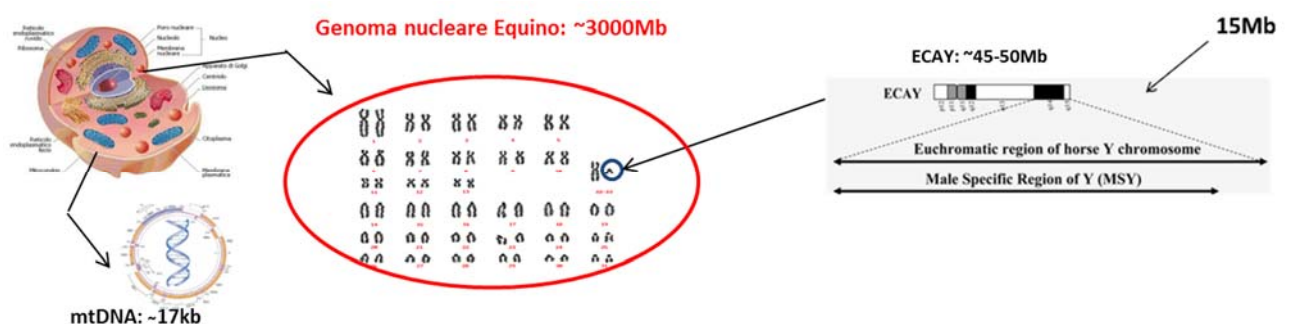
**N. B. l'accuratezza della stima sarà notevolmente inferiore.**

## Analisi DNA Mitochondriale NORICO

Nei mammiferi esistono due unici sistemi genetici non ricombinanti: il DNA mitocondriale (mtDNA), genoma extranucleare trasmesso solo per via materna, e la regione maschio-specifica del cromosoma Y (MSY). I marcatori uniparentali sono sistemi genetici ereditati senza andare incontro a fenomeni di ricombinazione, per questo motivo le variazioni nella sequenza mitocondriale e del cromosoma Y derivano soltanto dall'accumulo sequenziale di nuove mutazioni lungo linee di discendenza esclusivamente femminili (per l'mtDNA) o maschili (per l'MSY).

Nel tempo questo processo di differenziamento molecolare ha dato origine ad unità monofiletiche, chiamate cladi, o aplogruppi (HG), cioè gruppi di mtDNA o MSY che condividono una simile combinazione di mutazioni (aplotipo, HT) derivata per discesa da un antenato comune femminile o maschile, rispettivamente. Mappando queste linee genetiche nel tempo e nello spazio (approccio "filogeografico") è possibile ricostruire la storia demografica delle diverse popolazioni, definendone origine, espansione e modelli di dispersione. Nel caso degli animali domestici è possibile identificare sia le aree e le modalità di domesticazione, che i processi di formazione e diffusione delle attuali razze. Nell'ultimo decennio è stata definita la filogenesi mitocondriale del cavallo che ha permesso di individuare i maggiori aplogruppi che ebbero un ruolo nel processo di domesticazione (Achilli et al. 2012). In particolare, alcuni studi si sono concentrati sull'analisi della variabilità del DNA mitocondriale e del cromosoma Y (ChrY) di razze locali Italiane (Cardinali et al. 2016; Giontella et al. 2020; Lancioni et al. 2020), evidenziando importanti peculiarità che sembrano non aver subito l'influenza delle razze utilizzate per il miglioramento genetico nel corso della storia.

Il DNA mitocondriale equino è lungo 16,660 bp (paia di basi), di cui il 68% è codificante per proteine; la regione MSY equina invece è di circa 15Mb (Fig. 1).



**Figura 1.** Rappresentazione schematica del genoma nucleare e mitocondriale del cavallo.

Il DNA di 65 esemplari Norici è stato raccolto ed estratto presso il Dipartimento di Medicina Veterinaria dell'Università di Perugia (Centro di Ricerca sul Cavallo Sportivo). Le analisi del DNA mitocondriale sono



state svolte presso il laboratorio di Genetica di Popolazione ed Evoluzione Molecolare (Dipartimento di Chimica, Biologia e Biotecnologie dell'Università di Perugia) di cui fanno parte la Prof. Hovirag Lancioni (responsabile dell'unità di ricerca) e la Dott.ssa Irene Cardinali.

Lo studio ha previsto le seguenti fasi:

1. Estrazione del DNA da sangue.
2. Amplificazione PCR della regione di controllo del DNA mitocondriale (D-loop), che si estende dalla posizione nucleotidica 15469 alla 16660 e di 3 loci del ChrY.
3. Sequenziamento Sanger di circa 600bp del D-loop e di circa 1000bp della regione MSY.
4. Annotazione delle mutazioni rispetto ad una sequenza di riferimento e classificazione dei vari aplotipi in aplogruppi sulla base delle mutazioni condivise.

Come si evince dalla tabella 1, tra i 65 campioni analizzati sono stati individuati ben 36 aplotipi differenti (HT01-HT36). I campioni sono poi stati raggruppati in aplogruppi e, facendo riferimento alla nomenclatura pubblicata da Achilli et al. 2012, è stato possibile classificare i 65 Norici in 11 aplogruppi (A, B, C, E, G, I, L, M, N, O'P, Q).

**Tabella 1.** Classificazione in aplotipi e aplogruppi mitocondriali dei 65 cavalli Norici.

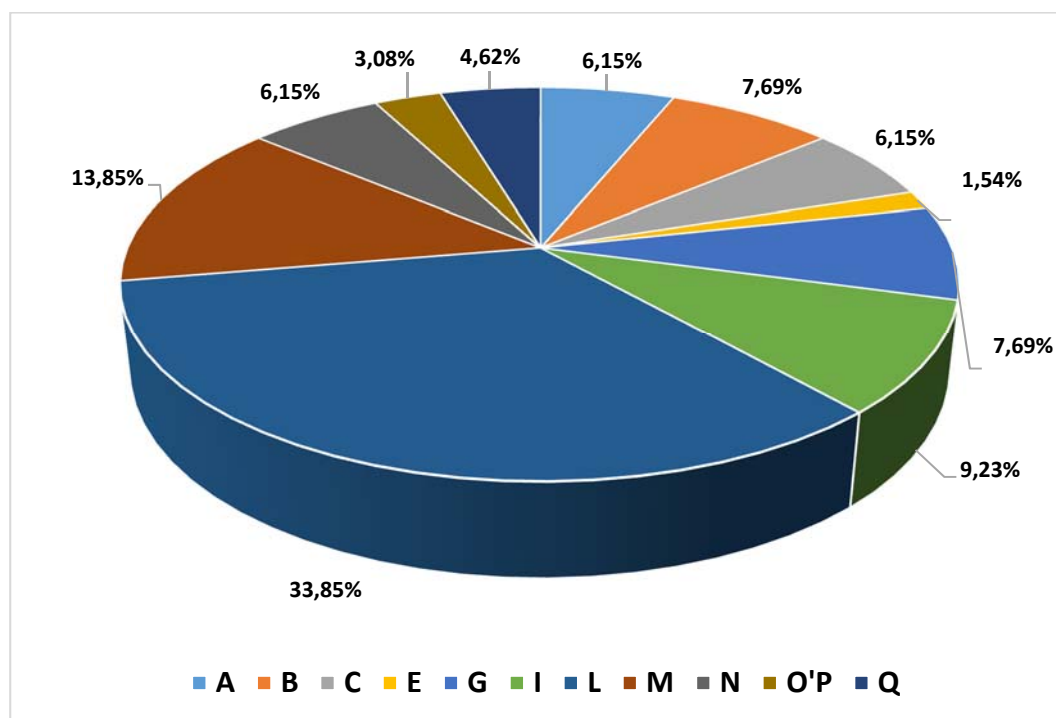
id	Campione	NOME	Sesso	Codice Aplotipo	Aplogruppo
1	NK01	BELLA	F	HT01	L
2	NK02	ELEONORA	F	HT02	I
3	NK03	ERIKA	F	HT03	L
4	NK04	HEIDI 040005531674510	F	HT04	A
5	NK05	HENRY-VULKAN XVIII NBZ019/17	M	HT04	A
6	NK06	ORCHIDE 040012830036313	F	HT05	G
7	NK07	LOTTI-LISA NBZ006/15	F	HT06	L
8	NK08	HUMMEL 50% SDKBL	F	HT07	M
9	NK09	NORA-LEA NBZ024/13	F	HT08	B
10	NK10	NORA 173018508	F	HT09	M
11	NK11	ORCHIDE	F	HT10	L
12	NK12	PLAIN-LAVENDEL 040006730091116	F	HT11	C
13	NK13	RAMONA 040006730026112	F	HT12	I
14	NK14	REBELL-VULKAN NBZ008/07	M	HT13	G
15	NK15	RONNY-VULKAN XVII NBZ028/10	M	HT06	L
16	NK16	RUDI-NERO XIII NBZ026/14	M	HT14	O'P
17	NK17	SELMA 56,25% SDKBL	F	HT15	L

18	NK18	SISI	F	HT15	L
19	NK19	SISSI	F	HT16	N
20	NK20	TANJA NBZ019/07	F	HT17	L
21	NK21	TEDDV-VULKAN XVIII	M	HT17	L
22	NK22	LORI NBZ025/17	F	HT18	B
23	NK23	ELISA-TUFF NBZ024/17	F	HT02	I
24	NK24	SOPHIE 040006730004016	F	HT19	M
25	NK25	NESSI NBZ009/17	F	HT20	E
26	NK26	ERIKA 380271001020894	F	HT03	L
27	NK27	JENNY 040005531712517	F	HT21	B
28	NK28	ROXY NBZ012/17	F	HT22	Q
29	NK29	KOBRA NBZ014/16	F	HT23	I
30	NK30	POLLY NBZ011/17	F	HT19	M
31	NK31	PATTY NBZ010/17	F	HT19	M
32	NK32	CLARINA NBZ008/17	F	HT17	L
33	NK33	JASMIENE 040005531624517	F	HT03	L
34	NK34	NINA NBZ026/17	F	HT13	G
35	NK35	LUNA NBZ021/17	F	HT24	I
36	NK36	FLORI 380271006037772	F	HT10	L
37	NK37	FANNY 941000015022697	F	HT25	L
38	NK38	ROMINA NBZ004/18	F	HT26	M
39	NK39	LUTZE NBZ010/18	F	HT27	A
40	NK40	ROXY NBZ041/18	F	HT26	M
41	NK41	PELLA 040006730014418	F	HT28	G
42	NK42	FANI NBZ022/18	F	HT22	Q
43	NK43	FRIDA NBZ019/18	F	HT29	N
44	NK44	FIONA NBZ011/18	F	HT19	M
45	NK45	DARLING NBZ043/18	F	HT10	L
46	NK46	DANIELA NBZ044/18	F	HT10	L
47	NK47	MELLA NBZ026/18	F	HT06	L
48	NK48	FRITZ-ELMAR XIV NBZ011/10	M	HT30	N
49	NK49	SOLIST-VULKAN XVII 040006730081817	M	HT31	G
50	NK50	MELISSA 040006730003421	F	HT25	L
51	NK51	NELLY NBZ002/21	F	HT11	C
52	NK52	FURIA NBZ041/21	F	HT11	C
53	NK53	MILVA NBZ047/21	F	HT17	L
54	NK54	FINNI 040006733006920	F	HT32	Q
55	NK55	ZORA NBZ002/20	F	HT25	L
56	NK56	STELLANBZ013/19	F	HT03	L
57	NK57	FIONA NBZ016/19	F	HT29	N

58	NK58	BELLA-DONNA 040008630025017	F	HT33	A
59	NK59	FALKE NBZ034/14	F	HT19	M
60	NK60	SOREIA 040007430307516	F	HT34	O'P
61	NK61	FRANZISKA 040005532606015	F	HT03	L
62	NK70	SABRINA NBZ030/15	F	HT35	B
63	NK71	ELENA-ELSA 040006730018716	F	HT36	I
64	NK72	HANNI NBZ023/16	F	HT35	B
65	NK73	MADAME NBZ023/16	F	HT11	C

Il confronto delle sequenze ottenute in questo lavoro con quelle precedentemente pubblicate per le razze Italiane ha portato all'identificazione di 9 aplotipi unici (HT11, HT22, HT23, HT26, HT27, HT31, HT32, HT34, HT36), che non sono mai stati riscontrati nelle altre razze locali.

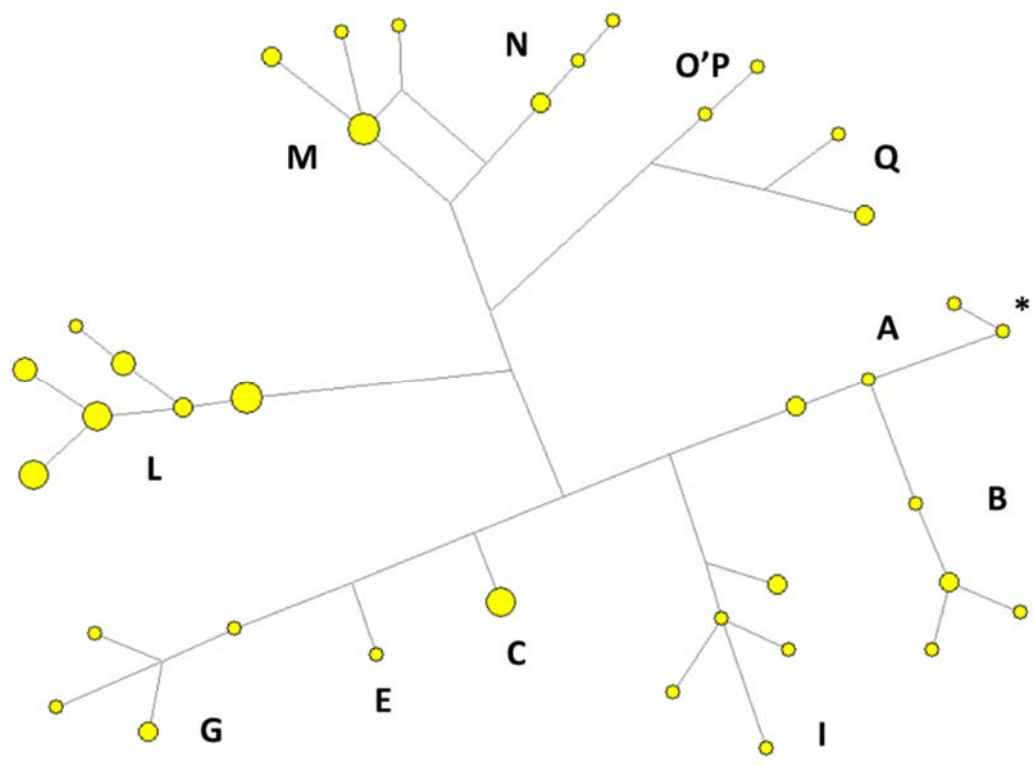
Tra i 65 Norici su cui è stata condotta l'analisi dell'mtDNA, gli aplogruppi più rappresentati risultano essere L (33,85%) e M (13,85%) (Fig. 2).



**Figura 2.** Frequenze degli aplogruppi mitocondriali in 65 cavalli Norici.

La network ottenuta dall'analisi degli aplotipi mostra le relazioni filogenetiche esistenti tra gli mtDNA dei 65 campioni (Fig. 3). I cerchietti colorati in giallo rappresentano gli aplotipi corrispondenti ai campioni analizzati, la cui dimensione aumenta con il numero dei campioni che presentano lo stesso aplotipo. I nomi

degli aplogruppi sono riportati in nero vicino al ramo corrispondente. L'asterisco indica la sequenza di riferimento utilizzata per l'annotazione degli aplotipi.



**Figura 3.** Analisi delle relazioni filogenetiche (Network) tra i 65 cavalli Norici.

L'analisi del DNA mitocondriale in 65 cavalli Norici ha evidenziato un totale di 36 aplotipi differenti, raggruppati in 11 aplogruppi, tra cui 9 aplotipi unici mai riscontrati nelle altre razze locali Italiane precedentemente analizzate. I dati ottenuti da una piccola porzione (D-loop) rappresentano uno step preliminare che permette di effettuare una prima analisi della variabilità genetica mitocondriale e quindi la selezione dei campioni su cui fare l'analisi dell'intero mitogenoma, al fine di conoscere la sequenza completa e, in particolare, caratterizzare gli aplotipi unici al massimo livello di risoluzione per l'mtDNA.

## CARATTERIZZAZIONE GENETICA DEL MANTELLO NORICO

Il Norico è sicuramente la razza equina italiana con la maggior variabilità per quello che riguarda il colore del mantello.

La più recente stesura delle norme tecniche del programma genetico del cavallo di razza Noriker (Norico) riporta i seguenti mantelli:

- morello,
- baio,
- sauro,
- grigio,
- maculato
- roano

Nel terzo step del Progetto EQUINBIO 2- PSNR 2020-2023, sottomisura 10 sono stati identificati fenotipicamente tutti i possibili mantelli presenti nei Norici.

Le valutazioni molecolari effettuate per l'accurata e precisa identificazione dei mantelli hanno effettivamente evidenziato questa estrema variabilità del mantello di questa razza, permettendo una migliore identificazione fenotipica dei mantelli riportati nelle norme tecniche

Una descrizione del colore del mantello secondo la classificazione comunemente utilizzata a livello internazionale si rende ancora più indispensabile.

Le denominazioni proposte per i mantelli dei Norici potrebbero quindi essere:

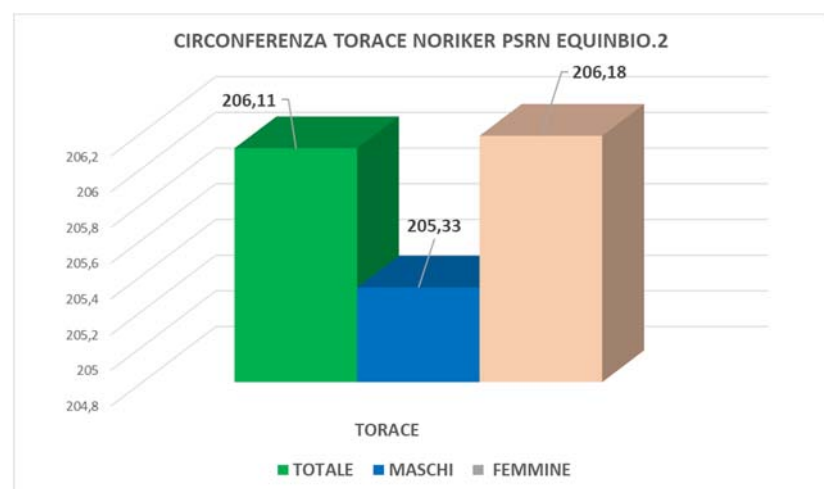
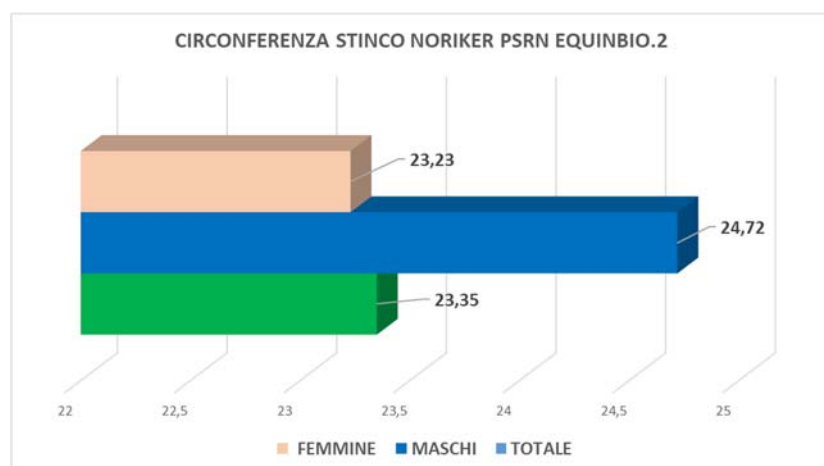
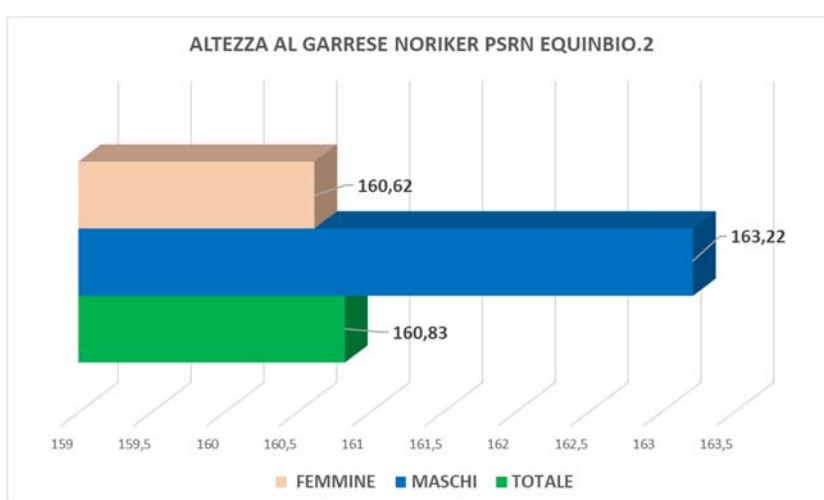
- morello,
- baio,
- sauro,
- grigio, l
- leopard complex,
- roano
- tobiano

Una corretta conoscenza del genotipo del mantello potrà quindi da oggi essere utilizzata dagli allevatori nella programmazione degli accoppiamenti non solo per mantenere le linee con particolari mantelli ma anche per produrre soggetti con il mantello più richiesto.

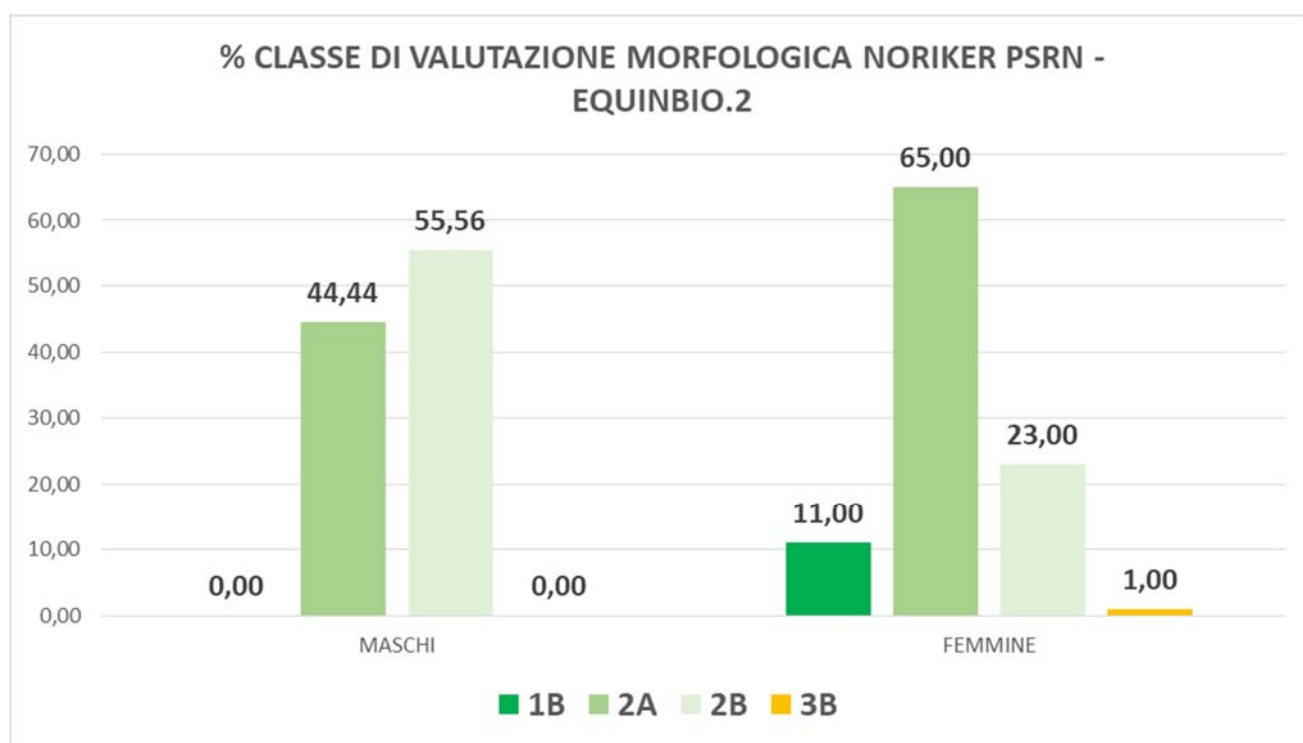
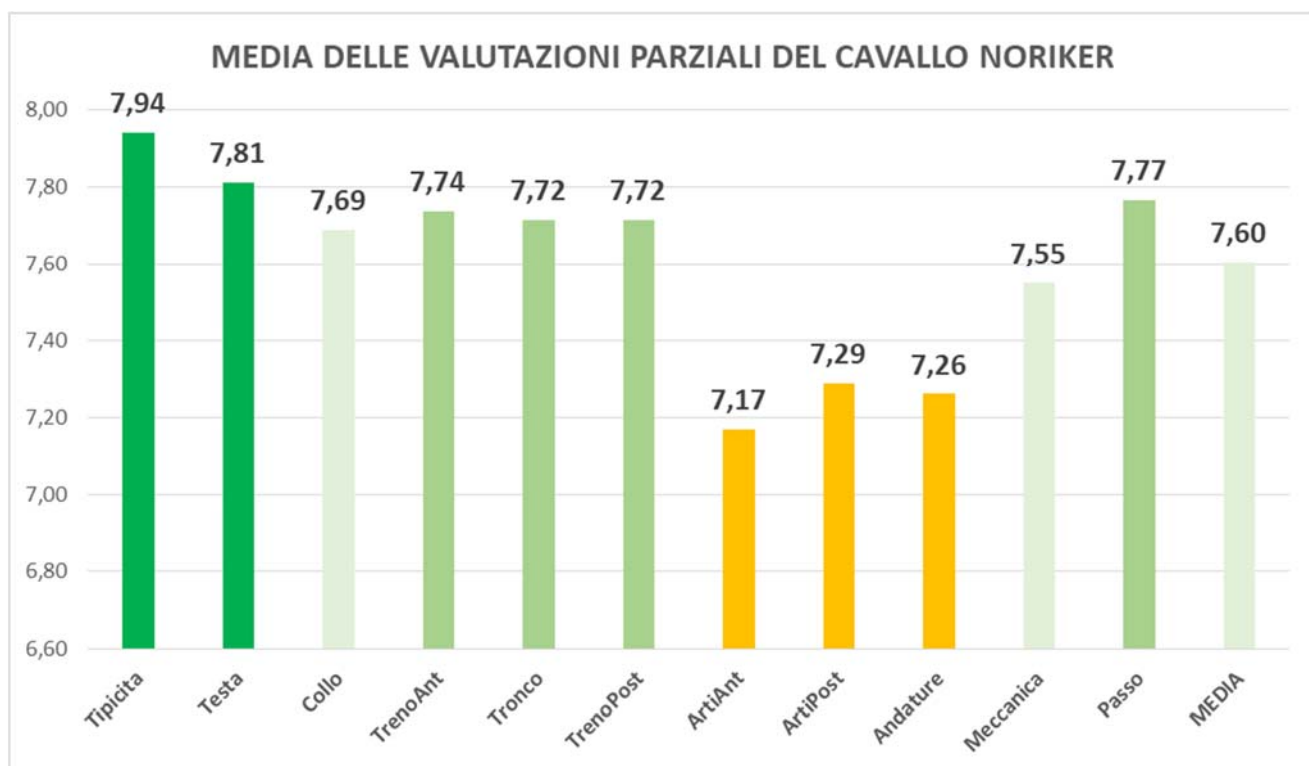
## ANALISI STATISTICA DEI DATI RILEVATI PRSN EQUINBIO.2 - NORIKER

Di seguito si riportano grafici statistici, riguardanti i rilevamenti biometrici dell'anno 2022. Inoltre sono riportati grafici concernenti le valutazioni dei soggetti presentati DAL 2020 AL 2022.

Nei grafici dei dati biometri possiamo apprezzare quanto i soggetti maschi abbiano misure maggiori rispetto alle femmine, tranne per la circonferenza toracica. Tale dato è leggermente superiore nei soggetti di sesso femminile poiché alcuni soggetti vengono presentati in rassegna per la valutazione in stato di gravidanza. Questo altera leggermente il dato, che normalmente seguirebbe gli altri, ponendo i soggetti maschi con dati biometrici superiori nei diametri e nelle altezze.



Le statistiche relative alla qualità dei soggetti, ci presenta un quadro confortante nelle qualità strutturali e di tipicità di razza, ma che evidenzia problematiche relative agli arti e al movimento. La nostra attenzione dovrà necessariamente focalizzarsi su tali carenze, che si ripercuotono in maniera importante sul benessere dell'animale e sulla sua longevità. Sarà nostra cura e dovere mettere in campo degli strumenti che migliorino la correttezza degli appiombi ed il movimento del cavallo Noriker in Italia.



## MATERIALE DIVULGATIVO – SITO WEB DATABASE ON-LINE CAVALLO NORIKER

E' stato prodotto il nuovo depliant informativo del Cavallo Noriker e del progetto Equinbio.2 che è stato distribuito in occasione di Raduni, Rassegne e Manifestazioni. Le evidenze della partecipazione sono verificabili sul sito [www.haflinger.it](http://www.haflinger.it). Il sito internet è stato aggiornato sia da un punto di vista grafico che a livello di contenuti e database. Sono stati aggiornati anche tutti i regolamenti ed è stato attivato per gli allevatori il programma WEB-HAFLINGER/NORIKER dove sono stati inseriti tutti i database dei soggetti Noriker consultabili dall'allevatori sul nostro sito web.



### IL CAVALLO NORIKER: PATRIMONIO ITALIANO DI BIODIVERSITA'

Per noi è importante proteggere, salvaguardare e diffondere la Razza Noriker, per la sua storia, per il suo valore zootecnico, per la sua versatilità, per il suo benessere e infine per la sua bellezza. Il Cavallo Noriker, rappresenta un valore genetico ma soprattutto culturale per il nostro Paese ricco di Biodiversità. Salvaguardare, ripristinare e migliorare la BIODIVERSITA' delle razze equine italiane, come il Noriker, vuol dire tutelare la nostra cultura e il nostro territorio.



Per questo ANACRHA1 partecipa al PROGETTO EQUINBIO.2, nato dalla collaborazione delle Associazioni Nazionali Allevatori razze equine, ANACRHA1, ANAREAI, ANAM e ANACAITPR che insieme hanno presentato un progetto per la salvaguardia, il ripristino e il miglioramento della Biodiversità delle razze autoctone equine ed asinine italiane, nell'ambito dei Piani di Sviluppo Rurale Nazionale - PSRN 2020-2023 Sottomisura 10.2 - pubblicato dal MIPAAF e finanziato dai fondi FEASR della Comunità Europea. Progetto EQUINBIO.

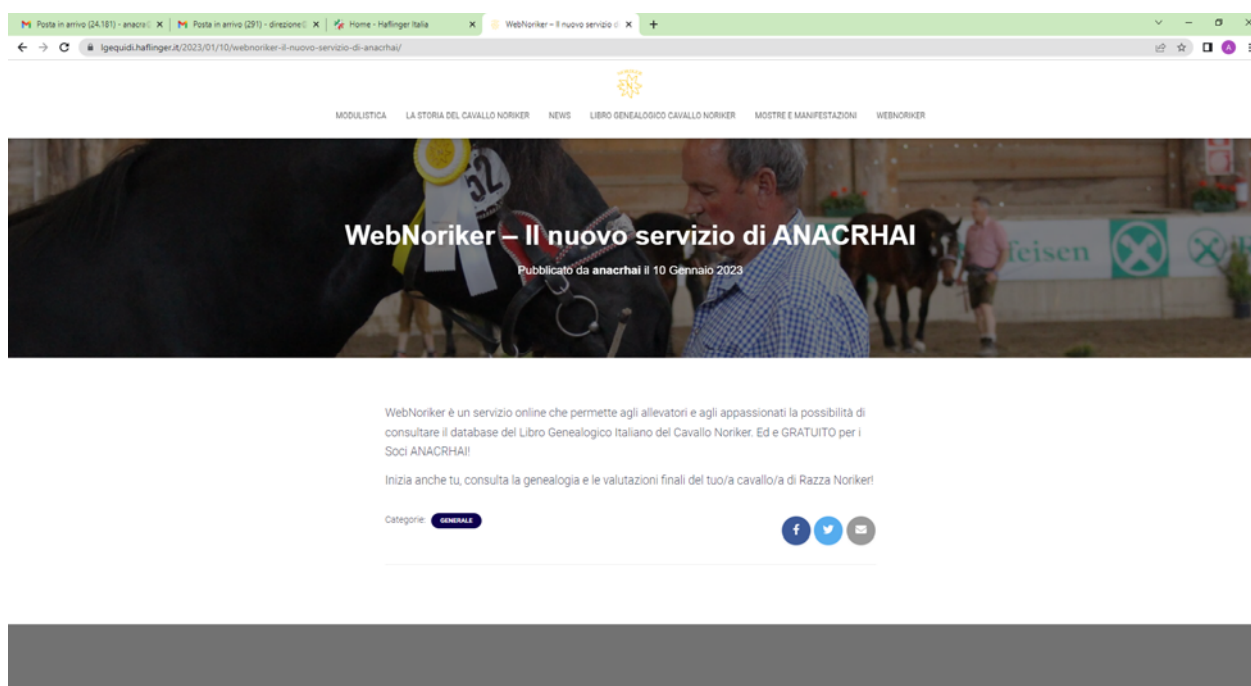


**FEASR**

FONDO EUROPEO AGRICOLO PER LO SVILUPPO RURALE  
L'Europa investe nelle zone rurali



È stato aggiornato tutto il sito web relativo al Cavallo Noriker (<https://lgequidi.haflinger.it/>) con l'inserimento di una pagina con tutte le news, la storia del cavallo Noriker, la pagina web della modulistica e una pagina inerente le manifestazioni e mostre di Libro Genealogico con tutti gli eventi.



## ANALISI MOLECOLARI NORIKER E HAFLINGER 3° STEP EQUINBIO.2

Come da obiettivo per il terzo step del 2022 del progetto *PSRN-Biodiversità - sottomisura 10.2 progetto EQUINBIO 2*, proponente *ANACRHA*, sono state prese in esame le ultime geotipizzazioni per la razza Avelignese e per la razza Noriker.

Nella fattispecie, 40 soggetti Noriker e 56 riproduttori Haflinger.

Tutti i soggetti sono stati genotipizzati con il GGP Equine 65K GeneSeek che contiene 65157 varianti bialleliche (SNP, Single Nucleotide Polymorphism).

Le genotipizzazioni sono state analizzate attraverso il monitoraggio approfondito di molteplici parametri di genetica di popolazione (He, Ho, MDS plots, Inbreeding ROH) con pacchetti software dedicati.

Al fine di valutare correttamente questi soggetti, sono stati creati tre dataset comprendenti le genotipizzazioni del terzo step, le genotipizzazioni già disponibili per le suddette razze, e un dataset omnicomprensivo.

Prima delle analisi i dataset sono stati sottoposti a procedure di *quality control* attraverso i seguenti parametri:

- Solo marcatori autosomici
- Tolleranza dati mancanti per individuo, 20%
- Tolleranza dati mancanti per marcatore 1%
- Minor Allele Frequency 5%.
- Tolleranza per deviazione equilibrio Hardy-Weinberg  $1e-10$

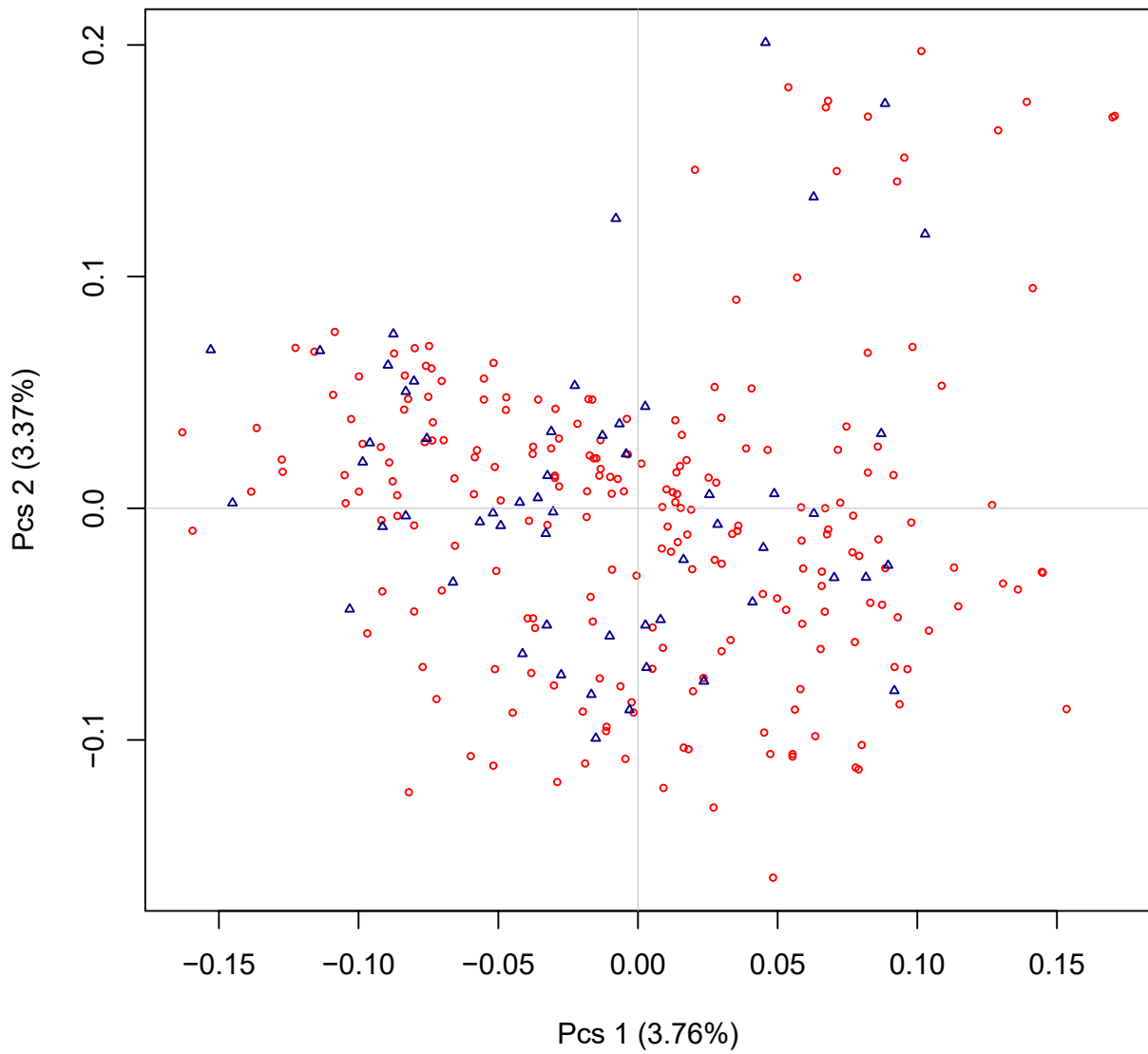
producendo i dataset in tabella.

Al fine di rendere le analisi più confrontabili possibile, tutti i dataset sono stati uniformati in termini di rappresentatività di marcatori.

Razza	Dataset Terzo step	Dataset Già disponibile	Dataset Completo	Numero Varianti
Noriker	40	40	80	50887
Haflinger	56	235	291	

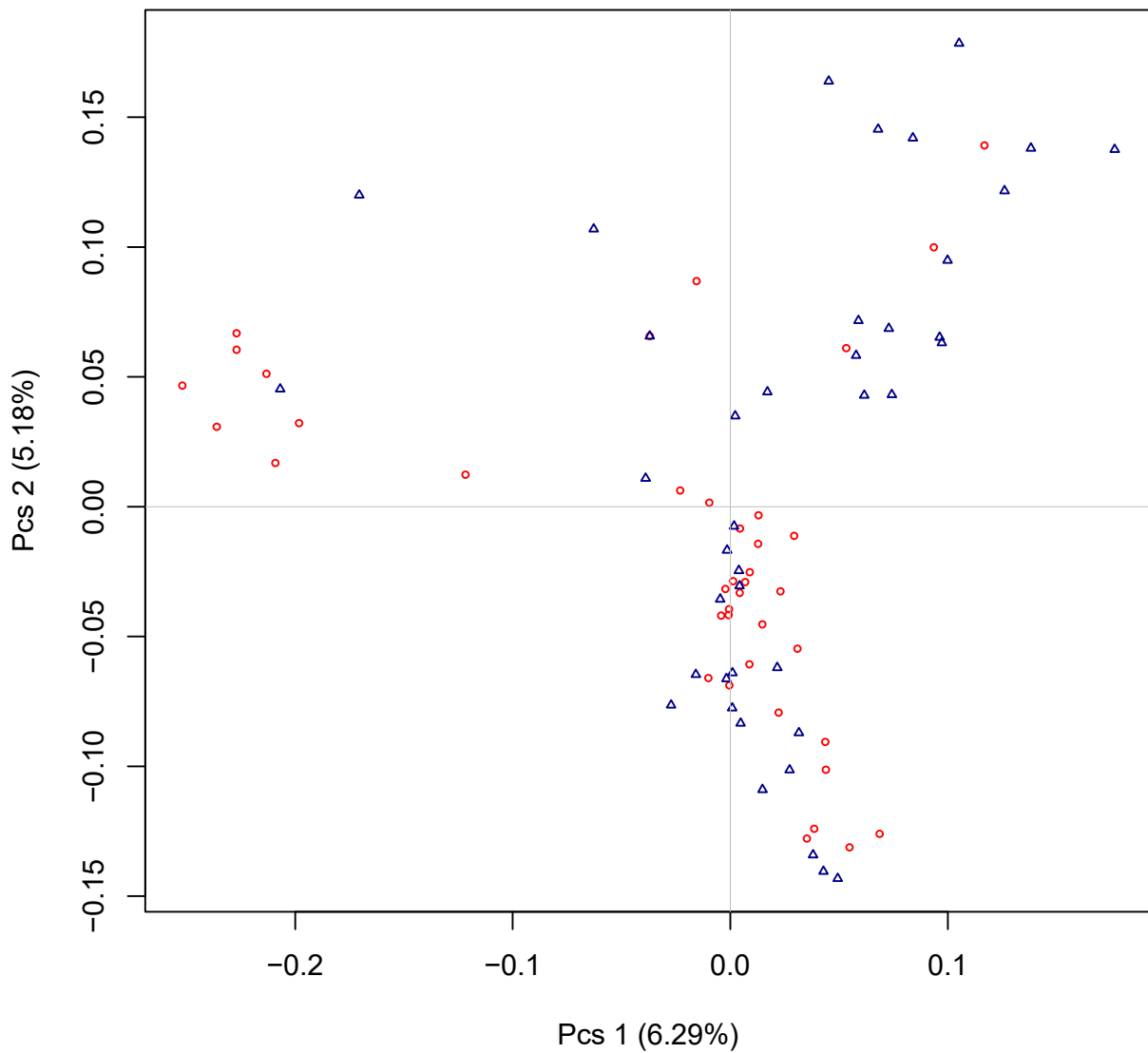
Una prima valutazione delle popolazioni è stata fatta producendo dei Multi Dimensional Scaling che – brevemente – rappresentano la variabilità genetica riducendo le informazioni delle genotipizzazioni in variabili componenti più semplici e non correlate che possono servire per la visualizzazione su un piano. In entrambe le razze sembra che le popolazioni siano omogenee e ben gestite con suddivisione in sottopopolazioni molto limitata.

## MultiDimensional Scaling



**Figura 1** Multi Dimensional Scaling per la razza Haflinger. È chiaro come la popolazione (cerchio rosso) sia ben sovrapponibile alla distribuzione degli stalloni campionati in questa fase (triangolo blu).

## MultiDimensional Scaling



**Figura 2** Multi Dimensional Scaling per la razza Noriker. Anche in questo caso, sebbene in misura minore data anche la consistenza ridotta rispetto ad Haflinger, i precedenti campionamenti (cerchio rosso) sono quasi sovrapponibili ai campionamenti del terzo step (triangolo blu).

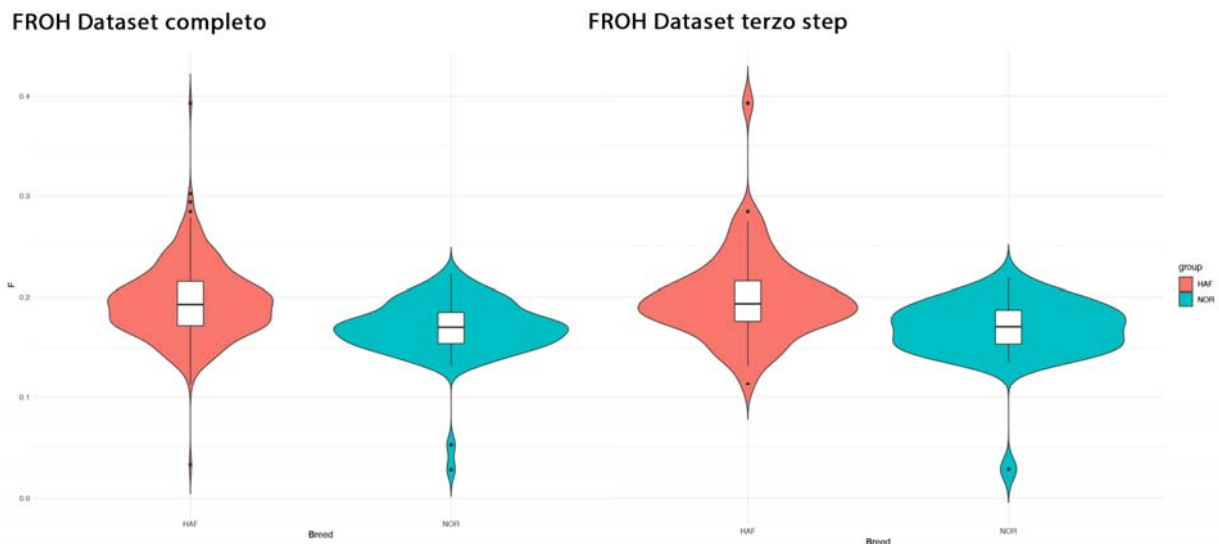
Sono state calcolate anche eterozigosi attesa e osservata ( $H_e$ ,  $H_o$ ) nelle singole razze per avere un quadro seppur indiretto dell'inbreeding che è stato invece calcolato attraverso ROH (Runs of Homozygosity).

**Tabella 2.** Eterozigosi osservata ( $H_o$ ), Attesa ( $H_e$ ).

Razza	Dataset Terzo step	Dataset Già disponibile	Dataset Completo
<b>Noriker</b>			
<i>HE</i>	0.286	0.287	0.289
<i>HO</i>	0.293	0.292	0.292
<b>Haflinger</b>			
<i>HE</i>	0.285	0.290	0.285
<i>HO</i>	0.286	0.284	0.286

Le differenze tra i dataset appaiono molto modeste ed anche la differenza tra eterozigosi attesa e osservata sembra essere molto bassa, con un lieve spostamento a favore dell'eterozigosi osservata, segno buon controllo dell'inbreeding.

Per quanto riguarda l'inbreeding, calcolato attraverso ROH, si possono fare le considerazioni precedenti, ovvero che le popolazioni godono di "buona salute" da un punto di vista genetico e gestionale con un livello basso di consanguineità.



**Figura 3** Violin plot dell'inbreeding calcolato per la razza Haflinger (rosso) e Noriker (verde) nel dataset completo e in quello del terzo step.