

Relazione sullo stato avanzamento lavori e raggiungimento obiettivi quarto e ultimo anno (step 4)

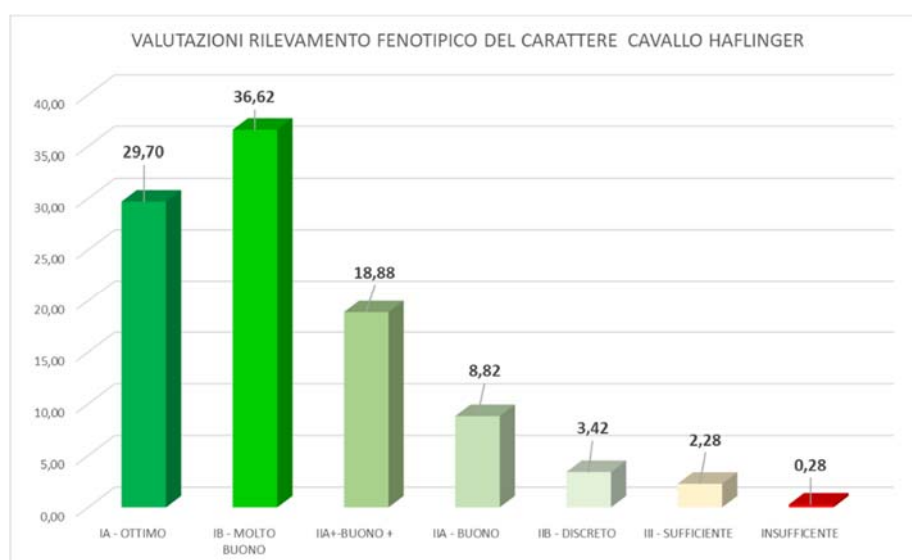
Redatta da ANACRHA.I con il supporto scientifico del Dipartimento Medicina Veterinaria - Università di Perugia e della Dott.ssa Antonia Bianca Samorè

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

La presente relazione rappresenta la conclusione del Progetto PSRN EQUINBIO.2 condotto da ANACRHA.I e mirato a raggiungere obiettivi chiave nel campo della ricerca equina e della biodiversità. In particolare, questa relazione si concentra sullo step n° 4, relativo all'anno 2023, e offre un resoconto dettagliato degli obiettivi raggiunti nel corso del progetto. Tali obiettivi sono 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

La fase di raccolta dati è stata preceduta da un'accurata definizione dei parametri da osservare e da uno studio preliminare sul campo delle schede di raccolta dati. I rilevamenti sono stati condotti su scala nazionale al fine di garantire una rappresentanza adeguata dei dati, rispecchiando la distribuzione della popolazione equina nelle varie Regioni Italiane. Le caratteristiche fenotipiche esaminate includono il temperamento degli equini, analizzando specificamente i seguenti attributi: nervosismo, amichevolezza con le persone, cooperazione, scattosità e livello di 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.

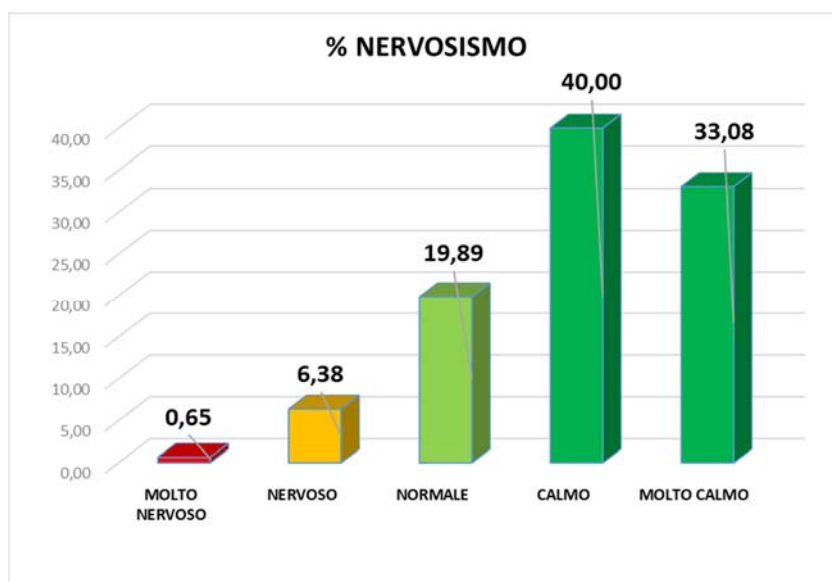


Il numero totale dei cavalli oggetto delle nuove caratterizzazioni fenotipiche è stato di 1054. Nella quarta annualità ne sono stati eseguiti 205 (40 il n° previsto negli obiettivi), molto superiore all'obiettivo previsto, grazie al fatto che abbiamo progettato una scheda di rilevamento dati che comprende 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;

Carattere Nervosismo –

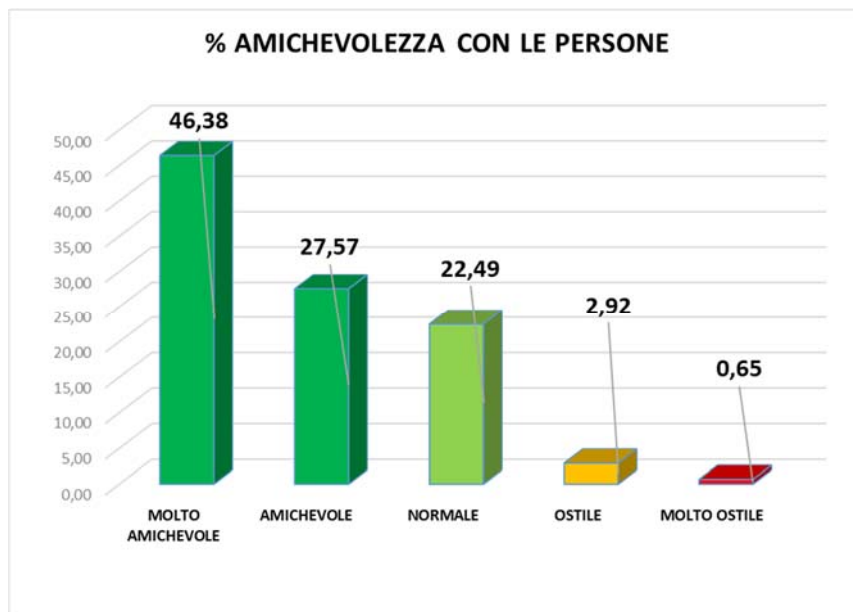
Il Nervosismo rappresenta una caratterizzazione importante per una razza sempre più impiegata nel diporto e nei vari sport equestri. Le evidenze rilevate e consultabili nel grafico sottostante, hanno mostrato che il 73,08 % dei soggetti ha un carattere Calmo o Molto Calmo, il 19,89 % ha un carattere gestibile e solo il 7,03 % ha un carattere nervoso. Tali dati sul carattere, rilevati dagli Esperti di Razza, evidenziano una popolazione di soggetti al 93 % con un temperamento equilibrato e calmo. Questo elemento è molto ricercato dal mercato, infatti, soggetti sicuri e mansueti risultano essere maggiormente collaborativi nel lavoro a sella e negli attacchi. E' molto importante sottolineare che la stragrande maggioranza dei soggetti analizzati sono cavalli sdomi, molto spesso giovani (3 anni) anche se abituati al contatto con l'uomo. Sarebbe interessante analizzare anche con lo stesso metodo tutti i soggetti di Razza Haflinger di pari età bradi e poco avvezzi al contatto umano, come altrettanto interessante sarebbe analizzare soggetti domati e utilizzati con continuità nel lavoro di diporto e nello sport.



Carattere - Amichevolezza con le persone –

Altra caratteristica presa in esame 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 all'uomo ed al loro approccio. Un cavallo che si presenta con atteggiamento amichevole con le persone si è dimostrato più idoneo e predisposto ad un più facile apprendimento al lavoro e all'addestramento, nonché reputabile adatto anche per i più giovani ed i neofiti. I dati evidenziano che il 73,95 % dei soggetti ha manifestato un carattere amichevole e molto amichevole con l'uomo. Il 22,49 % dei soggetti hanno avuto un comportamento abbastanza amichevole o considerato nella norma. Anche nella rilevazione di questo dato, sono stati

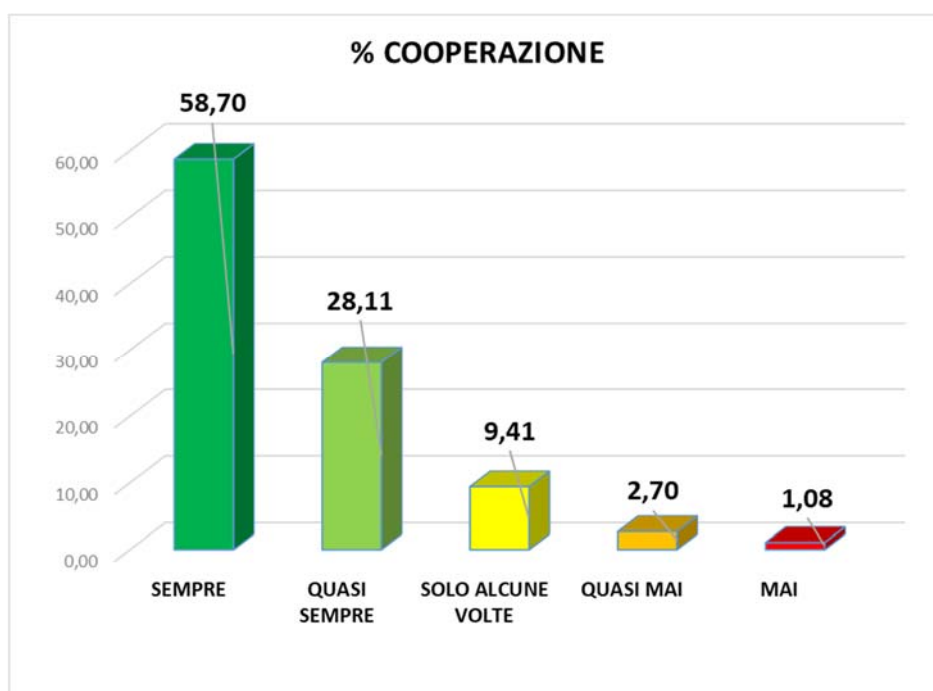
pochissimi i soggetti che hanno dimostrato un carattere poco affabile, con una percentuale pari al 3,57 %. Queste confortanti percentuali ci danno conferma che il cavallo haflinger ha un carattere molto Amichevole ed è idoneo ad essere addestrato per l'utilizzo ludico sportive e nell'avvicinamento all'equitazione per giovani e giovanissimi, nonché nelle preziosissime attività ippoterapiche.



Carattere Cooperazione

Terzo aspetto non sottovalutabile che siamo andati a rilevare è quello relativo alla cooperazione dell'equide con l'uomo. Anche in questo aspetto i dati rilevati, attraverso numerose richieste fatte durante l'iter di valutazione dell'equide, hanno dato positivi esiti. Infatti l'86,81 % dei Cavalli si sono dimostrati, sempre o quasi sempre collaborativo con il preparatore, rispondendo perfettamente ai comandi. Il 9,41 % dei soggetti è risultato collaborativo solo alcune situazioni, mentre solo il 3,78 % sono stati classificati come caparbi e non rispondenti ai comandi richiesti.

Si evince pertanto che l'Haflinger è un cavallo quasi sempre cooperativo e disponibile alle richieste

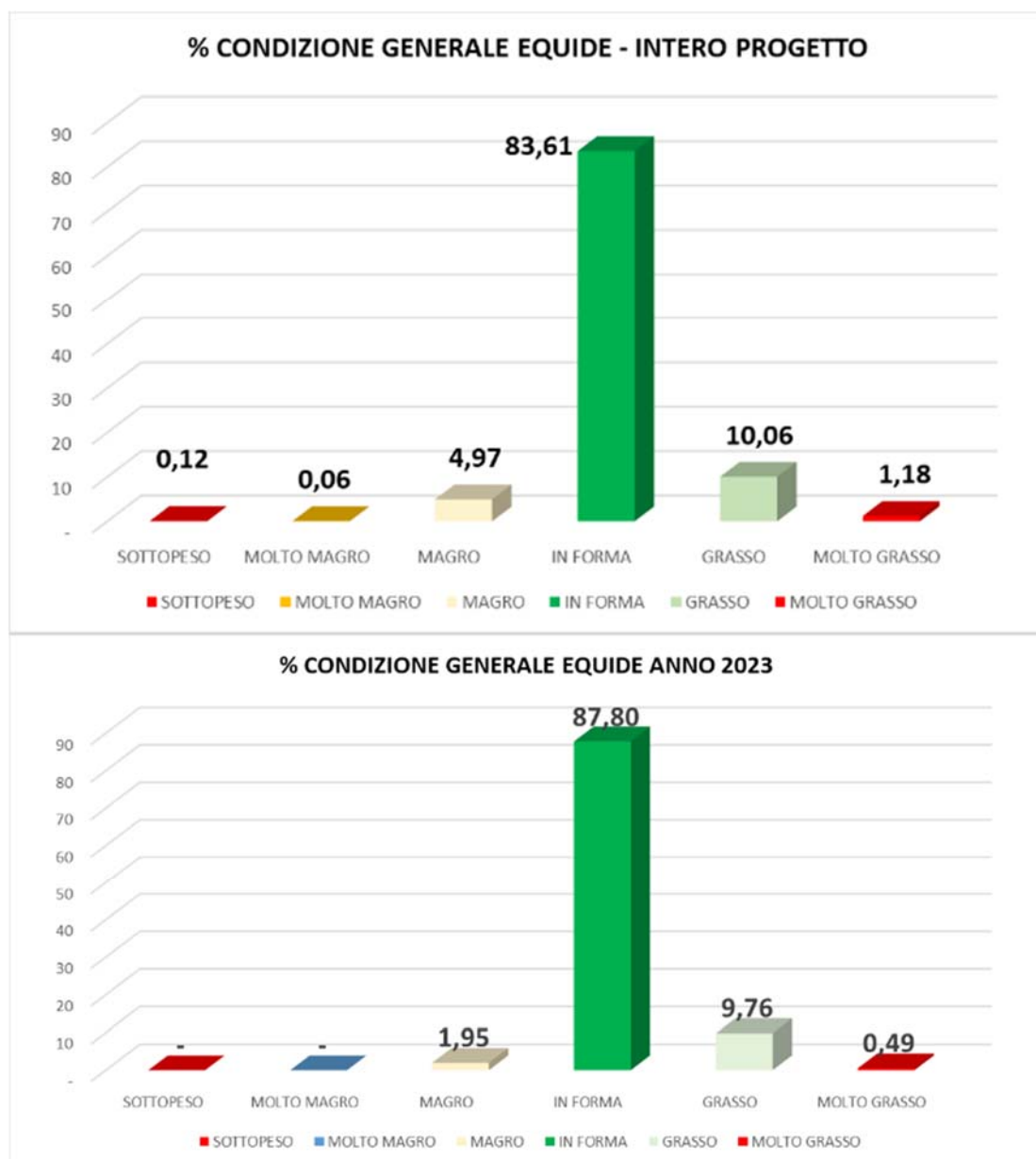


dellocutore umano. Tale dato è particolarmente significativo, Infatti, gli equidi al momento della valutazione non sono addestrati e sono in età tendenzialmente molto giovane. In questa età (mediamente 2-4 anni) i cavalli dimostrano una maggiore difficoltà, rispetto ad un soggetto adulto, nell'assecondare le richieste dell'uomo. ANACRHA1 è molto soddisfatta di questi dati poiché di fondamentale importanza per l'avvio del cavallo al diporto, turismo equestre ippoterapia e attività sportive.

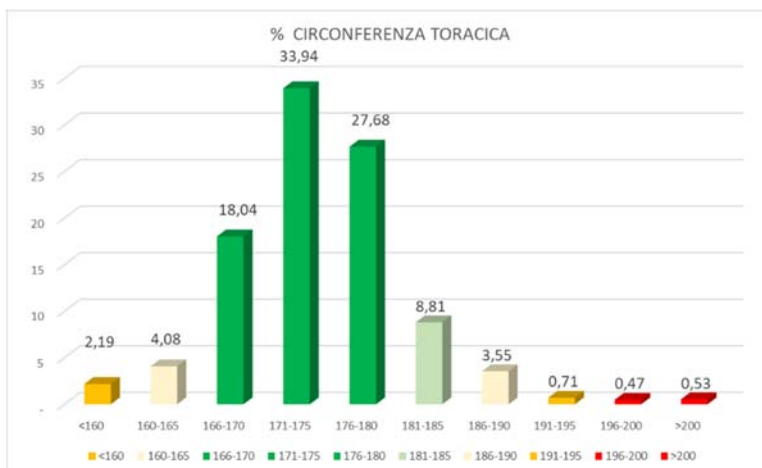
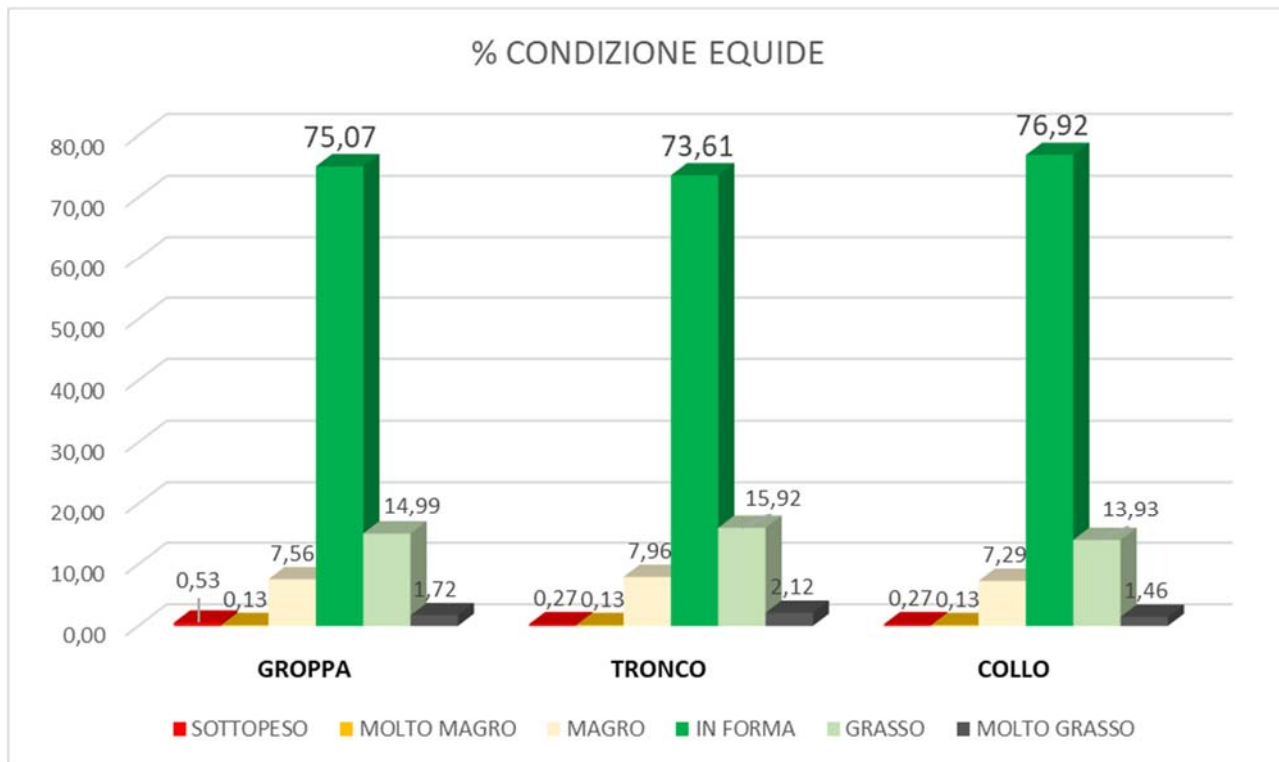
Body Condition Score

Di seguito, i grafici sintetizzano i dati ottenuti attraverso la valutazione del Body Condition Score per quanto riguarda lo stato di salute dei cavalli esaminati nel contesto del progetto Equinbio.2, inclusi quelli esaminati esclusivamente nell'ultimo step (quarto step, anno 2023).

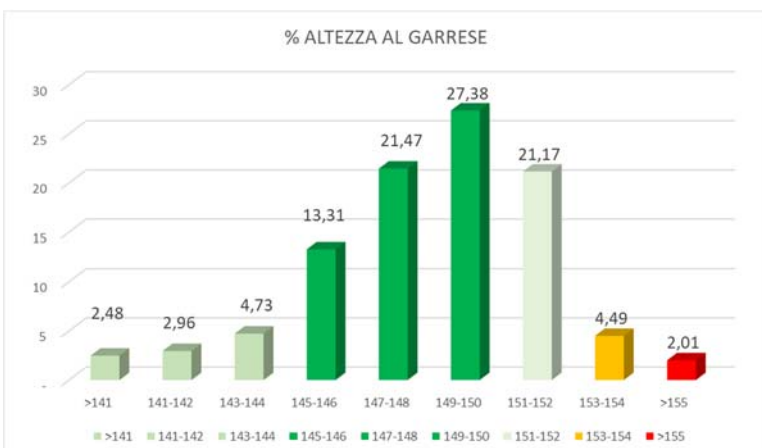
L'analisi di questi dati rivela principalmente una popolazione equina che, per la maggior parte, presenta uno stato di forma ottimale. Questo dato è probabilmente influenzato anche dall'uso prevalente dei cavalli Haflinger nel contesto sportivo e/o ludico equestro. Inoltre, tranne nei casi di visita aziendale, si prendono in esame i soggetti in mostre, raduni o sessioni di Prove Attitudinali Ufficiali, dove i cavalli sono presentati a giudizio nella miglior condizione possibile. Infatti, considerando l'intera durata del progetto Equinbio.2 fino ad oggi, l'83,61% dei soggetti valutati è stato classificato come in stato di forma ottimale. Questo suggerisce che gli allevatori seguono attentamente i consigli forniti dagli esperti per garantire una corretta alimentazione e il benessere generale dei cavalli. Inoltre, l'adeguato regime di addestramento contribuisce positivamente allo stato muscolo-scheletrico degli animali. Nell'ultimo anno (2023), addirittura l'87,80% dei soggetti è stato classificato come in stato di forma, e non sono stati rilevati casi di cavalli molto magri o sottopeso durante l'anno.



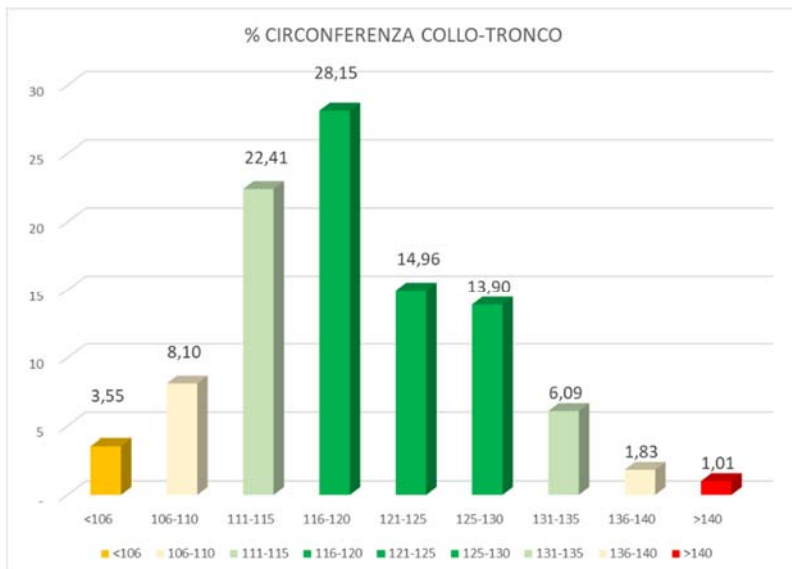
Il grafico riflette lo stato generale di forma dei soggetti esaminati nel corso del progetto PSRN Equinbio ed Equinbio.2, per un totale di 1690 soggetti. Si evidenzia che solo il 4,97% dei soggetti è risultato magro, mentre il 10,06% è stato classificato come leggermente grasso o grasso. Solo l'1,30% dei soggetti è stato identificato come potenzialmente a rischio per il benessere animale, trovandosi nella categoria di magrezza o obesità estrema.



Nell'ambito delle valutazioni condotte da ANACRHAI attraverso il Body Condition Score, si è constatato che esiste una misura ideale tra la circonferenza toracica e l'altezza al garrese che fornisce un'indicazione significativa dello stato di forma del cavallo. Questo parametro si situa generalmente nell'intervallo di 20-25 cm. Analizzando dettagliatamente le statistiche del PSRN relative al Body Condition Score, è emerso che i cavalli in forma presentano questa specifica differenza, espressa in centimetri, tra le due misure rilevate.



Ne risulta che un soggetto equino considerato grasso mostra una differenza più ampia, generalmente compresa tra i 30 e i 40 cm. Nel caso di cavalli classificati come molto grassi, questa differenza può aumentare ulteriormente, attestandosi tra i 45 e i 60 cm. Al contrario, un soggetto equino magro presenta una differenza inferiore, approssimativamente compresa tra i 5 e i 15 cm.



Questa metodologia di valutazione fornisce un quadro chiaro e misurabile dello stato di forma del cavallo, consentendo agli esperti di identificare eventuali problemi di sovrappeso o sottopeso e di adottare le relative misure correttive per garantire il benessere ottimale dell'animale.

Dai dati ottenuti attraverso il Body Condition Score è emerso che per i cavalli Haflinger di tre anni l'altezza ideale al garrese si colloca generalmente nell'intervallo compreso tra i 145 cm e i 150 cm che è anche l'altezza ideale per i parametri di Razza. Analizzando i dati biometrici raccolti, è stato osservato che il

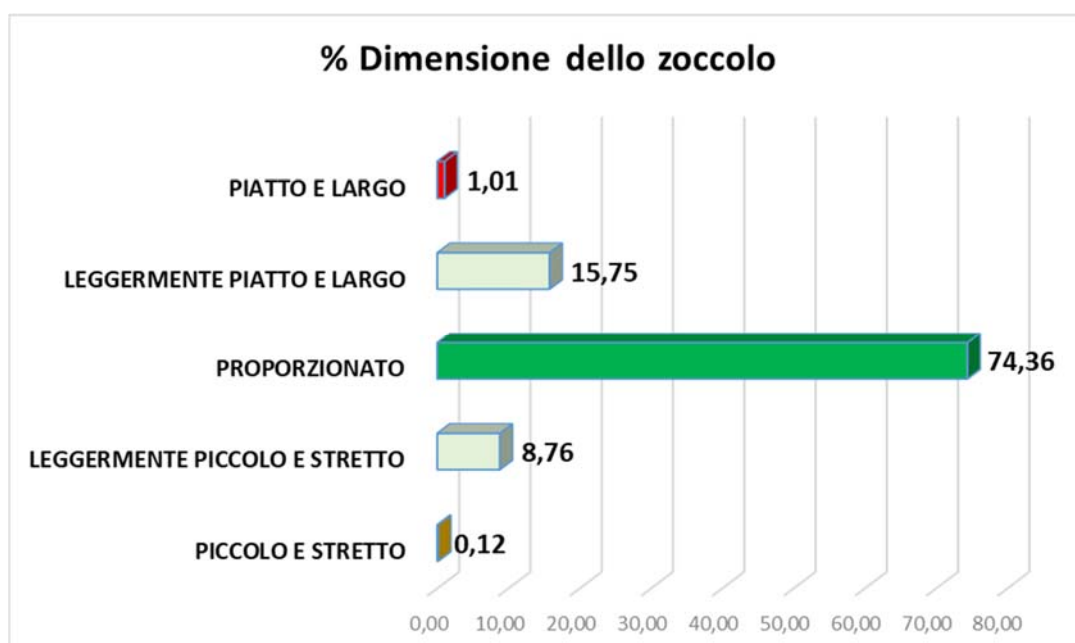
62,16% dei soggetti si attesta all'interno di questo intervallo di altezza, confermando così la conformità della popolazione esaminata con gli standard di Razza.

Inoltre, esaminando i dati relativi alla circonferenza toracica, si è notato che circa il 79,66% dei soggetti presenta una circonferenza toracica compresa tra i 166 cm e i 180 cm. Questo dato fornisce ulteriori informazioni sulla conformità dei cavalli Haflinger alla tipologia morfologica attesa per la loro età, confermando la salute e il benessere della maggioranza dei soggetti esaminati.

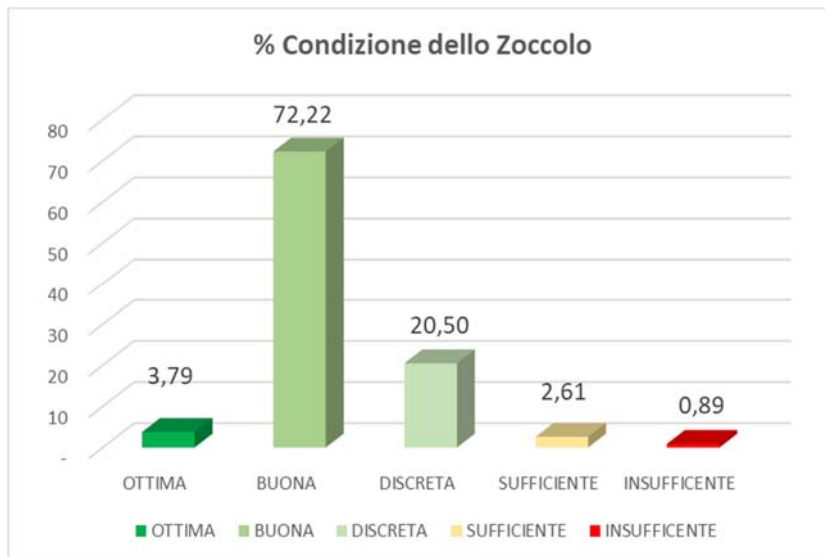
In sintesi, l'analisi combinata dei dati ottenuti attraverso il Body Condition Score e i dati biometrici ha permesso di identificare il rapporto ideale, di stato di forma e di benessere di un cavallo Haflinger, tra i valori dell'altezza al garrese e della circonferenza toracica. Tale valore si attesta in proporzione tra 1,125 e 1,16, fornendo così preziose informazioni sulla conformità morfologica della popolazione studiata.

Rilevamento Fenotipico – Qualità Zoccolo – Dimensione Zoccolo - Pastoia

Di fondamentale importanza per il Progetto PSRN Equinbio.2 sono i dati rilevati, tra cui il monitoraggio della Pastoia, la valutazione della qualità e delle dimensioni dello zoccolo e i rilevamenti sugli appiombi degli equidi. Questi dati sono essenziali per determinare i nuovi indici genetici degli Arti e degli Appiombi relativi alla Razza Haflinger.

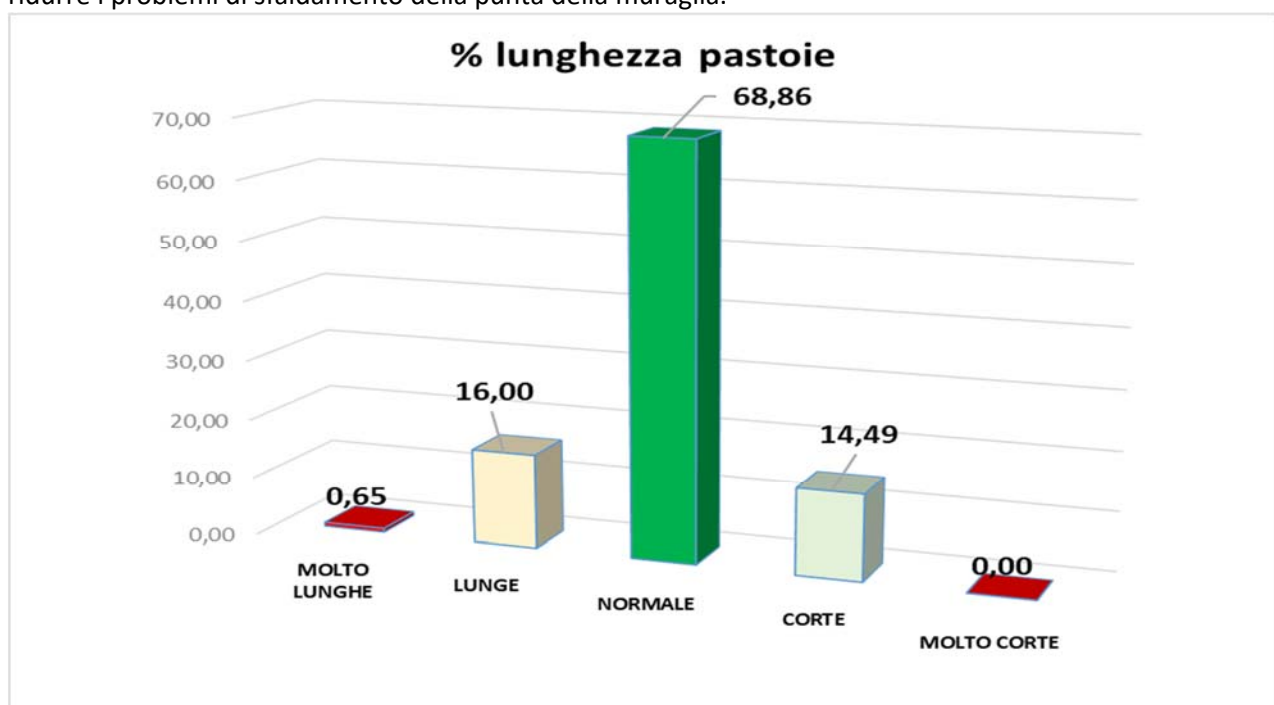


La lunghezza media della pastoia e le proporzioni dello zoccolo influenzano significativamente la stabilità e la funzionalità dell'arto equino. Una pastoia proporzionata e uno zoccolo adeguato consentono una maggiore stabilità nei movimenti, riducendo lo stress sui legamenti e i tendini dell'arto e contribuendo alla longevità e alla salute generale dell'animale, soprattutto anche in ambito sportivo.

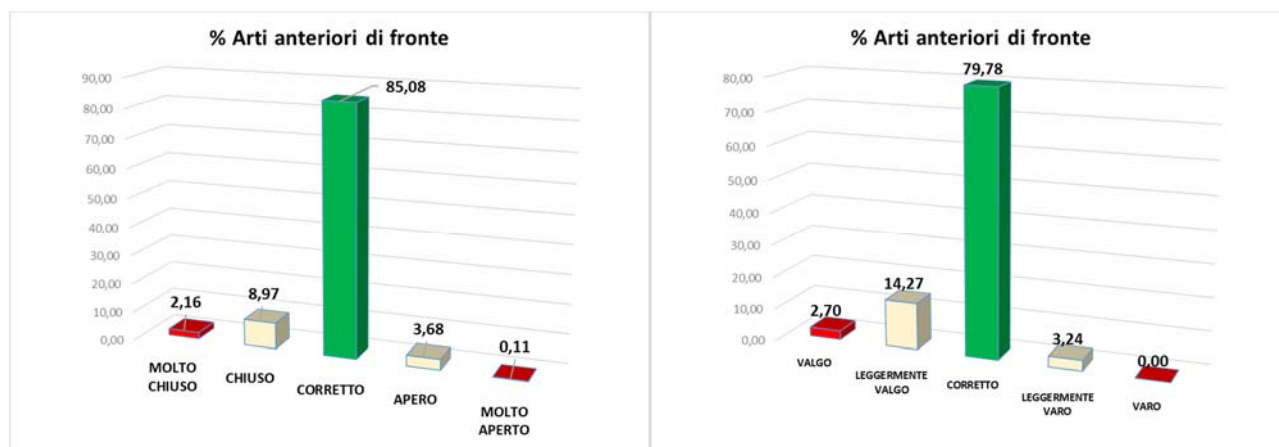


D'altra parte, una pastoia più lunga e uno zoccolo piccolo e stretto possono compromettere la stabilità, specialmente in terreni impervi, collinari o montuosi, aumentando lo stress sui tendini dell'arto, con potenziali conseguenze in termini soprattutto di infiammazioni tendinee. Tuttavia, i dati rilevati mostrano che solo una piccola percentuale degli equidi presenta tali caratteristiche, indicando veramente una buona situazione attuale complessiva.

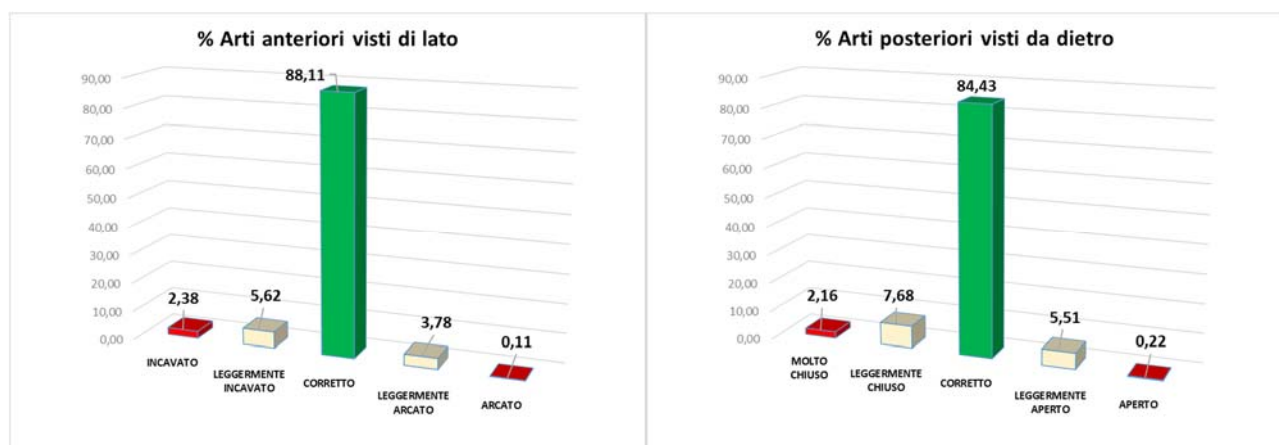
La maggior parte degli equidi valutati presenta uno zoccolo proporzionato (74,36%) e una pastoia nella media (68,86%), risultati che favoriscono la stabilità e la salute degli arti. Inoltre, la maggioranza degli equidi ha uno zoccolo di buona qualità (72,22%), con un'unghia compatta e priva di deterioramenti dei tessuti, mentre una piccola percentuale (3,79%) ha ottenuto addirittura un giudizio eccellente da parte dell'Ispettore di Razza. La buona qualità dello zoccolo è cruciale per la salute e la dinamicità del cavallo, come conferma il detto "No hoof, no horse" (niente zoccolo, niente cavallo), evidenziando l'importanza fondamentale di questo elemento di anatomia. Una cattiva posizione o una scarsa qualità dello zoccolo possono ripercuotersi in maniera negativa rapidamente su tutto il corpo del cavallo. Fortunatamente soltanto lo 0,89 % dei soggetti valutati hanno ottenuto un risultato di Insufficiente e solo il 2,61 % un sufficiente. Complessivamente, la struttura della muraglia dello zoccolo dei cavalli Haflinger è buona, con un'unghia solida che contribuisce a ridurre i problemi di sfaldamento della punta della muraglia.



Rilevamento Fenotipico – Arti e Appiombi anteriori e posteriori visti di fronte, di lato e da dietro

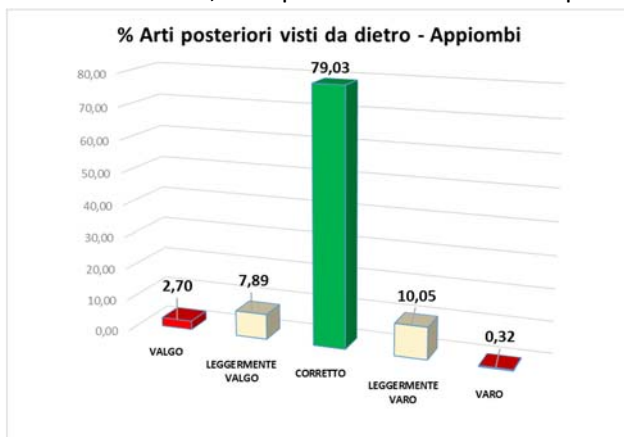


Gli arti e gli appiombi rappresentano componenti cruciali della salute e del benessere del cavallo. Questi aspetti, fondamentali per l'equilibrio e la funzionalità dell'animale, sono strettamente correlati alla sua capacità di eseguire le attività lavorative e di svolgere le varie mansioni richieste. Gli arti anteriori, responsabili del sostegno del 60-65% del peso corporeo del cavallo, sono particolarmente suscettibili a problemi e lesioni. Un'appropriata conformazione degli arti è essenziale per evitare l'insorgenza di zoppicature e per garantire una corretta distribuzione del peso durante il movimento. Qualsiasi deviazione dalla correttezza degli appiombi può compromettere la funzionalità e la longevità dell'animale, influenzando negativamente le sue prestazioni e il suo benessere generale. Gli appiombi corretti sono di vitale importanza per l'efficienza, la sicurezza e il benessere del cavallo durante il lavoro. La predisposizione a una conformazione non corretta degli arti può aumentare il rischio di sviluppare patologie come la navicolite, lo spavonio e la fissazione superiore della rotula ecc.. Pertanto, è essenziale prestare la massima attenzione alla correttezza degli arti durante l'allevamento, la formazione e la gestione quotidiana del cavallo. Proprio per questo motivo nei rilevamenti fenotipici della razza Haflinger siamo andati a rilevare su 925 soggetti la conformazione degli arti e degli appiombi per cercare di capire in che stato attuale si trova la media della razza Haflinger e per selezionare tutti quei soggetti con appiombi e arti corretti tramite un indice genetico. Per quanto riguarda gli arti anteriori visti di fronte abbiamo dati molto confortanti in quanto l'85,08 % dei soggetti risulta corretto e solo il 2,27% risulta avere dei problemi importanti di appiombi chiusi o aperti anteriormente. Inoltre è stato rilevato che il 79,78% dei soggetti sono corretti senza difetti di varismo o di valgismo sugli arti anteriori, anche in questo caso soltanto il 2,70% ha un difetto importante di valgismo o varismo.



Per quanto riguarda gli arti anteriori vengono presi in esame sia visti di lato per valutare la presenza del difetto chiamato "ginocchio da montone" (incavato) dove la parte sotto del ginocchio è curvata in avanti o il "ginocchio arcato" dove l'arto non è diritto ma presenta una leggera arcatura dal ginocchio in giù. Vedendo i

risultati di questi rilievi fenotipici abbiamo dei dati molto confortanti ovvero che l'88,11% dei soggetti è corretto e solo il 2,49 % presenta i due difetti sopra descritti.

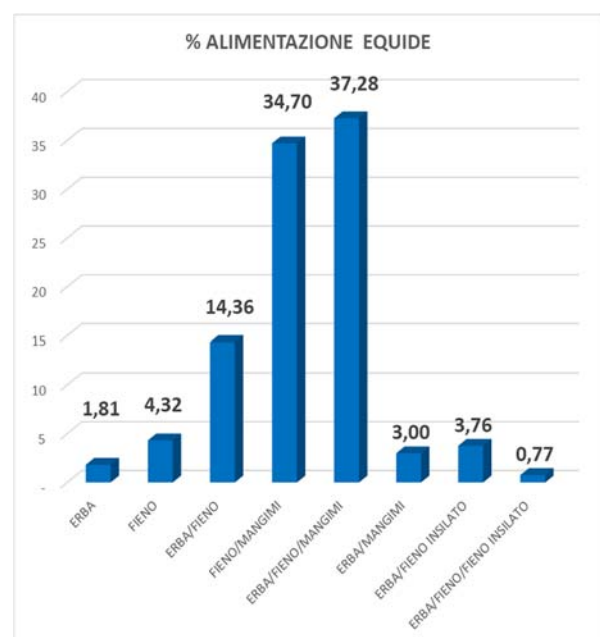
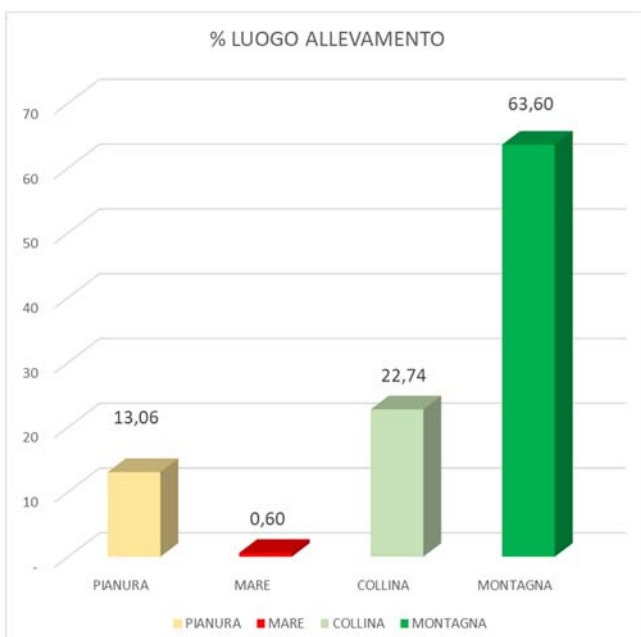


Anche per quanto riguarda gli arti posteriori visti di da dietro abbiamo dati confortanti in quanto l'84,43 % dei soggetti risulta corretto e solo il 2,38% risulta avere dei problemi importanti di appiombio chiuso o aperto posteriormente. Inoltre è stato rilevato che il 79,03% dei soggetti sono corretti senza difetti di varismo o di valgismo sugli arti posteriori e anche in questo caso soltanto il 3,02% hanno un difetto importante di appiombio varo o valgo. In conclusione, l'importanza della correttezza degli arti e degli appiombi nel cavallo Haflinger è cruciale per

garantire la sua salute, il suo benessere e la sua capacità di svolgere le attività richieste. Investire nella valutazione e nella correzione degli appiombi rappresenta un passo fondamentale per promuovere il benessere equino e per favorire una vita sana e attiva per questi magnifici animali. Da questo studio riscontrato negli anni dobbiamo dire che i risultati ottenuti sono più che soddisfacenti e che la maggior parte dei cavalli haflinger si trova in uno stato di confort e benessere ottimale. Gli appiombi risultano essere per la maggior parte dei soggetti regolari, ovvero quando la linea di resilienza o linee direttrici degli arti, sono perfettamente verticali e di conseguenza il corpo dell'animale, è sostenuto con il minimo sforzo e la massima solidità e i movimenti di progressione si compiono in maniera corretta. Per poter apprezzare la regolarità degli appiombi, abbiamo fatto assumere all'animale la stazione forzata e successivamente il movimento al passo sul terreno duro valutando la direzione degli arti osservando lateralmente, anteriormente e posteriormente l'animale.

CAVALLO HAFLINGER – ZONA DI ALLEVAMENTO E ALIMENTAZIONE

Il cavallo Haflinger è la razza italiana più diffusa su territorio nazionale con quasi 10.000 soggetti puri iscritti al Libro Genealogico. La sua diffusione su tutto il territorio nazionale, dalle regioni settentrionali ma nache centro e meridionali, fino alle isole, lo rende un vero successo della selezione equina italiana. Questo è dovuto non solo alla sua straordinaria bellezza, ma anche alla sua rusticità, che è stata sapientemente preservata attraverso la selezione genetica. I dati rilevati durante il Progetto EQUINBIO.2 confermano che l'Haflinger è



un cavallo robusto, in grado di adattarsi a pascoli marginali e poveri. La sua versatilità nell'utilizzo sportivo o amatoriale, sia a sella che attaccato, lo rende un'opzione ideale in termini di resistenza, facilità di gestione e economia. Queste caratteristiche lo rendono un valore aggiunto unico nel mondo e contribuiscono alla sua crescente presenza su tutti e cinque i continenti. Analizzando più nel dettaglio, possiamo osservare che la maggior parte degli Haflinger, pari al 63,60%, è allevata in zone di montagna, dove riescono ad esprimere al meglio le loro capacità. Il 22,74% degli Haflinger è allevato in zone collinari, mentre solo il 13,06% si trova in pianura. Una percentuale molto ridotta, solo l'0,60%, è allevata in zone di mare o isole, probabilmente a causa delle esigenze specifiche di questa razza legate alle caratteristiche ambientali. Questi dati riflettono la capacità dell'Haflinger di adattarsi a diversi ambienti e di prosperare anche in condizioni ambientali impegnative, confermando la sua reputazione di cavallo versatile e resistente.

L'alimentazione rappresenta un elemento fondamentale per la salute e il benessere del cavallo Haflinger. Essendo una razza nota per la sua robustezza e versatilità, è essenziale fornire un regime alimentare adeguato che supporti le sue attività quotidiane e le esigenze fisiologiche. Dai dati rilevati nel corso dell'intero progetto PSRN Equinbio su 1688 soggetti è emerso che l'alimentazione del cavallo Haflinger può variare notevolmente in base alla tipologia di alimenti forniti dagli allevatori. In particolare è stato rilevato che solo l'1,81% dei soggetti vengono nutriti con solo erba dei pascoli senza nessun altro integratore o alimento. Il che potrebbe sorprendere considerando il suo habitat naturale in montagna, dove l'erba fresca è abbondante. Tuttavia, questo potrebbe riflettere una pratica comune di integrazione con altri alimenti. Solo l'4,32% dei soggetti è nutrito con solo fieno che fornisce fibre essenziali e nutrienti che supportano la digestione e il mantenimento del peso corporeo.

Gli allevatori che alimentano i propri equidi con erba e fieno sono il 14,36%, mentre la maggior parte degli allevatori (34,70%) sono quelli che oltre al fieno integrano la dieta dell'equide con mangimi. Questa combinazione offre una varietà di nutrienti, compresi carboidrati, proteine e vitamine, che sono essenziali per la salute e il benessere complessivo dell'animale. Fortunatamente la percentuale più alta nella dieta fornita ai cavalli haflinger risulta essere l'alimentazione più completa, che include erba, fieno e mangimi, ed è praticata dal 37,28% degli allevatori. Questa è una scelta ottimale per garantire un apporto nutrizionale completo e bilanciato per garantire il benessere del cavallo. Gli allevatori che usano nell'alimentazione solo erba e mangimi sono il 3,00%, mentre quelli che usano l'erba combinata con fieno insilato rappresentano il 3,76%. Infine i soggetti che vengono alimentati con la combinazione di erba, fieno e fieno insilato costituisce solo lo 0,77% della dieta del cavallo Haflinger. In conclusione, possiamo dire che gli più del 90% degli allevatori fornisce un'alimentazione al cavallo Haflinger attenta, bilanciata e adattata alle esigenze specifiche, tenendo conto dei diversi fattori come l'età, l'attività fisica e lo stato di salute. Infatti fornire una dieta variegata e nutrizionalmente equilibrata è essenziale per garantire la sua salute e il suo benessere a lungo termine.

CARATTERIZZAZIONE GENETICA – RACCOLTA MATERIALE BIOLOGICO

Come già avvenuto nel 3° Sal del progetto Equinbio.2, abbiamo continuato ad operare nella raccolta e analisi del DNA prelevato da campioni biologici appartenenti ai soggetti riproduttori della Razza. Questa fase si è concentrata principalmente sui nuovi soggetti iscritti al registro dei riproduttori della razza, nonché su soggetti selezionati per l'importanza della loro linea genetica, sia maschile che femminile, considerando anche la loro provenienza geografica al fine di garantire una varietà rappresentativa di campioni.

In totale, sono stati raccolti e analizzati 245 campioni biologici (superando l'obiettivo di 150), dai quali è stato estratto il DNA e successivamente verificato il rapporto parentale. Per ciascun soggetto è stato emesso un certificato di deposito del DNA, dotato di tutte le specifiche scientifiche sulla sua composizione genetica.

I risultati delle analisi sono stati digitalizzati e utilizzati per implementare il Database dei Risultati delle Analisi Genetiche, accessibile tramite il sistema ANACRHA1. A tal fine, abbiamo implementato il software di gestione GestHaflinger, che consente di stampare report sul tracciato del DNA sia in italiano che in inglese e verificare

la compatibilità genitoriale, integrando così le informazioni genetiche nel database.

Per quanto riguarda le analisi genomiche, abbiamo raccolto e analizzato n° 56 campioni biologici (bulbi piliferi) rispettando l'obiettivo previsto di 56 campioni nella quarta e ultima fase del progetto. Questi campioni sono stati raccolti, identificati univocamente e conservati per utilizzi futuri.

Inoltre, per ciascun cavallo, oltre al campione inviato per l'analisi, ne è stato conservato un secondo per eventuali necessità future.

VERIFICA E CONGRUENZA DEI DATI

Le procedure operative e le schede di rilevamento dati sviluppate nel corso della quarta 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. Abbiamo eseguito una verifica a campione su oltre il 40% dei rilevamenti effettuati, confrontando il dato rilevato sulle schede redatte dai rilevatori con quello informatizzato nel database, al fine di ridurre al minimo la possibilità di errori di digitazione. Tutti i dati raccolti, inclusi quelli relativi al Body Condition Score, i dati sanitari, i questionari sulla riproduzione delle fattrici e i rilevamenti fenotipici relativi al temperamento e al carattere, sono stati archiviati nel software Gesthaflinger e controllati dal personale dell'ufficio. Questo sistema di archiviazione centralizzato garantisce la coerenza e l'accessibilità dei dati, facilitando la successiva analisi e gestione delle informazioni raccolte. Nell'anno 2023 è stato organizzato un corso teorico e pratico per i rilevatori, durante le manifestazioni dell'Iscrizione dei Puledri della Provincia di Bolzano a Egna (BZ), 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 alla Mostra / Raduno. Nell'incontro di standardizzazione e aggiornamento degli Ispettori di Razza, abbiamo visionato 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 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 rilevamento Fenotipico 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. Successivamente, è stata condotta un'analisi statistica dei dati raccolti da ciascun rilevatore al fine di confrontarli e evidenziare eventuali discrepanze o inconsistenze. Allo scopo di prevenire l'inserimento di dati errati, sono state implementate nel software Gesthaflinger funzioni di verifica autonoma del database che verificano che l'operatore non abbia lasciato qualche campo incompleto o con un valore fuori dai parametri stabiliti



A.N.A.C.R.H.A.I.

Viale J.F.Kennedy, 182 - 50038 - Scarperia e San Piero (FI)

Tel.055-4628295 - Fax.055-4627295 - E-mail:anacra@haflinger.it

Pec:anacrhai@pec.it - sito web: www.haflinger.it

ELABORAZIONE INFORMAZIONI RACCOLTE E AZIONI DI ACCOMPAGNAMENTO

L'elaborazione delle informazioni raccolte e le azioni di accompagnamento sono elementi cruciali per il successo di qualsiasi progetto. Nel contesto descritto, si è adottata una procedura software gestionale e un database che sono stati implementati con numerose funzionalità per l'informatizzazione dei dati raccolti. Questo ha permesso di consolidare tutte le informazioni in un unico database, compresi i dati del Libro Genealogico, facilitando sia la consultazione che la gestione attraverso l'implementazione di report e query di aggiornamento e controllo.

Il lavoro di sviluppo del software è un processo continuo che ha accompagnato l'intera durata del progetto, garantendo sempre l'aggiornamento e l'ottimizzazione delle funzionalità in base alle esigenze emergenti. Quest'anno, si è provveduto ad aggiornare il server acquistato nel 2021 per migliorare l'efficienza produttiva e assicurare il backup dei dati di ogni dipendente dell'ufficio. Il server svolge diverse funzioni cruciali, tra cui la gestione centralizzata dell'email, la condivisione di programmi gestionali con i loro database, i documenti, la connettività a Internet, il monitoraggio dell'accesso remoto, il supporto per i dispositivi portatili e le funzioni di backup e ripristino.

Tutte le informazioni raccolte sono state informatizzate e le schede originali sono archiviate per futuri riferimenti e verifiche. La disseminazione delle informazioni è avvenuta attraverso diverse pubblicazioni

HAFLINGER ITALIA		Elenco Stalloni Fattrice			
* Verifica Consanguineità *		VALORE %	STALLONE	NOME	VALUTAZIONE FINAL
Codice Fattrice bz28580		13,41	BZ22134	AMOUR - G	IIa-B
Stallone A - CONTE > PZ12806		13,50	BS12884	M - OCEANO D'SESSA	IIa-B
VERIFICA		13,77	CN10305	ALDEN - L	IIa-B
Consanguineità: 20,35 %		14,50	BZ24129	AMADEUS - M	IIa-B
		14,57	BZ24175	WESTWIND - M	IIb-D
		14,63	BZ29249	STEINPRINZ TM-A	Ib-MB
		14,78	BG11462	SANTOS - P	IIa-B
		15,00	BZ26384	BOLERO DU BANN-Q	IIb-D
		15,01	BZ28116	MANDL-G-U	IIa+-B+
		15,01	BZ28586	MAX-G-V	IIa-B
		15,15	BZ23869	BEL AMI' - M	IIa-B
		15,23	SO11787	WILD - N	IIa-B
		15,26	BZ28587	MORITZ-G-V	IIa-B

online e su riviste di settore, tra le più importanti segnaliamo la rivista Informa, HaflingerInfo e Cavallo Magazine. Per quest'ultimo step sono stati pubblicati molti articoli divulgativi sul progetto Equinbio.2, e sono anche stati pubblicati on line n° 3 articoli scientifici in lingua inglese su MDPI journal Genes e sul sito della rivista Frontiers, superando di gran lunga gli obiettivi fissati che erano solo 2. Sono stati effettuati in questo ultimo anno anche molti incontri di presentazione del progetto in contesti specifici come eventi allevatoriali, fiere e riunioni di settore.

È stato prodotto del nuovo materiale informativo che è stato distribuito durante i raduni e le rassegne, con evidenze di partecipazione verificabili sul sito www.haflinger.it, il quale è in continuo aggiornamento sia dal punto di vista grafico che dei contenuti e dei database. Inoltre, sono state apportate migliorie al software per il calcolo della Consanguineità e all'archivio anagrafico del Cavallo Haflinger, rendendoli accessibili a tutti gli allevatori per consultazioni genealogiche e genetiche.

Il Software on –line per il calcolo della consanguineità è stato implementato per garantire in un solo klik

tutte le percentuali dell'accoppiamento tra una fattrice e tutti gli stalloni viventi Haflinger con un report di stampa (vedi foto sotto).

Infatti inserendo il codice di Libro Genealogico della

20,76	BZ28367	STAKKATO-V	Ib-MB
20,76	TN13197	NORGE DEI PIAZI - Z	IIa-B
20,79	BZ30479	MENDOCINO-OT-D	IIa+-B+
20,84	BZ27117	ARTISTA - R	IIa-B
20,84	BZ24606	AMICO-N	IIa-B
20,89	BS13257	STILTON - TEO D/TOI	Ib-MB
20,91	PZ12440	A - STORMO	Ib-MB
20,92	BG11753	NARCISO - M - C	IIb-D
21,01	BG11678	SCARABEO JUNIOR - Z	Ib-MB
21,01	040003824166218	LIZ. STUBENK?NIG	Ib-MB
21,03	BZ25378	AMBERG - O	IIa-B
21,03	BZ29039	STERNBLITZ PB-A	IIa+-B+
21,03	BZ30261	STERN PB-D	Ib-MB
21,04	BZ23387	AMO B-L	Ib-MB
21,05	SO12040	ARGO - C	IIa-B
21,05	DE455870092610	NERANO	Ib-MB

Fattrice, l'allevatore può vedere tutte le percentuali di consanguineità con gli stalloni a partire dal meno consanguineo di colore verde al più consanguineo di colore rosso (vedi foto sopra). Infatti il software rilascerà un elenco che sarà di colore verde, ovvero a bassa consanguineità, per gli stalloni che hanno una percentuale inferiore al 18%, di colore giallo, con una consanguineità media, per gli stalloni che hanno una percentuale dal 18% al 21% e di colore rosso per tutti gli stalloni che hanno una consanguineità superiore al 21%. Con questa utility l'allevatore può tenere sotto controllo la consanguineità nel proprio allevamento. In più avendo la Fattrice valutata ed iscritta al LG riproduttori, utilizzando il programma di consanguineità dal nostro portale, si può, per ogni stallone iscritto, verificare la percentuale di consanguineità su ogni accoppiamento ipotizzato. 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 di consanguineità calcolate.

Sono stati anche implementati e aggiornati tutti i database del Webhaflinger ovvero l'applicativo che permette di interrogare il database del Libro Genealogico Haflinger di ANACRHA1, analizzando per ogni cavallo iscritto l'intero albero genealogico, ricostruendo con un semplice click, tutta la linea femminile e maschile fino ai capostipiti della genealogia ricercata.

WebHaflinger permette inoltre di conoscerne i dati anagrafici del cavallo ricercato, le valutazioni, l'allevamento di provenienza e la carriera riproduttiva, se presente, con l'indicazione per ogni figlio prodotto, del sesso e dell'accoppiamento che lo ha generato.

Uno strumento all'avanguardia che concentra in un applicativo web, tutte le principali informazioni del Libro Genealogico Haflinger di ANACRHA1.

Con i nuovi aggiornamenti l'allevatore può controllare i seguenti dati:

*** DETTAGLIO ***

CODICE SOGGETTO

BS11566

NOME

LAUBE

MICROCHIP

41166B684B

SESSO

F

Data Nascita

22/04/1985

ARABO

0%

PADRE

BZ109/76 BRILLANTE

MADRE

BS11508 DERNA

ALLEVATORE

0902901

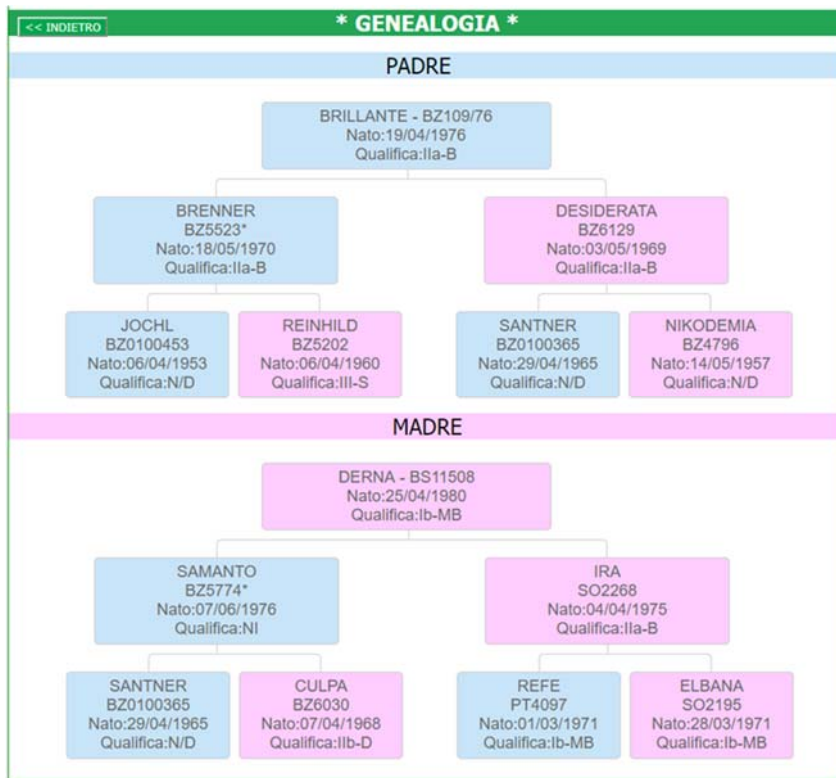
**"G.PASTORI" IST.TECNICO
AGRARIO STATALE**

*** VALUTAZIONE ***

Data valutazione: 30/08/1992

Altezza garrese:	140
Circonf.Torace:	168
Stinco:	18
Caratteri tipici:	MB
Andatura:	B
Arti e appiombi	B
Valutazione FINale:	Ib-MB

- Codice soggetto
- Nome
- Microchip
- Sesso
- Data Nascita
- Arabo (% di sangue arabo del soggetto)
- Padre
- Madre
- Allevatore
- Data valutazione
- Altezza al Garrese
- Circonferenza Torace
- Circonferenza Stinco
- Valutazione Caratteri Tipici di Razza
- Valutazione Armonia generale
- Valutazione Arti e Appiombi (soggetti valutati dal 2003 in poi) o Valutazione Sviluppo(soggetti valutati prima del 2003)
- Valutazione Andatura Generale (per soggetti valutati prima del 2009)
- Valutazione Andature Passo (per soggetti valutati dal 2009 in poi)
- Valutazione Andature Trotto (per soggetti valutati dal 2009 in poi)
- Valutazione Finale



PARTE GENEALOGIA DEL SOGGETTO

Nella parte centrale della pagina abbiamo le 3 generazioni del pedigree del soggetto. In alto il padre con la sua discendenza e in basso la madre. All'interno delle celle della genealogia abbiamo il nome del cavallo, il codice di L.G. , la data di nascita e la qualifica del soggetto (se valutato). Questa Parte del Web – Haflinger è interattiva per l'utente in quanto posizionandosi su un qualsiasi riquadro della genealogia e cliccando con il mouse sopra è possibile aprire un'altra scheda identificativa del soggetto selezionato. Ad esempio se l'utente vuole avere la genealogia , i dati di LG e i figli del soggetto SAMANTO BZ5774* ; basta cliccare sopra al riquadro per aprire un'altra pagina. (vedi sotto)

*** DETTAGLIO ***

CODICE SOGGETTO
BZ5774*
NOME
SAMANTO

MICROCHIP

SESSO
M

Data Nascita
07/06/1976

ARABO
0%

PADRE
BZ0100365 SANTNER

MADRE
BZ6030 CULPA

ALLEVATORE
1735409 JOSEF STUEFER

*** VALUTAZIONE ***

Data valutazione: 19/10/1991

Altezza garrese: 140
Circonf.Torace: 194
Stinco: 18,8
Caratteri tipici: S
Andatura: IN
Arti e appiombi: B
Valutazione Finale: NI

*** GENEALOGIA ***

PADRE

SANTNER - BZ0100365
Nato:29/04/1965
Qualifica:N/D

STRÖCKER BZ0100461
Nato:03/04/1961
Qualifica:N/D

RIDNAUN BZ5222
Nato:28/04/1960
Qualifica:IIa-B

NORBERT BZ0100457
Nato:11/05/1957
Qualifica:N/D

GUSTIGE BZ4140
Nato:30/04/1951
Qualifica:N/D

IDEAL BZ0100553
Nato:10/04/1953
Qualifica:N/D

DOROTEA BZ3967
Nato:06/04/1948
Qualifica:N/D

MADRE

CULPA - BZ6030
Nato:07/04/1968
Qualifica:IIb-D

JOCHL BZ0100453
Nato:06/04/1953
Qualifica:N/D

KLEISL BZ4673
Nato:10/06/1954
Qualifica:N/D

CAESAR BZ0100647
Nato:06/04/1947
Qualifica:N/D

BRILLANTE BZ3767
Nato:06/04/1946
Qualifica:N/D

CAIO BZ0100247
Nato:06/04/1947
Qualifica:N/D

DIRCE BZ4008
Nato:06/04/1948
Qualifica:N/D

*** FIGLI ***

NOME	Data Nascita	Qualifica
DERNA	04/25/1980	IIa
ELIVOLA	04/20/1981	AURA
ELDA	02/14/1981	LARA
ELEONORA	08/02/1981	HOLLY
FARRAIA	07/03/1982	AURA
GOLVIA	04/08/1983	DIANA
GOSTINA	03/16/1983	GIORDA
GRAZIOSA	02/15/1983	LOLA (LARA)
LARA	04/20/1985	FARRALLA
LISA	03/18/1985	BOHRETTA
LUCIANA	04/27/1985	DIANA
MANTOVA	03/04/1986	ERNESTINA
MIKA	04/04/1986	CAVIA
MARCEL	04/30/1986	GIORGIA
MARISA	05/13/1986	HELLEN
MARLUCCIA	05/24/1986	APA
MERZIANA	03/30/1986	ALORA
MILEZI	04/17/1986	CINA
MIRA	04/24/1986	MEDINA
MIRA	04/26/1986	CARMELENA
MIRIAM	05/03/1986	FELICINA
MOSCA	05/10/1986	CORVIA
MUGA	04/24/1986	GERALDA
NILISE	04/20/1987	VERA AZZ1
NINOSINA	05/29/1987	EZIA
NIRLIDA	04/10/1987	DELIA
NISA	04/27/1987	GIUNIA
NETTURNO	04/08/1987	IRIDA
NICO	05/19/1987	EMERGA
OBERT	05/20/1988	VERA AZZ1
OLVIA	05/08/1988	EZIA
ONAR	05/04/1989	IRIDA
ONDA	03/20/1989	CESTRA
ONDRINA	05/05/1989	EMERGA
ORA	04/27/1989	LORESDIANA
ORRESTE	04/04/1989	IRIDA
PATTY	04/06/1989	EZIA
PELAR	04/02/1989	VERA AZZ1
PIROTTI SANTI	05/03/1989	ANITA TAZ2
PIZZY	04/18/1989	DIANA
PROSA	04/04/1989	BEATA

Una volta aperto la schermata del nonno materno (SAMANTO BZ5774*) , stessa cosa possiamo selezionare un qualsiasi altro cavallo per poter così vedere la scheda ed andare a ritroso con le generazioni. Così facendo possiamo arrivare all'ultima generazione archiviata del soggetto di partenza.

FIGLI DEL SOGGETTO

* FIGLI *		
NOME	Data Nascita	Stallone
ALTEA	05/07/1997	ACHLEITEN
BANDANA	05/06/1998	ABENDFÜRST - S
CABIRIA	06/12/1999	ANSGARD 171/T
MOZART - VON PASTORI	02/27/1995	IPPONATTE
QUERIDA	03/25/1990	WILHELM
R.	03/30/1991	WILHELM
SHARON	06/16/1992	GIOTTO
ST - PASTORI	04/14/1989	STELZER
ZICO	03/06/1996	AMBER 501000484

Nella Parte di destra abbiamo l'elenco dei Figli del soggetto che abbiamo selezionato (BS11566 LAUBE) in rosa le femmine e in celeste i Maschi. Anche questa parte del Web- Haflinger è interattiva in quanto cliccando sui discendenti possiamo aprire ogni relativa scheda. Cliccando su una delle tre colonne Nome, Data Nascita o Stallone/Fattrice, verranno ordinate in maniera crescente o decrescente nella tabella.

Questo strumento permette all'allevatore di avere una visione a 360° di tutte le informazioni del Programma Genetico che si trovano negli archivi di ANACRHA1.

Haflinger Italia



CALCOLO DELLA CONSANGUINEITÀ NELLA POPOLAZIONE DEL CAVALLO HAFLINGER IN ITALIA

Al fine di controllare l'andamento della consanguineità nella popolazione del Cavallo Haflinger Italia, ogni anno si procede al calcolo dei coefficienti di consanguineità e alla valutazione dell'andamento medio per anno di nascita..

I dati qui riportati si riferiscono al calcolo dei coefficienti di consanguineità dei Cavalli Haflinger derivanti da una estrazione dall'archivio del Libro Genealogico della razza Haflinger in Italia a fine anno 2023. Si è quindi proceduto alla eliminazione delle matricole attribuite a generici gruppi antenati di soggetti anticamente registrati nel Libro Genealogico alla sua fondazione che non corrispondono a soggetti univocamente individuati. Si è poi proceduto a verificare le seguenti condizioni:

- i soggetti inseriti come padri corrispondano a cavalli registrati in archivio come maschi;
- i soggetti inseriti come madri corrispondano a cavalli registrati in archivio come femmine;
- i soggetti compaiano solo come madri o solo come padri (che non compaiano mai sia come padri sia come madri);
- tutti i genitori siano registrati in archivio anche come soggetti.

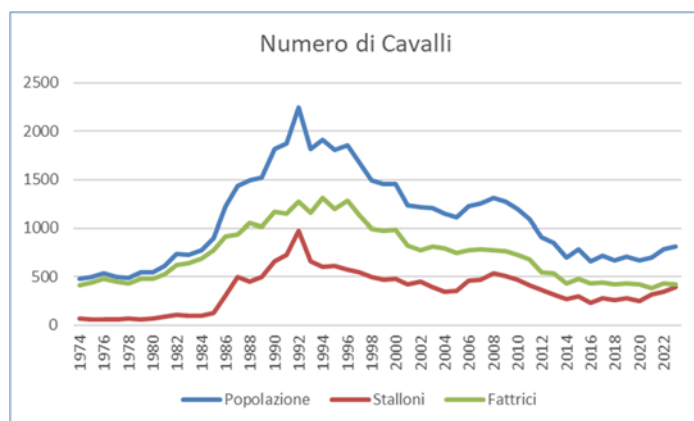
Le incongruenze evidenziate, in numero limitato, sono state verificate singolarmente con l'Ufficio Centrale e specificatamente aggiornate prima di proseguire con le analisi.

I coefficienti di consanguineità sono stati calcolati per ognuno dei 65.522 cavalli di razza Haflinger registrati nell'archivio. Il Libro Genealogico del Cavallo Haflinger in Italia registra, con una grande precisione, un numero molto elevato di genealogie che risalgono per molti cavalli fino a quelle del fondatore della razza, nato nel 1874. Le informazioni anagrafiche del Libro Genealogico non si limitano ai soli riproduttori ma includono anche le informazioni relative ai puledri. L'archivio include informazioni di soggetti nati e allevati in Italia, insieme a tutte le loro genealogie note che includono anche antenati nati e allevati all'estero. Dallo stesso archivio anagrafico del Libro Genealogico sono state poi estratte anche le informazioni relative all'anno di nascita, alla provincia di nascita e alla linea di sangue del soggetto.

I grafici qui riportati si riferiscono ai cavalli Haflinger nati in Italia.

La figura 1 riporta l'andamento del numero di cavalli registrati in archivio e nati in Italia, per anno di nascita.

Figura 1 – Frequenza dei cavalli Haflinger nati in Italia per anno di nascita, Le genealogie risalgono al 1874, qui a solo scopo rappresentativo, si riportano solo i cavalli nati a partire dal 1974.



Considerazioni per una corretta valutazione dei risultati del calcolo dei coefficienti di consanguineità

Per valutare i coefficienti di consanguineità calcolati per il Cavallo Haflinger, è importante considerare due aspetti principali:

1. I Cavalli Haflinger, per poter essere iscritti al Libro Genealogico, hanno almeno 5 generazioni conosciute di antenati di razza Haflinger registrate nel Libro Genealogico;
2. Il Libro Genealogico del Cavallo Haflinger ha un grado di completezza di generazioni molto elevato (vedi reports precedenti) che raggiunge e supera in alcuni casi anche le 20 generazioni.

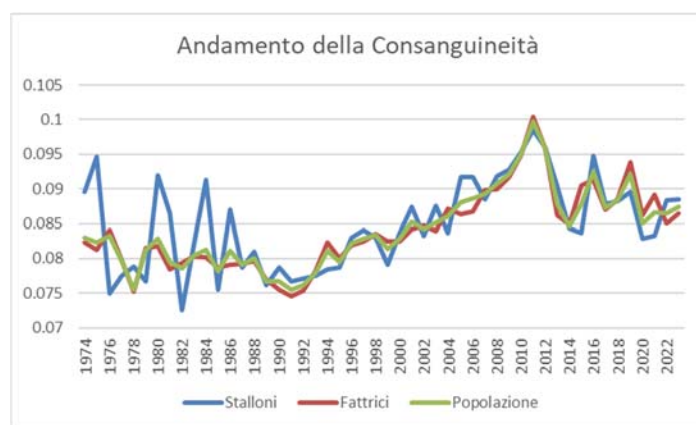
Questi due fattori influenzano in modo sostanziale il valore assoluto dei coefficienti di consanguineità calcolati e rendono difficile il confronto con i valori stimati in altre popolazioni zootecniche, magari con archivi genealogici che includono solo poche generazioni di antenati.

Coefficienti di consanguineità

La consanguineità media di tutti i soggetti inseriti in archivio è risultata pari a 0,083. Questo valore è il valore medio di tutti i coefficienti calcolati e uguale valore è risultato anche per la popolazione di cavalli nati in Italia. Suddividendo poi i cavalli nati in Italia tra maschi e femmine, i valori di consanguineità media risultano ancora molto simili, e rispettivamente pari a 0,084 per gli stalloni e 0,083 per le fattrici.

L'andamento della consanguineità per anno di nascita dei soggetti nati in Italia e registrati nell'archivio è riportato nella Figura 2.

Figura 2 – Andamento del coefficiente di consanguineità dei Cavalli Haflinger per anno di nascita



L'andamento è molto simile a quello già risultante negli anni precedenti. Infatti, per semplificare, con l'avvio del libro genealogico e il maggior numero di genealogie progressivamente registrate, risulta un andamento discontinuo ma tendenzialmente in aumento del valore medio del coefficiente di consanguineità. Dopo questo periodo di incremento, che raggiunge un picco nel 2010, la consanguineità media tende a ridursi e oscilla intorno a valori costanti tra il 2014 e il 2023.

Non si notano sostanziali differenze nell'andamento dei coefficienti medi consanguineità tra gli stalloni e le fattrici.

Consanguineità attesa e programmazione degli Accoppiamenti

Al fine di fornire agli allevatori informazioni personalizzate per pianificare gli accoppiamenti delle loro fattrici, si è successivamente provveduto a calcolare la consanguineità attesa per tutti i possibili accoppiamenti delle loro fattrici con gli stalloni viventi.

In totale sono stati calcolati 998 280 coefficienti di consanguineità attesa, un numero molto elevato di coefficienti che corrisponde, per ognuna delle 4230 fattrici del Libro Genealogico, a tutti i possibili accoppiamenti con uno dei 236 stalloni potenzialmente attivi nella stagione di monta e iscritti al Libro Genealogico.

I coefficienti di consanguineità sono disponibili per gli allevatori e facilmente consultabili nell'applicativo sviluppato dall'Associazione Nazionale Allevatori Cavallo Haflinger Italia nell'ambito del progetto PSRN Equinbio.2 (<https://www.haflinger.it/progetto-equinbio/>).

Ogni allevatore, digitando il codice di registrazione al Libro Genealogico della propria fattrice, può interrogare l'applicativo e valutare il coefficiente di consanguineità atteso del futuro puledro che nascerà con ogni specifico accoppiamento tra la fattrice e un determinato stallone considerato dall'allevatore.

I coefficienti calcolati e l'applicativo disponibile sul sito web di ANACRHA I costituiscono un importante strumento di facile consultazione per gli allevatori e disponibile per programmare al meglio gli accoppiamenti, anche considerando la consanguineità attesa del puledro che nascerà con la scelta di uno specifico stallone accoppiato con la propria fattrice.

CONSANGUINEITÀ GENOMICA

La consanguineità è stata calcolata sulla base dei dati genomici per 280 soggetti Haflinger comprendenti tutte le genotipizzazioni in possesso dell'unità di ricerca

I coefficienti di consanguineità genomica sono stati calcolati attraverso la valutazione delle cosiddette Runs of Homozygosity (ROH).

Le ROH sono tratti di genoma contigui in omozigosi. Possono derivare dall'accoppiamento di due individui imparentati che trasmettono alla prole alplotipi identici. I segmenti ROH lunghi sono spesso associati a una consanguineità recente, mentre quelli corti sono legati a una consanguineità antica, a causa della maggiore probabilità che si verifichino eventi di ricombinazione all'aumentare del numero di generazioni (Eusebi, Martinez, e Cortes 2020).

Utilizzando il software PLINK (Purcell et al. 2007; Chang et al. 2015) e il pacchetto DetectRUNS in R (Biscarini et al. 2019) e settando i seguenti parametri (minimo 15 SNP in una ROH, lunghezza minima pari a 500Kb, un limite di densità non inferiore a uno SNP per 100 kb e consentendo un massimo di un SNP mancante e uno eterozigote in una ROH) si è proceduto al calcolo.

I coefficienti di consanguineità genomica (F_{ROH}) sono in effetti la proporzione di genoma individuale coperta da ROH sulla lunghezza dell'intero genoma.

In dipendenza della lunghezza, una ROH può dare anche la stima di quando l'evento di omozigosi si è verificato: ROH lunga > evento recente, ROH corta > evento meno recente. F_{ROH} è stato espresso per cinque classi lunghezza (0-2 Mbp, da 2-4 Mbp, 4-8 Mbp, 8-16 Mbp, >16 Mbp).

Tabella 1. Valore F_{ROH} per classe di lunghezza (valore espresso in megabasi).

Classe 0-2	Classe 2-4	Classe 4-8	Classe 8-16	Classe >16
0,20	0,14	0,11	0,03	0,06

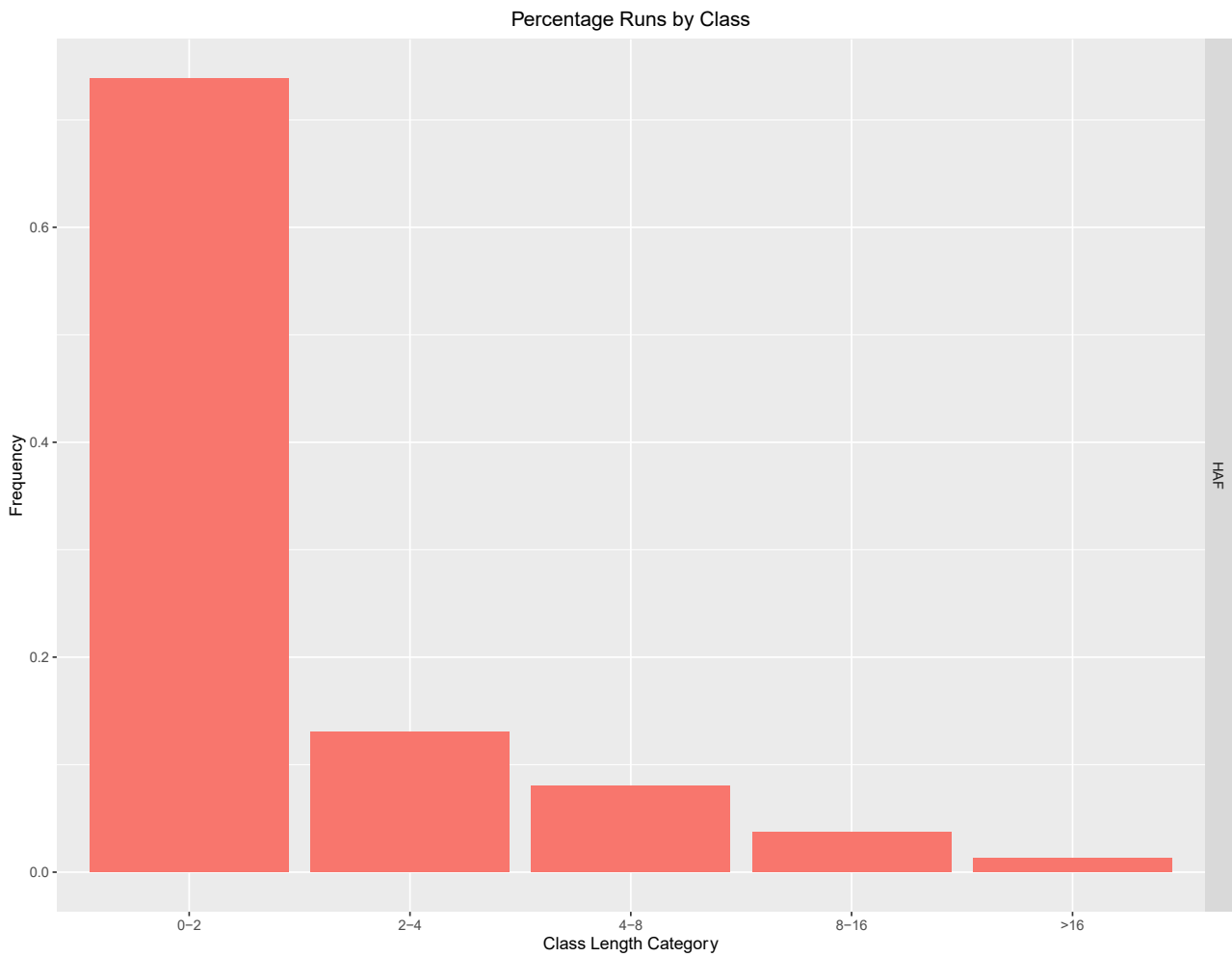


Figura 1: Istogramma rappresentante la percentuale di ROH per classe di lunghezza.

Dalle figura 1 e 2 si evince che la grande maggioranza delle ROH sono di piccole dimensioni e distribuite equamente in tutto il genoma.

Mean Length (Mb) by Chromosome

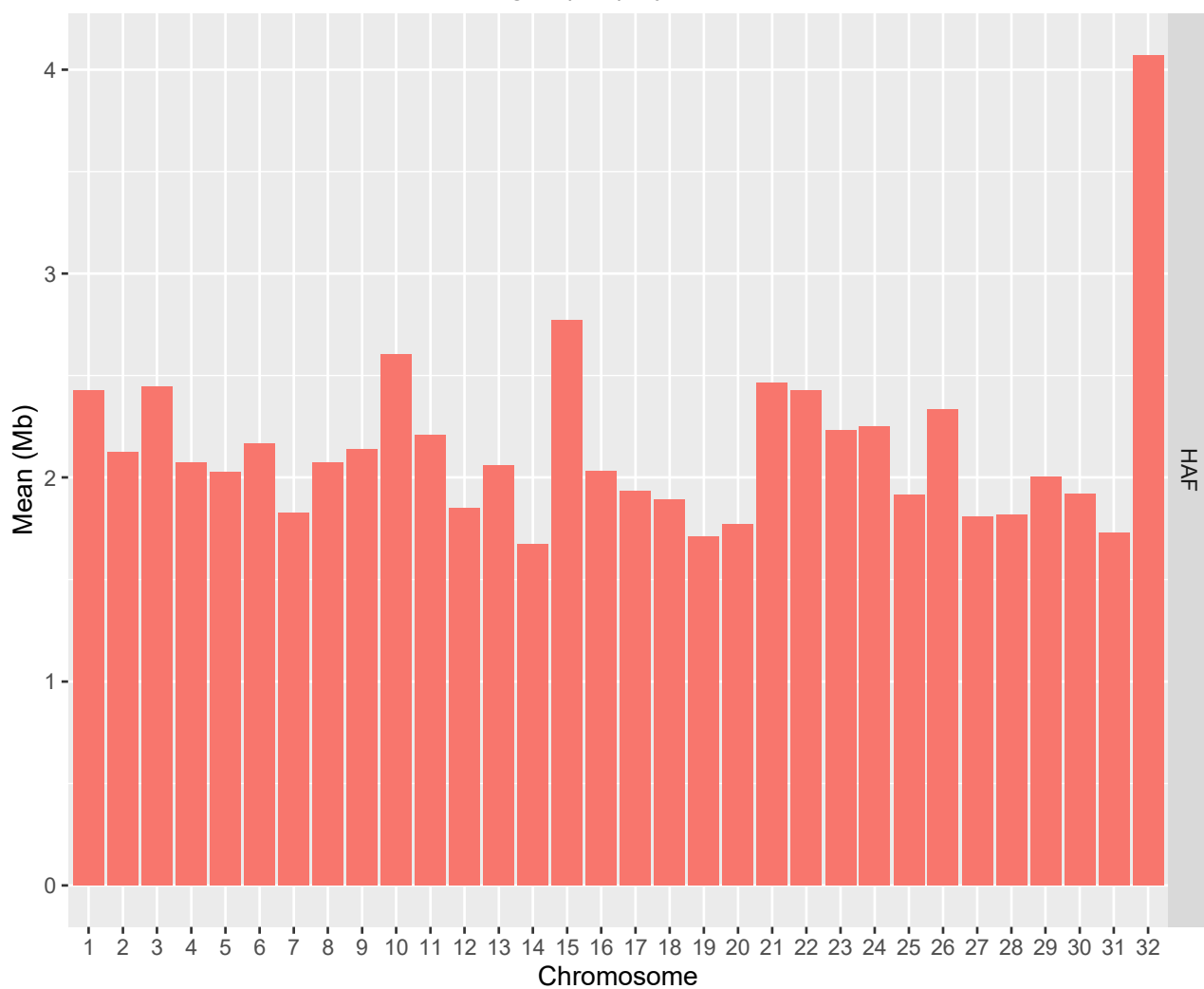


Figura 2: Distribuzione delle ROH per cromosoma.

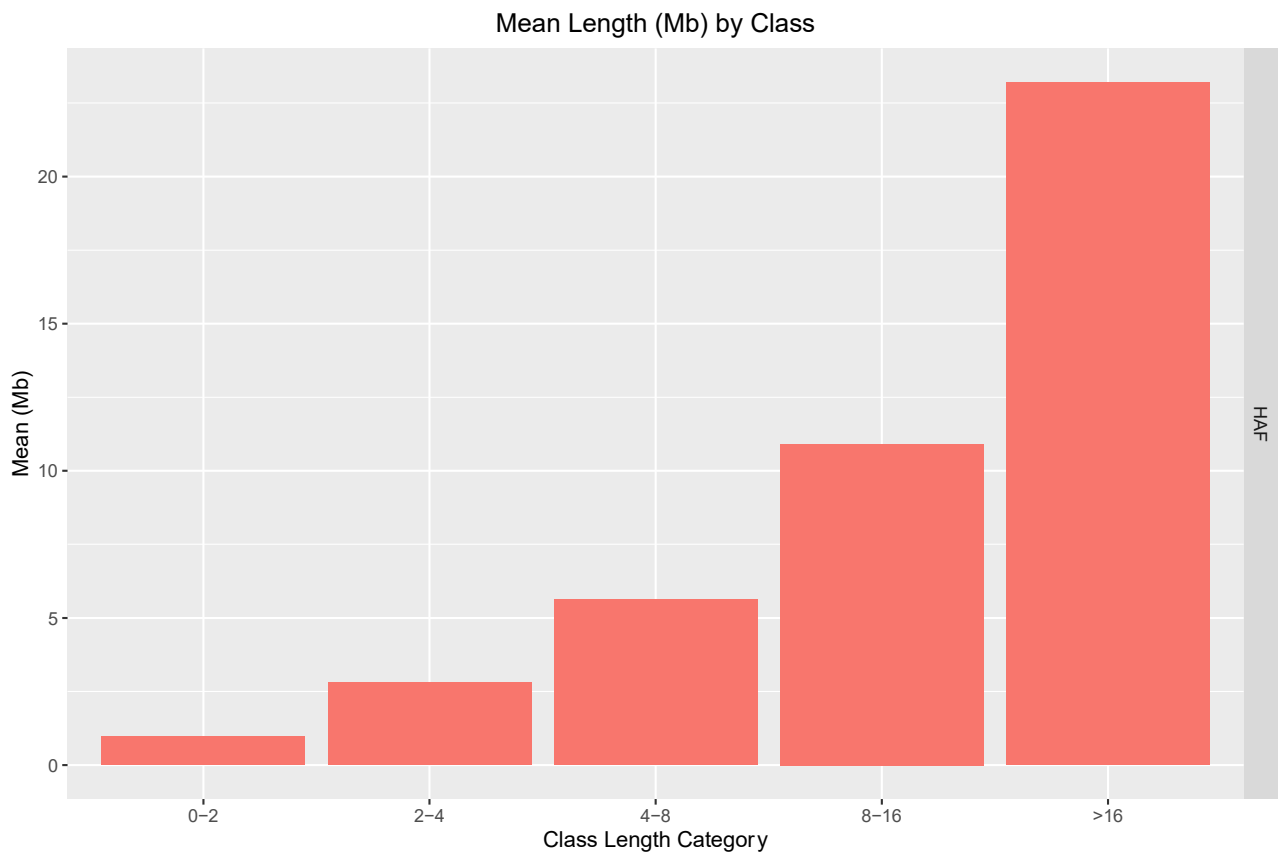


Figura 3: Lunghezza media delle ROH per classe.

La media complessiva di F_{ROH} è risultata uguale a 0,204 (DS=0,04) in tutta la popolazione. La tabella sotto riportata fornisce invece il quadro individuale di inbreeding genomico.

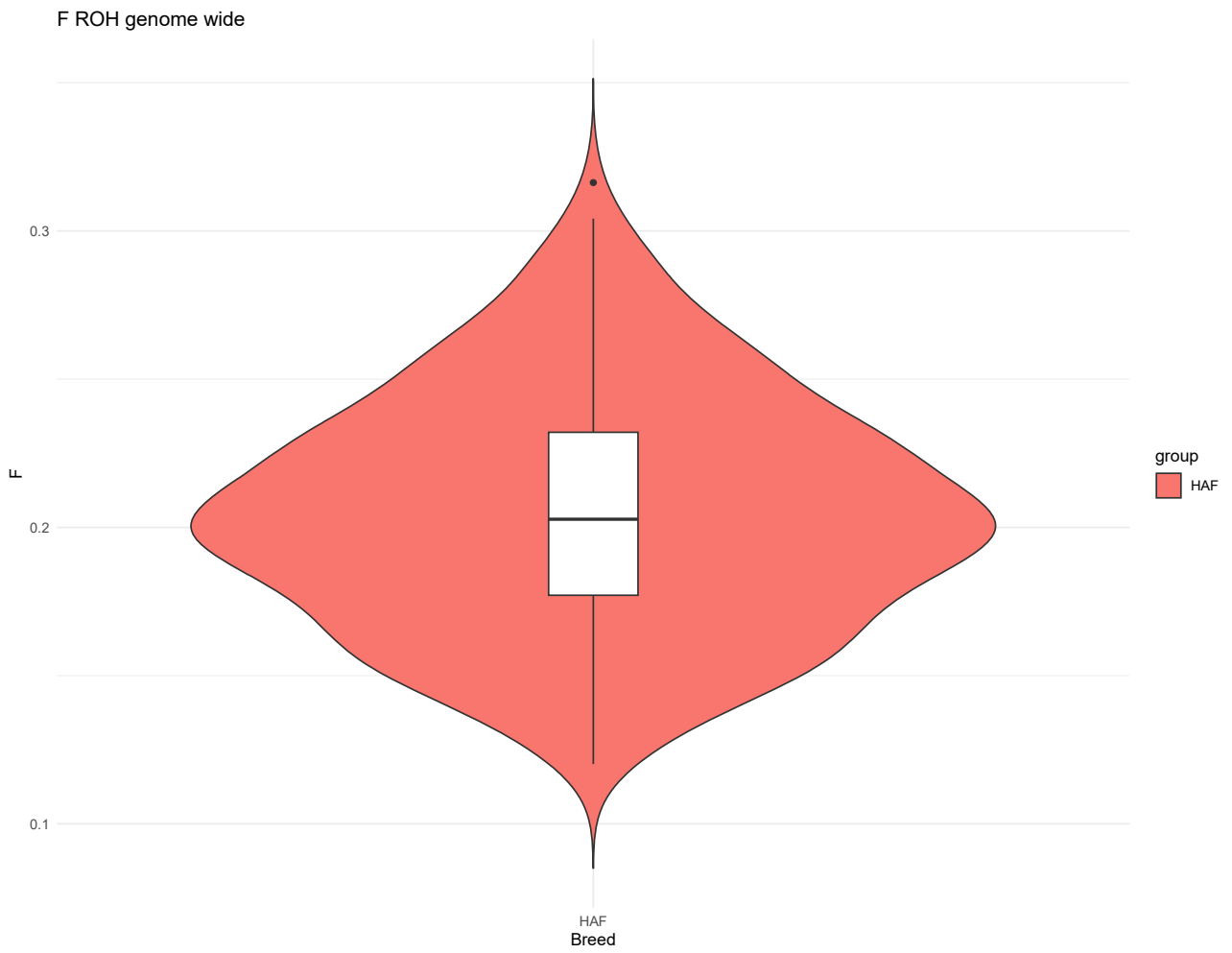


Figura 4: violin plot del valore FROH di tutta la popolazione Haflinger genotipizzata.

Tabella 2. Valore di inbreeding genomico per soggetto.

AGROTIS_ID	Froh_genome (%)
18EQ10016/01	0,14
18EQ10018/01	0,21
18EQ10020/01	0,22
18EQ10021/01	0,15
18EQ10022/01	0,20
18EQ10023/01	0,19
18EQ10024/01	0,17
18EQ10025/01	0,15
18EQ10027/01	0,20
18EQ10028/01	0,29
18EQ10029/01	0,24
18EQ10030/01	0,25
18EQ10031/01	0,20
18EQ10032/01	0,22
18EQ10033/01	0,26
18EQ10034/01	0,24
18EQ10035/01	0,21
18EQ10036/01	0,27
18EQ10037/01	0,20
18EQ10038/01	0,23
18EQ10039/01	0,22
18EQ10040/01	0,21
18EQ10041/01	0,25
18EQ10042/01	0,29
18EQ10043/01	0,22
18EQ10044/01	0,22

AGROTIS_ID	Froh_genome (%)
18EQ10045/01	0,25
18EQ10046/01	0,23
18EQ10047/01	0,25
18EQ10048/01	0,26
18EQ10050/01	0,24
18EQ10144/01	0,19
18EQ10147/01	0,22
18EQ10148/01	0,21
18EQ10149/02	0,28
18EQ10150/02	0,26
18EQ10151/02	0,27
18EQ10152/02	0,21
18EQ10153/01	0,26
18EQ10154/01	0,23
18EQ10155/02	0,23
18EQ10156/01	0,21
18EQ10156/02	0,23
18EQ10157/01	0,25
18EQ10158/01	0,20
18EQ10159/01	0,25
18EQ10160/01	0,22
18EQ10161/01	0,25
18EQ10267/01	0,24
18EQ10268/01	0,25
18EQ10269/01	0,18
18EQ10270/01	0,16
18EQ10271/01	0,16
18EQ10272/01	0,16
18EQ10273/01	0,16

AGROTIS_ID	Froh_genome (%)
18EQ10274/01	0,14
18EQ10275/01	0,20
18EQ10276/01	0,19
18EQ10277/01	0,17
18EQ10278/01	0,18
18EQ10279/01	0,15
18EQ10280/01	0,16
18EQ10281/01	0,19
18EQ10282/01	0,20
18EQ10283/01	0,18
18EQ10284/01	0,19
18EQ10285/01	0,29
18EQ10286/01	0,18
18EQ10287/01	0,18
18EQ10288/01	0,23
18EQ10289/01	0,15
18EQ10290/01	0,18
19EQ30259/02	0,18
19EQ30260/02	0,12
19EQ30261/01	0,18
19EQ30262/01	0,19
19EQ30263/01	0,19
19EQ30264/01	0,15
19EQ30265/01	0,19
19EQ30266/01	0,19
19EQ30267/01	0,24
19EQ30268/01	0,26
19EQ30269/01	0,20
19EQ30270/01	0,18

AGROTIS_ID	Froh_genome (%)
19EQ30271/01	0,12
19EQ30272/01	0,16
19EQ30273/01	0,17
19EQ30274/01	0,15
19EQ30275/01	0,13
19EQ30276/01	0,17
19EQ30277/01	0,21
19EQ30279/01	0,26
19EQ30281/01	0,24
19EQ30283/01	0,20
19EQ30284/01	0,16
19EQ30285/02	0,22
19EQ30286/01	0,19
19EQ30287/01	0,21
19EQ30288/01	0,23
19EQ30290/02	0,30
19EQ30292/02	0,25
19EQ30293/01	0,19
19EQ30294/01	0,24
19EQ30295/01	0,23
19EQ30296/01	0,20
19EQ30298/01	0,17
19EQ30299/01	0,25
19EQ30300/02	0,18
19EQ30301/02	0,17
19EQ30303/02	0,18
19EQ30304/01	0,18
19EQ30305/01	0,19
19EQ30306/01	0,32

AGROTIS_ID	Froh_genome (%)
19EQ30307/02	0,20
19EQ30308/01	0,16
19EQ30309/01	0,15
19EQ30311/01	0,14
19EQ30312/01	0,18
19EQ30313/01	0,16
19EQ30314/01	0,17
19EQ30409/01	0,18
19EQ30410/01	0,15
19EQ30411/01	0,16
19EQ30412/01	0,16
19EQ30414/01	0,23
19EQ30415/01	0,21
19EQ30416/01	0,16
19EQ30417/01	0,21
19EQ30418/01	0,23
19EQ30419/01	0,20
19EQ30420/01	0,16
19EQ30421/02	0,20
19EQ30422/01	0,17
19EQ30435/01	0,18
19EQ30436/01	0,18
19EQ30437/01	0,20
19EQ30438/01	0,15
19EQ30986/01	0,23
19EQ30987/01	0,21
19EQ30988/01	0,23
19EQ30989/01	0,21
19EQ30990/01	0,21

AGROTIS_ID	Froh_genome (%)
19EQ30991/01	0,23
19EQ30992/01	0,28
19EQ30993/01	0,29
19EQ30994/01	0,22
19EQ30995/01	0,23
19EQ30996/01	0,22
19EQ30997/01	0,23
19EQ30998/01	0,16
19EQ30999/01	0,19
19EQ31000/01	0,22
19EQ31001/01	0,18
19EQ31002/01	0,22
19EQ31003/01	0,23
19EQ31004/01	0,26
19EQ31005/01	0,21
19EQ31006/01	0,17
19EQ31007/01	0,16
19EQ31008/01	0,21
19EQ31009/01	0,20
19EQ31066/01	0,21
19EQ31067/01	0,27
19EQ31068/01	0,20
19EQ31069/01	0,13
19EQ31070/01	0,22
19EQ31071/01	0,19
19EQ31072/01	0,16
19EQ31073/01	0,22
19EQ31074/01	0,15
19EQ31075/01	0,17

AGROTIS_ID	Froh_genome (%)
19EQ31076/01	0,24
19EQ31077/01	0,13
20EQ30001/01	0,23
20EQ30002/01	0,20
20EQ30003/01	0,20
20EQ30004/01	0,20
20EQ30005/01	0,22
20EQ30006/01	0,16
20EQ30007/01	0,21
20EQ30008/01	0,22
20EQ30009/01	0,14
20EQ30010/01	0,15
20EQ30011/01	0,17
20EQ30013/01	0,20
20EQ30014/01	0,17
20EQ30015/01	0,15
20EQ30016/01	0,19
20EQ30017/01	0,19
20EQ30018/01	0,21
20EQ30019/01	0,20
20EQ30020/01	0,14
20EQ30021/01	0,18
20EQ30022/01	0,13
20EQ30023/01	0,13
20EQ30024/01	0,17
20EQ30025/01	0,19
20EQ30026/01	0,20
20EQ30027/01	0,20
20EQ30028/01	0,21

AGROTIS_ID	Froh_genome (%)
20EQ30029/01	0,19
20EQ30030/01	0,19
20EQ30031/01	0,20
20EQ30032/01	0,16
20EQ30033/01	0,19
20EQ30034/01	0,22
20EQ30035/01	0,22
20EQ30036/01	0,17
20EQ30037/01	0,24
20EQ30038/01	0,22
20EQ30039/01	0,14
20EQ30040/01	0,17
20EQ30041/01	0,20
20EQ30042/01	0,19
20EQ30043/01	0,13
20EQ30044/01	0,18
20EQ30045/01	0,15
20EQ30046/01	0,25
20EQ30048/01	0,15
20EQ30093/01	0,19
20EQ30095/01	0,14
22EQ11435/03	0,21
22EQ11440/03	0,15
22EQ11466/03	0,22
22EQ11472/03	0,21
22EQ11475/03	0,27
22EQ11477/03	0,17
22EQ11479/04	0,27
22EQ11480/03	0,27

AGROTIS_ID	Froh_genome (%)
22EQ11484/03	0,19
23EQ00247/03	0,23
23EQ00248/03	0,26
23EQ00249/03	0,25
23EQ00250/03	0,18
23EQ00251/03	0,20
23EQ00252/03	0,21
23EQ00253/03	0,28
23EQ00254/03	0,24
23EQ00255/03	0,29
23EQ00256/03	0,30
23EQ00257/03	0,23
23EQ00258/03	0,20
23EQ00259/03	0,23
23EQ00260/03	0,27
23EQ00261/03	0,26
23EQ00263/03	0,27
23EQ00264/03	0,24
23EQ00265/03	0,25
23EQ00266/03	0,25
23EQ00268/03	0,27
23EQ00270/04	0,26
23EQ00641/03	0,24
23EQ00642/03	0,28
23EQ00645/03	0,21
23EQ00646/03	0,17
23EQ00647/03	0,23
23EQ00784/03	0,19
23EQ00812/03	0,21

AGROTIS_ID	Froh_genome (%)
23EQ00814/03	0,20
23EQ00821/03	0,19
23EQ00822/03	0,20
23EQ00823/03	0,25
23EQ00829/04	0,22
23EQ00832/03	0,15
23EQ00833/03	0,14
23EQ00834/03	0,20
23EQ00835/03	0,25
23EQ00953/03	0,22
23EQ00954/03	0,23
23EQ00955/03	0,21
23EQ00956/03	0,28
23EQ00957/03	0,18
23EQ00958/03	0,18
23EQ01096/03	0,29
23EQ01285/04	0,22
23EQ01297/03	0,23
23EQ01298/03	0,19
23EQ01299/03	0,21
23EQ01302/03	0,19

Bibliografia essenziale

- Biscarini, Filippo, Paolo Cozzi, Giustino Gaspa, e Gabriele Marras. 2019. *detectRUNS: Detect Runs of Homozygosity and Runs of Heterozygosity in Diploid Genomes*. <https://CRAN.R-project.org/package=detectRUNS>.
- Chang, Christopher C, Carson C Chow, Laurent CAM Tellier, Shashaank Vattikuti, Shaun M Purcell, e James J Lee. 2015. «Second-generation PLINK: rising to the challenge of larger and richer datasets». *GigaScience* 4 (1): s13742-015-0047-0048. <https://doi.org/10.1186/s13742-015-0047-8>.
- Eusebi, Paulina G., Amparo Martinez, e Oscar Cortes. 2020. «Genomic Tools for Effective Conservation of Livestock Breed Diversity». *Diversity* 12 (1): 8. <https://doi.org/10.3390/d12010008>.
- Purcell, Shaun, Benjamin Neale, Kathe Todd-Brown, Lori Thomas, Manuel AR Ferreira, David Bender, Julian Maller, Pamela Sklar, Paul IW De Bakker, e Mark J. Daly. 2007. «PLINK: a tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses». *The American journal of human genetics* 81 (3): 559–75.

DISTANZA GENETICA E MESCOLAMENTO

Le distanze genetiche tra popolazioni si riferiscono alla misura della differenza genetica tra individui o gruppi all'interno di una stessa specie. Nel nostro caso, popolazioni equine, utilizziamo le razze come raggruppamenti omogenei per calcolare le suddette distanze. La stima della distanza è tanto più precisa quanto maggiori sono le informazioni (in questo caso, le varianti).

Per il calcolo delle distanze genetiche (F_{ST} e D) sono stati utilizzate tutte le genotipizzazioni disponibili per le razze italiane e cosmopolite.

Le distanze genetiche tra le razze italiane e cosmopolite con particolare focus su Noriker e Haflinger sono state calcolate attraverso uno script in python disponibile all'unità di ricerca.

Nella Figura 1 sono riportati tutti i valori di F_{ST} e D (Distanza di Reynolds) per i confronti a coppie tra popolazioni.

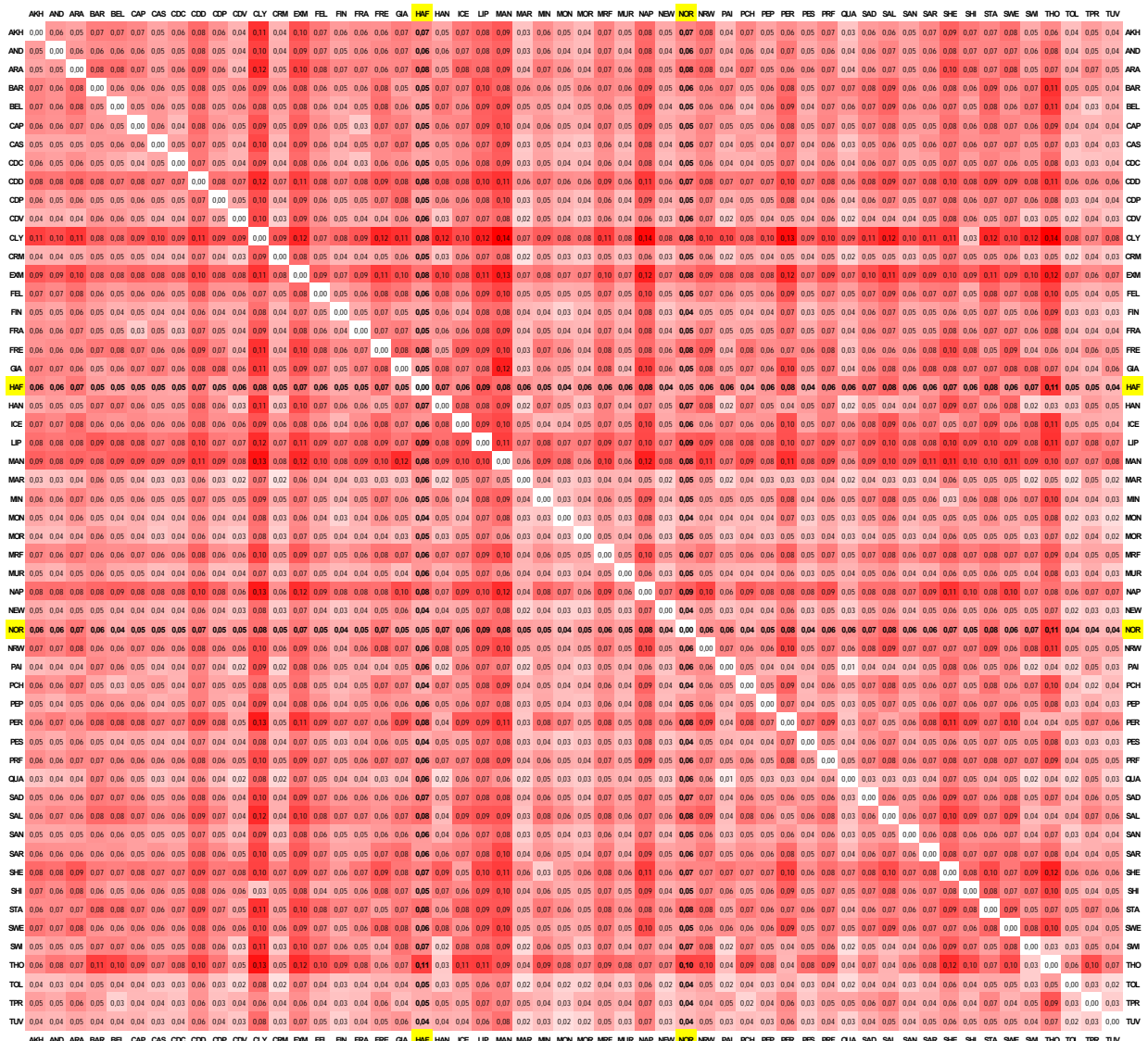


Figura 1. Nella figura uno sono mostrate le distanze genetiche calcolate come F_{ST} (matrice triangolare inferiore) e distanze di Reynolds D (matrice triangolare superiore). La scala di colore va dal bianco al rosso dove il bianco è il minimo (zero, 0) e il rosso è il valore massimo dell'intera matrice (0,15). Noriker (NOR) e Haflinger (HAF) sono evidenziate in giallo e i valori corrispondenti inseriti in grassetto. Le abbreviazioni sono disponibili in (Capomaccio et al. 2023). Più i valori sono prossimi a zero, meno le due popolazioni divergono. I valori maggiori osservati (> 0,10) appartengono ai confronti tra razze più lontane: ad esempio Clydesdale (CLY) vs Purosangue Inglese (THO).

Per apprezzare correttamente la diversità genetica riportiamo anche una figura dal lavoro di Capomaccio e collaboratori (Capomaccio et al. 2023) dove vengono mostrate anche le analisi di multi dimensional scaling (approccio molto simile alle analisi delle componenti principali, PCA), utili a evidenziare i cosiddetti cline di differenziazione genetica (gradienti) e di possibile mescolamento (admixture).

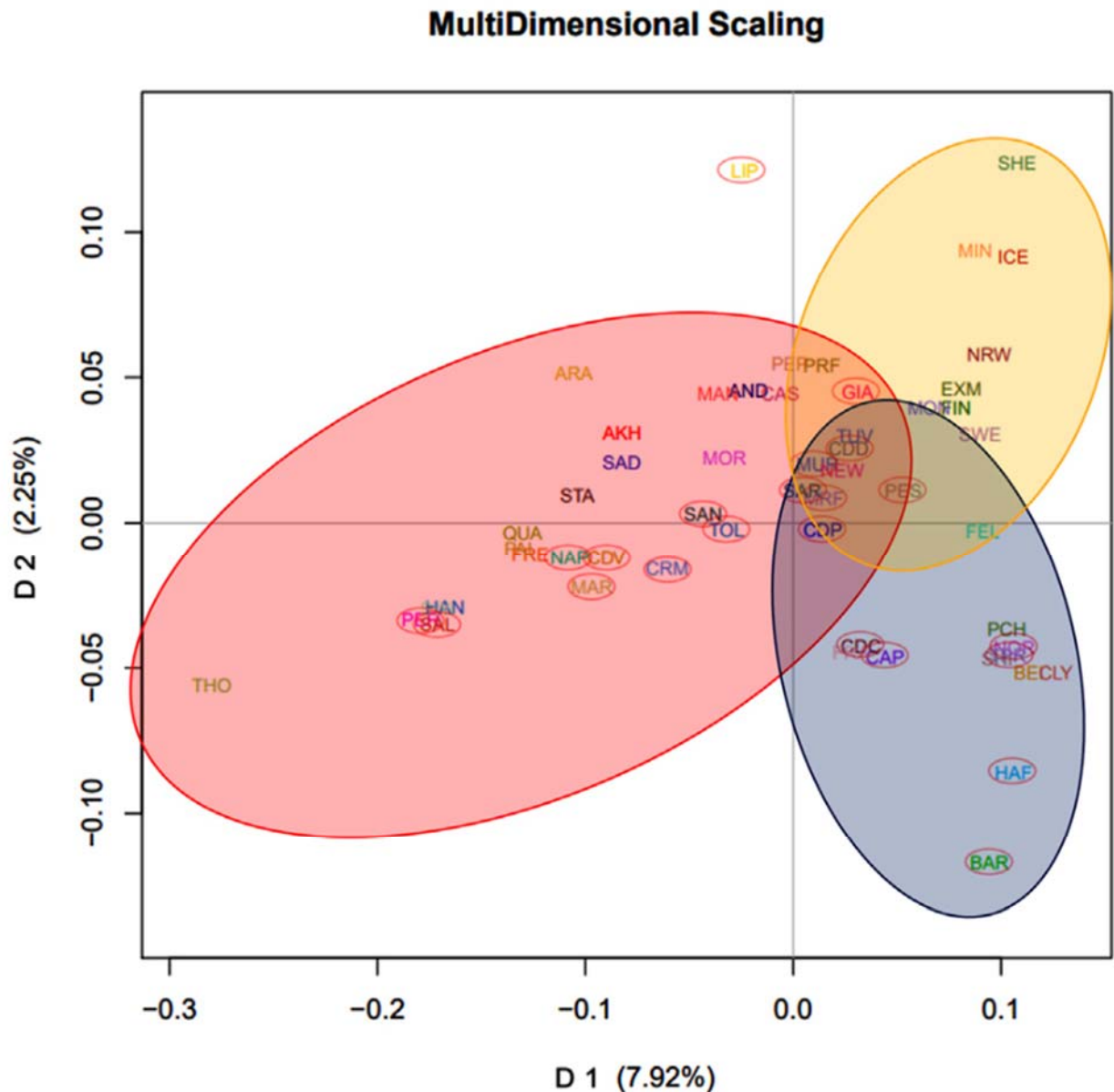


Figura 2. Grafico MDS delle coordinate della dimensione 1 (D1) e 2 (D2). Sono stati evidenziati tre gruppi: cavalli “warmblood”, cerchiati in rosso, cavalli “coldblood” cerchiati in blu e “pony”, cerchiati in giallo. Noriker (NOR) e Haflinger (HAF), sono nella parte cerchiata in blu. La popolazione Noriker è raggruppata correttamente con le popolazioni pesanti mentre Haflinger, pur essendo nello stesso cluster è nettamente distinta da quest’ultime. Anche l’analisi di struttura, che evidenzia il mescolamento, rivela che Haflinger ha una componente genomica intermedia tra le razze sportive e quelle pesanti (Figura 3). Noriker è correttamente individuato come razza “coldblood”.

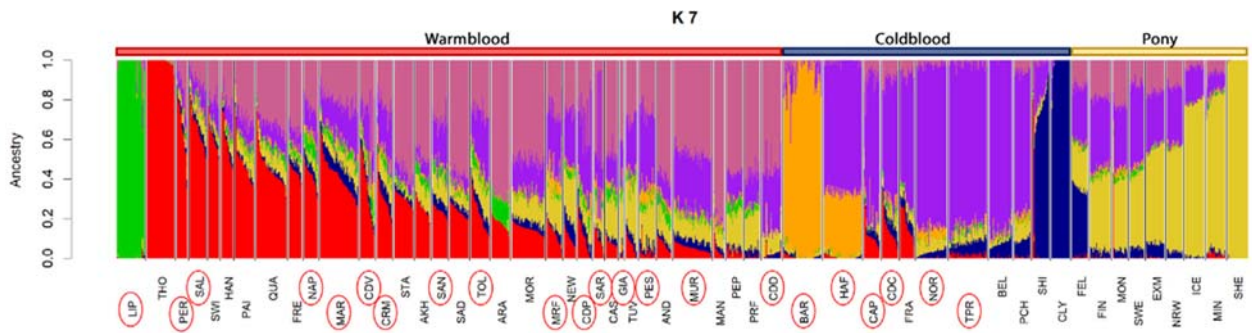


Figura 3. Istogramma dell'analisi di mescolamento delle razze. Da Capomaccio et al 2023.

Capomaccio, Stefano, Michela Ablondi, Daniele Colombi, Cristina Sartori, Andrea Giontella, Katia Cappelli, Enrico Mancin, et al. 2023. «Exploring the Italian equine gene pool via high-throughput genotyping». *Frontiers in Genetics* 14.

<https://www.frontiersin.org/journals/genetics/articles/10.3389/fgene.2023.1099896>.

“PATENTE GENETICA”

All'interno dello SNP-CHIP utilizzato per la genotipizzazione delle razze Haflinger e Noriker sono presenti anche una serie di varianti funzionali ad alcuni caratteri / malattie di seguito sono riportati nelle Tabelle 1 e 2.

Per facilitare la comprensione del risultato ottenuto è stata prodotta una statistica riassuntiva con le percentuali di individui *wild type*, ovvero normali per la condizione in esame (quindi sani o del fenotipo più frequente), *eterozigoti* ovvero portatori di una copia della variante che caratterizza quel particolare fenotipo, oppure individui *omozigoti*, ovvero che hanno la variante in entrambi i cromosomi (materno e paterno).

È chiaro che a seconda della tipologia di eredità (autosomica recessiva, autosomica dominante o autosomica dominante incompleta) e le varie percentuali di penetranza si possano adottare strategie di accoppiamento differenti anche in base al valore degli individui interessati.

In generale, le popolazioni Haflinger e Noriker risultano avere ad alte frequenze le varianti che condizionano i fenotipi caratteristici: Leopard per il mantello nel Noriker oppure Locus *E* in Haflinger, giusto per nominarne alcuni.

Le due popolazioni sono sane ad eccezione per tre condizioni particolari: **PSSM, ovvero malattia da accumulo di polisaccaridi** altrimenti nota anche come rbdomiolisi [in tabella: PSSM Rhabdomyolysis GYS1], che è presente ad alta frequenza nel Norico e a bassa frequenza nell'Haflinger. Questa è una malattia autosomica dominante incompleta, il che significa che anche con una copia la condizione potrebbe manifestarsi.

Molti individui sono invece portatori per il **carcinoma a cellule squamose dell'occhio** [in tabella: Ocular SCC DDB2 (Ocular squamous cell carcinoma)], soprattutto nella popolazione Noriker, dove troviamo addirittura omozigoti. Essendo una malattia autosomica recessiva, andrebbero evitati accoppiamenti tra portatori che producono prole malata nel 25% dei casi. L'individuo omozigote passerà sicuramente una copia della variante alla prole.

Un'altra condizione da tenere sotto controllo è la **fibrosi epatica congenita** [in tabella: Congenital Hepatic Fibrosis], con una frequenza apprezzabile sia in Noriker che Haflinger. Anche per questa malattia, autosomica recessiva, vale la raccomandazione di evitare accoppiamenti tra portatori.

Tabella 1. “Patente Genetica” della popolazione Haflinger indagata per gli SNP funzionali. **Type:** tipologia di carattere; **Trait / Disease:** nome del carattere o della malattia; **WT:** Wild Type, ovvero percentuale degli individui normali / sani; **Het:** Eterozigote, ovvero percentuale degli individui che hanno una copia della variante per il carattere o la malattia; **Hom:** Omozigote, percentuale degli individui che hanno due copie della variante per il carattere o la malattia. Le condizioni con tutte le percentuali a zero sono da interpretare come genotipo non determinato.

Type	Trait / Disease	WT	Het	Hom
Body Size	Body Size ECA11	43,75%	50,00%	6,25%
Body Size	Body Size ECA3	100,00%	0,00%	0,00%
Body Size	Body Size ECA6	100,00%	0,00%	0,00%
Body Size	Body Size ECA9	37,50%	56,25%	6,25%
Body Size	Dwarfism ACAN 42del	100,00%	0,00%	0,00%
Body Size	Dwarfism ACAN CG	100,00%	0,00%	0,00%
Body Size	Dwarfism ACAN CT	100,00%	0,00%	0,00%
Body Size	Dwarfism ACAN delT	100,00%	0,00%	0,00%
Body Size	Dwarfism B4GALT7	100,00%	0,00%	0,00%

Body Size	Pony Size 1	100,00%	0,00%	0,00%
Body Size	Pony Size 2	100,00%	0,00%	0,00%
Body Size	Pony Size 3	100,00%	0,00%	0,00%
Body Size	Pony Size 4	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Brindle BR1	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Brindle Incongenita Pigmenti	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Champagne	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Coat ancestral allele [DUN]	0,00%	50,00%	12,50%
Coat	Coat modern allele [Non-Dun 1]	0,00%	0,00%	0,00%
Coat	Coat modern allele [Non-Dun 2]	0,00%	50,00%	37,50%
Coat	Cream Dilution	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Curly hair variant 1 GA	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Curly hair variant 2 CT	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Dominant White allele W1	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Dominant White allele W10	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Dominant White allele W11	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Dominant White allele W12	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Dominant White allele W13	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Dominant White allele W14	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Dominant White allele W15	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Dominant White allele W16	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Dominant White allele W17	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Dominant White allele W18	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Dominant White allele W19	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Dominant White allele W2	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Dominant White allele W20	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Dominant White allele W21 [White Spotting]	75,00%	6,25%	18,75%
Coat	Dominant White allele W22 [White Spotting]	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Dominant White allele W23 [White Spotting]	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Dominant White allele W3	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Dominant White allele W4	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Dominant White allele W5	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Dominant White allele W6	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Dominant White allele W7	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Dominant White allele W8	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Dominant White allele W9	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Extension modifier	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Extension RedBlack factor [Locus E]	0,00%	0,00%	100,00%
Coat	Frame Overo Lethal White	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Incongenita pigmenti IKBKG	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Macchiato	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Night blindness Leopard Cmplx TRPM1	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Ocular Defects Silver PMEL17	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	PATN1	93,75%	6,25%	0,00%
Coat	Pearl	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Recessive Black agouti [Locus A]	6,25%	25,00%	68,75%
Coat	Sabino SB1	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Splashed White SW1	100,00%	0,00%	0,00%

Coat	Splashed White SW2	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Splashed White SW3	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Splashed White SW4	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Tobiano inv 1551 1551	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Tobiano inv 851 851	100,00%	0,00%	0,00%
Defect	AIS AR 1654del [Androgen Insensitivity Syndrome]	100,00%	0,00%	0,00%
Defect	AIS AR AG [Androgen Insensitivity Syndrome]	100,00%	0,00%	0,00%
Defect	AIS AR CT [Androgen Insensitivity Syndrome]	100,00%	0,00%	0,00%
Defect	AIS AR delT [Androgen Insensitivity Syndrome]	100,00%	0,00%	0,00%
Defect	AIS AR GC [Androgen Insensitivity Syndrome]	100,00%	0,00%	0,00%
Defect	Cerebellar Abiotrophy TOE1	100,00%	0,00%	0,00%
Defect	Congenital Hepatic Fibrosis	56,25%	43,75%	0,00%
Defect	Epidermolysis Bullosa Junctionalis	100,00%	0,00%	0,00%
Defect	Epidermolysis LAMA3	100,00%	0,00%	0,00%
Defect	Foal Immunodeficiency Syndrome	100,00%	0,00%	0,00%
Defect	Gilbert-Meulengracht Syndrome	100,00%	0,00%	0,00%
Defect	HERDA PPIB	100,00%	0,00%	0,00%
Defect	Hoof wall separation SERPINB11	100,00%	0,00%	0,00%
Defect	Hydrocephalus B3GALNT2	100,00%	0,00%	0,00%
Defect	HYPP SCN4A	100,00%	0,00%	0,00%
Defect	Lavendar Foal MYO5A	100,00%	0,00%	0,00%
Defect	Malignant Hyperthermia RYR1	100,00%	0,00%	0,00%
Defect	Mushroom RG alt GC	100,00%	0,00%	0,00%
Defect	Mushroom RT ref CT ilmn	0,00%	0,00%	0,00%
Defect	Myotonia CLCN1	100,00%	0,00%	0,00%
Defect	Naked foal syndrome ST14	100,00%	0,00%	0,00%
Defect	OAAM HOXD3 [Occipitoatlantoaxial Malformation]	100,00%	0,00%	0,00%
Defect	Ocular SCC DDB2 (Ocular squamous cell carcinoma)	62,50%	37,50%	0,00%
Defect	PSSM Rhabdomyolysis GYS1	93,75%	6,25%	0,00%
Defect	Risk Factor IAS SNP1	6,25%	56,25%	37,50%
Defect	Risk Factor IAS SNP2	25,00%	43,75%	31,25%
Defect	Risk Factor Immune Mediated Myositis MYH1	0,00%	0,00%	0,00%
Defect	SCID PRKDC	100,00%	0,00%	0,00%
Defect	Thrombasthenia ITGA2B GC	100,00%	0,00%	0,00%
Defect	WFFS PLOD1	100,00%	0,00%	0,00%

Tabella 2. “Patente Genetica” della popolazione Noriker indagata per gli SNP funzionali. **Type:** tipologia di carattere; **Trait / Disease:** nome del carattere o della malattia; **WT:** Wild Type, ovvero percentuale degli individui normali / sani; **Het:** Eterozigote, ovvero percentuale degli individui che hanno una copia della variante per il carattere o la malattia; **Hom:** Omozigote, percentuale degli individui che hanno due copie della variante per il carattere o la malattia. Le condizioni con tutte le percentuali a zero sono da interpretare come genotipo non determinato.

Type	Trait / Disease	WT	Het	Hom
Body Size	Body Size ECA11	65,31%	32,65%	2,04%
Body Size	Body Size ECA3	95,92%	4,08%	0,00%
Body Size	Body Size ECA6	100,00%	0,00%	0,00%
Body Size	Body Size ECA9	4,08%	32,65%	63,27%
Body Size	Dwarfism ACAN 42del	100,00%	0,00%	0,00%
Body Size	Dwarfism ACAN CG	100,00%	0,00%	0,00%

Body Size	Dwarfism ACAN CT	85,71%	14,29%	0,00%
Body Size	Dwarfism ACAN delT	100,00%	0,00%	0,00%
Body Size	Dwarfism B4GALT7	0,00%	0,00%	0,00%
Body Size	Pony Size 1	100,00%	0,00%	0,00%
Body Size	Pony Size 2	100,00%	0,00%	0,00%
Body Size	Pony Size 3	100,00%	0,00%	0,00%
Body Size	Pony Size 4	0,00%	0,00%	0,00%
Coat	Brindle BR1	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Brindle Incongenita Pigmenti	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Champagne	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Coat ancestral allele [DUN]	0,00%	2,04%	0,00%
Coat	Coat modern allele [Non-Dun 1]	0,00%	0,00%	0,00%
Coat	Coat modern allele [Non-Dun 2]	0,00%	2,04%	57,14%
Coat	Cream Dilution	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Curly hair variant 1 GA	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Curly hair variant 2 CT	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Dominant White allele W1	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Dominant White allele W10	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Dominant White allele W11	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Dominant White allele W12	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Dominant White allele W13	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Dominant White allele W14	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Dominant White allele W15	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Dominant White allele W16	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Dominant White allele W17	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Dominant White allele W18	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Dominant White allele W19	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Dominant White allele W2	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Dominant White allele W20	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Dominant White allele W21 [White Spotting]	67,35%	28,57%	4,08%
Coat	Dominant White allele W22 [White Spotting]	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Dominant White allele W23 [White Spotting]	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Dominant White allele W3	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Dominant White allele W4	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Dominant White allele W5	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Dominant White allele W6	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Dominant White allele W7	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Dominant White allele W8	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Dominant White allele W9	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Extension modifier	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Extension RedBlack factor [Locus E]	48,98%	40,82%	10,20%
Coat	Frame Overo Lethal White	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Incongenita pigmenti IKBKG	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Macchiato	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Night blindness Leopard Cmplx TRPM1	14,29%	22,45%	8,16%
Coat	Ocular Defects Silver PMEL17	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	PATN1	65,31%	26,53%	8,16%
Coat	Pearl	100,00%	0,00%	0,00%

Coat	Recessive Black agouti [Locus A]	20,41%	22,45%	57,14%
Coat	Sabino SB1	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Splashed White SW1	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Splashed White SW2	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Splashed White SW3	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Splashed White SW4	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Tobiano inv 1551 1551	100,00%	0,00%	0,00%
Coat	Tobiano inv 851 851	95,92%	4,08%	0,00%
Defect	AIS AR 1654del [Androgen Insensitivity Syndrome]	100,00%	0,00%	0,00%
Defect	AIS AR AG [Androgen Insensitivity Syndrome]	100,00%	0,00%	0,00%
Defect	AIS AR CT [Androgen Insensitivity Syndrome]	100,00%	0,00%	0,00%
Defect	AIS AR delT [Androgen Insensitivity Syndrome]	0,00%	0,00%	0,00%
Defect	AIS AR GC [Androgen Insensitivity Syndrome]	100,00%	0,00%	0,00%
Defect	Cerebellar Abiotrophy TOE1	100,00%	0,00%	0,00%
Defect	Congenital Hepatic Fibrosis	89,80%	10,20%	0,00%
Defect	Epidermolysis Bullosa Junctionalis	100,00%	0,00%	0,00%
Defect	Epidermolysis LAMA3	100,00%	0,00%	0,00%
Defect	Foal Immunodeficiency Syndrome	100,00%	0,00%	0,00%
Defect	Gilbert-Meulengracht Syndrome	100,00%	0,00%	0,00%
Defect	HERDA PPIB	0,00%	0,00%	0,00%
Defect	Hoof wall separation SERPINB11	100,00%	0,00%	0,00%
Defect	Hydrocephalus B3GALNT2	100,00%	0,00%	0,00%
Defect	HYPP SCN4A	100,00%	0,00%	0,00%
Defect	Lavendar Foal MYO5A	100,00%	0,00%	0,00%
Defect	Malignant Hyperthermia RYR1	100,00%	0,00%	0,00%
Defect	Mushroom RT ref CT ilmn	0,00%	0,00%	0,00%
Defect	Myotonia CLCN1	100,00%	0,00%	0,00%
Defect	Naked foal syndrome ST14	100,00%	0,00%	0,00%
Defect	OAAM HOXD3 [Occipitoatlantoaxial Malformation]	0,00%	0,00%	0,00%
Defect	Ocular SCC DDB2 (Ocular squamous cell carcinoma)	63,27%	34,69%	2,04%
Defect	PSSM Rhabdomyolysis GYS1	79,59%	20,41%	0,00%
Defect	Risk Factor IAS SNP1	51,02%	42,86%	6,12%
Defect	Risk Factor IAS SNP2	32,65%	40,82%	26,53%
Defect	Risk Factor Immune Mediated Myositis MYH1	95,92%	4,08%	0,00%
Defect	SCID PRKDC	100,00%	0,00%	0,00%
Defect	Thrombasthenia ITGA2B GC	100,00%	0,00%	0,00%
Defect	WFFS PLOD1	100,00%	0,00%	0,00%
Defect	Multiple Congenital Ocular Anomalies	100,00%	0,00%	0,00%

ANALISI DEI MARCATORI GENETICI UNIPARENTALI DELLE RAZZE EQUINE HAFLINGER E NORICO

Introduzione

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).

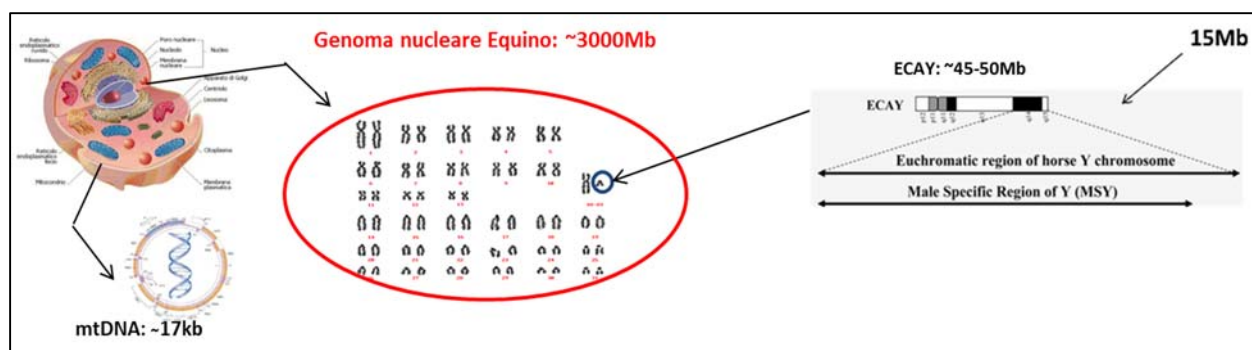


Figura 1. Rappresentazione schematica del genoma nucleare e mitocondriale del cavallo.

Materiali e metodi

Il DNA di 42 cavalli Haflinger e di 65 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.

Risultati dell'analisi del DNA mitocondriale

Haflinger

Come si evince dalla tabella 1, tra i 42 campioni Haflinger sono stati individuati 23 aplotipi differenti (HTHaf01-HTHaf23). I campioni sono poi stati raggruppati in aplogruppi e, facendo riferimento alla nomenclatura pubblicata da Achilli et al. 2012, è stato possibile classificare i 42 Haflinger in 10 aplogruppi (A, B, C, G, I, L, N, O, Q, R) (Tab. 1).

Tabella 1. Classificazione in aplotipi e aplogruppi mitocondriali dei 42 cavalli Haflinger.

	Campione	Sesso	Codice Aplotipo	Aplogruppo
1	H1	F	HTHaf01	I
2	H2	F	HTHaf02	I
3	H3	F	HTHaf03	I
4	H4	F	HTHaf04	L
5	H5	F	HTHaf05	G
6	H6	F	HTHaf06	L
7	H7	F	HTHaf07	G
8	H8	F	HTHaf08	Q
9	H9	F	HTHaf06	L
10	H10	F	HTHaf09	B
11	H11	F	HTHaf08	Q
12	H12	F	HTHaf10	G
13	H13	F	HTHaf11	L
14	H14	F	HTHaf06	L
15	H15	F	HTHaf06	L
16	H16	F	HTHaf11	L
17	H17	F	HTHaf12	N
18	H18	F	HTHaf13	A
19	H19	F	HTHaf06	L
20	H20	F	HTHaf14	L
21	H21	F	HTHaf08	Q
22	H22	F	HTHaf08	Q
23	H23	F	HTHaf15	G
24	H25	F	HTHaf05	G
25	H26	F	HTHaf13	A
26	H27	F	HTHaf06	L
27	H28	F	HTHaf16	L
28	H29	F	HTHaf16	L
29	H31	F	HTHaf17	L
30	H32	F	HTHaf07	G
31	H33	F	HTHaf10	G
32	H34	F	HTHaf06	L
33	H35	F	HTHaf18	R

34	H36	F	HTHaf19	C
35	H37	F	HTHaf20	G
36	H38	F	HTHaf15	G
37	H39	F	HTHaf21	O
38	H40	F	HTHaf05	G
39	H41	F	HTHaf22	N
40	H42	F	HTHaf09	B
41	H43	F	HTHaf23	A
42	H44	F	HTHaf17	L

Il confronto delle sequenze ottenute in questo lavoro con quelle precedentemente pubblicate per le razze Italiane ha portato all'identificazione di 10 aplotipi unici (HTHaf03, HTHaf05, HTHaf08, HTHaf12, HTHaf14, HTHaf15, HTHaf16, HTHaf18, HTHaf20, HTHaf23), mai riscontrati nelle altre razze locali, e di 2 aplotipi condivisi solo con il Purosangue Arabo (HTHaf01) e con il Norico (HTHaf19).

Tra i 42 Haflinger su cui è stata condotta l'analisi dell'mtDNA, gli aplogruppi più rappresentati risultano essere L (35,71%) e G (23,81%) (Fig. 2).

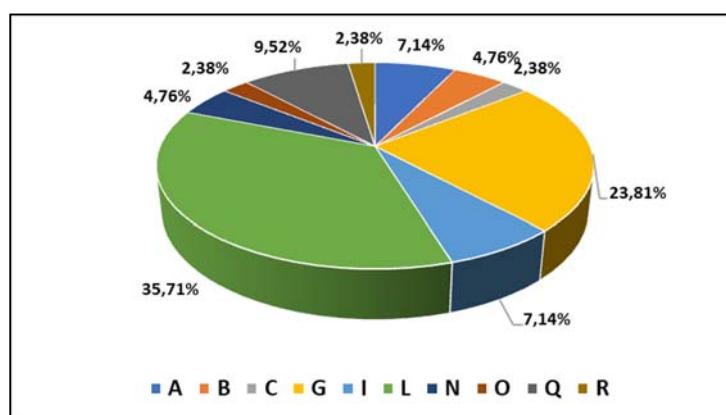


Figura 2. Frequenze degli aplogruppi mitocondriali in 42 cavalli Haflinger.

La network ottenuta dall'analisi degli aplotipi mostra le relazioni filogenetiche esistenti tra gli mtDNA dei 65 campioni (Fig. 3). I cerchietti colorati in verde 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 (cerchio nero) utilizzata per l'annotazione degli aplotipi.

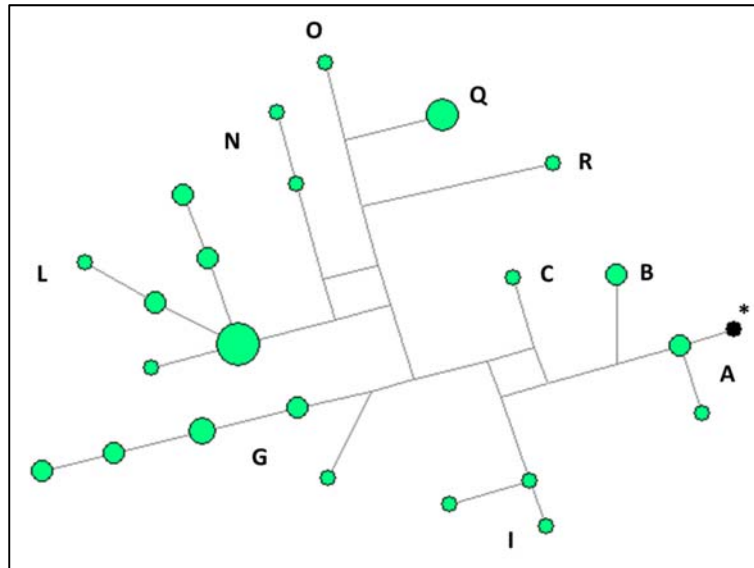


Figura 3. Analisi delle relazioni filogenetiche (Network) tra i 42 cavalli Haflinger.

Norico

L'analisi della regione di controllo del DNA mitocondriale dei 65 campioni Norici ha permesso di individuare ben 36 aplotipi differenti (HTNor01-HTNor36) e di assegnare ad ogni campione il rispettivo aplogruppo mitocondriale. I 65 Norici sono stati quindi classificati in 11 aplogruppi (A, B, C, E, G, I, L, M, N, O'P, Q) (Tab. 2).

Tabella 2. Classificazione in aplotipi e aplogruppi mitocondriali dei 65 cavalli Norici.

	Campione	Sesso	Codice Aplotipo	Aplogruppo
1	NK01	F	HTNor01	L
2	NK02	F	HTNor02	I
3	NK03	F	HTNor03	L
4	NK04	F	HTNor04	A
5	NK05	M	HTNor04	A
6	NK06	F	HTNor05	G
7	NK07	F	HTNor06	L
8	NK08	F	HTNor07	M
9	NK09	F	HTNor08	B
10	NK10	F	HTNor09	M
11	NK11	F	HTNor10	L
12	NK12	F	HTNor11	C
13	NK13	F	HTNor12	I
14	NK14	M	HTNor13	G
15	NK15	M	HTNor06	L
16	NK16	M	HTNor14	O'P
17	NK17	F	HTNor15	L
18	NK18	F	HTNor15	L
19	NK19	F	HTNor16	N
20	NK20	F	HTNor17	L
21	NK21	M	HTNor17	L
22	NK22	F	HTNor18	B

23	NK23	F	HTNor02	I
24	NK24	F	HTNor19	M
25	NK25	F	HTNor20	E
26	NK26	F	HTNor03	L
27	NK27	F	HTNor21	B
28	NK28	F	HTNor22	Q
29	NK29	F	HTNor23	I
30	NK30	F	HTNor19	M
31	NK31	F	HTNor19	M
32	NK32	F	HTNor17	L
33	NK33	F	HTNor03	L
34	NK34	F	HTNor13	G
35	NK35	F	HTNor24	I
36	NK36	F	HTNor10	L
37	NK37	F	HTNor25	L
38	NK38	F	HTNor26	M
39	NK39	F	HTNor27	A
40	NK40	F	HTNor26	M
41	NK41	F	HTNor28	G
42	NK42	F	HTNor22	Q
43	NK43	F	HTNor29	N
44	NK44	F	HTNor19	M
45	NK45	F	HTNor10	L
46	NK46	F	HTNor10	L
47	NK47	F	HTNor06	L
48	NK48	M	HTNor30	N
49	NK49	M	HTNor31	G
50	NK50	F	HTNor25	L
51	NK51	F	HTNor11	C
52	NK52	F	HTNor11	C
53	NK53	F	HTNor17	L
54	NK54	F	HTNor32	Q
55	NK55	F	HTNor25	L
56	NK56	F	HTNor03	L
57	NK57	F	HTNor29	N
58	NK58	F	HTNor33	A
59	NK59	F	HTNor19	M
60	NK60	F	HTNor34	O'P
61	NK61	F	HTNor03	L
62	NK70	F	HTNor35	B
63	NK71	F	HTNor36	I
64	NK72	F	HTNor35	B
65	NK73	F	HTNor11	C

Il confronto delle sequenze ottenute in questo lavoro con quelle precedentemente pubblicate per le razze Italiane ha portato all'identificazione di 7 aplotipi unici (HTNor22, HTNor23, HTNor26, HTNor27, HTNor31, HTNor32, HTNor34), mai riscontrati nelle altre razze locali, e di

2 aplotipi condivisi solo con Haflinger (HTNor11) e con il Cavallo da Tiro Pesante Rapido (HTNor36).

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. 4).

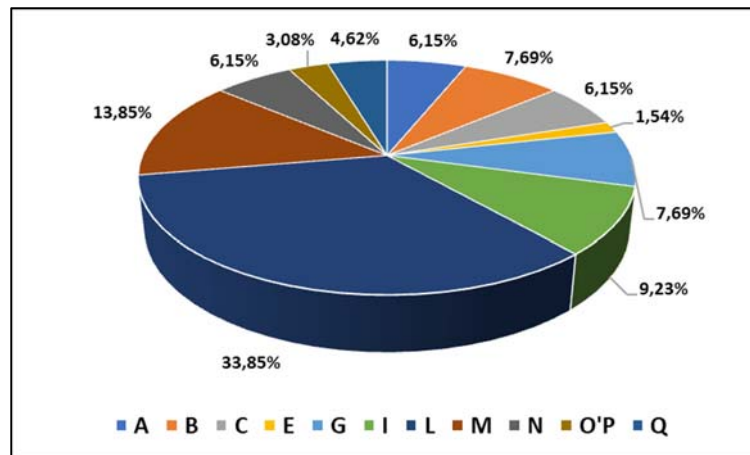


Figura 4. Frequenze degli aplogruppi mitocondriali in 65 cavalli Norici.

La network ottenuta dall'analisi degli aplotipi mostra le relazioni filogenetiche esistenti tra gli mtDNA dei 65 campioni (Fig. 5). 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.

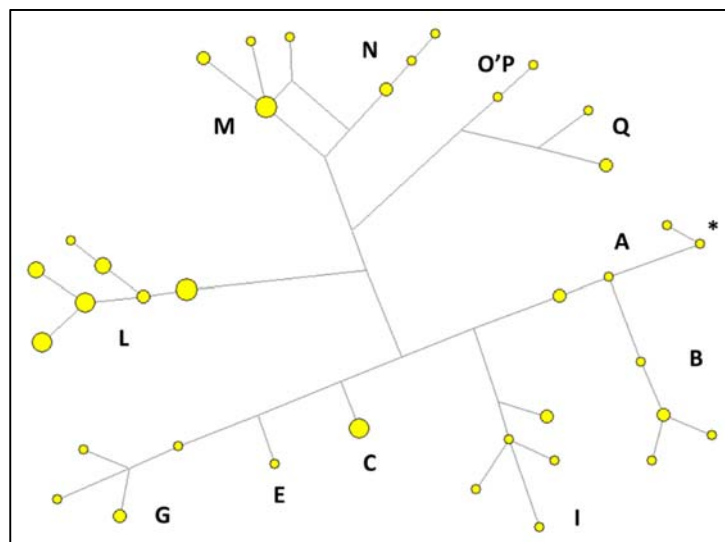


Figura 5. Analisi delle relazioni filogenetiche (Network) tra i 65 cavalli Norici.

Risultati dell'analisi del Cromosoma Y

Per l'analisi della regione maschio-specifica del cromosoma Y, abbiamo fatto riferimento ai loci individuati da Wallner et al. nel 2013. Questo gruppo di ricerca ha infatti osservato una forte influenza genetica degli stalloni provenienti dal Vicino Oriente sui cavalli Europei ed ha descritto sei aplotipi MSY (HT1, HT2, HT3, HT4, HT5, HT6) per i cavalli moderni. Tra questi, tre aplotipi risultano particolarmente comuni: HT1, che rappresenta l'aplotipo ancestrale; HT2, caratteristico dell'ondata Orientale; HT3, tipico del Purosangue Inglese (Wallner et al. 2013; Giontella et al. 2020; Cardinali et al. 2022). I 3 restanti aplotipi (HT4, HT5, HT6) derivano dall'aplotipo HT1 e sono stati riscontrati solo nelle razze nord-europee. In particolare, l'elevata frequenza degli aplotipi HT1 e HT2 sembra essere dovuta all'importazione di cavalli arabi

portatori di questi aplotipi negli allevamenti dell'Europa centrale, mentre la frequenza di HT3 nei cavalli moderni è attribuibile all'uso intensivo del Purosangue Inglese nel miglioramento delle altre razze equine.

Tra i campioni Haflinger analizzati non c'erano esemplari femmina, quindi non è stata condotta l'analisi sul Cromosoma Y. Ad ogni modo, alcune pubblicazioni riportano lo stesso aplotipo HT1 per i cavalli Haflinger provenienti dall'Europa Centrale (Wallner et al. 2013; Kreuzmann et al. 2014). L'analisi di 3 loci dell'MSY dei 7 stalloni Norici, invece, ci ha permesso di osservare che essi presentano tutti lo stesso aplotipo HT1.

Un recente lavoro riguardante l'analisi della regione maschio-specifica del cromosoma Y (MSY) di molte razze equine moderne ha affermato che i cavalli appartenenti alle razze Haflinger e Norico, tutti campionati in Italia, appartengono ad un aplogruppo della linea maschile rappresentato da stalloni Arabi e da razze di cavalli da tiro (Felkel et al. 2018).

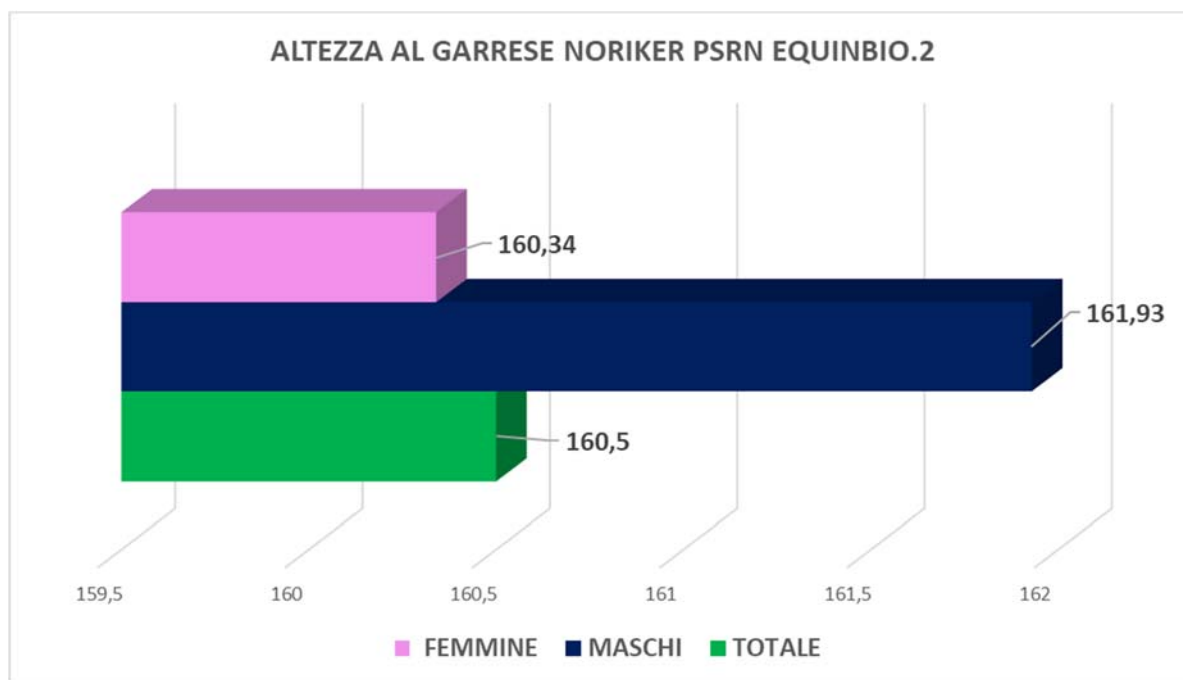
Conclusioni

L'analisi del DNA mitocondriale ha evidenziato un totale di 17 aplotipi unici (10 tra i cavalli Haflinger e 7 nei Norici) mai riscontrati nelle altre razze locali Italiane precedentemente analizzate. Tutti i campioni sono poi stati classificati in aplogruppi, mostrando una buona variabilità e delle caratteristiche peculiari nelle due razze. 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.

L'analisi dei 3 loci del cromosoma Y invece ha delineato una mancanza di variabilità genetica tra gli stalloni Norici analizzati. Al fine di confermare questo dato e poter fare un'analisi comparativa tra i dati riguardanti le linee materne e quelli relativi alla controparte maschile, risulta comunque necessario estendere il campionamento anche agli stalloni Haflinger ed ampliare il numero di loci MSY da analizzare.

ANALISI STATISTICA DEI DATI RILEVATI PRSN EQUINBIO.2 - NORIKER

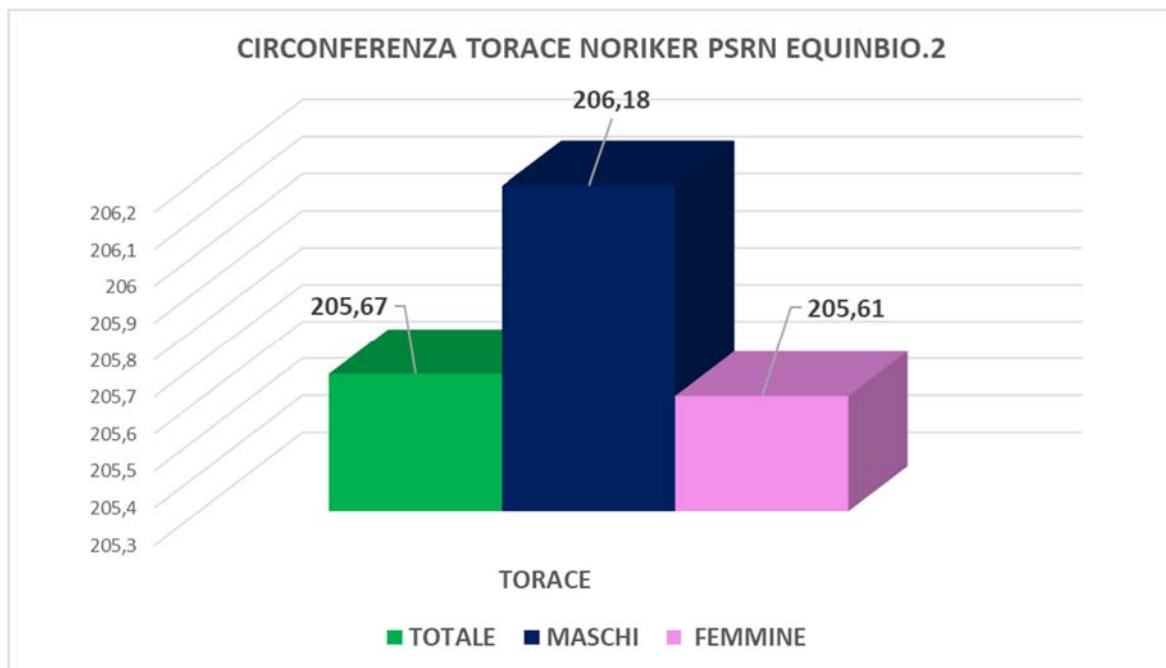
L'analisi statistica dei dati rilevati su 160 cavalli Noriker rappresenta un fondamentale strumento per comprendere le caratteristiche biometriche e le valutazioni dei soggetti presentati nel periodo dal 2020 al 2023. I grafici relativi ai dati biometrici non evidenziano differenze significative tra i sessi: i soggetti maschi tendono ad avere misure leggermente maggiori rispetto alle femmine, come in tutte le altre razze infatti, sono superiori nei diametri e nell'altezza.



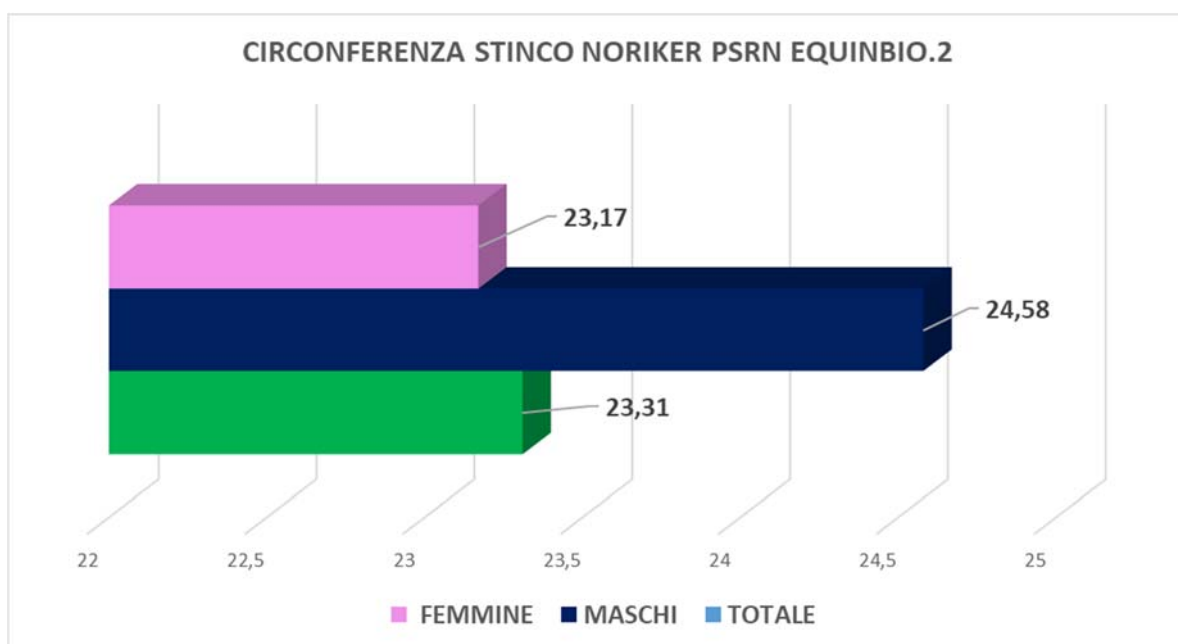
Le statistiche riguardanti la qualità dei soggetti rivelano un quadro confortante per quanto riguarda le caratteristiche strutturali e di tipicità di razza dei cavalli Noriker. Tuttavia, emergono problematiche significative legate agli arti e al movimento, che rappresentano delle criticità importanti in termini di benessere degli animali e di loro longevità. È imperativo che l'attenzione si concentri su queste carenze, al fine di implementare interventi mirati che migliorino l'equilibrio degli appiombi e il movimento dei cavalli Noriker in Italia.

Questi dati forniscono una base solida per l'adozione di misure correttive e preventive volte a garantire il benessere e la salute della razza Noriker, nonché a preservarne le caratteristiche distintive. È fondamentale che vengano sviluppati strumenti e programmi specifici per affrontare queste problematiche, coinvolgendo attivamente gli allevatori e gli esperti del settore per raggiungere risultati tangibili nel miglioramento della salute e della longevità di questa razza equina. A tal fine ANACRHAi già nel 2024 ha messo in preventivo di elaborare con la Dott.ssa Antonia Bianca Samorè dei nuovi indici genetici proprio riguardanti la correttezza degli arti e appiombi e le andature al passo e al trotto.

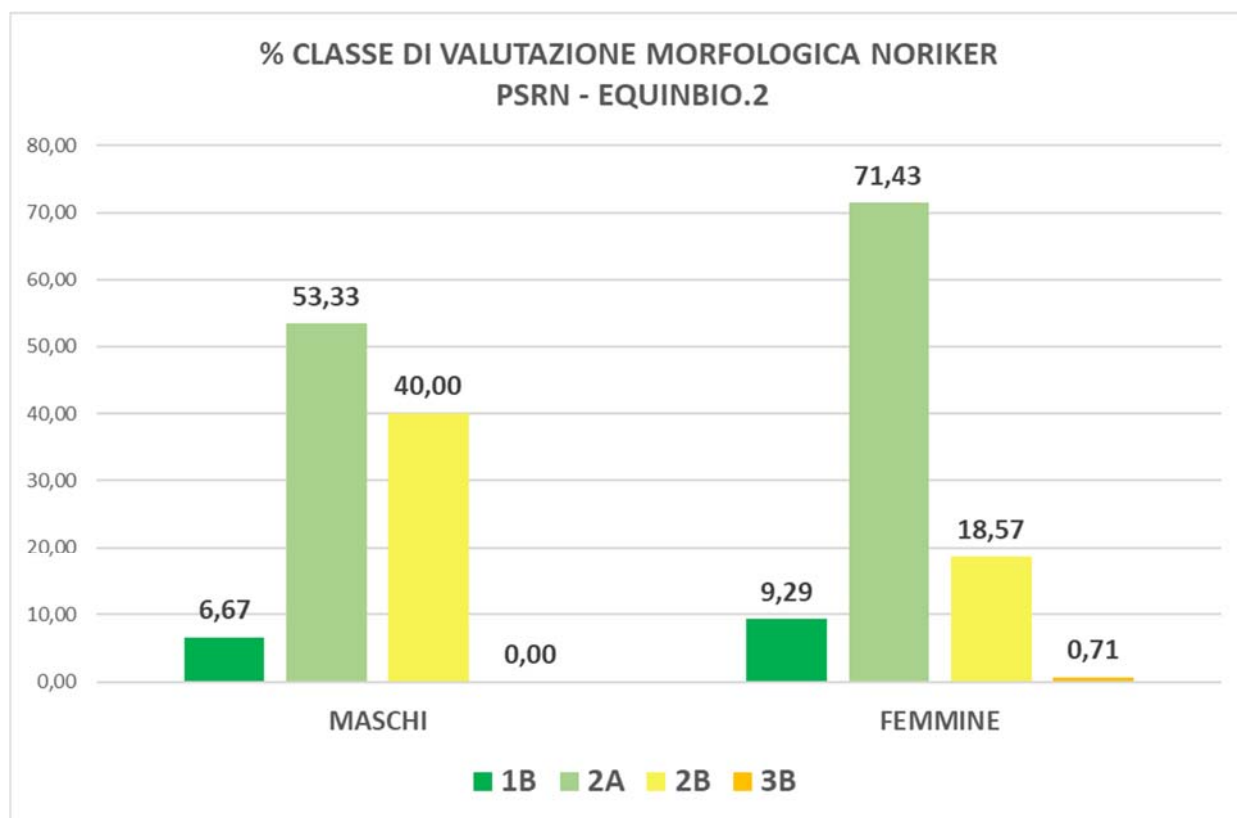
Di seguito si riportano grafici statistici, riguardanti i rilevamenti biometrici dell'anno 2023 e i grafici concernenti le valutazioni dei soggetti presentati nel triennio dal 2020 al 2023.



Le statistiche relative alla qualità dei soggetti, che si evincono dalle schede di valutazione morfologica redatte dagli esperti di razza incaricati nelle varie rassegne, ci presentano un quadro generale mediamente buono, con la grande percentuale dei soggetti valutati che si attesta in tale classe di merito (IIA – Buono). Per estremi vediamo quanto siano quasi sparite le valutazioni più basse (terza classe) a dimostrazione del fatto che qualitativamente la selezione ha spostato la media sulla maggior qualità. I migliori soggetti, appartenenti per valutazione fenotipica e morfo-funzionale alla Prima Classe sono ancora pochi rispetto ai soggetti presi in esame in questo quadriennio, ma la pregiudiziale che rilega in seconda classe tanti validi soggetti, è quasi sempre riscontrabile e riconducibile a difetti e problemi legati ad arti appiombi e movimento.



Le valutazioni morfologiche dei cavalli Noriker forniscono preziose informazioni sulla selezione e la qualità degli esemplari all'interno della razza. La selezione è particolarmente severa per i maschi, principalmente a causa della loro capacità riproduttiva, che permette loro di coprire molte più fattrici rispetto ai puledri che può produrre in un anno una fattrice. Questo aspetto rende essenziale una selezione rigorosa per garantire il miglioramento genetico della razza.



Analizzando i dati relativi ai maschi valutati negli ultimi tre anni, emerge che il 6,67% appartiene alla classe di merito I^a Classe B, il 53,33% alla II^a Classe A e il restante 40,00% alla II^a Classe B. Questi numeri suggeriscono una distribuzione variegata della qualità tra gli esemplari maschi, con una predominanza di soggetti appartenenti alla classe II^a Classe A.

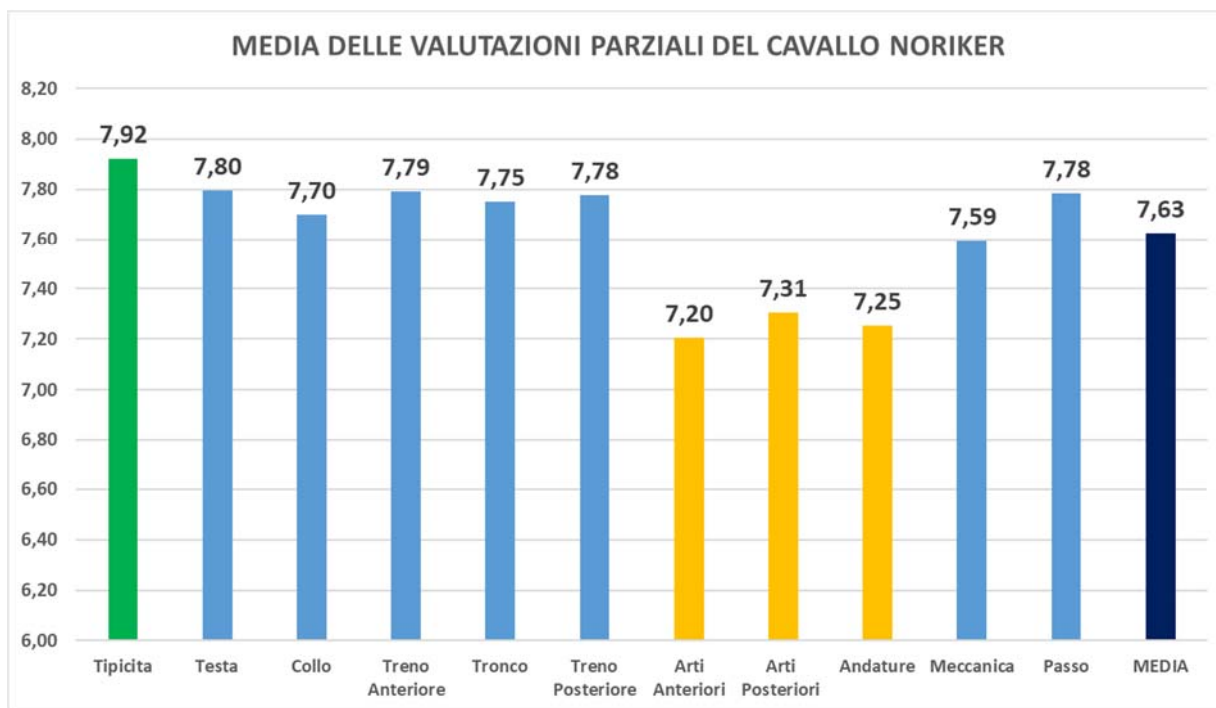
D'altra parte, considerando le fattrici iscritte al libro Genealogico, si osserva una distribuzione leggermente diversa: il 9,29% appartiene alla I^a Classe B, il 71,43% alla II^a Classe A, il 18,57% alla II^a Classe B e solo lo 0,71% alla II^a Classe. Questi dati evidenziano una maggiore prevalenza di fattrici di qualità superiore, con una percentuale meno significativa classificata nella II^a Classe B.

Le classi di merito vengono determinate sulla base del punteggio complessivo ottenuto nelle 11 voci parziali presenti nella scheda morfologica di ciascun soggetto (grafico foto sotto). Questi punteggi consentono una suddivisione ulteriore dei soggetti in sotto-classi di merito, che vanno dalla 1A alla 3B, con valori di media del punteggio associati a ciascuna classe.

L'analisi approfondita delle valutazioni parziali dei cavalli Noriker rivela due aspetti fondamentali che forniscono importanti spunti per futuri studi scientifici.

Innanzitutto, è significativo notare che il punteggio medio di tipicità si attesta a 7,92 punti. Questo dato indica che la maggioranza dei soggetti sottoposti a valutazione presenta caratteristiche tipiche ben definite della razza Noriker. Tale risultato è estremamente positivo, in quanto identifica in modo accurato il fenotipo distintivo del cavallo Noriker, fornendo una base solida per la sua classificazione e selezione.

Tuttavia, alcuni dati destano preoccupazione, in particolare quelli relativi agli arti anteriori e posteriori, nonché alla correttezza delle andature.



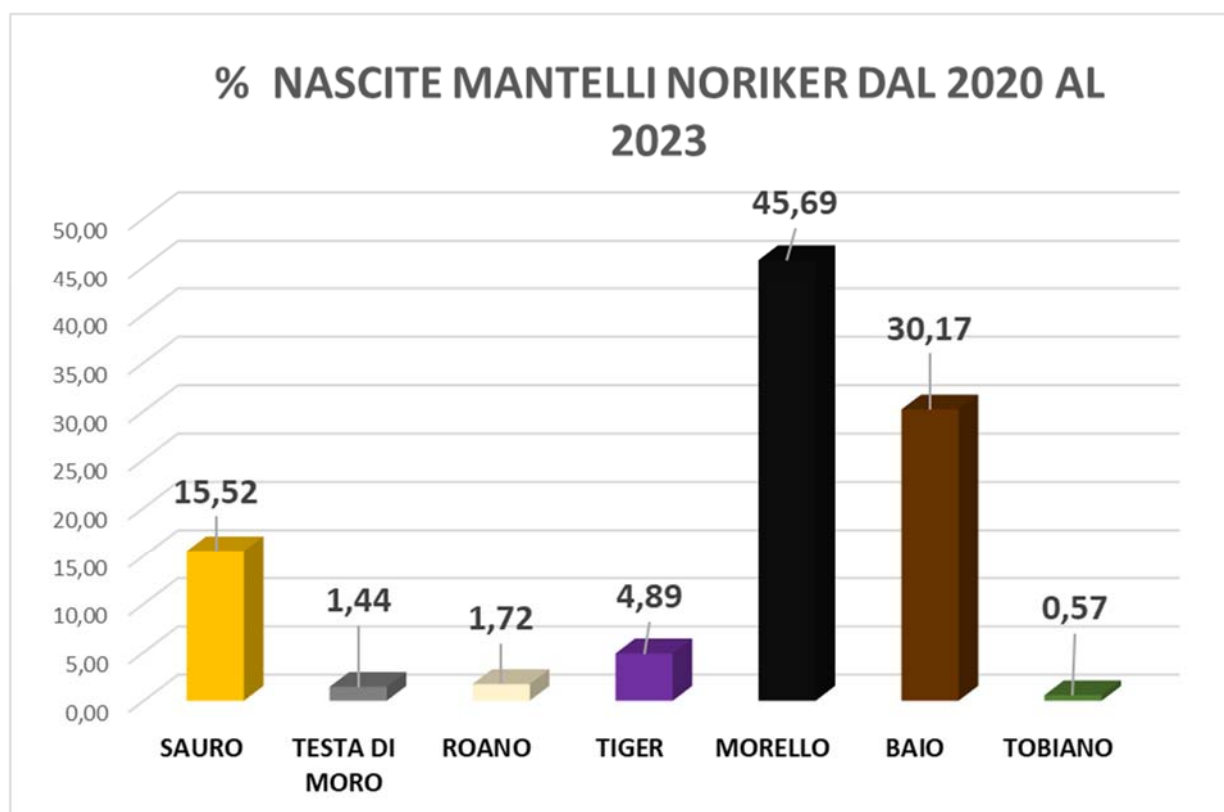
Gli arti anteriori presentano un punteggio medio di soli 7,20 punti, mentre gli arti posteriori raggiungono una media di 7,31 punti. Questi valori indicano una tendenza verso una valutazione meno favorevole per la conformazione degli arti, suggerendo la presenza di difetti o imperfezioni che potrebbero influenzare le prestazioni e il benessere del cavallo.

Analogamente, la media di 7,25 punti nella correttezza delle andature evidenzia una situazione che richiede attenzione. È importante notare che la maggior parte dei soggetti valutati presenta degli arti cagnoli, che possono compromettere la regolarità e l'efficienza del movimento.

In particolare, la presenza di arti cagnoli, che escono dalle piste durante il movimento e prima dell'appoggio tendono a falciare per rientrare sulle proprie piste. Questo rappresenta una criticità che richiede un'approfondita analisi e interventi mirati per correggere o mitigare questa condizione. In conclusione, mentre la valutazione complessiva della tipicità dei cavalli Noriker è positiva, è necessario concentrarsi sul miglioramento della conformazione degli arti e sulla correttezza delle andature per garantire il benessere e le prestazioni ottimali della razza. Questi risultati forniscono importanti indicazioni per orientare futuri studi scientifici e interventi mirati nell'allevamento e nella gestione dei cavalli Noriker.



Con la collaborazione dell'Università di Perugia, sono stati analizzati i mantelli del cavallo Noriker per arrivare a decifrare determinati caratteri dominanti o recessivi della straordinaria variabilità di tale aspetto in questa razza. Da 2020 al 2023 sono state registrate 348 nascite con i seguenti mantelli: 17 Tiger 105 Baio, 159 Morello, 2 Tobiano, 6 Roano, 5 Testa di moro. In particolare possiamo dire che il 75,86 % , ovvero i $\frac{3}{4}$ dei soggetti, hanno un mantello Morello o Baio e sono invece da monitorare i mantelli che pian piano stanno scomparendo dalla Razza :il Testa di Moro con una percentuale del 1,44%, il Roano con 1,72% e il Tobiano con solo lo 0,57%. Questa è la testimonianza di grande variabilità di tale carattere, che comunque ha degli indicatori di ciò che più viene ricercato e di ciò che invece va a prescindere salvaguardato e monitorato. Avere dati scientifici che ci supportano è prezioso per cercare di avere quanti più strumenti a disposizione al fine di tutelare e salvaguardare tale particolare aspetto della variabilità genetica e fenotipica del cavallo Noriker.



MATERIALE DIVULGATIVO – SITO WEB DATABASE ON-LINE CAVALLO HAFLINGER

E' stato ristampato il depliant informativo del Cavallo Haflinger relativo al progetto Equinbio.2 che è anche stato distribuito in occasione di Raduni, Rassegne e Manifestazioni. Le evidenze della partecipazione sono verificabili sul sito 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 aggiornato e implementato 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 HAFLINGER: PATRIMONIO ITALIANO DI BIODIVERSITA'

Grazie al progetto PSRN EQUINBIO.2, ANACRHA ha cercato di costruire e sta cercando di implementare la raccolta di dati fenotipici e biologici al fine di approfondire ricerche scientifiche e statistiche volte a ricercare nuovi orizzonti di selezione, nonché porre le basi per tutelare la variabilità genetica. Questionari, nuovi dati biometrici e genotipizzazione sono solo alcuni degli aspetti che andranno ad aumentare gli strumenti da mettere a disposizione degli allevatori. La selezione fatta in purezza negli ultimi 30 anni ci ha dato un cavallo decisamente migliore per i fini ludici e sportivi, ma altresì ha ridotto la biodiversità in maniera sensibile. E' ormai consolidato il rapporto con l'Università degli Studi di Perugia col Centro di ricerca sul cavallo sportivo del dipartimento di medicina veterinaria, con il quale è intenso lo scambio di informazioni e ricerche.



Inoltre i nostri database saranno implementati di tali indicazioni aggiuntive al fine di incentivare la produzione di soggetti solidi, ben strutturati e dotati di ottime capacità di adattamento ambientale così da garantire valide capacità d'impiego duraturo e nel rispetto del benessere animale. Oltre che consolidare le caratteristiche di tipicità della razza, valutare la consanguineità ed elaborare relativi piani di accoppiamento, salvaguardare la variabilità genetica con azioni volte al recupero di linee genetiche rare. Salute, Biodiversità, Qualità. Questi sono gli obiettivi in sintesi affinché la razza Haflinger migliori ancora e sia ancor più apprezzata in tutto il Mondo.

A. N. A. C. R. H. A. I.
Viale Kennedy, 182
50038 Scarperia (PI)
Tel. 055-4627295 - Fax: 055-4628717
www.haflinger.it - e-mail: anacra@haflinger.it



FEASR

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