



**UNISS**  
UNIVERSITÀ  
DEGLI STUDI  
DI SASSARI



Università degli Studi di Sassari  
Dipartimento di Agraria

# Applicazioni della genetica e della genomica nel progetto Dualbreeding

**Convegno Finale Progetto Dual Breeding 2 -  
Trento, 5 aprile 2024**

**UNISS**  
UNIVERSITÀ  
DEGLI STUDI  
DI SASSARI



DIPARTIMENTO DI  
**AGRARIA**



Ente selezionatore  
**A.N.A.P.R.I.**  
Associazione Nazionale  
Allevatori Pezzata  
Rossa Italiana





Ente selezionatore  
**A.N.A.P.R.I.**  
Associazione Nazionale  
Allevatori Pezzata  
Rossa Italiana

«Fondo europeo agricolo per lo sviluppo rurale:  
l'Europa investe nelle zone rurali»



**mipaaf**  
Ministero delle  
politiche agricole  
alimentari e forestali

# “IL PROGETTO DUAL BREEDING”

Le razze bovine a duplice attitudine: un modello animale alternativo ed eco-sostenibile

## 6) Monitoraggio della diversità genetica nelle razze bovine a duplice attitudine







Ente selezionatore  
**A.N.A.P.R.I.**  
Associazione Nazionale  
Allevatori Pezzata  
Rossa Italiana

«Fondo europeo agricolo per lo sviluppo rurale:  
l'Europa investe nelle zone rurali»



**mipaaf**  
Ministero delle  
politiche agricole  
alimentari e forestali

# “IL PROGETTO DUAL BREEDING”

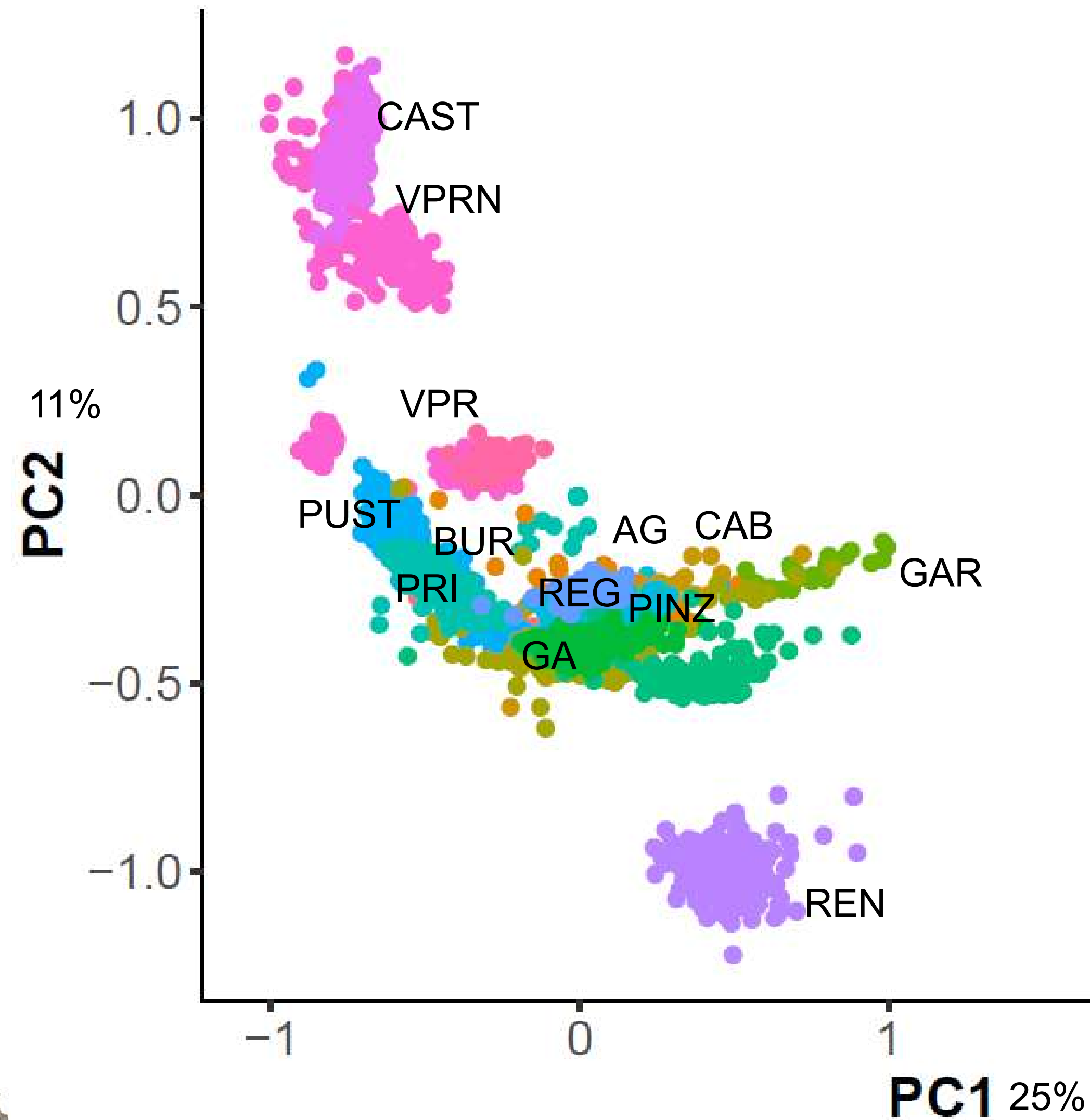
**Le razze bovine a duplice attitudine: un modello animale alternativo ed eco-sostenibile**

## **6) Monitoraggio della diversità genetica nelle razze bovine a duplice attitudine**

- azione 5: stima di ereditabilità e sviluppo di modelli di valutazione genetica per i caratteri oggetto di nuove rilevazione presso la stazione di controllo ANAPRI;
- azione 6: studio della diversità tra le varie popolazioni utilizzando le seguenti tecniche di analisi delle informazioni genomiche: calcolo di Runs of Homozygosity (ROH); linkage-disequilibrium (LD); indice di fissazione (FST) misurato per il singolo SNP; indice di inbreeding genomico, misurato a partire dalla matrice di parentela genomica. Indice di diversità entro popolazione (Fgrm); l'individuazione di marcatori razza-specifici.



# PCA della matrice di parentela genomica fra le razze

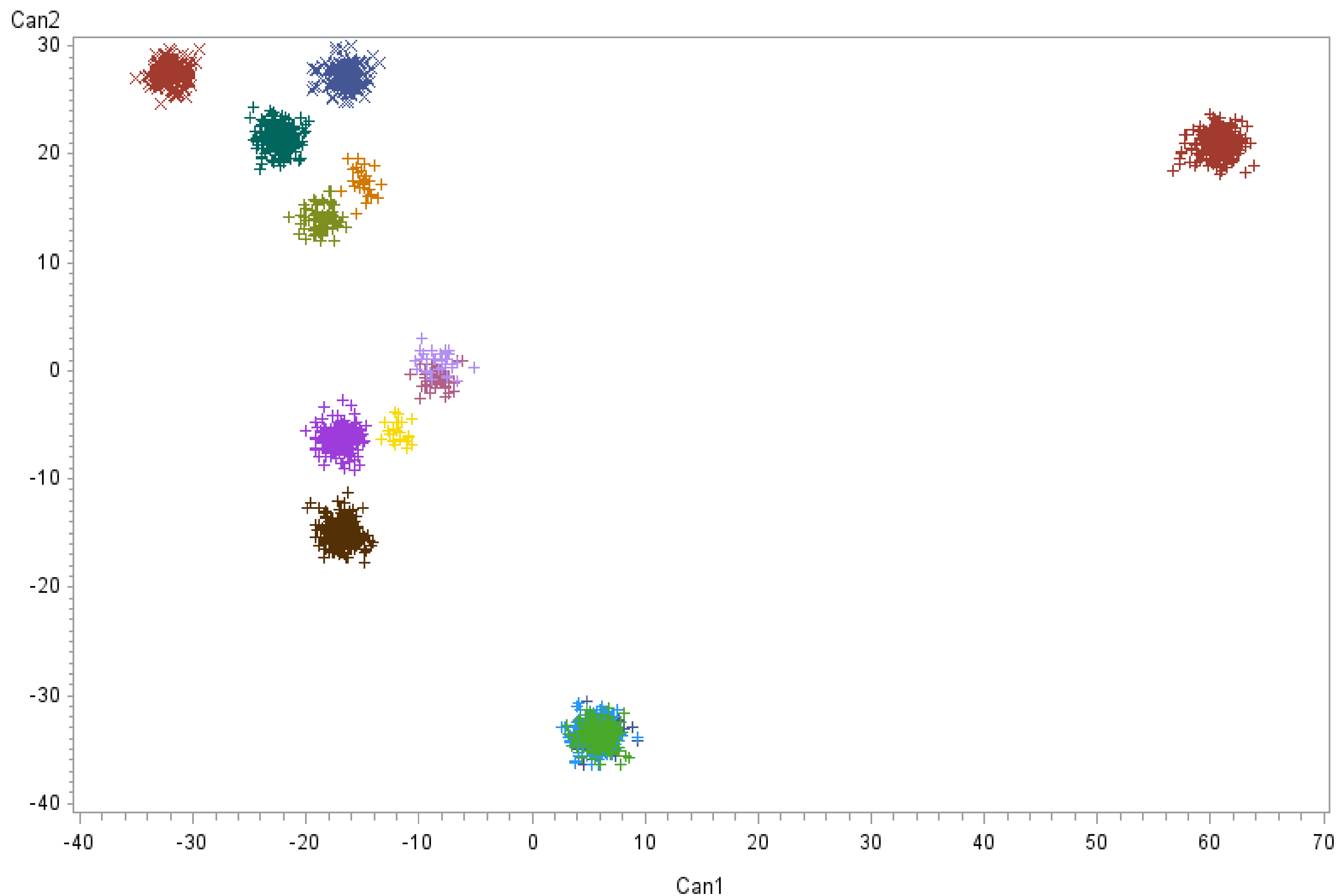


- **Rendena distante dalle altre razze**
- **Cluster delle razze siciliane e valdostane (Castana e Pezzata Nera)**
- **Altre razze più simili**

# Genomica e qualità :Tracciabilità dei prodotti



# Tracciabilità: 1914 SNP, 1,7% assegnazione

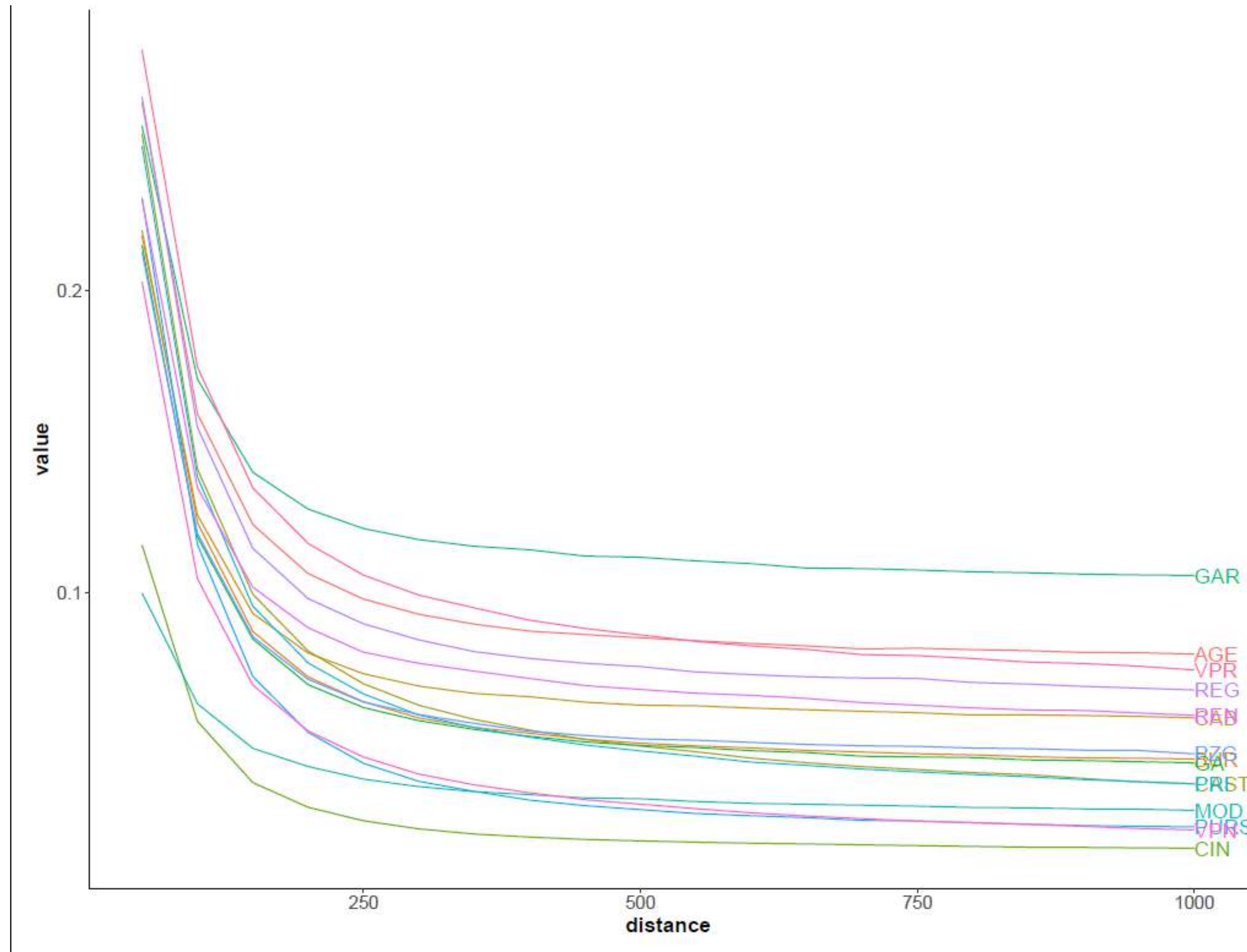


razza	+++ 3	+++ 4	+++ 8	+++ 10	+++ 11	+++ 14	+++ 18
	+++ 19	+++ 58	+++ 61	+++ 62	+++ 63	xxx 77	xxx 96





# Le informazioni genomiche ci raccontano la storia evolutiva di una popolazione

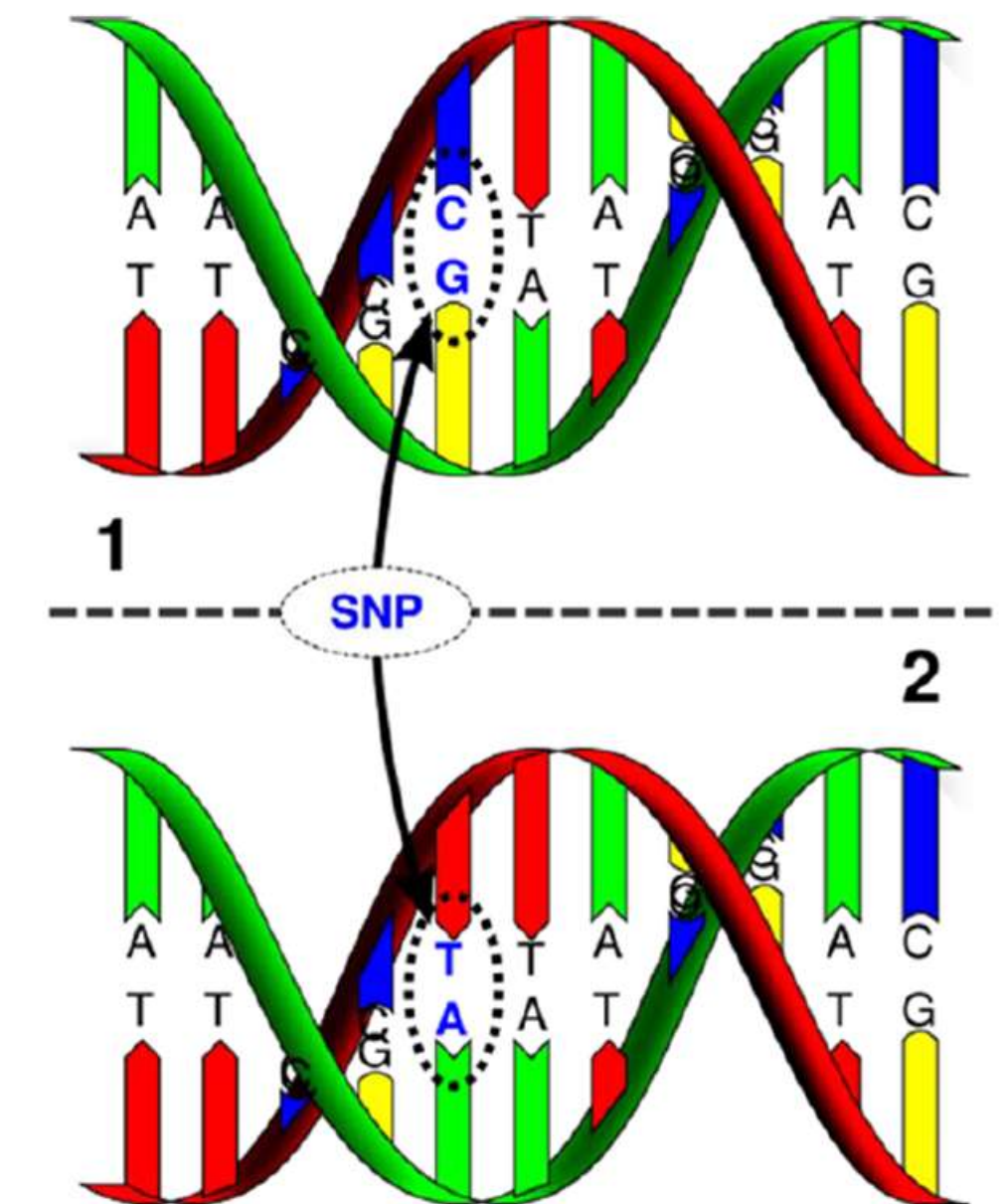


# Genomica e inbreeding

## Runs of homozygosity (ROH)

- ✓ Serie di genotipi omozigoti senza eterozigoti (Gibson *et al.*, 2006)

<b>Animal 1</b>	AGGATCG <b>AGCTTAGGCAACTGTAGCATGCAT</b> ATCGATGCA ATTGACT <b>AGCTTAGGCAACTGTAGCATGCAT</b> CATCGTAGT
<b>Animal 2</b>	AGGATCGAGC <b>TTAGGCAACTGTAGCATGCATATCGAT</b> GCA ATCGTAGCTG <b>TTAGGCAACTGTAGCATGCATATCGAT</b> ATC
<b>Animal 3</b>	AGGATCGAGCTTAGGCAACTGTAGCATGCATATCGATGCA ATCATCGAGCTTAGGCAACTGTAGCATGCATATCGATGCA



- ✓ Indicatori della cronologia dell'inbreeding

✓ ROH lunghe	➔	inbreeding recente
✓ ROH corte	➔	inbreeding remoto

- ✓ Tracce della selezione



# Statistiche delle ROH

Razza	ROH/animale		Lunghezza (SNP)		Lunghezza (Mb)	
	media	max	media±DS	max	media±DS	max
AGE	37.29	70	161±193	1533	3.96±4.76	35.9
BUR	45.43	83	143±165	2053	3.49±4.01	52.22
CAB	42.03	104	175±230	<b>2736</b>	4.27±5.49	58.58
CIN	<b>27.23</b>	163	129±150	2040	3.16±3.55	43.48
GA	48.17	74	123±144	1667	3.21±3.43	41.68
GAR	<b>81.47</b>	151	<b>208±221</b>	2157	<b>5.04±5.38</b>	51.00
MOD	39.8	123	112±125	1765	2.77±2.94	45.74
PRI	60.4	<b>153</b>	<b>76±51</b>	<b>626</b>	<b>1.91±1.18</b>	<b>15.95</b>
PUST	42.88	129	141±185	2376	3.44±4.45	<b>59.55</b>
PZG	41.19	91	148±163	1852	3.58±3.92	47.47
REG	36.73	<b>51</b>	170±193	1752	4.12±4.75	44.22
REN	69.53	101	154±160	2022	3.72±3.89	50.29
VCAS	67.07	109	98±105	1742	2.44±2.5	44.16
VPN	65.92	109	99±108	2192	2.46±2.6	58.31
VPR	71.84	95	113±124	1480	2.78±2.97	36.52

# Genomica e analisi delle differenze entro razza: la popolazione Simmental

N.P.P. Macciotta  
Dipartimento di Agraria

## ✓ 3,845 tori da 5 paesi:

- **Austria (AT, 351)**
- **Svizzera (CH, 215)**
- **Repubblica ceca (CZ, 248)**
- **Germania (DE, 550)**
- **Italia (IT, 2481)**

Received: 26 February 2020 | Revised: 8 July 2020 | Accepted: 18 July 2020

DOI: 10.1111/jbg.12502

ORIGINAL ARTICLE

Journal of  
Animal Breeding and Genetics | WILEY

## Genome-wide analysis of homozygosity regions in european simmental bulls

Alberto Cesarani<sup>1,2</sup>  | Giustino Gaspa<sup>3</sup>  | Alfredo Pauciullo<sup>3</sup>  | Lorenzo Degano<sup>2</sup> |  
Daniele Vicario<sup>2</sup> | Nicolò P. P. Macciotta<sup>1</sup> 

142 | [View Article Online](#) | DOI: 10.1111/jbg.12502

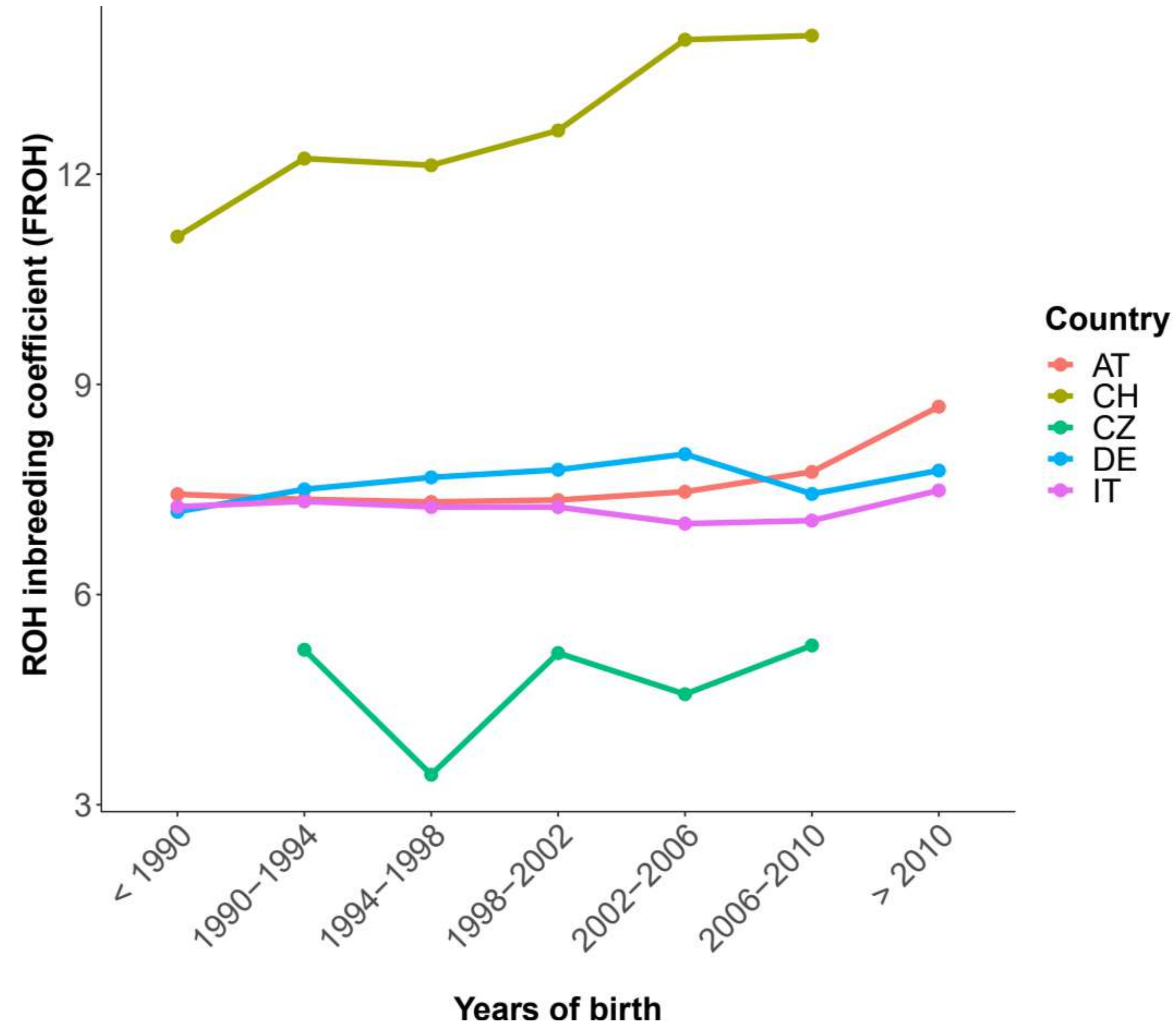


## Risultati: caratteristiche delle ROH

Paese	nROH	Lughezza media ROH	
		Mb	SNP
<b>AT</b>	<b>76.1±14.9</b>	2.5±3.3	38.65±47.88
<b>CH</b>	<b>109.9±11.2</b>	3.0±3.8	45.51±56.93
<b>CZ</b>	<b>52.2±12.9</b>	2.3±3.3	34.30±47.24
<b>DE</b>	<b>77.8±15.1</b>	2.5±3.5	38.46±47.19
<b>IT</b>	<b>73.1±14.7</b>	2.6±3.6	39.12±51.55

77.8±20.7 ROH per animale

# Andamento inbreeding genomico nel corso degli anni



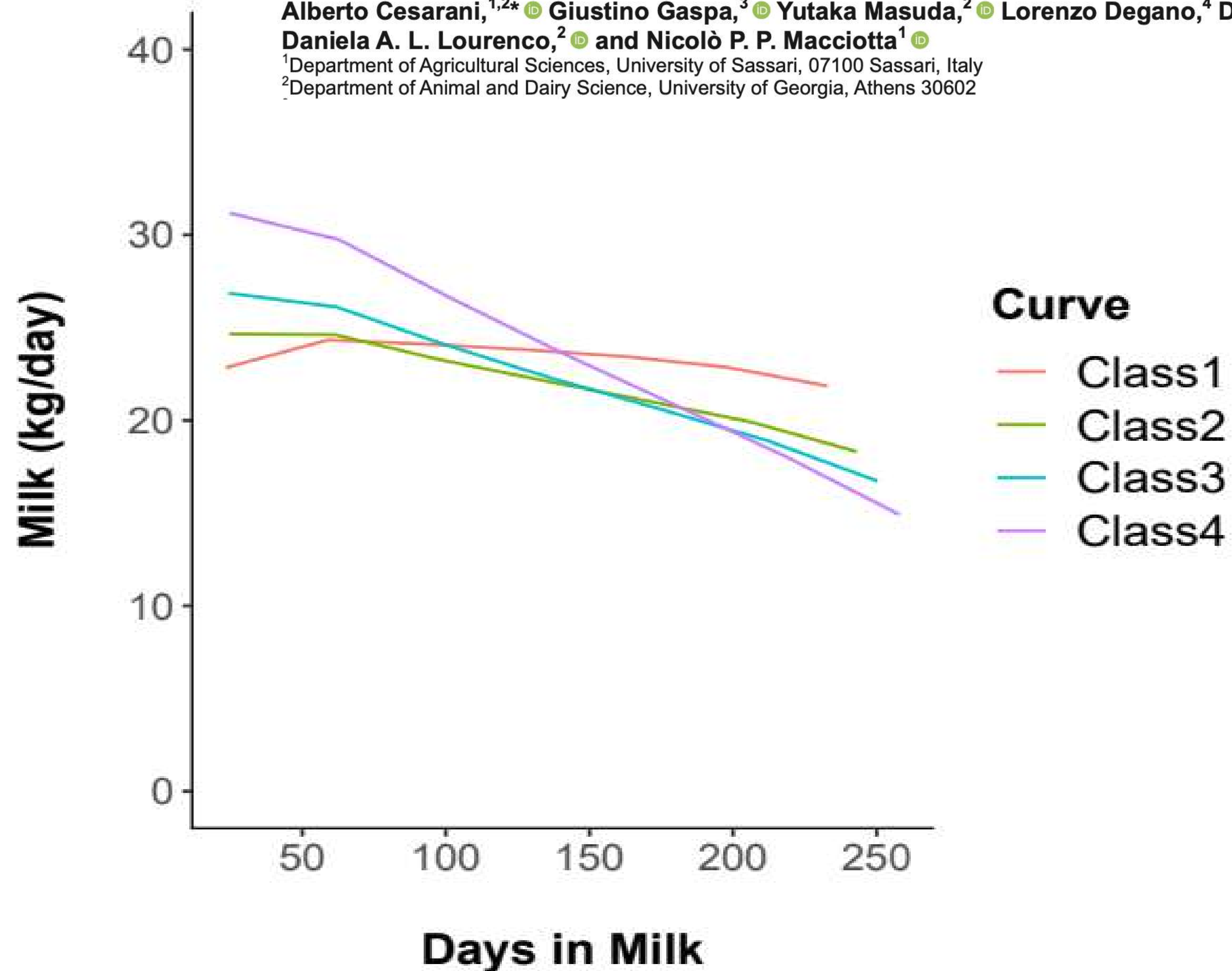




## Variance components using genomic information for 2 functional traits in Italian Simmental cattle: Calving interval and lactation persistency

Alberto Cesarani,<sup>1,2\*</sup>  Giustino Gaspa,<sup>3</sup>  Yutaka Masuda,<sup>2</sup>  Lorenzo Degano,<sup>4</sup> Daniele Vicario,<sup>4</sup>  
Daniela A. L. Lourenco,<sup>2</sup>  and Nicolò P. P. Macciotta<sup>1</sup> 

<sup>1</sup>Department of Agricultural Sciences, University of Sassari, 07100 Sassari, Italy  
<sup>2</sup>Department of Animal and Dairy Science, University of Georgia, Athens 30602



# Stima dei parametri genetici

$h^2$  sulla diagonale, correlazioni genetiche (sopra) e fenotipiche (sotto) la diagonale

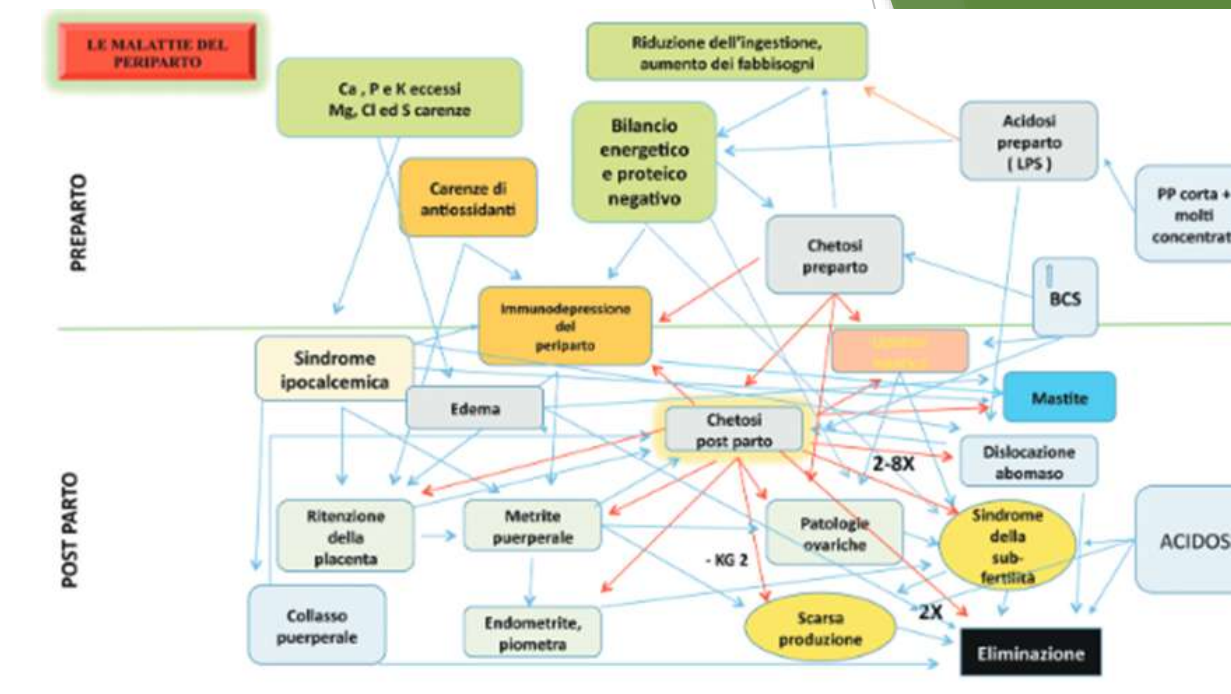
	Interparto	Latte kg	Grasso kg	Proteina kg
Interparto	0.09	0.17	0.15	0.16
Latte kg	0.64	0.26	0.88	0.96
Grasso kg	0.63	0.86	0.25	0.89
Proteina kg	0.56	0.95	0.90	0.22

			Correlazione	
	Ereditabilità	Ripetibilità	Fenotipica	Genetica
Interparto	0.05	0.11		
Persistenza	0.11	0.20	-0.05	0.25



# Salute delle bovine

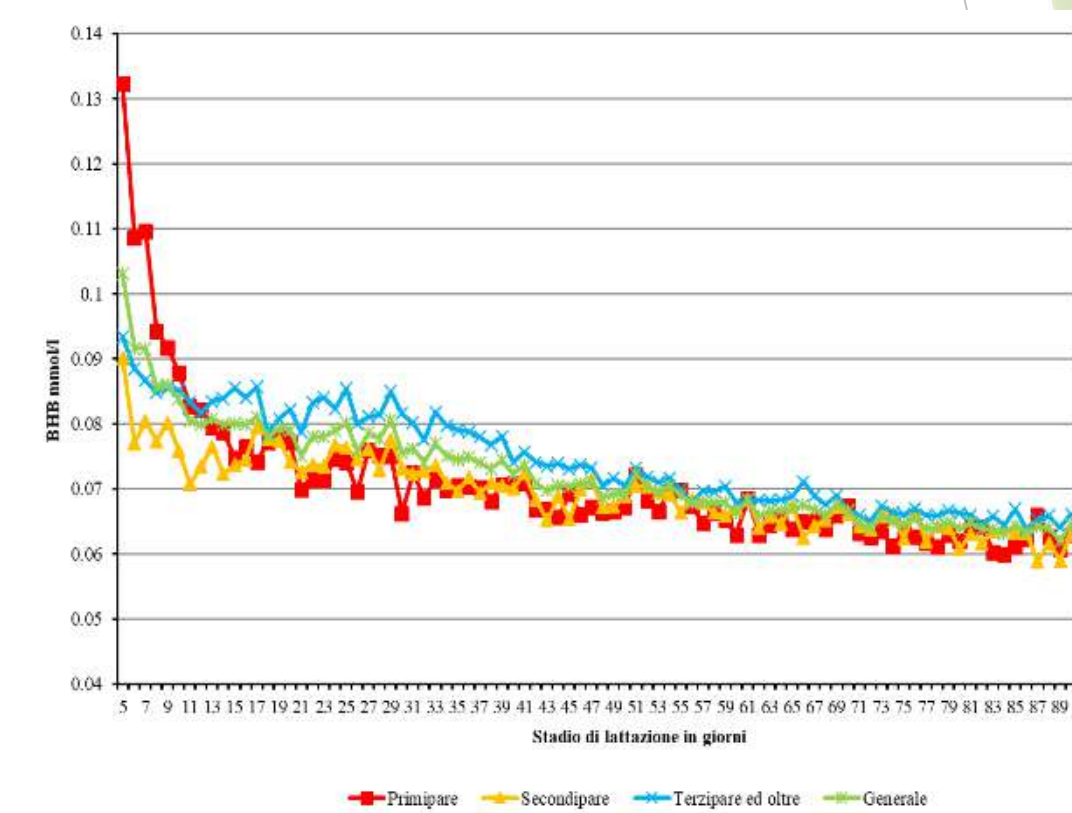
- ▶ Salute importante da un pdv etico, economico
- ▶ > Salute < utilizzo di medicinali ed antibiotici
- ▶ Periodo di transizione fase delicata



## Rischio Chetosi basato su BHB latte

	Primipare			Secondipare			Terzip. ed oltre		
	No	Ris.	Si	No	Ris.	Si	No	Ris.	Si
18	69.7	<b>25.7</b>	<b>4.7</b>	72.4	<b>24.8</b>	<b>2.8</b>	67.4	<b>28.4</b>	<b>4.2</b>
46	78.3	20.1	1.6	76.9	21.7	1.4	74.1	23.8	2.2
76	81.3	18.0	0.7	81.0	18.0	0.9	78.6	20.3	1.1

< 0,10 mmol/l no chetosi; 0,10-0,20 mmol/l rischio chetosi;  
**>0,20 mmol/l chetosi**



	Grasso (%)	Proteine (%)	Cellule Som.	Interparto
No chetosi	3,87	3,33	202	381
A rischio	4,09	3,24	265	384
Si Chetosi	4,53	3,25	302	388



## Investigation of $\beta$ -hydroxybutyrate in early lactation of Simmental cows: Genetic parameters and genomic predictions

Laura Falchi<sup>1\*</sup> | Giustino Gaspa<sup>2\*</sup> | Alberto Cesarani<sup>1,3</sup> | Fabio Correddu<sup>1</sup> | Lorenzo Degano<sup>4</sup> | Daniele Vicario<sup>4</sup> | Daniela Lourenco<sup>3</sup> | Nicolò P. P. Macciotta<sup>1</sup>

**TABLE 3** Heritability, repeatability and genetic correlation ( $\pm SD$ ) estimated using the two-traits models. Each model had BHB and one other important milk trait

Method	Trait	Heritability		Repeatability		Correlation	
		BHB	Trait	BHB	Trait	Genetic <sup>a</sup>	Phenotypic <sup>b</sup>
GIBBS	MY	0.09 $\pm$ 0.01	0.10 $\pm$ 0.01	0.23 $\pm$ 0.01	0.47 $\pm$ 0.01	0.12 $\pm$ 0.09	-0.01
	FP	0.09 $\pm$ 0.01	0.13 $\pm$ 0.01	0.24 $\pm$ 0.01	0.22 $\pm$ 0.01	-0.12 $\pm$ 0.07	0.15
	PP	0.10 $\pm$ 0.01	0.28 $\pm$ 0.02	0.24 $\pm$ 0.01	0.43 $\pm$ 0.01	-0.27 $\pm$ 0.06	-0.10
	UR	0.10 $\pm$ 0.01	0.19 $\pm$ 0.01	0.23 $\pm$ 0.01	0.34 $\pm$ 0.01	<b>-0.02 <math>\pm</math> 0.07</b>	-0.08
	F:P	0.09 $\pm$ 0.01	0.08 $\pm$ 0.01	0.25 $\pm$ 0.01	0.19 $\pm$ 0.01	0.13 $\pm$ 0.07	0.20
	LC	0.10 $\pm$ 0.01	0.26 $\pm$ 0.01	0.24 $\pm$ 0.01	0.49 $\pm$ 0.01	-0.14 $\pm$ 0.06	-0.13
	SCS <sub>LOG</sub>	0.10 $\pm$ 0.01	0.07 $\pm$ 0.01	0.23 $\pm$ 0.01	0.47 $\pm$ 0.01	<b>0.02 <math>\pm</math> 0.10</b>	0.05
ssGGIBBS	MY	0.10 $\pm$ 0.01	0.10 $\pm$ 0.01	0.23 $\pm$ 0.01	0.47 $\pm$ 0.01	0.09 $\pm$ 0.07	-0.01
	FP	0.10 $\pm$ 0.01	0.14 $\pm$ 0.01	0.24 $\pm$ 0.01	0.23 $\pm$ 0.01	-0.16 $\pm$ 0.06	0.15
	PP	0.10 $\pm$ 0.01	0.29 $\pm$ 0.01	0.24 $\pm$ 0.01	0.44 $\pm$ 0.01	-0.26 $\pm$ 0.05	-0.10
	UR	0.10 $\pm$ 0.01	0.18 $\pm$ 0.01	0.24 $\pm$ 0.01	0.34 $\pm$ 0.01	<b>-0.03 <math>\pm</math> 0.06</b>	-0.08
	F:P	0.09 $\pm$ 0.01	0.09 $\pm$ 0.01	0.25 $\pm$ 0.01	0.19 $\pm$ 0.01	0.13 $\pm$ 0.06	0.20
	LC	0.10 $\pm$ 0.01	0.26 $\pm$ 0.01	0.24 $\pm$ 0.01	0.49 $\pm$ 0.01	-0.15 $\pm$ 0.05	-0.13
	SCS <sub>LOG</sub>	0.10 $\pm$ 0.01	0.07 $\pm$ 0.01	0.24 $\pm$ 0.01	0.47 $\pm$ 0.01	<b>0.05 <math>\pm</math> 0.08</b>	0.05



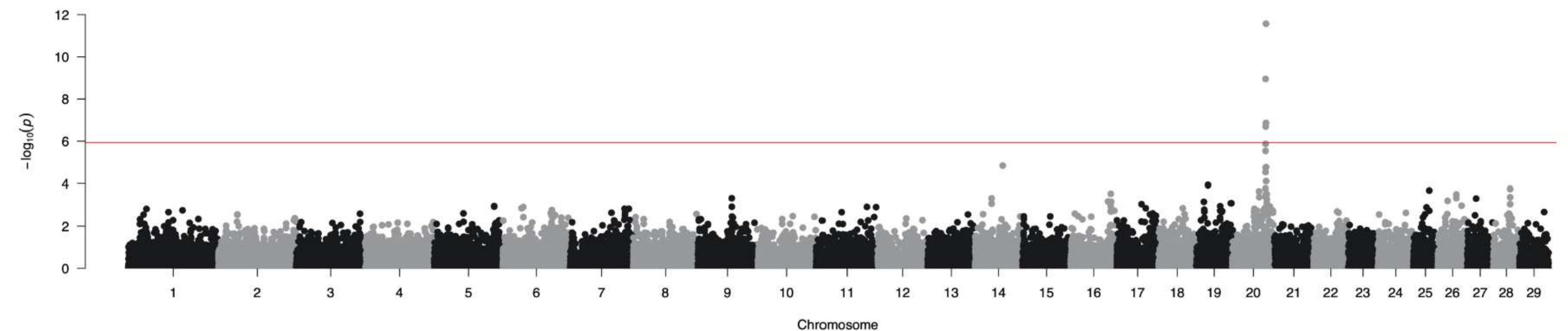


**TABLE 4** Linear regression-based statistics for breeding values of validation cows ( $n = 344$ )

Model	Trait	BLUP				ssGBLUP			
		LR statistics <sup>a</sup>				LR statistics <sup>a</sup>			
		$\widehat{acc}$	$b_{w,r}$	$\rho_{w,r}$	pred <sup>b</sup>	$\widehat{acc}$	$b_{w,r}$	$\rho_{w,r}$	pred <sup>b</sup>
Single trait	BHB	0.45	0.95	0.82	0.31	0.51	0.98	0.85	0.38
Bi-trait	BHB-MY	0.45	0.94	0.82	0.31	0.51	0.98	0.85	0.38
	BHB-FP	0.45	0.95	0.81	0.30	0.51	0.97	0.84	0.36
	BHB-PP	0.45	0.93	0.80	0.31	0.51	0.96	0.83	0.38
	BHB-UR	0.45	0.95	0.82	0.31	0.51	0.98	0.85	0.38
	BHB-F:P	0.46	0.96	0.83	0.31	0.52	0.99	0.86	0.38
	BHB-LC	0.45	0.94	0.82	0.29	0.51	0.98	0.85	0.36
	BHB-SCS <sub>LOG</sub>	0.45	0.94	0.82	0.30	0.51	0.98	0.85	0.37

Abbreviations: BHB,  $\beta$ -hydroxybutyrate in milk (mM); F:P, fat-to-protein ratio; FP, fat percentage; LC, lactose; SCS<sub>LOG</sub>, logarithmic transformation of somatic cells count; MY, milk yield (kg/day); PP, protein percentage; UR, urea (mg/100 ml).

N.P.P. Macciotta  
Dipartimento di Agraria



**FIGURE 1** Manhattan plot with  $p$ -values of individual SNP effects for milk  $\beta$ -hydroxybutyrate from single-step GWAS. The red horizontal line corresponds to the rejection threshold based on a significance level of 0.05 with a Bonferroni correction for multiple testing [Colour figure can be viewed at [wileyonlinelibrary.com](http://wileyonlinelibrary.com)]

# Indice qualità vitelli

- Dati di aste tenute dal 2004 al 2023
- Venduti un totale di 51,825 vitelli  
provenienti da 2180 allevamenti

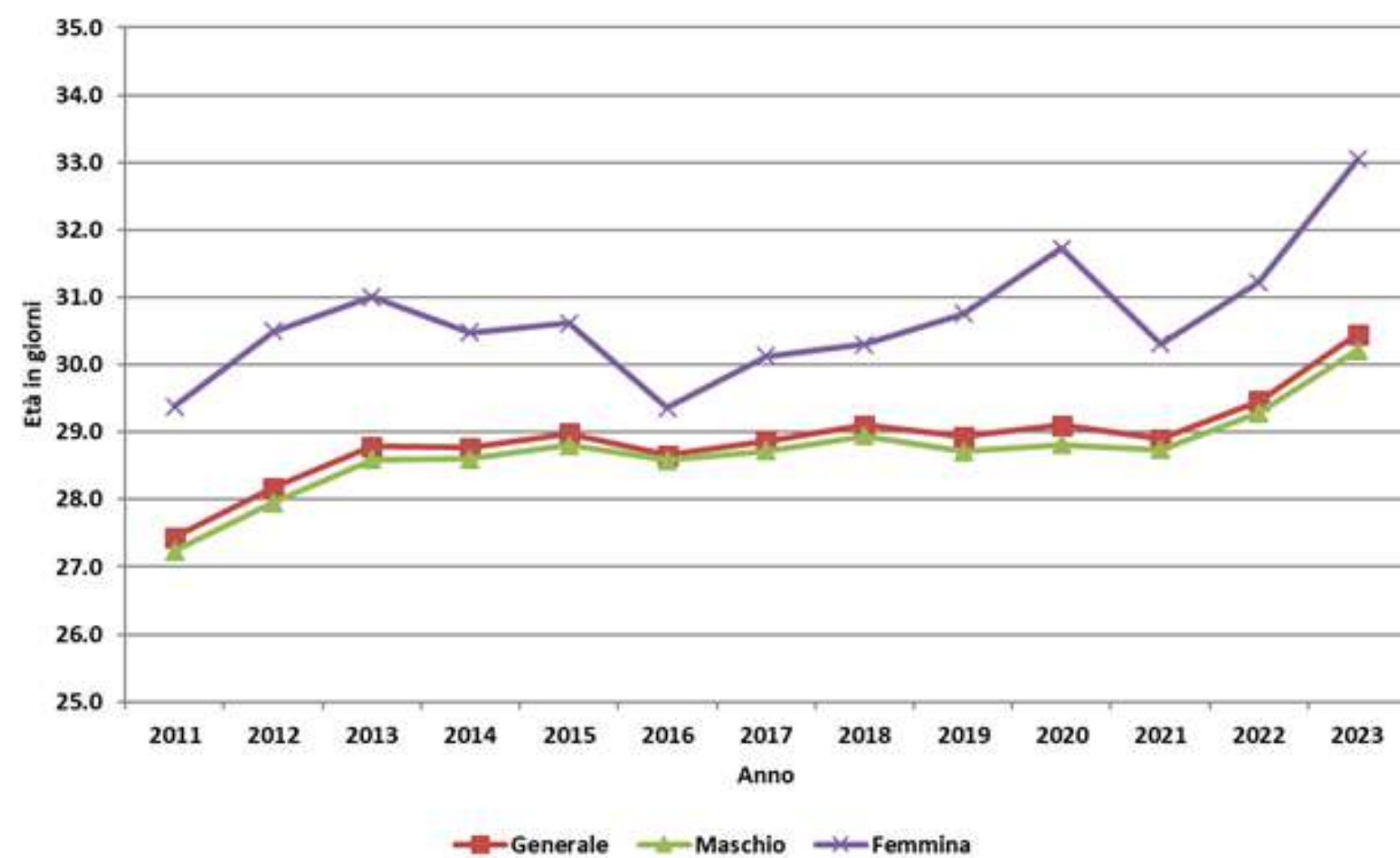
---

	<b>Femmine</b>	<b>Maschi</b>
Numerosità	4,412	47,413
Peso medio vendita	65.9±8.89	70.6±8.89
Età media vendita	26.70±9.96	25.80±6.93
Euro/kg	4.36±0.76	5.08±0.66
Prezzo totale, €	317±74	394±69

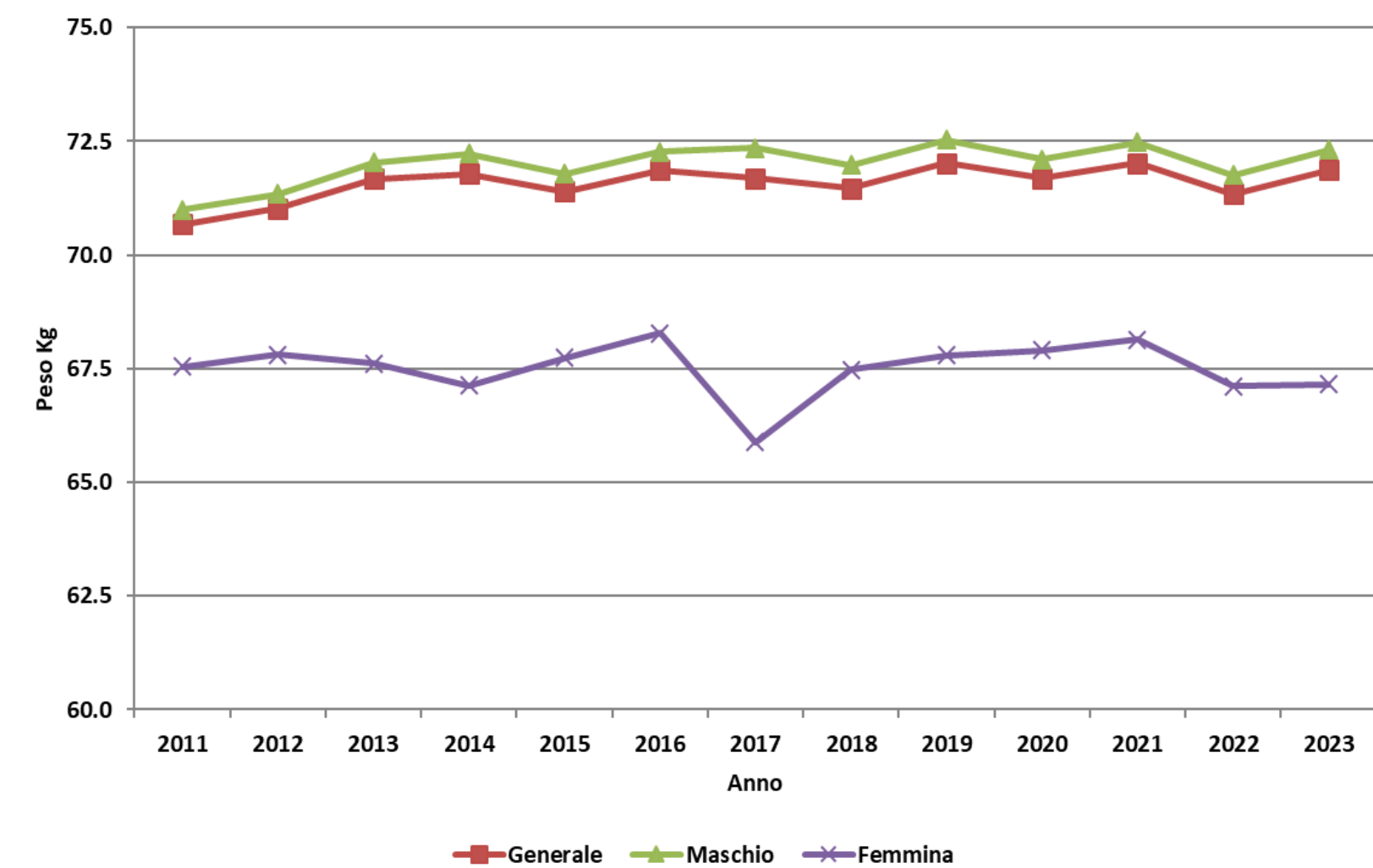
---



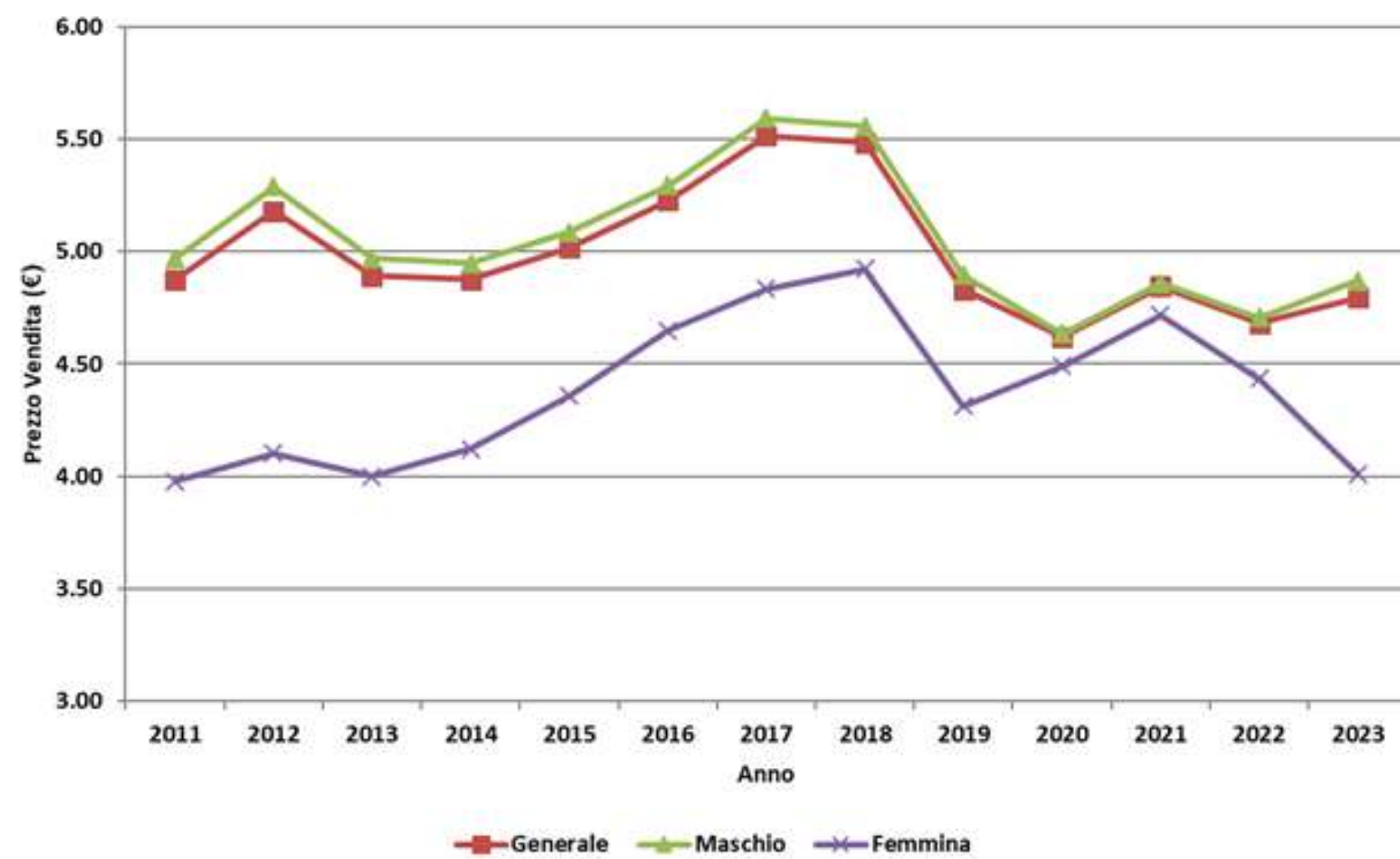
# Età vendita



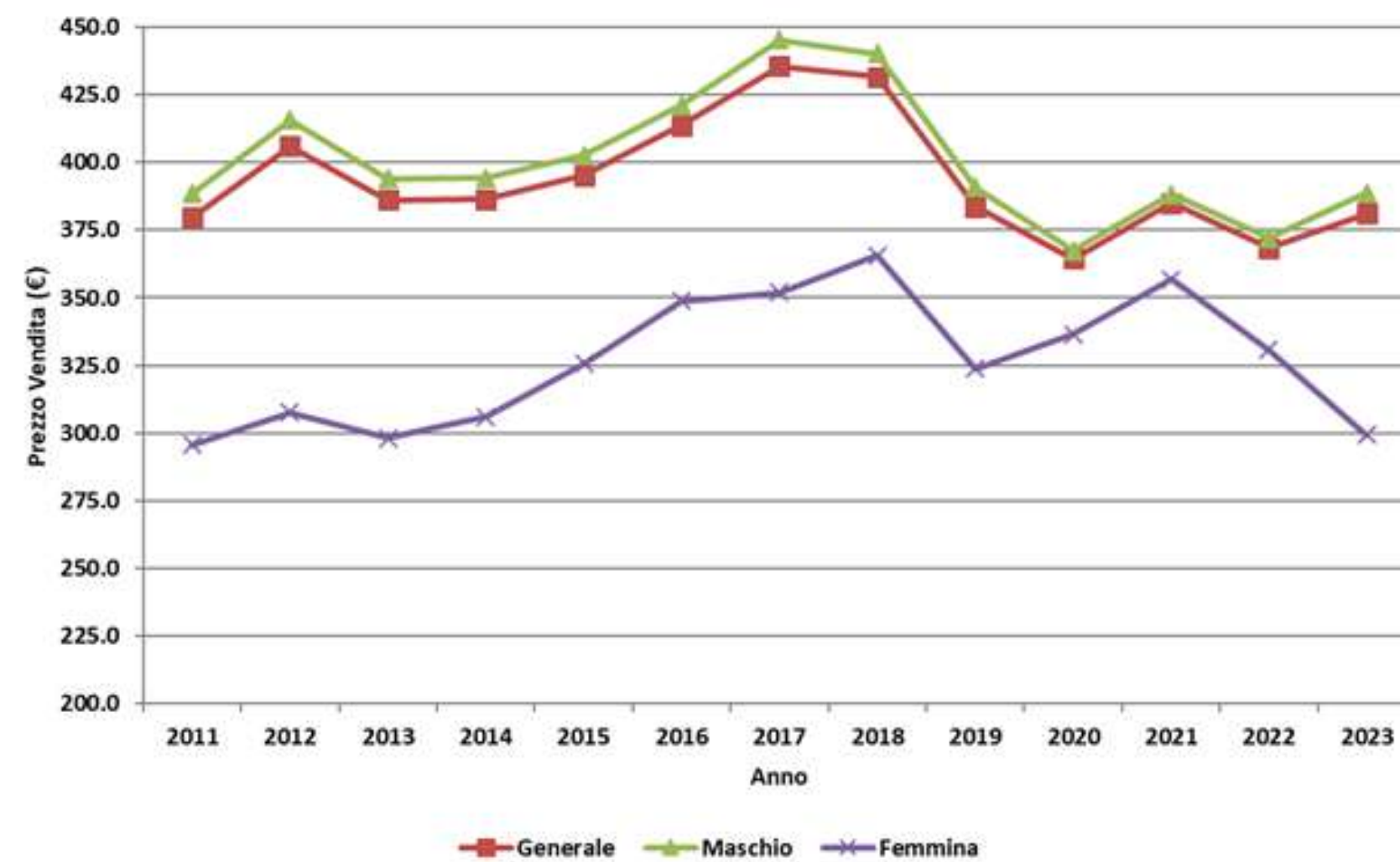
# Peso vendita



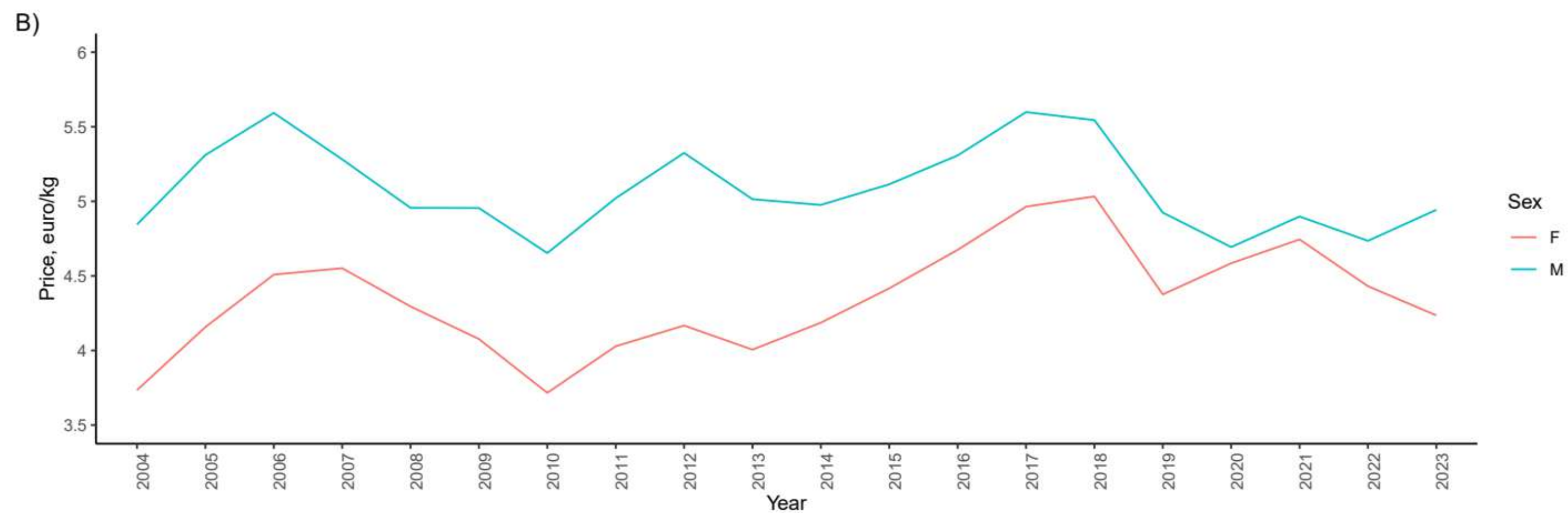
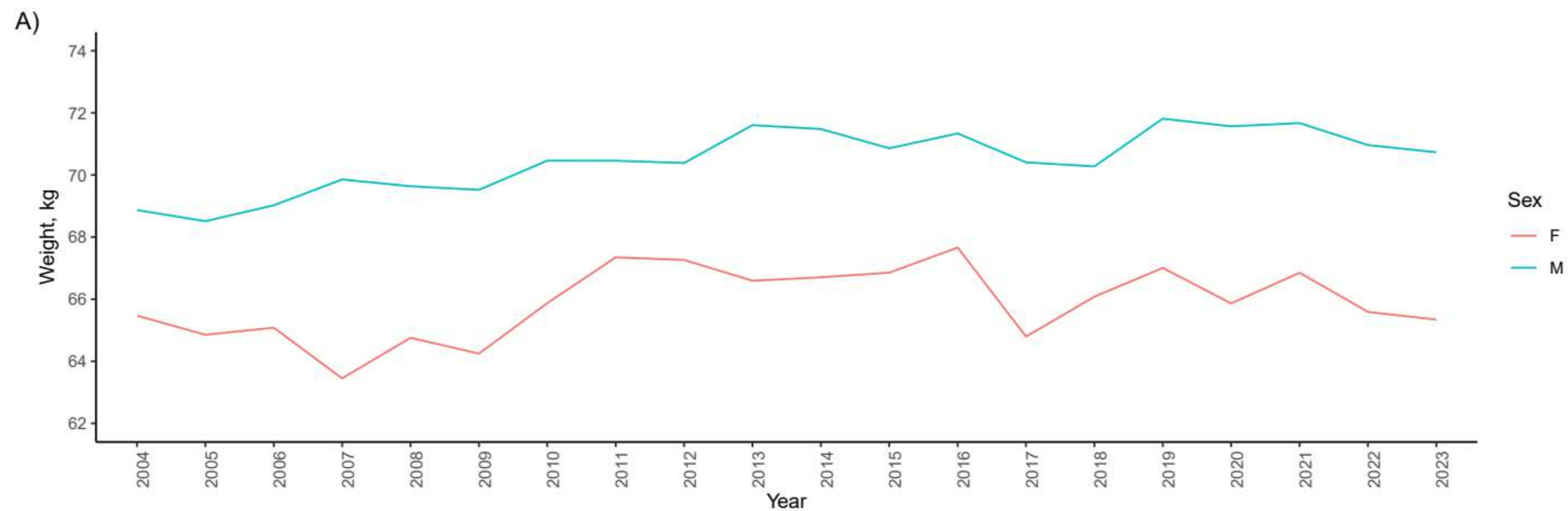
# Prezzo al kg



# Valore







**Ereditabilità prezzo al kg =  $0.20 \pm 0.02$**

**Ereditabilità prezzo totale =  $0.12 \pm 0.01$**

<b>Femmine</b>	Età vitello	Peso	Euro/kg	Prezzo totale
Età vitello		0.21	-0.11	0.04
Peso	***		0.15	0.68
Euro/kg	***	***		0.82
Prezzo totale	***	***	***	

<b>Maschi</b>	Età vitello	Peso	Euro/kg	Prezzo totale
Età vitello		0.24	-0.17	0.04
Peso	***		0.01	0.69
Euro/kg	***	***		0.72
Prezzo totale	***	***	***	

# Si può selezionare per la qualità dei vitelli?

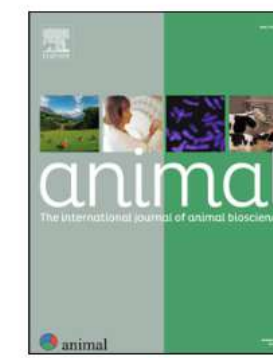
	Peso vitello	Prezzo al kg	Valore mercato
Ereditabilità	18,2%	26,8%	14,3%

Classe di indice IQV	Prezzo al kg
Indice < 76	3,79
76 ≤ Indice < 88	4,42
88 ≤ Indice < 100	4,49
100 ≤ Indice < 112	5,19
112 ≤ Indice < 124	5,50
Indice ≥ 124	5,74

## Indice BEEF LINE

IQV (Prezzo kg)	Muscolosità P.T.	Peso 12 m.	RFI
25%	25%	25%	25%





## Strategies for choosing core animals in the algorithm for proven and young and their impact on the accuracy of single-step genomic predictions in cattle



A. Cesarani <sup>a,b,\*</sup>, M. Bermann <sup>b</sup>, C. Dimauro <sup>a</sup>, L. Degano <sup>c</sup>, D. Vicario <sup>c</sup>, D. Lourenco <sup>b</sup>, N.P.P. Macciotta <sup>a</sup>

<sup>a</sup>Dipartimento di Agraria, Università di Sassari, 07100 Sassari, Italy

<sup>b</sup>Department of Animal and Dairy Science, University of Georgia, 30602 Athens, GA, USA

A. Cesarani, M. Bermann, C. Dimauro et al.

Animal 17 (2023) 100766

**Table 5**

Accuracies of predicted breeding values estimated in the different scenarios for the simulated and cattle datasets in terms of correlation (and 95% confidence interval).

Scenario	Core definition	Simulated			Simmental
		Trait 1	Trait 2	Trait 3	Milkability
ssGBLUP		0.73 (0.70–0.76)	0.77 (0.74–0.79)	0.76 (0.73–0.79)	0.83 (0.79–0.86)
ssGBLUP APY					
V90	Bottom	0.62 (0.58–0.66)	0.66 (0.62–0.69)	0.59 (0.55–0.63)	0.71 (0.65–0.76)
	Top	0.38 (0.33–0.43)	0.42 (0.37–0.47)	0.41 (0.36–0.46)	0.60 (0.53–0.67)
	Random	0.50 (0.45–0.55)	0.60 (0.56–0.64)	0.49 (0.44–0.54)	0.63 (0.56–0.69)
V95	Bottom	0.68 (0.65–0.71)	0.69 (0.66–0.72)	0.61 (0.57–0.65)	0.73 (0.67–0.78)
	Top	0.48 (0.43–0.53)	0.50 (0.45–0.55)	0.44 (0.39–0.49)	0.69 (0.63–0.74)
	Random	0.53 (0.48–0.57)	0.59 (0.55–0.63)	0.62 (0.58–0.66)	0.71 (0.65–0.76)
V98	Bottom	0.71 (0.68–0.74)	0.74 (0.71–0.77)	0.70 (0.67–0.73)	0.79 (0.74–0.83)
	Top	0.57 (0.53–0.61)	0.58 (0.54–0.62)	0.49 (0.44–0.54)	0.77 (0.72–0.81)
	Random	0.67 (0.63–0.70)	0.71 (0.68–0.74)	0.67 (0.63–0.70)	0.78 (0.73–0.82)
V99	Bottom	0.71 (0.68–0.74)	0.75 (0.72–0.78)	0.70 (0.67–0.73)	0.81 (0.77–0.84)
	Top	0.60 (0.56–0.64)	0.63 (0.59–0.67)	0.55 (0.51–0.59)	0.78 (0.73–0.82)
	Random	0.70 (0.67–0.73)	0.74 (0.71–0.77)	0.72 (0.69–0.75)	0.80 (0.76–0.84)

Abbreviations: ssGBLUP = single-step genomic BLUP; APY = algorithm for proven and young animals; Bottom = animals with lowest values of contribution to the genomic relationship matrix; Top = animals with highest values of contribution to the genomic relationship matrix; Random = animals randomly selected.

# Impronta carbonica LORDA del centro genetico A.N.A.P.R.I

## Item

Emissioni enteriche, kg CO<sub>2</sub>e 1168531

Emissioni da reflui, kg CO<sub>2</sub>e 220881

Emissioni per produzione e utilizzo di energia, kg CO<sub>2</sub>e 157183

Emissioni da alimenti acquistati, kg CO<sub>2</sub>e 376616

Emissioni da alimenti autoprodotti, kg CO<sub>2</sub>e 674892

Emissioni complessive, kg CO<sub>2</sub>e 2598104

**Carbon footprint lorda, kg CO<sub>2</sub>e kg incr. ponderale<sup>-1</sup> 12,20**

## Ripartizione delle emissioni, kg CO<sub>2</sub>e kg incr. ponderale<sup>-1</sup>

CFP metano enterico 5,49

CFP reflui 1,04

CFP energia 0,74

CFP alimenti acquistati 1,77

CFP alimenti auto-prodotti 3,17

**Confine spaziale:** from cradle to farm gate

**Metodo:** IPCC 2019

**Standards:** ISO14040:2006, 14044:2006

**Unità funzionale:** 1 kg di incr. ponderale

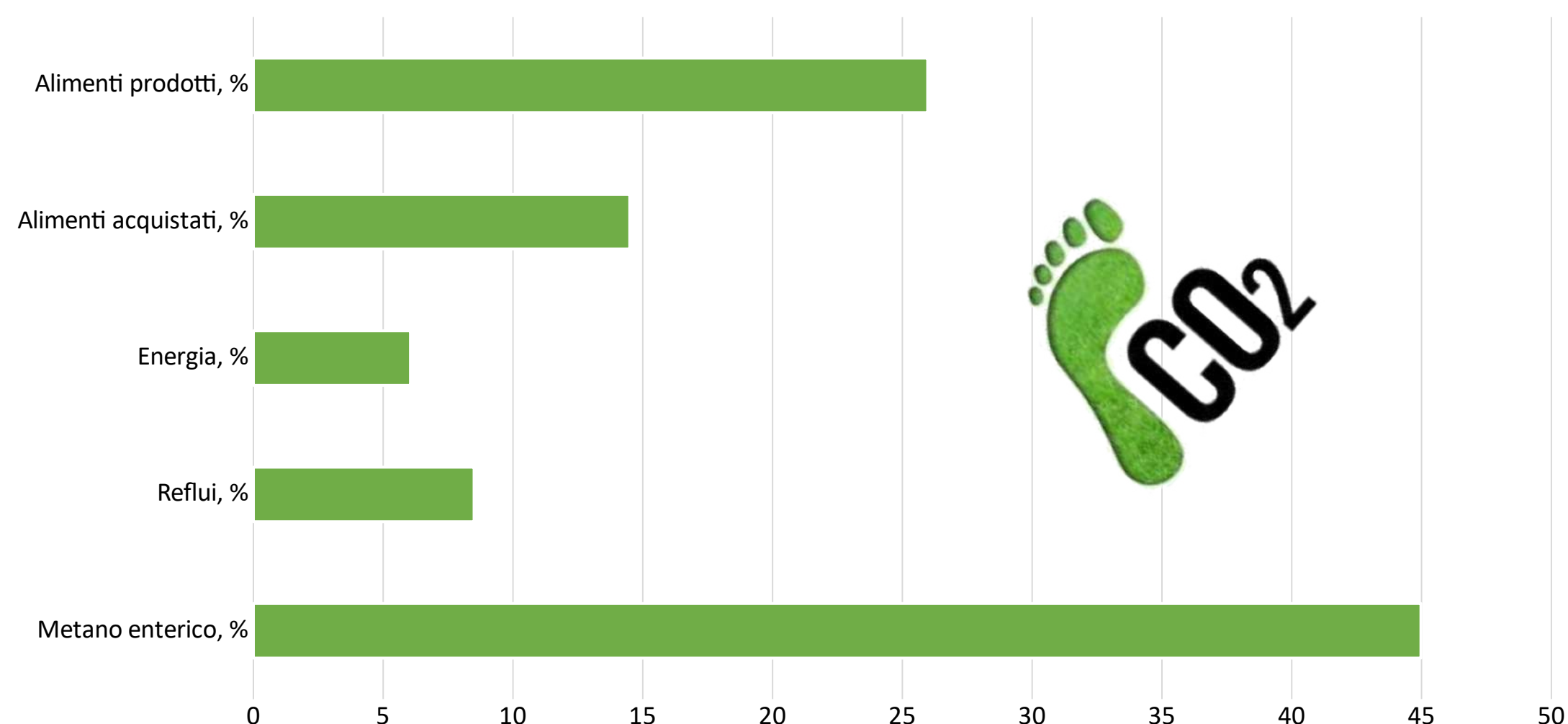
**Scala di equivalenza:**

1 kg CO<sub>2</sub> = 1 kg CO<sub>2</sub>e

1 kg CH<sub>4</sub> = 28 kg CO<sub>2</sub>e

1 kg N<sub>2</sub>O = 273 kg CO<sub>2</sub>e

GWP100



# Sequestro del carbonio nel suolo e Impronta carbonica NETTA

Item	
<i>C da residui colturali</i>	
Residui soprassuolo, kg SS/ha	1936
Residui sottosuolo, kg SS/ha	5189
Residui soprassuolo, kg C/ha	775
Residui sottosuolo, kg C/ha	2076
<i>C da fertilizzanti organici</i>	
kg C da digestato/ha	2547
<i>C Totale</i>	
kg C da residui colturali/ha	2850
kg C da digestato/ha	2547
kg C complessivo/ha	5397
<i>Sequestro del C</i>	
kg C sequestrato/ha	524
<b>kg CO<sub>2</sub> sequestrata/ha</b>	<b>1920</b>
<b>kg CO<sub>2</sub> complessivamente sequestrati</b>	<b>64880</b>
Bilancio, kg CO <sub>2</sub> e	2533234
<b>Carbon footprint netta, kg CO<sub>2</sub>e kg incr. ponderale<sup>-1</sup></b>	<b>11,90</b>

❑ Applicazione di uno dei metodi più robusti per la stima del sequestro del C nel suolo: **metodo Petersen et al. (2013)**

❑ Metodo basato sul Bern Carbon Cycle Model in una prospettiva di 100 anni

❑ Sequestro annuale pari al **9,7 % del C** che arriva al suolo

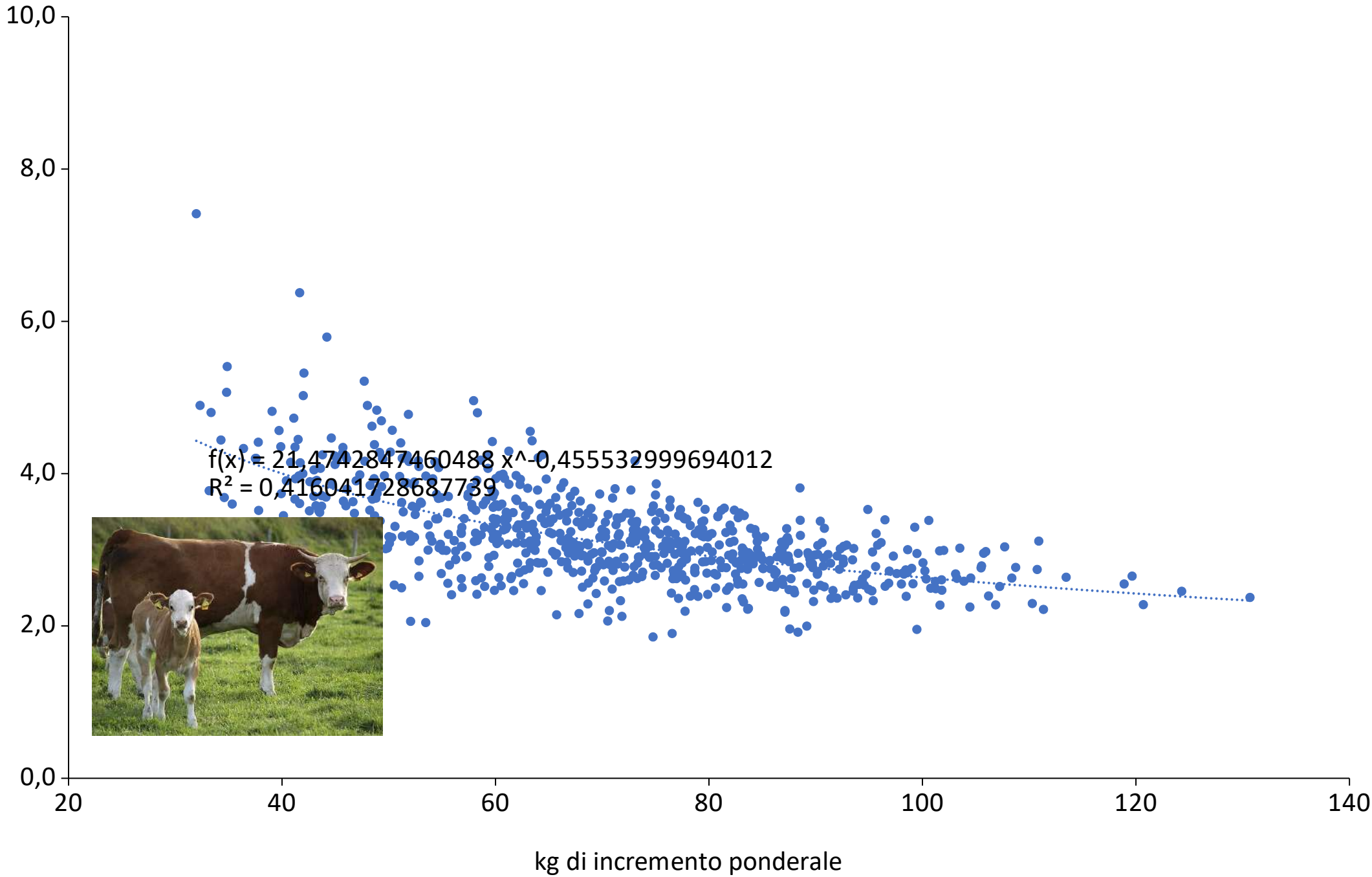


# Performance ambientali individuali: CFP da metano enterico

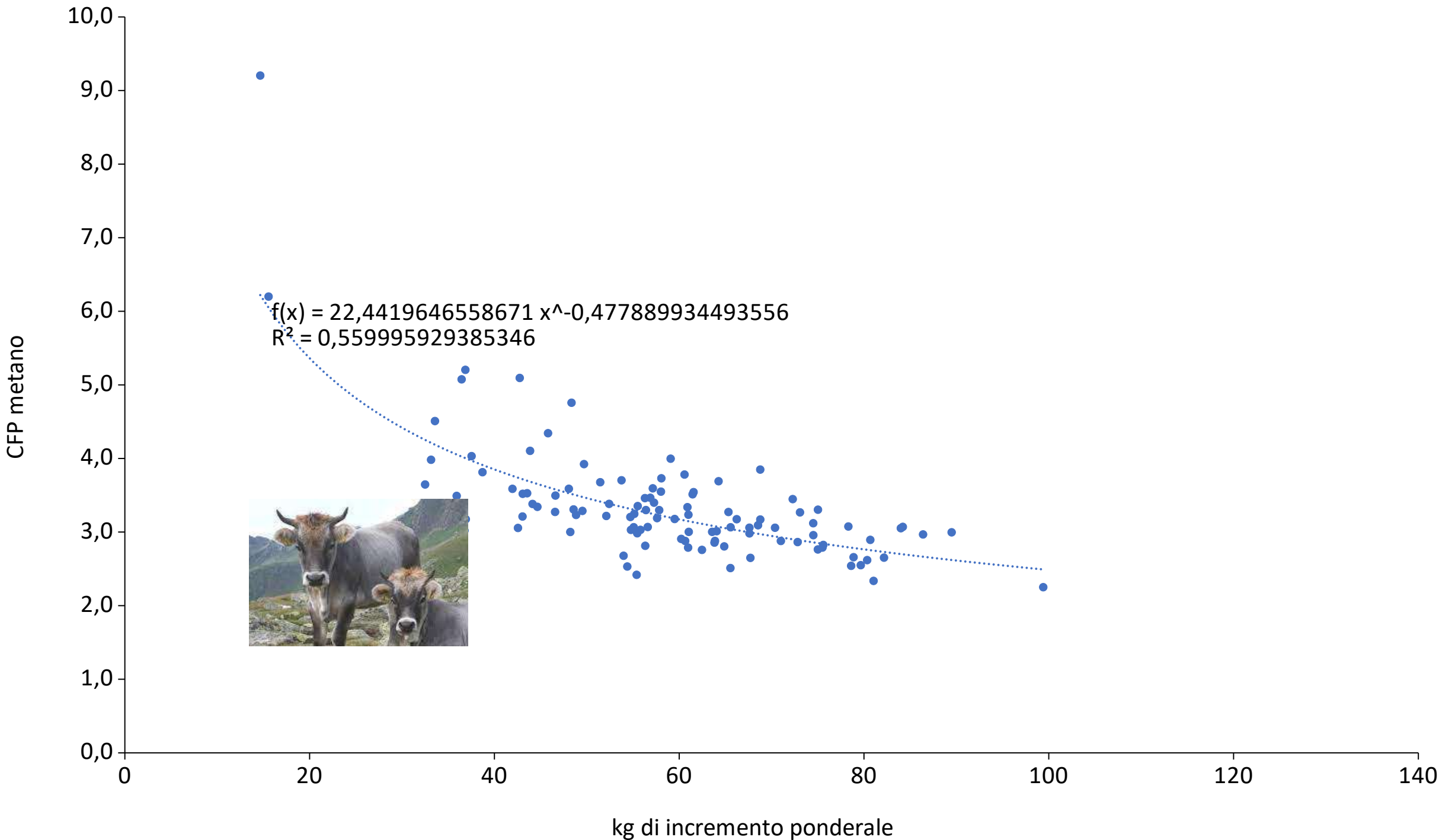
Razza	Grigio Alpina	Pezzata Rossa Italiana	Pinzagauer	Reggiana	Rendena
N. capi	109	743	10	26	105
Giorni utili	45	45	42	46	43
Min.	30	30	33	31	30
Max.	60	60	55	58	59
Incremento ponderale, kg	58.34 ± 1.46	70.35 ± 0.64	63.01±4.72	62.97±2.31	68.89±1.67
Min.	14.66	31.97	46.17	30.52	32.14
Max.	99.40	130.69	92.71	92.42	124.68
ISS, kg capo/d	8.71±0.09	10.09±0.04	10.09±0.26	9.25±0.19	9.43±0.09
Min.	5.88	5.85	8.87	7.56	6.68
Max.	11.12	13.31	11.74	11.39	11.24
Metano enterico, g CH <sub>4</sub> /d	150.68±1.60	174.61±0.67	174.56±4.41	160.10±3.31	163.05±1.62
Min.	101.68	101.14	153.45	130.81	115.62
Max.	192.31	230.19	203.15	196.98	194.46
Metano enterico, kg CH <sub>4</sub> capo/prova	6.71±0.13	7.81±0.06	7.34±0.41	7.30±0.22	7.05±0.14
Min.	3.46	3.84	5.83	5.39	4.47
Max.	9.61	12.38	9.68	9.97	10.31
<b>CFP Metano, kg CO<sub>2</sub>e/kg incr. ponderale</b>	<b>3.35±0.08</b>	<b>3.19±0.03</b>	<b>3.31±0.15</b>	<b>3.30±0.11</b>	<b>2.94±0.05</b>
Min.	2.25	1.86	2.8	2.53	2.15
Max.	9.2	7.41	4.39	4.92	4.87

# Relazione allometrica tra CFP del metano enterico e incremento ponderale

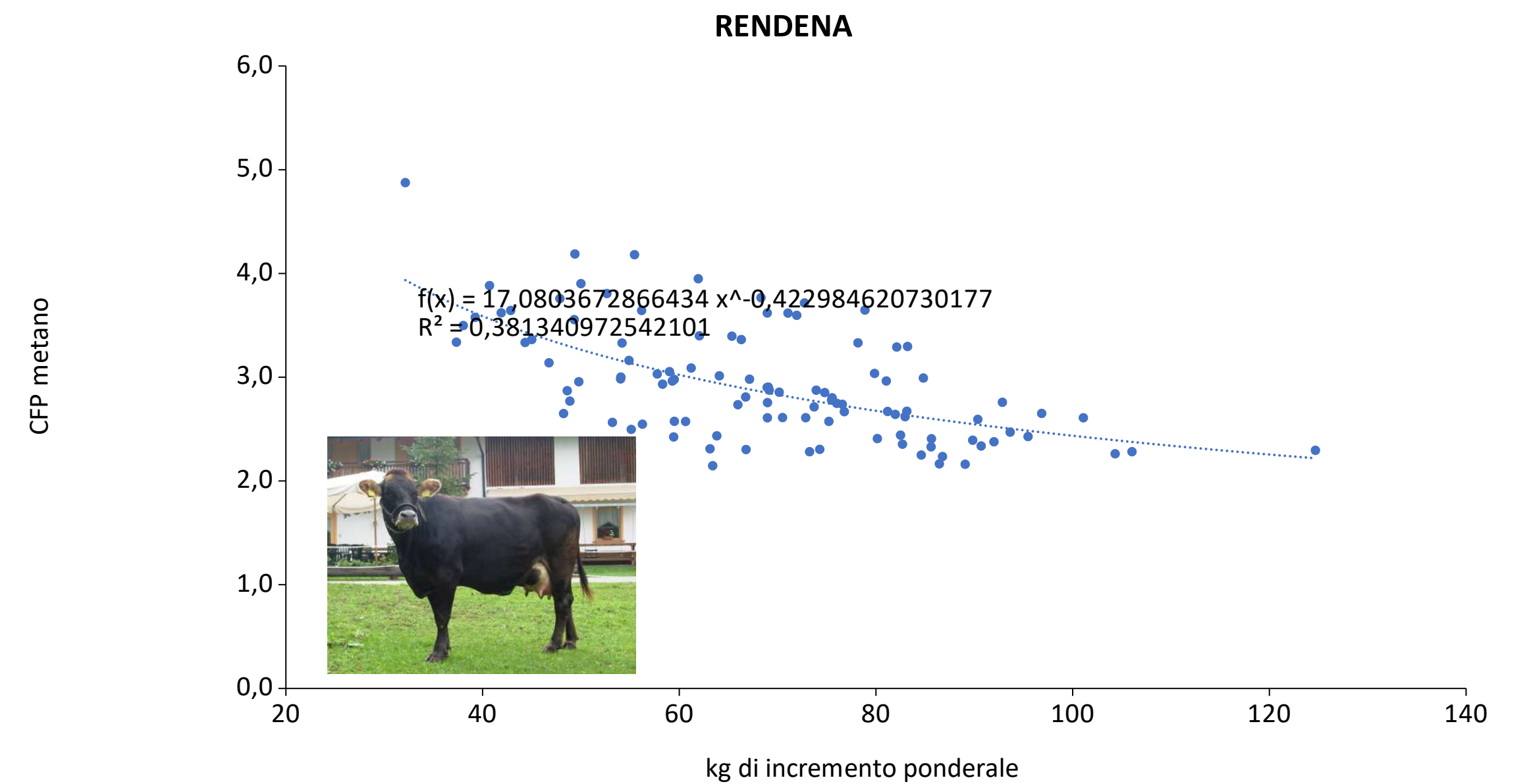
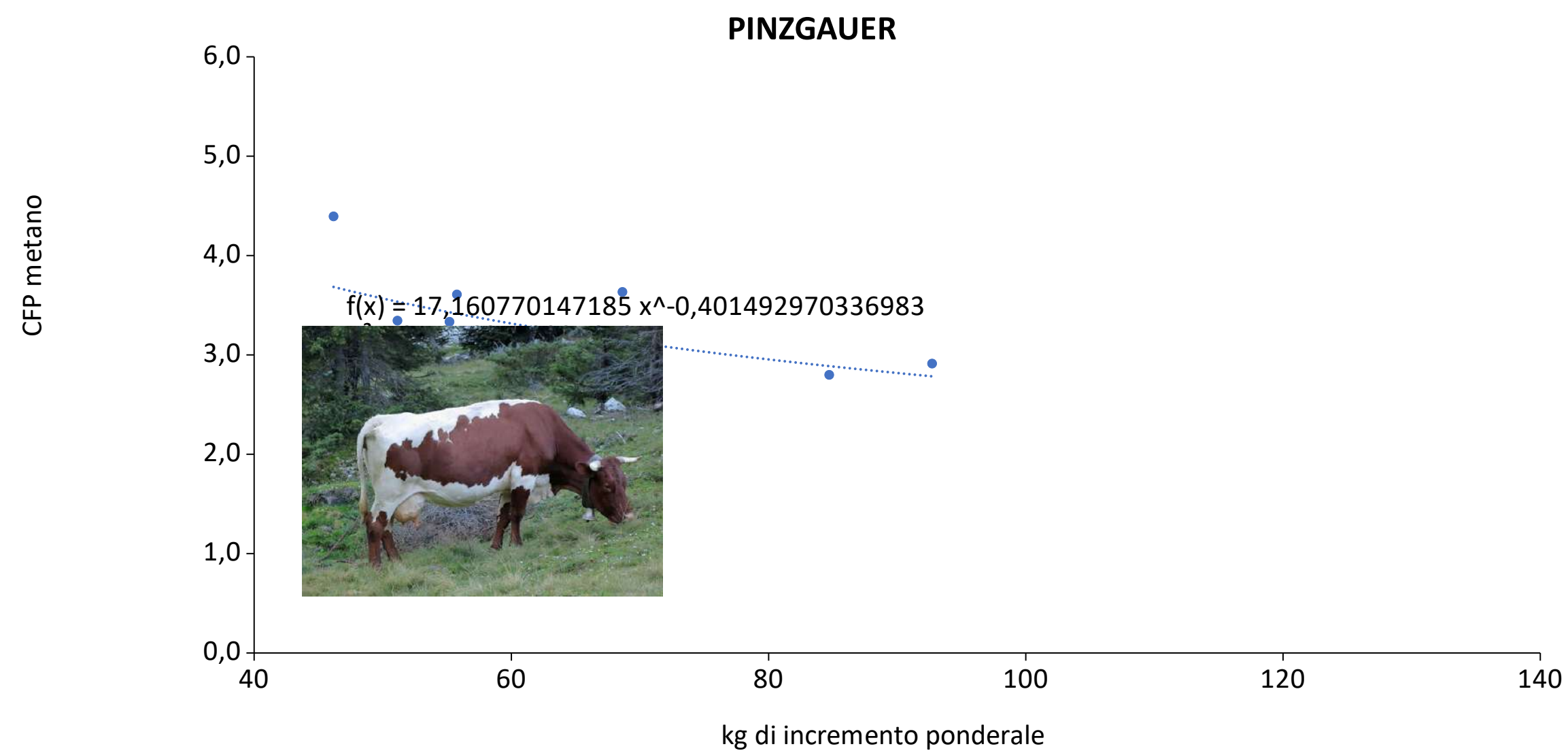
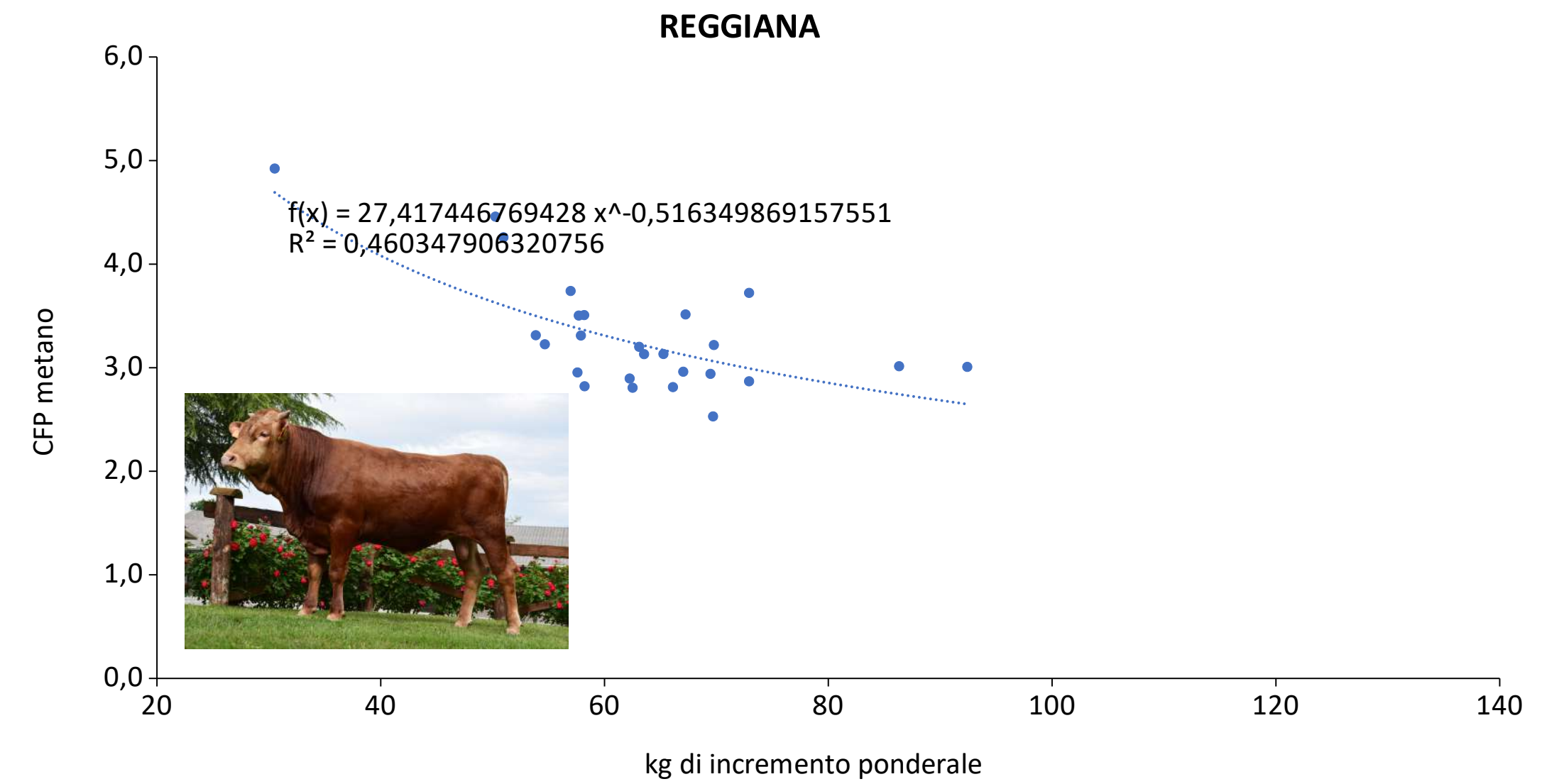
PEZZATA ROSSA ITALIANA



GRIGIO ALPINA

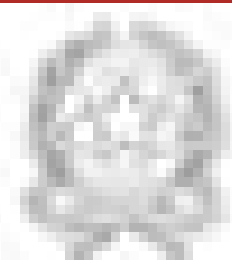


# Relazione allometrica tra CFP del metano enterico e incremento ponderale

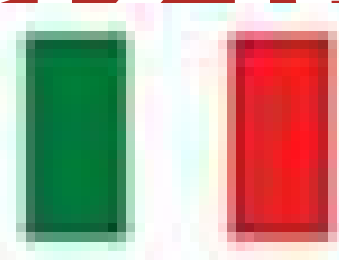




# Grazie



MINISTERO DELL'AGRICOLTURA  
DELLA SOVRANITÀ ALIMENTARE  
E DELLE FORESTE



- ✓ ANAPRI
- ✓ ANABORAVA
- ✓ ANAGA
- ✓ ANARE







UNISS

UNIVERSITÀ  
DEGLI STUDI  
DI SASSARI

See you in Florence



75<sup>th</sup> EAAP 2024  
European Federation  
of Animal Science



Save the date

Florence, 1-5 September 2024  
Florence Congress and Exhibition Centre



Organizing Secretariat:

**TriumphGroup**  
experience in events

Triumph Italy Srl, Via Lucilio 60, 00136 Rome (Italy)  
email: [eaap2024@thetriumph.com](mailto:eaap2024@thetriumph.com)

