

Biodiversity and local poultry breeds conservation

Dr. Filippo Cendron, PhD

Università degli studi di Padova
Dipartimento di Agronomia,
Animali, Alimenti, Risorse naturali
e Ambiente (DAFNAE)

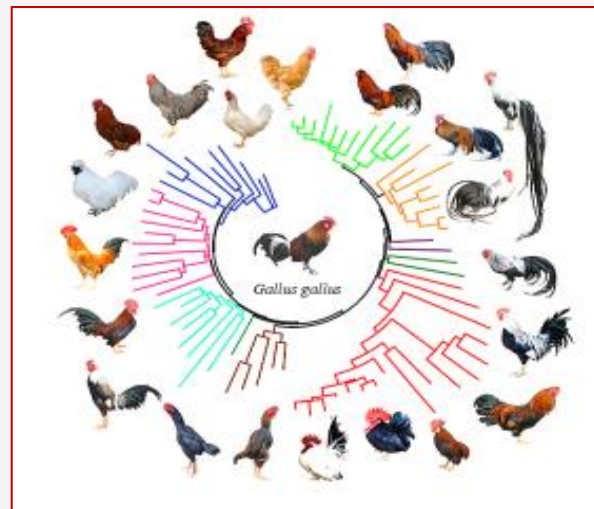
filippo.cendron@unipd.it



UNIVERSITÀ
DEGLI STUDI
DI PADOVA

DAFNAE

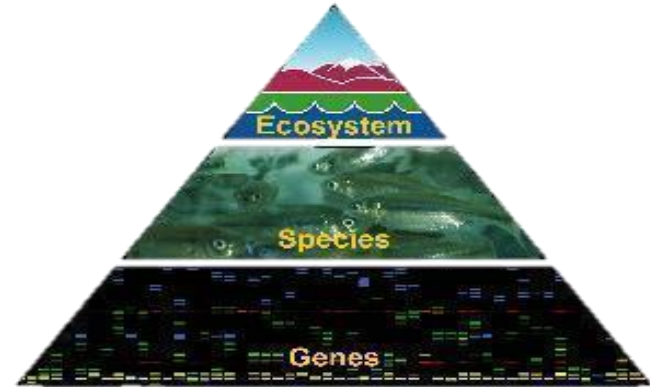
Dipartimento di Agronomia Animali
Alimenti risorse Naturali e Ambiente



L'organizzazione della biodiversità

Si esprime su tre livelli :

1. Gene - (diversità genetica);
2. Specie - (diversità tassonomica);
3. Ecosistemi - (diversità ambientale)



La Convenzione sulla Diversità Biologica CBD
Rio de Janeiro 1992; ratificata dall'Italia L n 124 del 14 febbraio 1994.

Obbiettivi :

- La conservazione della diversità biologica;
- L'uso sostenibile dei componenti della diversità biologica;
- La giusta ed equa ripartizione dei benefici derivanti dall'utilizzo delle risorse genetiche.

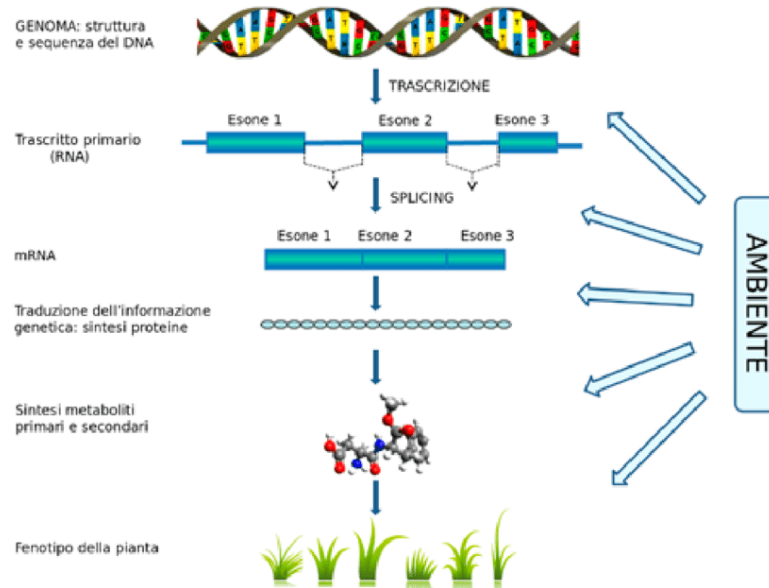
Misura della biodiversità

1. Misura di diversità genetica (eterozigosi, distanze genetiche)
2. Genetica di popolazione (naturali, addomesticate)
3. Genetica della conservazione (emergenza e rischi)
4. Genomica funzionale (genotipo e fenotipo)
5. Risorse genetiche (indicatori di diversità e variabilità genetica)



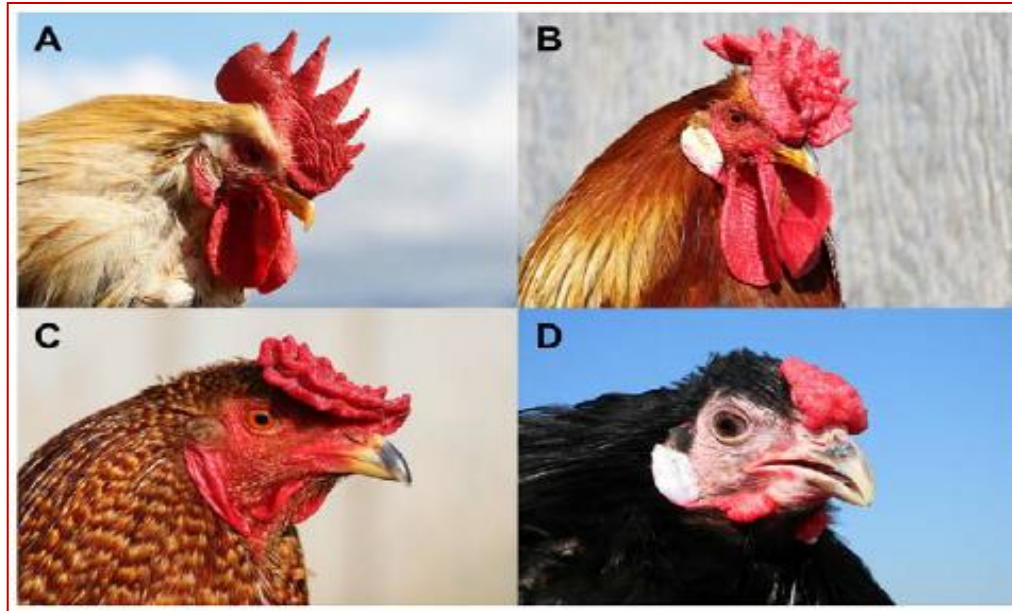
Genotipo

Il termine **genotipo** si riferisce all'**insieme di tutti i geni che compongono il DNA** (corredo genetico / identità genetica / costituzione genetica) di un organismo o di una popolazione. Ogni gene, singolarmente e/o in modo cooperativo, contribuisce in maniera diversa allo sviluppo, alla fisiologia e al mantenimento funzionale dell'organismo



Fenotipo

Con il termine fenotipo (dal greco phainein, che significa "apparire", e týpos, che significa "impronta") si intende l'insieme di **tutte le caratteristiche manifestate da un organismo vivente**, quindi la sua morfologia, il suo sviluppo, le sue proprietà biochimiche e fisiologiche comprensive del comportamento.



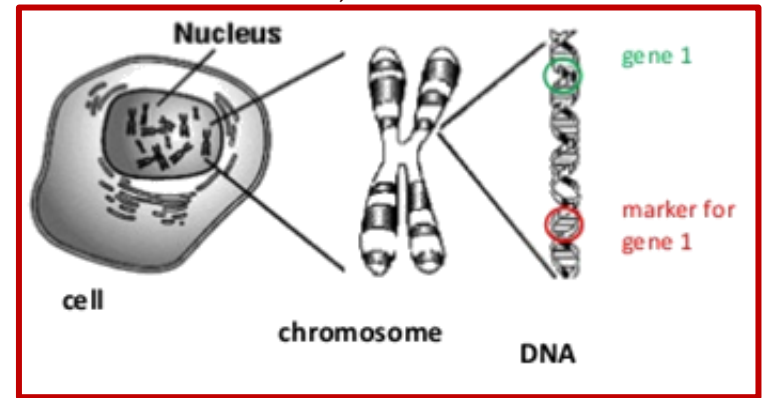
Marcatori molecolari

Che cosa sono?

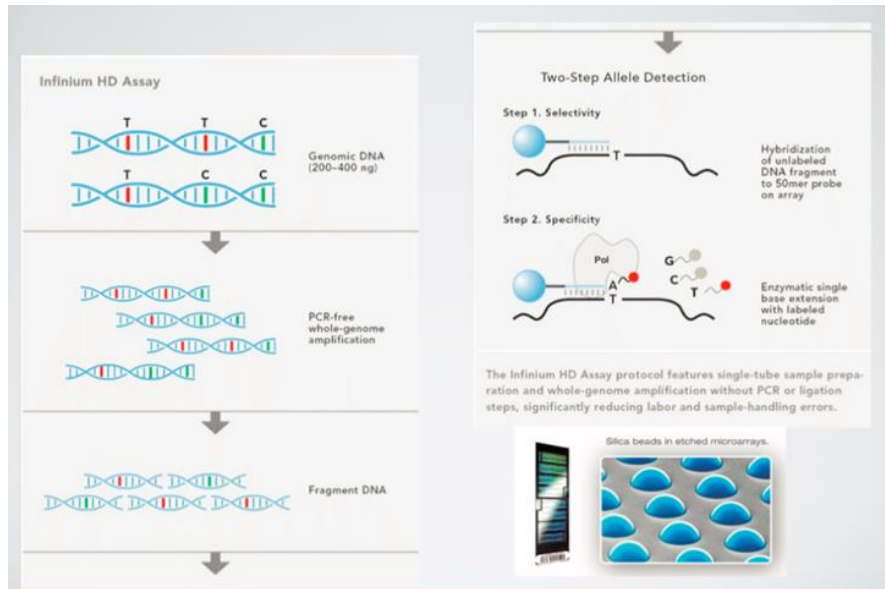
Sequenze polimorfiche di DNA (presentano quindi più varianti alleliche) che si trovano in un locus specifico all'interno del cromosoma; si comportano in modo mendeliano e sono di "FACILE" RIVELAZIONE.

Caratteristiche:

1. Neutrali (cambiamenti silenti) - KIMURA 1983;
2. Non influenzati da fattori ambientali o sesso ed età;
3. Rappresentativi del polimorfismo genomico;
4. Stabili ed Ereditabili (mutazioni accumulate nella storia evolutiva);
5. Universali (presenti in tutte le specie);
6. Numerosi;
7. Facili da monitorare.



Analisi degli SNPs





Cosa posso studiare ?

Misura di diversità genetica

Misurare la variabilità genetica all'interno di una popolazione caratterizzata da un pool di geni ritenuti vantaggiosi per la sopravvivenza; inoltre, è in grado di descrivere l'esistenza di molte versioni di uno stesso organismo.

Genetica di popolazione

Studio della costituzione genetica delle popolazioni mendeliane in termini **qualitativi** (varianti all'interno di una popolazione) e **quantitativi** (frequenze genetiche), valutando le modalità con le quali le caratteristiche genetiche sono trasmesse alla progenie ed il variabile delle stesse in relazione al territorio.

Genetica della conservazione

Studio della variazione (**perdita o mantenimento**) della biodiversità di una popolazione

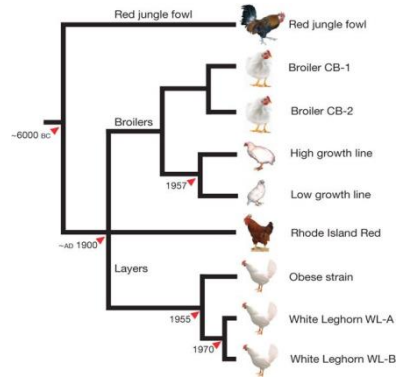
Genomica funzionale

Studio del genoma delle popolazioni finalizzato alla caratterizzazione delle alterazioni geniche che possono influenzare la variabilità e la sopravvivenza di una specie.

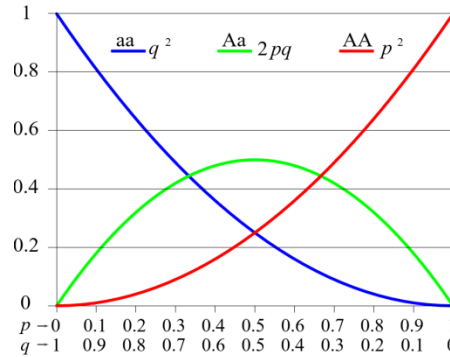
Risorse genetiche

Studio di uno o più geni che trasmettono alcune caratteristiche che abbiano un carattere economico.

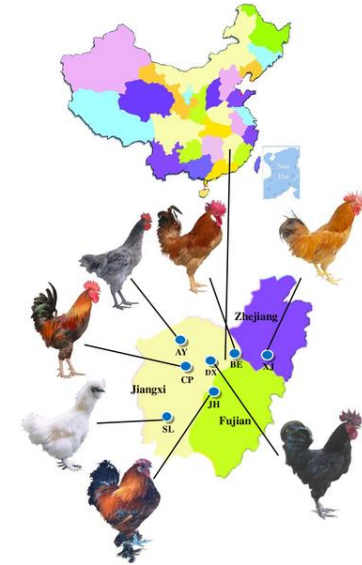
Cosa posso studiare ?



Distanze genetiche



Equilibrio di Hardy -
Weimberg



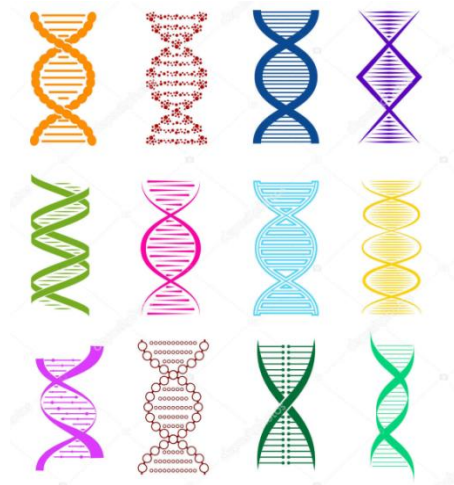
Distribuzione delle razze
sul territorio

Risorsa genetica

La Convenzione sulla diversità biologica definisce le risorse genetiche come "materiale genetico con un valore reale o potenziale". Per **risorsa genetica** si intende quindi **uno o un numero di geni che trasmettono alcune caratteristiche, o codifichino per una proteina, che abbia un interesse economico**.

Diversità genetica

Diversità genetica



Risorsa genetica

Risorsa genetica



La diversità genetica è in pericolo

1.

Selezione delle razze all'interno di una specie che sono le più performanti da un punto di vista produttivo, a causa della richiesta di prodotti standardizzati.

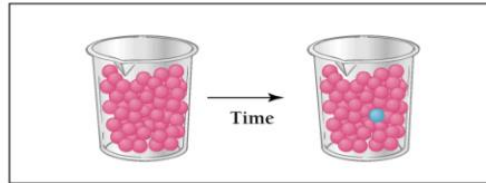
2.

Decremento degli individui di una specie che porta al limitare il materiale genetico ereditabile.

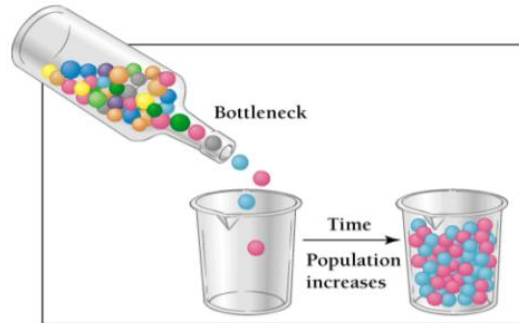
3.

Estinzione di una specie e perdita di informazioni genetiche

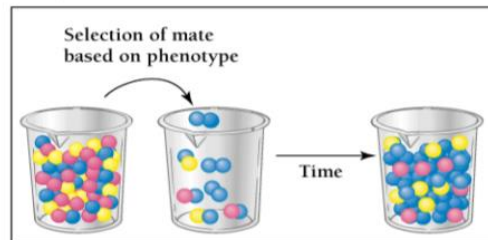
Eventi legati alla perdita di diversità genetica



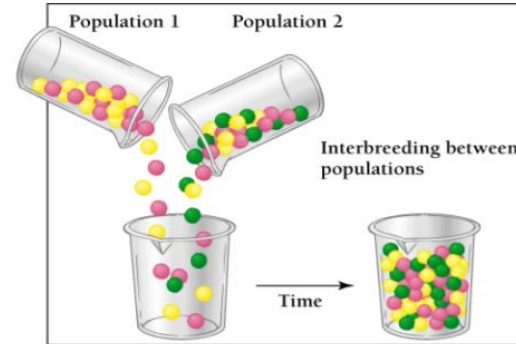
A. New mutation



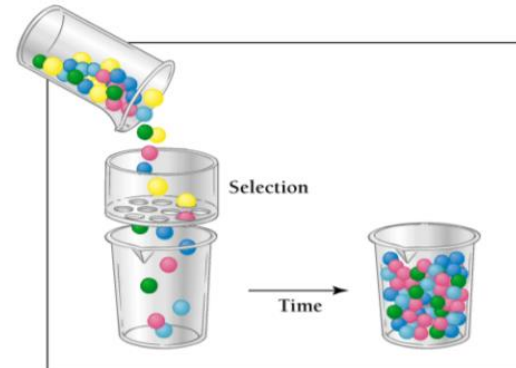
B. Genetic drift



C. Nonrandom mating

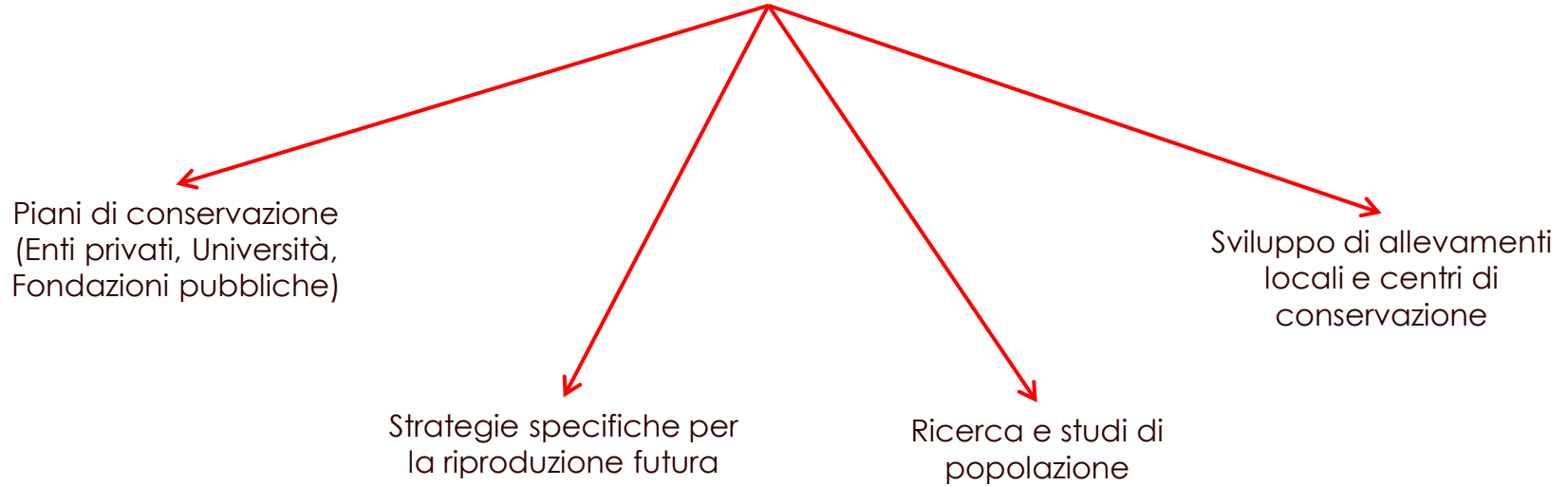


D. Gene flow



E. Natural selection

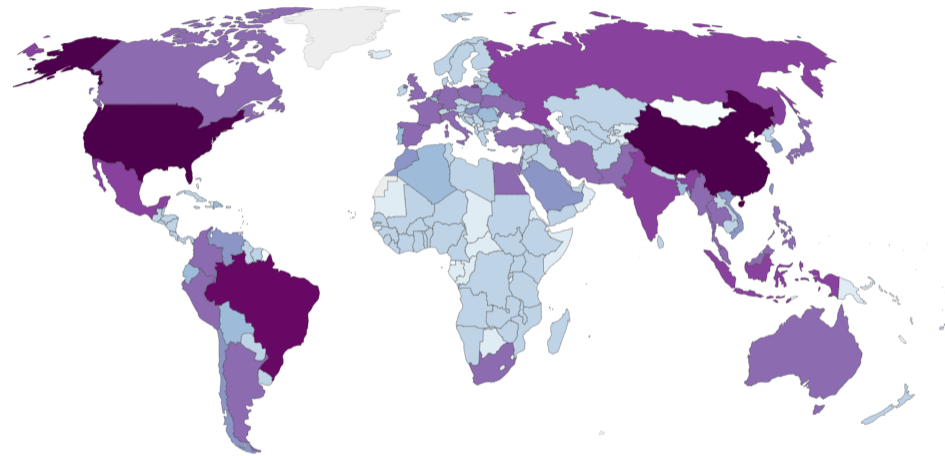
Come tutelare la biodiversità?



CONSERVAZIONE: mantenendo la purezza genetica delle razze mediante l'implementazione di procedure che hanno dimostrato la buona riuscita della riproduzione e della tracciabilità dei lignaggi nelle diverse fasi del ciclo produttivo.

Poultry Industry

Poultry production, 2018

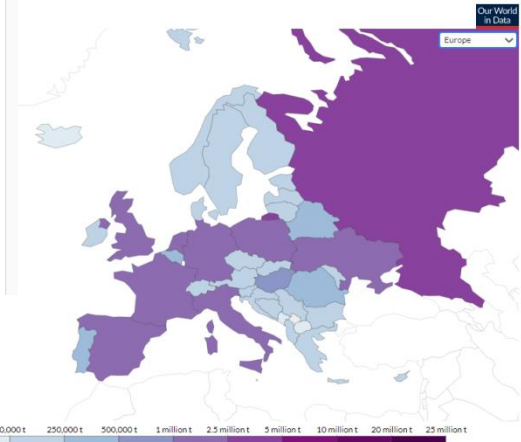


No data 0 t 1,000 t 10,000 t 250,000 t 500,000 t 1 million t 2.5 million t 5 million t 10 million t 20 million t 25 million t

Source: UN Food and Agriculture Organization (FAO)

Note: This refers to total meat production, from both commercial and farm slaughter. Data are given in terms of dressed carcass weight, excluding offal and slaughter fats.

OurWorldInData.org/meat-production • CC BY



No data 0 t 1,000 t 10,000 t 250,000 t 500,000 t 1 million t 2.5 million t 5 million t 10 million t 20 million t 25 million t

Source: UN Food and Agriculture Organization (FAO)

Note: This refers to total meat production, from both commercial and farm slaughter. Data are given in terms of dressed carcass weight, excluding offal and slaughter fats.

OurWorldInData.org/meat-production • CC BY

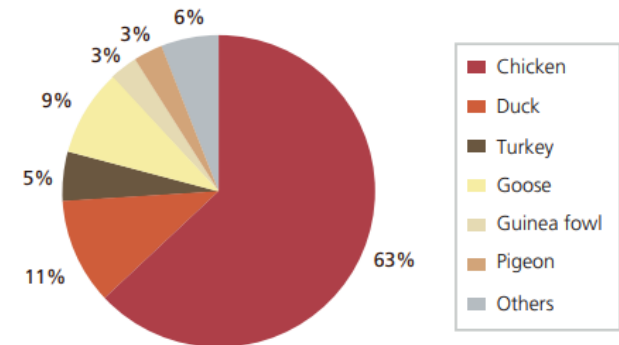
Local poultry breeds

Distribution of avian species by region

Avian species	Africa	Asia	Europe & the Caucasus	Latin America & the Caribbean	Near & Middle East	North America	Southwest Pacific
percentage of countries in a region reporting breed-related information for the species							
Chicken	78	93	86	70	50	100	85
Duck (domestic)	32	61	50	33	17	0	46
Turkey	24	43	57	30	17	100	8
Goose (domestic)	16	39	61	21	17	50	8
Muscovy duck	16	39	20	18	17	0	62
Guinea fowl	28	18	11	9	8	0	0
Partridge	4	7	7	0	0	0	0
Pheasant	0	7	9	6	0	0	0
Quail	2	39	14	6	0	50	0
Peacock	0	0	0	3	0	0	0
Pigeon	10	21	9	6	17	0	15
Swallow	0	4	0	0	0	0	0
Cassowary	0	4	2	0	0	0	0
Emu	2	4	2	3	0	0	8
Ñandu	0	0	2	6	0	0	0
Ostrich	12	11	7	0	0	0	8

Shading: purple: ≥50% of countries; green: <50% of countries and ≥10% of countries; yellow: <10% of countries; white: no country.

Distribution of the world's avian breeds by species



Avian species with more than 50 recorded breeds are displayed separately; the remaining avian species are aggregated as others.

Strain

1957

1978

2005

0 d



34 g



42 g



44 g

28 d



316 g



632 g



1,396 g

56 d



905 g



1,808 g



4,202 g

Growth, efficiency, and yield of commercial broilers from 1957, 1978, and 2005

Zuidhof, M. J., Schneider, B. L.,
Carney, V. L., Korver, D. R., &
Robinson, F. E.

(2014)



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

Progetto TubAvi

Il progetto per la **Tutela della Biodiversità Avicola Italiana (TuBAvi)** è un progetto di scala nazionale che si dedica alla salvaguardia, conservazione e valorizzazione del patrimonio genetico avicolo del nostro Paese al fine di preservarne la biodiversità. Tra i partner del progetto si annoverano:



UNIMI



UNIPD



UNITO



UNIFI



UNIP



UNIPG



UNIMOL

L'Università degli Studi di Padova, coordinato dal prof. Martino Cassandro, è partner del progetto, **occupandosi di 23 razze di pollo e 4 di tacchino locale in conservazione nella regione Veneto.**

Article

Genome-Wide SNP Analysis Reveals the Population Structure and the Conservation Status of 23 Italian Chicken Breeds

Filippo Cendron ¹, Francesco Perini ², Salvatore Mastrangelo ³, Marco Tolone ³, Andrea Criscione ⁴, Salvatore Bordonaro ⁴, Nicolaia Iaffaldano ⁵, Cesare Castellini ², Margherita Marzoni ⁶, Arianna Buccioni ⁷, Dominga Soglia ⁸, Achille Schiavone ⁸, Silvia Cerolini ⁹, Emiliano Lasagna ^{2,*} and Martino Cassandro ¹

¹ Department of Agronomy, Food, Natural Resources, Animals and Environment, University of Padova, Viale dell'Università, 16, 35020 Legnaro, Italy; filippo.cendron@unipd.it (F.C.); martino.cassandro@unipd.it (M.C.)

² Department of Agricultural, Food and Environmental Sciences, University of Perugia, Borgo XX Giugno, 74, 06121 Perugia, Italy; francesco.perini@studenti.unipg.it (F.P.); cesare.castellini@unipg.it (C.C.)

³ Department of Agricultural, Food and Forest sciences, University of Palermo, Viale delle Scienze, Ed. 4, 90128 Palermo, Italy; salvatore.mastrangelo@unipa.it (S.M.); marco.tolone@unipa.it (M.T.)

⁴ Department of Agronomy, Food, and Environment, University of Catania, Via Valdisavioia, 5, 95100 Catania, Italy; a.criscione@unict.it (A.C.); s.bordonaro@unict.it (S.B.)

⁵ Department of Agricultural, Environment and Food, University of Molise, Via De Sanctis s/n, 86100 Campobasso, Italy; nicolaia@unimol.it

⁶ Department of Veterinary Science, University of Pisa, Viale delle Piagge 2, 56124 Pisa, Italy; margherita.marzoni@unipi.it

⁷ Department of Agriculture, Food, Environment and Forestry, University of Firenze, Via di San Bonaventura, 50145 Firenze, Italy; arianna.buccioni@unifi.it

⁸ Department of Veterinary Science, University of Torino, Largo Paolo Braccini, 2, 10095 Grugliasco, Italy; domingua.soglia@unito.it (D.S.); achille.schiavone@unito.it (A.S.)

⁹ Department of Veterinary Science, University of Milano, Via Trentacoste, 2, 20134 Milano, Italy; silvia.cerolini@unimi.it

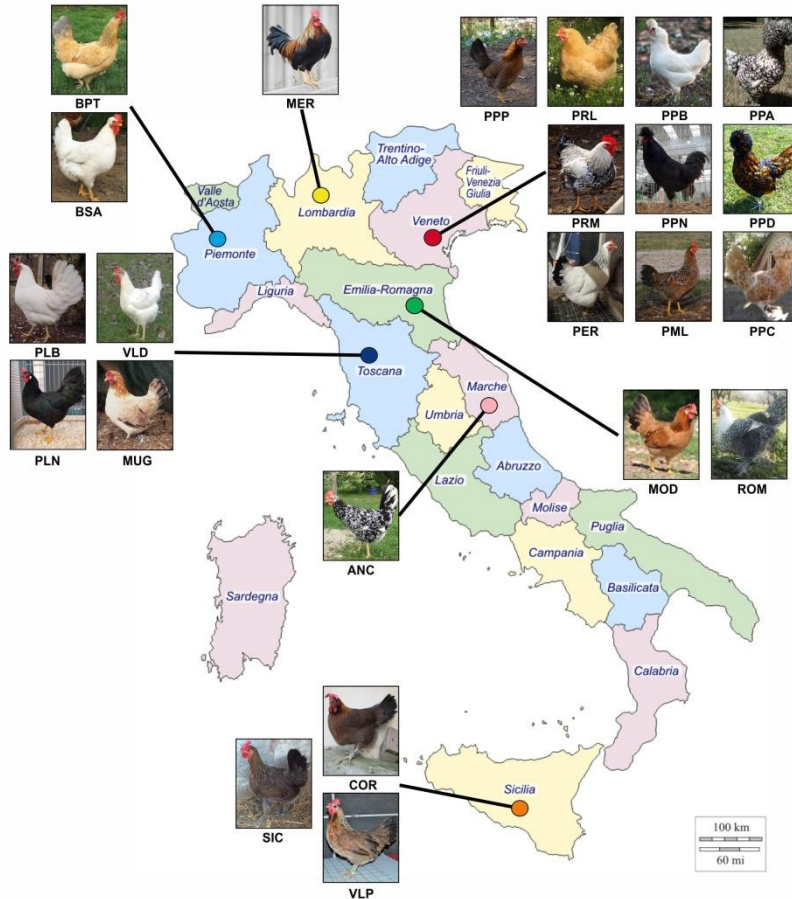
* Correspondence: emiliano.lasagna@unipg.it; Tel: +39-075-585-7102; Fax: +39-075-585-7122

Received: 10 July 2020; Accepted: 15 August 2020; Published: 18 August 2020



Simple Summary: To assess the conservation status and the genomic variability of Italian chicken breeds, we carried out genome-wide analyses using single nucleotide polymorphism (SNP) molecular markers. These results increase knowledge and can aid with the development of conservation plans for local Italian chicken breeds to safeguard their genetic variability.

Abstract: The genomic variability of local Italian chicken breeds, which were monitored under a conservation plan, was studied using single nucleotide polymorphisms (SNPs) to understand their genetic diversity and population structure. A total of 582 samples from 23 local breeds and four commercial stocks were genotyped using the Affymetrix 600 K Chicken SNP Array. In general, the levels of genetic diversity, investigated through different approaches, were lowest in the local chicken breeds compared to those in the commercial stocks. The level of genomic inbreeding, based on runs of homozygosity (F_{ROH}), was markedly different among the breeds and ranged from 0.121 (Valdarnese) to 0.607 (Siciliana). In all breeds, short runs of homozygosity (ROH) (<4 Mb in length) were more frequent than long segments. The patterns of genetic differentiation, model-based clustering, and neighbor networks showed that most breeds formed non-overlapping clusters and were clearly separate populations, which indicated the presence of gene flow, especially among breeds that originated from the same geographical area. Four genomic regions were identified as hotspots of autozygosity (islands) among the breeds, where the candidate genes are involved in morphological



Disegno sperimentale

582 animali campionati, 24 per razza – 23 razze + 4 linee commerciali

Genotipizzazione

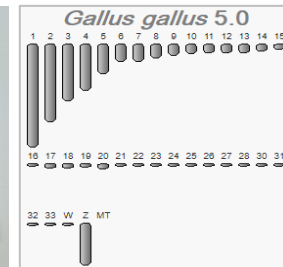
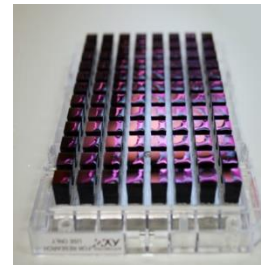
- 152 hanno raggiunto la soglia di accettabilità;
- Chip High-density SNPs (600k)
- Riferimento alla versione del genoma di *Gallus gallus* 5.0;
- 28 cromosomi considerati.

Plink

580 961 target iniziali

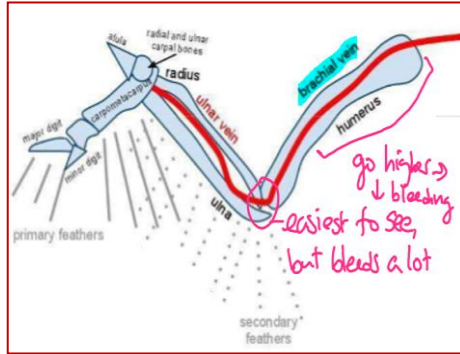
- MAF > 5%
- Tasso di errore nella genotipizzazione < 95%
- Tasso di genotipizzazione > 90%

449 837 target finali

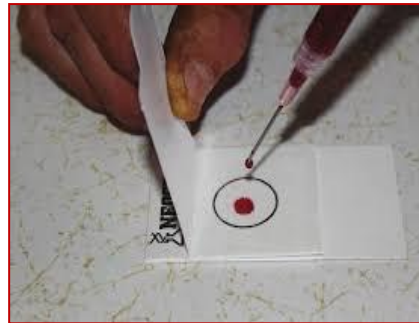


Sampling

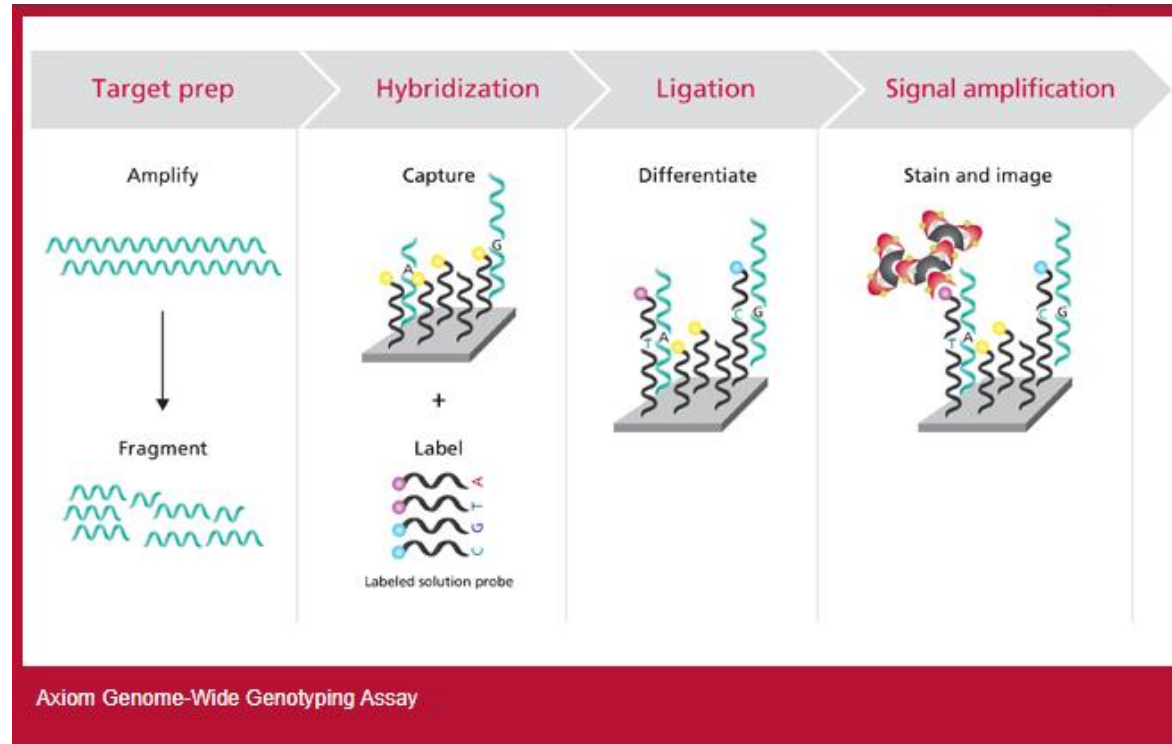
Blood sampling



Blood Cards preparation



Affymetrix 600 K HD Array Chip SNP

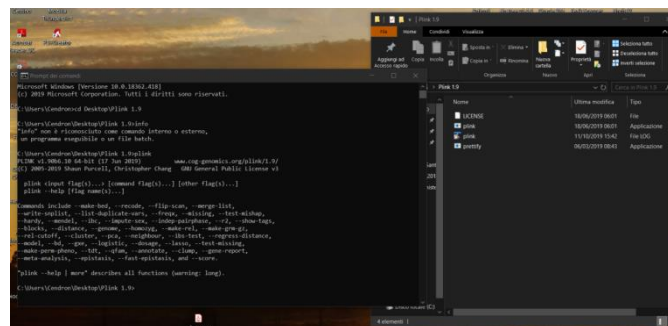


Output e software di analisi

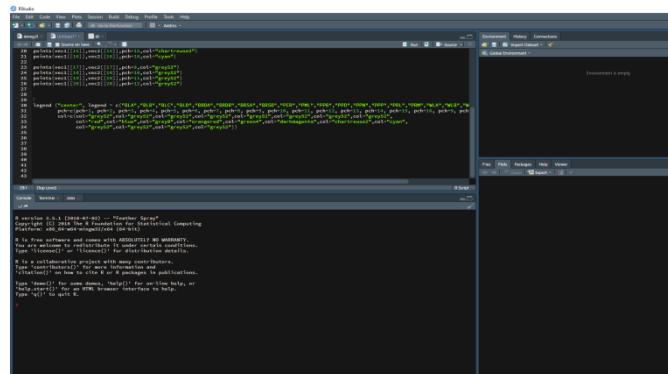
Output

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L
1	probeset_id	chr_id	start	1048_85411058_85411068	85411210_85411218_85411220_85411221_85411227_85411246_8541							
2	AX-75183728	1	72648533	G G	G G	G G	A G	A G	G G	A A	G G	A G
3	AX-75183734	1	46189297	T T	T T	T C	T C	T C	C C	C C	C C	C C
4	AX-75183735	1	59909	C C	C C	C C	C C	C C	T C	C C	T C	T C
5	AX-75183763	1	7798230	C C	C C	C C	C C	C C	---	C C	C C	C C
6	AX-75183782	1	8466055	G G	G G	G G	G G	A G	A A	A G	G G	A G

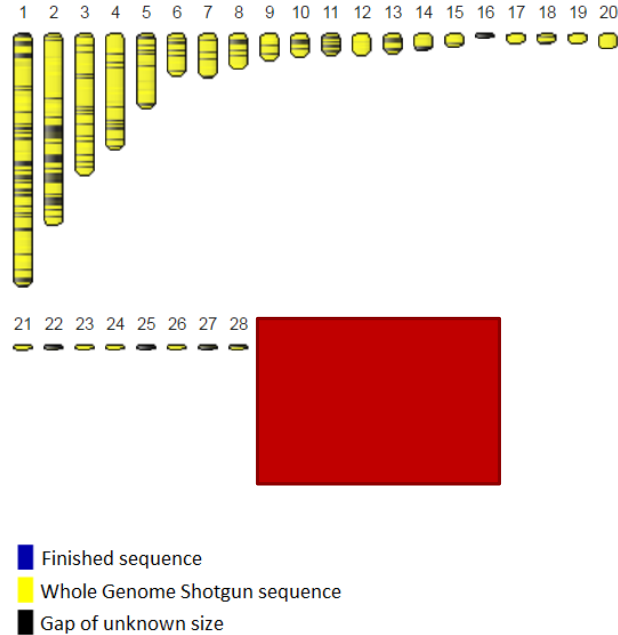
Software Plink 1.9



R Studio



Editing e pulizia del Dataset



Parametri per ripulire il dataset:

- **Mind:** Eliminare i campioni con un tasso di genotipizzazione inferiore al 90%;
- **Geno:** Mantenere gli SNPs con più del 95 % totale di genotipizzazione;
- **MAF:** Eliminare gli SNPs con frequenza inferiore al 0,05%.

Cosa studiamo

1. Indici di diversità genetica come: Eterozigosità osservata (**Ho**), attesa (**He**), medie della frequenza minima degli alleli (**MAF**) e l'inbreeding genomico (**F_{HOM}**).
2. Relazione genetica tra le popolazioni sfruttando «multidimensional scaling» (**MDS**), l'algoritmo ADMIXTURE per la struttura della popolazione (**K**) e la relazione filogenetica sfruttando la distanza genetica di Reynolds (**F_{ST}**).
3. Run Of Homozygosity (**RoH**), ossia porzioni di DNA che sono identiche su entrambi i cromosomi all'interno della popolazione e le rispettive isole di appartenenza.
4. Quantitative Trait Loci (**QTL**) ovvero le regioni dei cromosomi associati ad un particolare carattere qualitativo.
5. Gene ontology (**GO**), ovvero, la descrizione delle funzioni, a livello cellulare, molecolare e funzionale, dei geni maggiormente presenti all'interno delle regioni cromosomiche identificate dai QTL.

Diversità genetica

Frequenza allelica minore (MAF)

Eterozigosi attesa (H_e) ed osservata (H_o)

Coefficiente di consanguineità (F_{HOM})

- Individua il parametro di fissazione dei caratteri all'interno di una popolazione.
- Varia all'interno di un range da 0 a 1: più si avvicina a 0 più il carattere risulta fissato.

Breed	Acronym	N	MAF		Breed	Acronym	N	MAF	
			Mean	SD					
Ancona	ANC	24	0.267	0.242	Padovana Dorata	PPD	24	0.247	0.264
Bianca di Saluzzo	BSA	24	0.286	0.190	Pepoi	PPP	24	0.277	0.341
Bionda Piemontese	BPT	22	0.283	0.210	Polverara Bianca	PPB	24	0.260	0.261
Cornuta Caltanissetta	COR	22	0.267	0.301	Polverara Nera	PPN	24	0.257	0.290
Ermellinata di Rovigo	PER	23	0.309	0.321	Robusta Lionata	PRL	23	0.305	0.345
Livorno Bianca	PLB	24	0.269	0.295	Robusta Maculata	PRM	24	0.304	0.358
Livorno Nera	PLN	24	0.263	0.279	Romagnola	ROM	24	0.271	0.241
Mericanel della Brianza	MER	24	0.282	0.268	Siciliana	SIC	24	0.259	0.361
Millefiori di Lonigo	PML	23	0.281	0.238	Valdarnese	VLD	24	0.283	0.204
Modenese	MOD	24	0.273	0.252	Valplatani	VLP	20	0.281	0.268
Mugellese	MUG	24	0.284	0.231	708 Broiler Ross	708	13	0.317	0.234
Padovana Argenta	PPA	24	0.241	0.331	Eureka	EUK	9	0.329	0.261
Padovana Camosciata	PPC	24	0.238	0.303	Hy-lyne white eggs	HYL	10	0.333	0.278
					Isa Brown	ISA	9	0.332	0.261

Diversità genetica

Frequenza allelica minore (MAF)
Eterozigosi attesa (He) ed osservata (Ho)
 Coefficiente di consanguineità (F_{HOM})

- **L'eterozigosi attesa (He)** indica la probabilità che un individuo casualmente scelto all'interno di una popolazione sia eterozigote per determinati caratteri.
- **L'eterozigosi osservata (Ho)** indica l'effettivo tasso di eterozigosi presente nella popolazione di ciascun locus allelico considerato.

Breed	Acronym	N	Ho		He	
			Mean	SD	Mean	SD
Ancona	ANC	24	0.263	0.181	0.274	0.187
Bianca di Saluzzo	BSA	24	0.339	0.172	0.336	0.151
Bionda Piemontese	BPT	22	0.325	0.186	0.317	0.164
Cornuta Caltanissetta	COR	22	0.167	0.162	0.210	0.178
Ermellinata di Rovigo	PER	23	0.199	0.192	0.220	0.198
Livorno Bianca	PLB	24	0.205	0.196	0.218	0.186
Livorno Nera	PLN	24	0.233	0.211	0.231	0.195
Mericanel della Brianza	MER	24	0.232	0.180	0.261	0.186
Millefiori di Lonigo	PML	23	0.293	0.199	0.291	0.178
Modenese	MOD	24	0.260	0.197	0.27	0.181
Mugellese	MUG	24	0.281	0.182	0.300	0.175
Padovana Argenta	PPA	24	0.151	0.198	0.146	0.185
Padovana	PPC	24	0.169	0.191	0.179	0.193
Camosciata						

Breed	Acronym	N	Ho		He	
			Mean	SD	Mean	SD
Pepoi	PPP	24	0.154	0.191	0.168	0.196
Polverara Bianca	PPB	24	0.216	0.179	0.248	0.187
Polverara Nera	PPN	24	0.201	0.193	0.213	0.194
Robusta Lionata	PRL	23	0.181	0.199	0.185	0.195
Robusta Maculata	PRM	24	0.157	0.190	0.166	0.193
Romagnola	ROM	24	0.281	0.197	0.278	0.182
Siciliana	SIC	24	0.129	0.205	0.123	0.189
Valdarnese	VLD	24	0.321	0.181	0.322	0.160
Valplatani	VLP	20	0.280	0.224	0.261	0.184
708 Broiler Ross	708	13	0.369	0.219	0.324	0.162
Eureka	EUK	9	0.374	0.260	0.305	0.177
Hy-lyne white eggs	HYL	10	0.375	0.286	0.289	0.285
Isa Brown	ISA	9	0.378	0.276	0.298	0.182

Diversità genetica

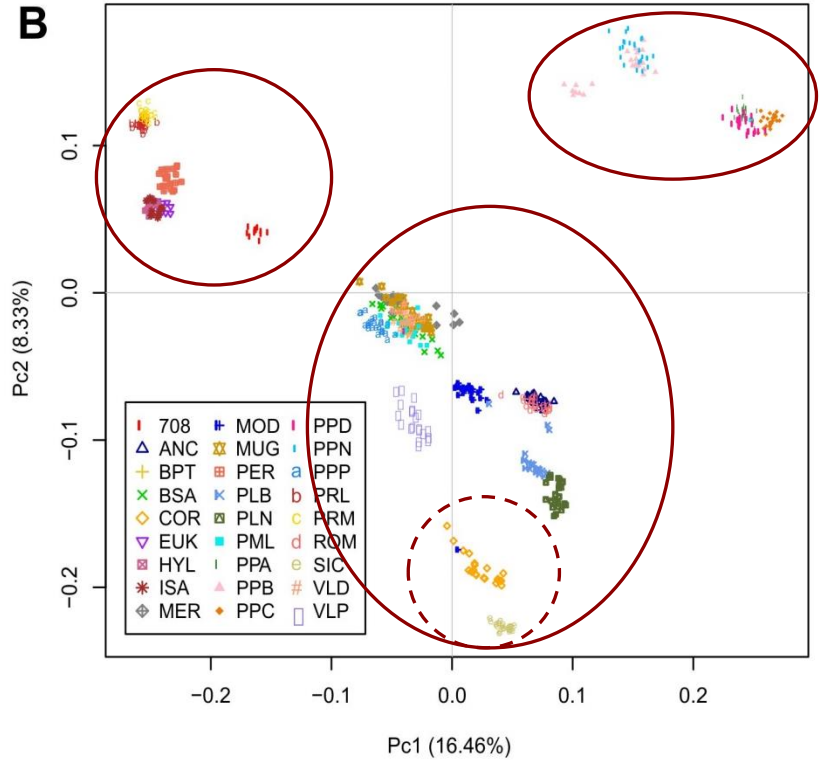
Frequenza allelica minore (MAF)
Eterozigosi attesa (H_e) ed osservata (H_o)
Coefficiente di consanguineità (F_{HOM})

- Viene calcolato sulla base di un eccesso di omozigosi.
- Rappresenta la frazione di individui di una popolazione con variante omozigote.
- Più tende a 1 maggiore è l'omozigosi.

Breed	Acronym	N	F_{HOM}	
			Mean	SD
Ancona	ANC	24	0.284	0.100
Bianca di Saluzzo	BSA	24	0.076	0.059
Bionda Piemontese	BPT	22	0.116	0.025
Cornuta Caltanissetta	COR	22	0.545	0.180
Ermellinata di Rovigo	PER	23	0.459	0.044
Livorno Bianca	PLB	24	0.465	0.061
Livorno Nera	PLN	24	0.365	0.062
Mericanel della Brianza	MER	24	0.368	0.127
Millefiori di Lonigo	PML	23	0.202	0.080
Modenese	MOD	24	0.296	0.083
Mugeliese	MUG	24	0.236	0.115
Padovana Argenta	PPA	24	0.588	0.098
Padovana Camosciata	PPC	24	0.538	0.095
Padovana Dorata	PPD	24	0.404	0.081

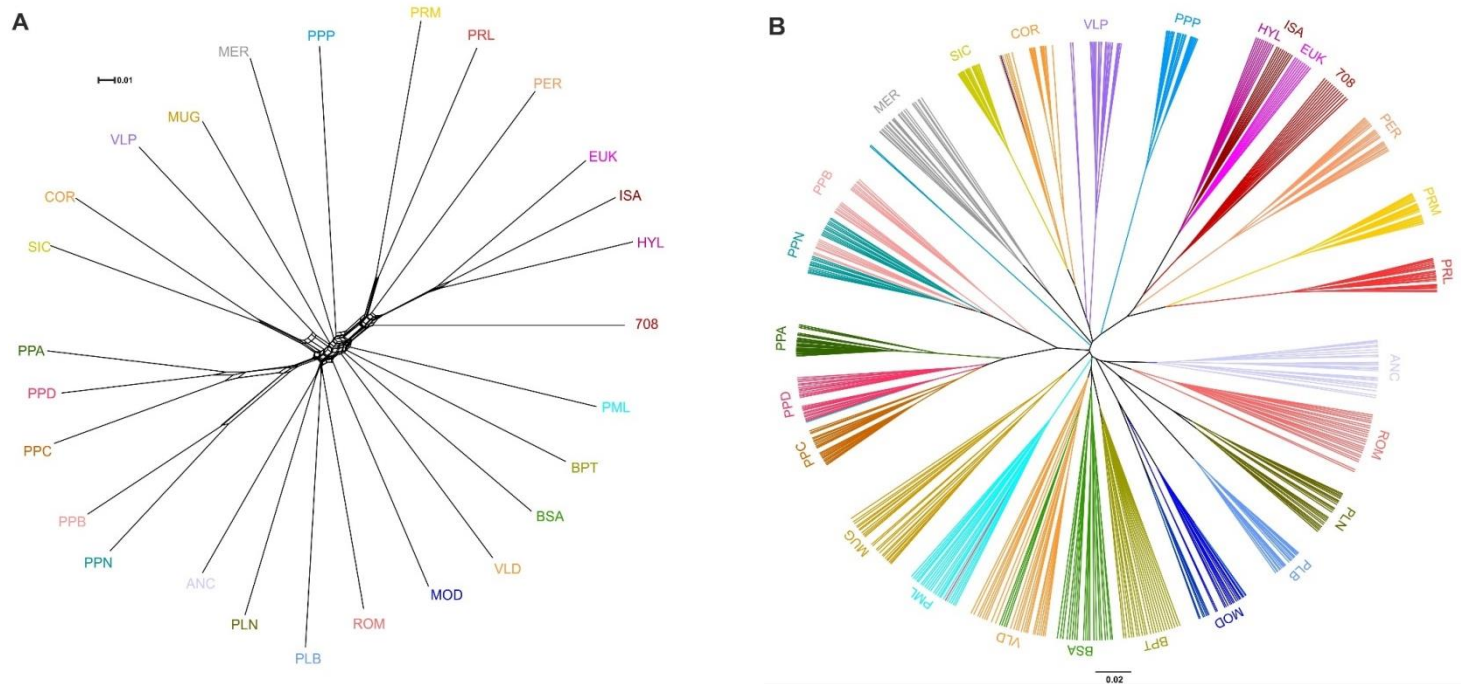
Breed	Acronym	N	F_{HOM}	
			Mean	SD
Pepoi	PPP	24	0.579	0.039
Polverara Bianca	PPB	24	0.411	0.052
Polverara Nera	PPN	24	0.454	0.062
Robusta Lionata	PRL	23	0.508	0.039
Robusta Maculata	PRM	24	0.572	0.032
Romagnola	ROM	24	0.235	0.091
Siciliana	SIC	24	0.648	0.034
Valdarnese	VLD	24	0.127	0.098
Valplatani	VLP	20	0.239	0.086
708 Broiler Ross	708	13	-0.005	0.009
Eureka	EUK	9	-0.018	0.013
Hy-lyne white eggs	HYL	10	-0.020	0.008
Isa Brown	ISA	9	-0.028	0.017

Multidimensional Scaling (MDS)

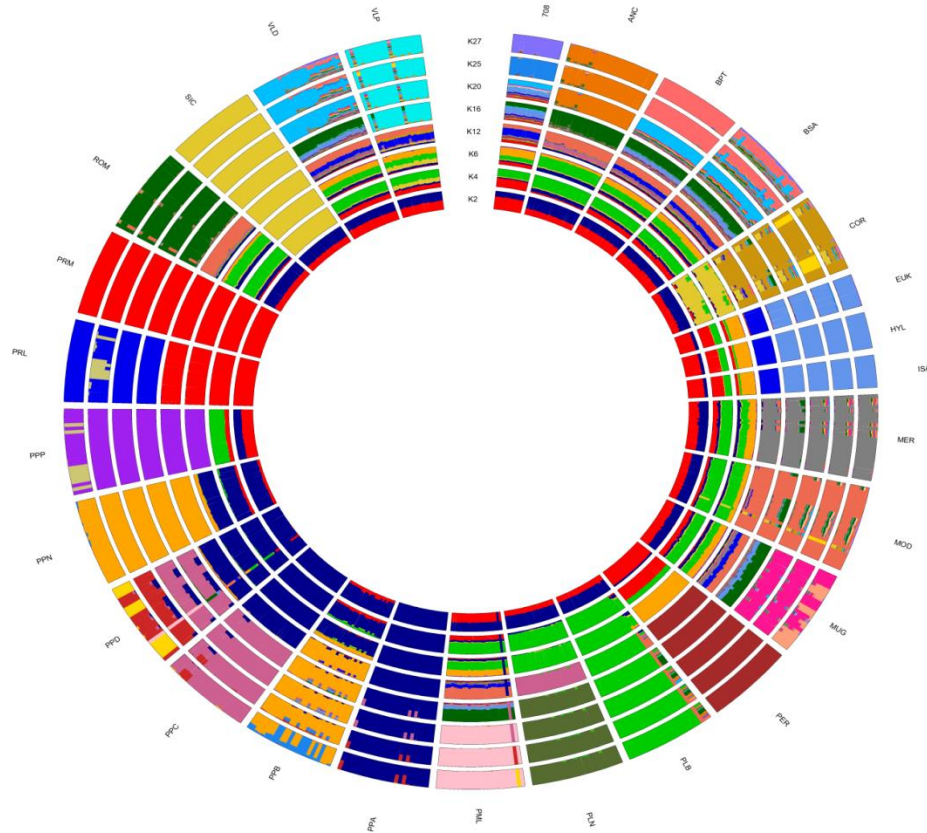


Distanza genetica

Distanza genetica di Reynold (F_{ST})

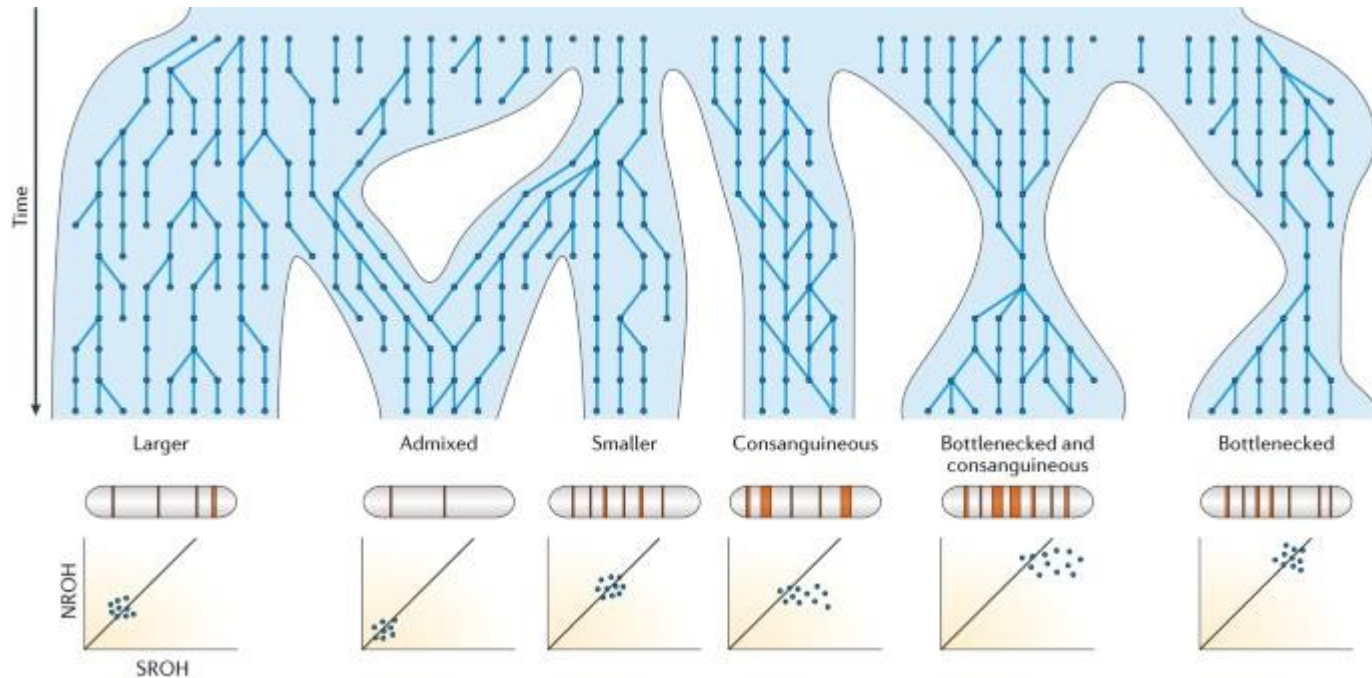


Algoritmo ADMIXTURE (K)

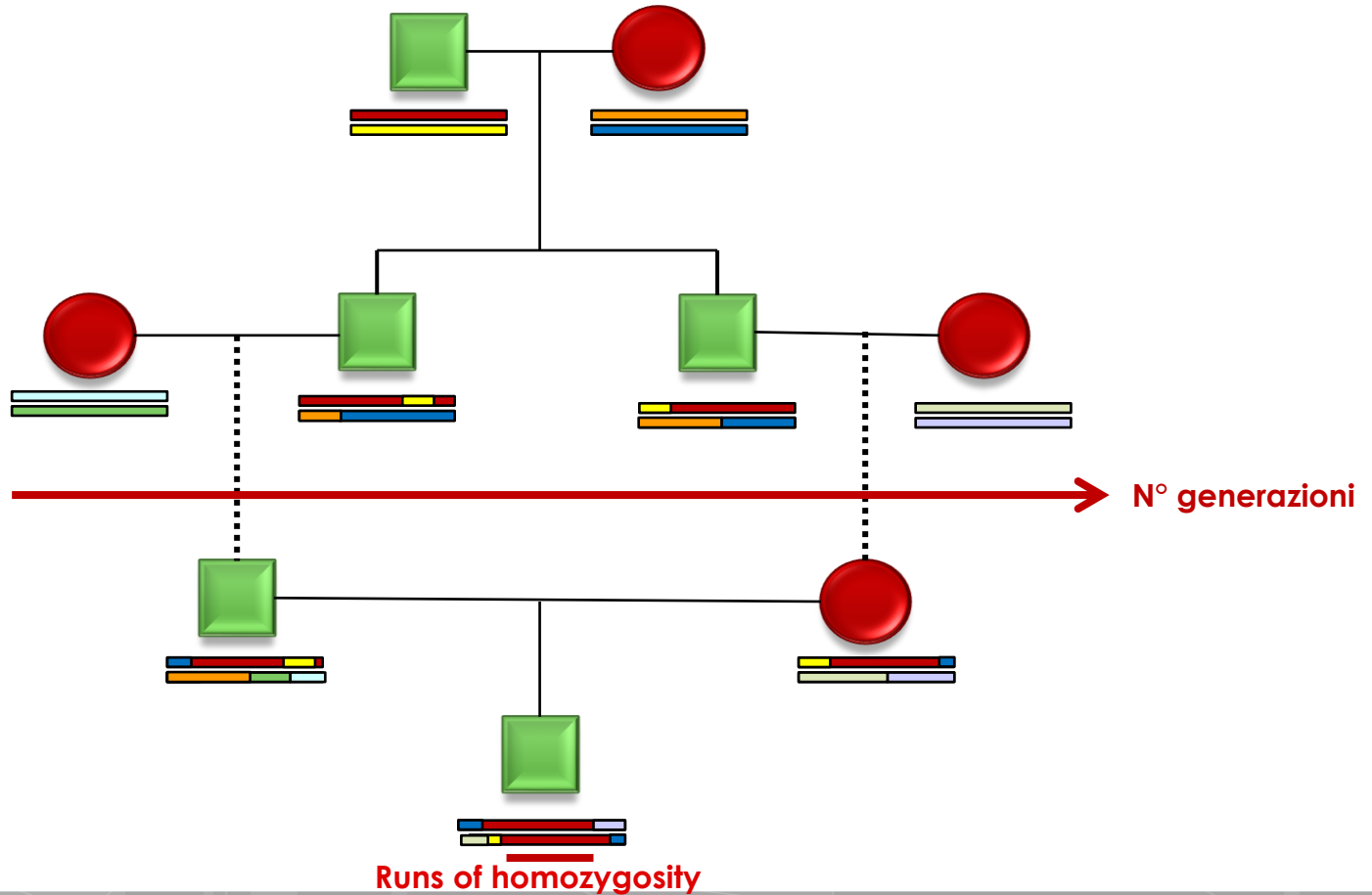


Runs of Homozygosity - ROH

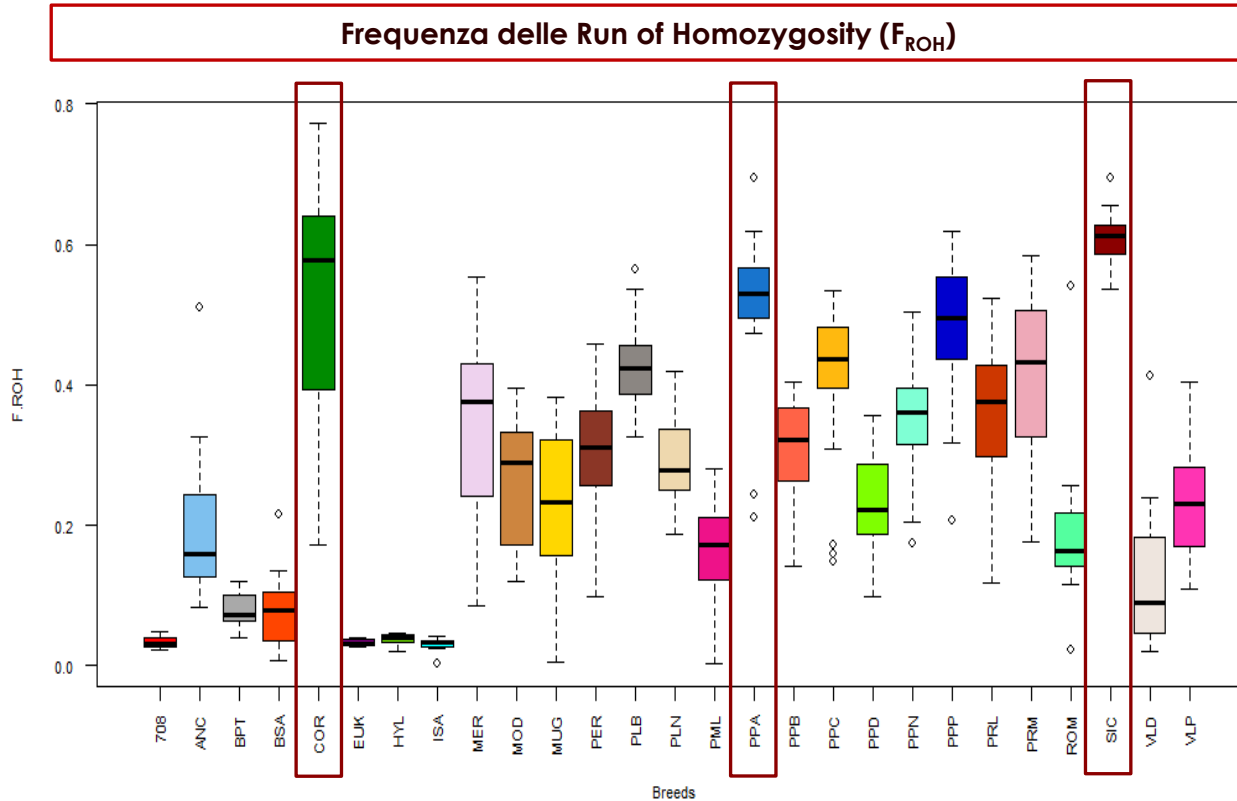
Sequenze all'interno del genoma ereditate dai genitori e progenitori che sono presenti nel genoma di un individuo a causa della trasmissione da parte di genitori con lo stesso aplotipo



Runs of Homozigosity - ROH



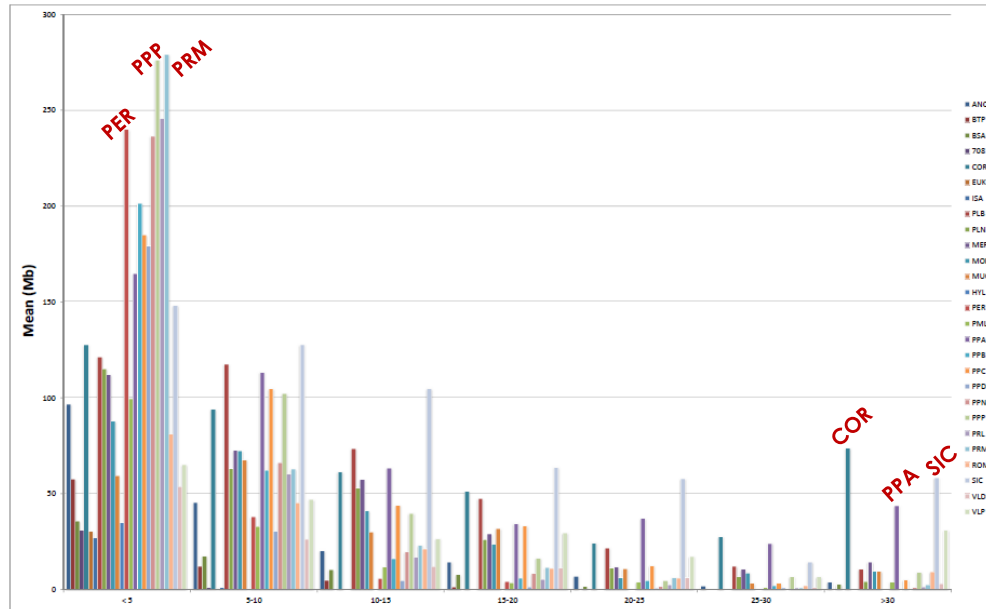
Run Of Homozygosity (RoH)



- Pepoi valore più elevato: elevato Inbreeding.

Run Of Homozygosity (RoH)

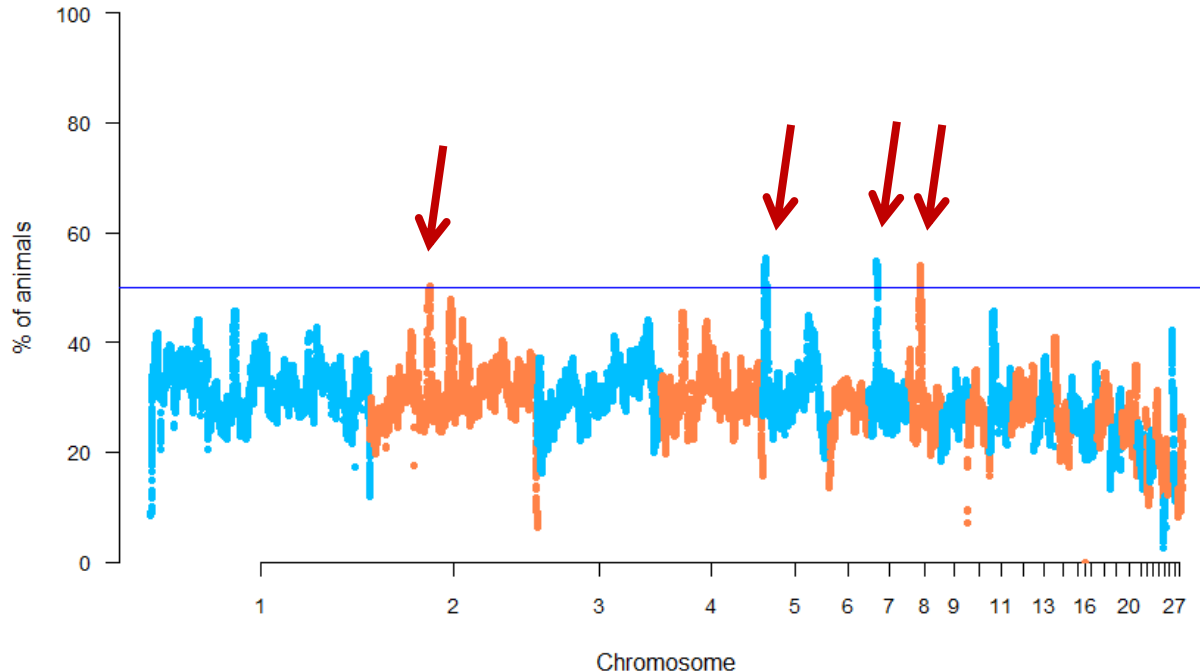
Dimensioni delle Runs of Homozygosity (F_{ROH})



- Lunghezza fisica stimata delle ROH all'interno di ogni razza;
- Frammenti più grandi: ricombinazione e inbreeding recente -> **elevata consanguineità**;
- Frammenti più piccoli: ricombinazione vecchia = **ereditati**.
- **Pepoi Robusta ed Ermellinata elevata consanguineità.**

Run Of Homozygosity (RoH)

Incidenza degli SNPs all'interno delle RoH



- Porzioni di regioni consenso all'interno del genoma presenti in tutti gli animali, con ridotta diversità genetica e quindi alta omozigosità, **sotto alta pressione selettiva** (teoricamente contengono target di selezione).
- **Non sono equamente distribuite tra i cromosomi.**

Geni e fenotipo

Quantitative Trait Loci (QTL)

GGA	N of SNPs	Start	End	Length (bp)	Genes	QTL
2	18	53138767	53202574	63807	TPK1, LOC107051643	-
5	315	2124338	3730724	1606386	NELL1, SLC6A5, LOC107053351, LOC107053349, LOC107053350, LOC107053348, ANO5, SLC17A6, FANCF, GAS2, SVIP, ANO3, SLC5A12, BBOX1, SLC5A12, FIBIN, CCDC34, LGR4, LIN7B	Body weight (28 days) QTL (95416) Body weight (28 days) QTL (95415)
7	273	6771434	7892629	1121195	COL6A2, LOC107053768, LOC107053769, LOC107053763, FTCD, MCM3AP, YBEY, LOC107053762, MCM3AP, YBEY, POFUT2, LOC107053766, CD163L1, LSS, S100B, DIP2A, PCNT, KMO, FAM207a, ITGB3, ADARB1	Feed conversion ratio QTL (139597) Feed conversion ratio QTL (139472) Feed conversion ratio QTL (139435) Feed conversion ratio QTL (139598)
8	371	9506680	10604288	1097608	LOC101751732, PLA2G4A, PTGS2, PDC, C8H10RF27, TPR, LOC100859371, HMCN1, LOC107053953, LOC101750397, LOC107053952, INVS1ABP, SWT1, TRMT1L, LOC107053951	Feed conversion ratio QTL (139596)

Conclusioni

Utilizzare le informazioni ottenute al fine di migliorare i **piani di accoppiamento**:

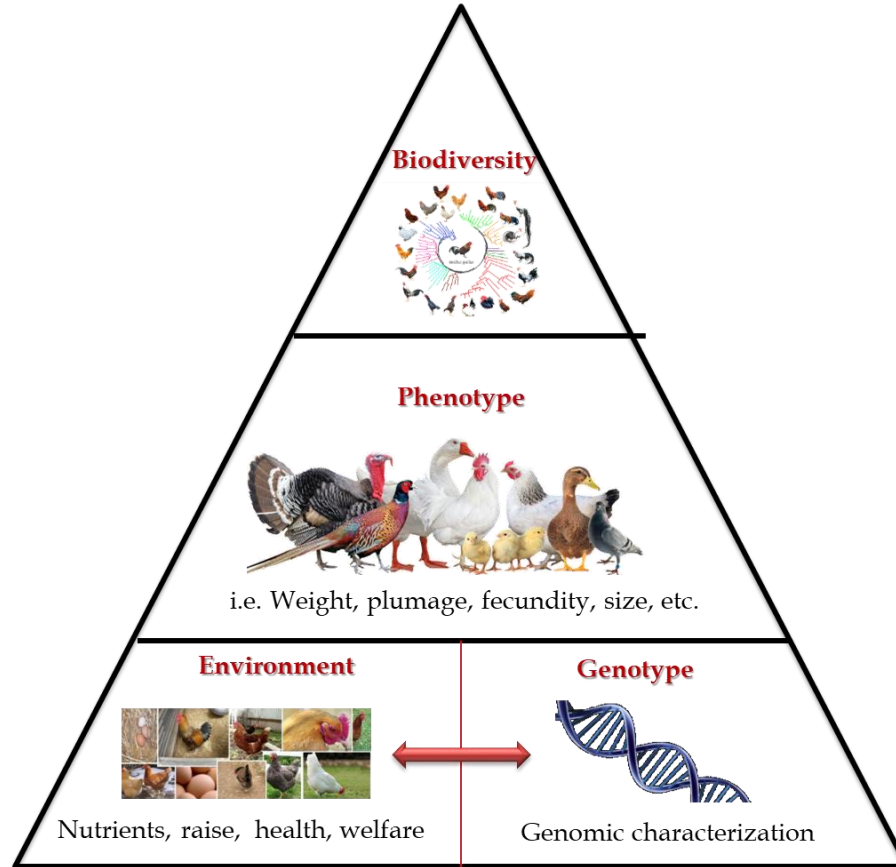
- Ristabilire un congruo numero di popolazione;
- Mantenere la purezza genetica delle razze in conservazione;
- Eliminare i possibili difetti dovuti all'elevata consanguineità.



Promuovere il connubio tra **biodiversità locale** e **prodotto tipico**:

- Valorizzare i prodotti attraverso i canali ristorativi d'élite;
- Selezionare le razze anche dal punto di vista produttivo, senza perdere, però, la biodiversità che queste offrono.

Lavoro a piramide



Grazie per l'attenzione

