



PSRN-Biodiversità – sottomisura 10.2, progetto Latteco2  
Le razze bovine da latte per la definizione di modelli selettivi sostenibili,  
ANAFIBJ Comparto Bovini latte



\*Fondo europeo agricolo per lo sviluppo rurale: l'Europa investe nelle zone rurali\*  
Autorità di gestione: MIPAAF Ministero delle Politiche Agricole Alimentari e Forestali  
Spesa ammessa a contributo Progetto LATTECO2 ANAFIBJ: euro 12.535.931,95

# MANAGING GENETIC DIVERSITY IN DAIRY CATTLE

## WORKSHOP ANAFIBJ



di Fabian Favalli



La selezione odierna può essere divisa in pre e post genomica, una modalità di scelta dei riproduttori che ha portato un'accelerazione decisa al miglioramento genetico delle razze da latte. Sfortunatamente questo ha portato ad un aumento della consanguineità, con un trend parimenti ascendente. ANAFIBJ ha organizzato un workshop per delineare lo stato del problema e capire quali sono le strategie da adottare per mantenere quanto più eterogenee le nostre vacche.

**T**ra i vari temi presenti nel mondo della selezione Holstein moderna, ne esiste uno che da sempre è stato sotto i riflettori per l'importanza che ha via via assunto negli anni. Da una decina di anni a questa parte, la sfida per mantenere una variabilità genetica nella razza, combattendo quindi la consanguineità, si è fatta sempre più ardua, accentuata dallo sviluppo ed intensificazione della selezione tramite la genomica. ANAFIBJ ha per questo motivo organizzato un workshop, coinvolgendo esperti che portassero esperienze e ricerche effettuate in varie popolazioni bovine da latte nel mondo, in modo da capire quale fosse la vera entità del problema e quali fossero gli strumenti da adottare per combattere questo "nemico silenzioso". Ripercorriamo quindi gli interventi e conclusioni nell'ambito di questa interessante giornata.

**Prof. Martino Cassandro**  
*Direttore Generale ANAFIBJ*  
**EVOLUZIONE DELLA F.A. IN ITALIA**

Il Direttore Generale di ANAFIBJ, oltre ai saluti di rito, ha descritto il perimetro ed il contenuto entro il quale si muove la selezione della razza



SINGH



© VKI SINGH

Il gruppo dei partecipanti e dei relatori presenti al Workshop svoltosi a luglio nella sede ANAFIBJ  
Sopra il Direttore Generale ANAFIBJ Martino Cassandro

Frisona in Italia, partendo dai dati sulla FA, che relega alla fecondazione naturale solo un misero 3%. Gli allevatori di Frisona usano oltre l'80% di seme Holstein e la restante parte è dedicata in larga parte all'incrocio da carne.

Nel frattempo sono cambiati gli obiettivi, che negli anni si sono spostati dalla mera ricerca produttiva al benessere delle vacche oltre che attenzione per gli aspetti sociali e di impatto ambientale. La razza holstein in Italia ha ridotto del 25% il numero di allevamenti, mantenendo inalterata la consistenza ma aumentando le proprie performance produttive in maniera significativa. La Jersey vede un trend simile sui numeri totali ma con un aumento del numero degli allevatori, migliorando la quantità di latte a lievissimo discapito dei titoli. Sul versante funzionale assistiamo ad un trend in continua ascesa per cellule e longevità, mentre la fertilità ha invertito il suo trend, ribaltando l'andamento calante. Il tutto può essere ascritto soprattutto alla genomica, che dal 2010 è lo strumento con la quale vengono scelti i riproduttori.

È incredibile osservare i trend di crescita degli indici, ma ancor più stupefacente il gap tra la selezione genomica e quella tradizionale, quantificato in 1000 kg di Gpft, 743 euro di Gles e 1125 di Glcs-PR. Per quanto concerne l'utilizzo, gli allevatori italiani usano il 65% di tori genomici e il 35% di provati, preferendo la genetica di importazione senza un reale beneficio genetico. La razza Frisona cresce di 0,26 punti percentuali di consanguineità per anno, al pari di Stati Uniti e Canada, con una importante riduzione della variabilità genetica. Nell'intervento, il prof. Cassandro ha anche riservato particolare attenzione ai diversi tipi di metodiche di stima della consanguineità che oggi abbiamo a disposizione, dal pedigree al molecolare alle *runs of homozygosity* (RoH), come anche al Beef Cross e al Dairy Cross, che rivestono una parte importante nelle scelte allevatoriali. In conclusione, la consanguineità si può e si deve gestire adottando tutte le strategie di ricerca e di accoppiamento oggi già a disposizione.



Christian Maltecca

**Prof. Christian Maltecca**  
*North Carolina State University*

**Francesco Tiezzi, Università Firenze**

### **LA CONSANGUINEITÀ NELL'ERA GENOMICA**

Il Prof. Maltecca ha evidenziato che la consanguineità è inevitabile nel programma di selezione e la selezione genomica ha

aumentato il tasso di accumulo di omozigosi.

Diventa quindi sempre più urgente attuare una gestione della diversità e della consanguineità ed è necessario adottare strumenti più efficaci nel misurare la consanguineità, in grado di separare le varianti deleterie da quelle neutrali.



**Emmanuel A. Lozada-Soto**  
*NC State University - USA*

### **DIVERSITÀ GENETICA IN 5 RAZZE DA LATTE NORDAMERICANE**

La ricerca presentata verteva sull'indagine fatta sulle 5 maggiori razze da latte presenti in Nord America: Holstein, Jersey, Bruna, Guernsey ed Ayrshire. I risultati

hanno mostrato che ci sono delle differenze tra le razze in termini di consanguineità secondo che venga calcolata da pedigree o rilevata dalla genomica. È altresì vero che i tassi di accumulo di consanguineità sono diversi tra le razze ed anche le dimensioni effettive della popolazione passate e presenti. Appare evidente che l'adozione della selezione genomica ha portato con sé un aumento dei livelli di consanguineità ed ha ridotto la diversità genetica all'interno delle razze. È quindi necessario condurre un'analisi più dettagliata per censire la diversità genetica disponibile per la selezione nelle razze da latte statunitensi ed adottare strategie innovative per frenare l'accumulo di consanguineità in queste popolazioni.



**Dr. Michela Ablondi**  
*Università di Parma*

### **LE DIVERGENZE GENETICHE IN POPOLAZIONI DA VACCHE HOLSTEIN SELEZIONATE PER LA PRODUZIONE DI FORMAGGI DOP**

La ricerca evidenzia che ci sono divergenze genomiche all'interno della razza Holstein italiana per

il suo utilizzo in diverse produzioni casearie DOP con livelli moderati di consanguineità basati sia sul pedigree che sui dati ROH. Con l'introduzione della genomica è stato rilevato un aumento significativo della consanguineità denotando che la consanguineità nelle ultime generazioni sembrava più dannosa della consanguineità delle generazioni precedenti.

DA REMOTO

### **Dr. Christian Persichilli, Università del Molise** **STRUTTURA DELLA POPOLAZIONE E SELEZIONE NELLA HOLSTEIN ITALIANA ATTRAVERSO ANALISI DELL'INTERO GENOMA**

I risultati di questa ricerca evidenziano che esiste una differenza tra la popolazione Holstein italiana e quella nordamericana e all'interno della popolazione italiana c'è un'ulteriore differenziazione evidente in base alla zona geografica e destinazione di produzione (Parmigiano Reggiano). La Holstein italiana, in generale, risulta essere più variabile e meno consanguinea rispetto alla popolazione nordamericana ma la sottopopolazione del Parmigiano Reggiano ha valori di consanguineità ancora più bassi e superiori indici di diversità.

**Dr. Saija Tenhunen, Aarhus University - Denmark**  
**GESTIONE DELLA CONSANGUINEITÀ**  
**NELLE HOLSTEIN SCANDINAVE**

L'esperienza dei paesi scandinavi (Danimarca-Norvegia-Finlandia) nella gestione della consanguineità ha dimostrato che si può mantenere un alto progresso genetico senza aumentare il tasso di inbreeding. Allo stato attuale, il tasso di crescita della consanguineità è identico rispetto alla selezione pre genomica.



**Dott. Francesco Giudicatti**  
**Responsabile tecnico Gplus**

La stima genomica è certamente lo strumento più attendibile che consente di misurare il potenziale genetico di un animale. La rincorsa ai numeri che ha generato, ha però alzato in maniera preoccupante il livello di consanguineità soprattutto nella popolazione Holstein italiana ed americana. I temi affrontati durante l'incontro organizzato da Anafibj hanno riguardato questo importante aspetto e, a quanto sembra, la situazione merita attenzione e azioni concrete. Senza però una presa di coscienza collettiva (Associazioni di razza assieme a Centri di FA, tecnici del settore e allevatori) che preveda misure concrete di intervento non sarà possibile invertire efficacemente questa tendenza. Come la storia ci insegna, per ottenere risultati un'apertura di tutto il comparto del mondo della F.A., quindi ANA, CFA e allevatori, è più che mai necessaria e la direzione da prendere è certamente quella della valorizzazione sempre più decisa della variabilità genetica. Del resto, è proprio questo il requisito che sta alla base della possibilità di fare selezione, anzi è essa stessa garanzia di futuro per la razza Holstein.



**Dr. Jan-Thiis van Kaam, Ufficio Ricerca e Sviluppo ANAFIBJ**  
**RIDUZIONE DELLE DIMENSIONI**  
**EFFETTIVE DELLA POPOLAZIONE**  
**HOLSTEIN**

Nella Holstein italiana la maggior parte della selezione viene effettuata dai centri di fecondazione artificiale e non dagli allevatori, spetta quindi a loro utilizzare un'ampia varietà di padri e madri di toro. La selezione contro alleli indesiderati ha ridotto la presenza degli stessi, ma anche ridotto la variabilità nella razza. Ad oggi il 99% dei cromosomi Y vengono da Chief & Elevation e solo l'1% di Ivanhoe: cosa abbiamo perso in questo caso? Per vincere la battaglia contro la consanguineità dobbiamo usare l'intera popolazione della Holstein, piuttosto che solo un pezzo e quindi l'intero programma di selezione deve essere "ri-progettato" per evitare colli di bottiglia genetici.

*Di seguito riportiamo le esperienze di chi ha partecipato a questo workshop.*



**Vanzetti Davide**  
**allevatore e Giudice ANAFIBJ,**  
**Candiolo (TO)**

Al netto della mia esperienza, posso ritenermi soddisfatto di aver investito del tempo in questo convegno. Partiamo dal presupposto che la mia preparazione era, per molti tratti, insufficiente a capirne appieno le tematiche esposte dai vari relatori nazionali ed internazionali, ma nonostante ciò ho potuto trarre considerazioni ad alimentare il mio bagaglio come allevatore attivo. Il problema consanguineità è affrontabile in modo unilaterale dall'Associazione o dal singolo allevatore? No, la tecnica di ricerca dei ROH, se applicata nei piani di accoppiamento, è uno strumento necessario per l'immediato, ma non la panacea di tutti i mali. Ho apprezzato molto nel vedere il caso di studio scandinavo dove il programma di selezione nazionale, nonostante la genomica, sia rimasto con livelli di testaggio sul campo molto ampi in termini di tori attivi. Attività commerciale oggi poco seguita dal mercato mondiale, ma che in termini di risultati sta pagando e sfruttando al meglio la sinergia tra i vari operatori del sistema.

**DAL WORKSHOP ANAFIBJ**

# L'INBREEDING AI TEMPI DELLA GENOMICA

di Christian Maltecca e Francesco Tiezzi

## GENOMICA E SELEZIONE

L'avvento della selezione genomica ha aperto la strada ad una nuova era nell'ambito della selezione. Con l'informazione genomica, l'incrementata capacità di selezionare individui dal valore genetico superiore è andata di pari passo con la drastica riduzione dell'intervallo di generazione per tutte le vie di selezione. Oggi che la selezione genomica è una pratica adottata quasi universalmente in tutte le specie di interesse zootecnico, la somma di questi processi interconnessi rappresenta, allo stesso tempo, un'opportunità ed una sfida per allevatori e ricercatori.

È utile in primo luogo ribadire che, sebbene la selezione genomica abbia rappresentato un sostanziale balzo tecnologico nell'efficienza del processo selettivo, essa si delinea a tutti gli effetti come la più recente di una serie di innovazioni riconducenti allo stesso quadro di riferimento. La scoperta della trasmissione dei caratteri

mendeliani, la teorizzazione del modello infinitesimale, la formalizzazione dei concetti di parentela e consanguineità, lo sviluppo degli indici di selezione, l'introduzione dei modelli misti, sono innovazioni chiave che hanno influenzato in maniera sostanziale l'efficienza nella scelta dei riproduttori sulla base del loro valore genetico. In questo la selezione genomica rappresenta probabilmente l'apogeo di un percorso iniziato quasi due secoli fa. Tuttavia, l'introduzione dell'informazione genomica non ha cambiato sostanzialmente il paradigma del processo di selezione, che si basa sull'utilizzo della selezione direzionale su di una sostanziale disparità riproduttiva garantita dall'inseminazione artificiale e sull'impiego preferenziale di poche linee di sangue d'élite come risultato dell'utilizzo dei vari metodi di valutazione e predizione genetica (es. BLUP animal test-day model). L'insieme di tutti questi fattori, fa sì che l'accumulo di inbreeding in una popolazione sotto selezione sia inevitabile.

## GENOMICA E INBREEDING

L'effetto della selezione genomica sulla consanguineità e sull'inbreeding si inserisce in questo quadro. Da un lato in uno schema di selezione genomica, l'accumulo di inbreeding per anno aumenta soprattutto a causa della riduzione dell'intervallo di generazione. Allo stesso modo però, ed almeno in linea di principio, l'inbreeding per generazione dovrebbe diminuire grazie alla capacità dell'informazione molecolare di ottenere misure di parentela più accurate che tengano conto del *mendelian sampling*. A questo si deve aggiungere che con l'utilizzo della selezione genomica il numero di potenziali riproduttori selezionabili non è più limitato dalla logistica delle prove di progenie e che quindi è possibile attingere ad un serbatoio di variabilità genetica maggiore. In termini generali, tutti i processi elencati qui sopra avvengono contemporaneamente. Nella pratica però il risultato, "netto", di questi fenomeni è un sostanziale aumento dell'omozigosità nelle popolazioni soggette a selezione genomica rispetto alla selezione sulla base del pedigree (per esempio: <https://queries.uscdcb.com/eval/summary/inbrd.cfm>).



Abbiamo discusso sin qui di come il processo di selezione influenzi l'accumulo di inbreeding, senza alcun riguardo nei confronti delle sue implicazioni. Spesso, quando si fa riferimento all'inbreeding, lo si fa con l'implicita assunzione che il suo accumulo in una popolazione sia in ogni caso deleterio. L'inbreeding però è un parametro genetico e, di per sé, non è "buono o cattivo". D'altro canto, il processo di selezione non è altro che l'accumulo di omozigosità in una popolazione per le varianti genetiche favorevoli. È quindi importante scindere il concetto di inbreeding da quello di inbreeding depression. Il secondo è frutto dell'accumulo allo stato omozigote di varianti deleterie, ed è il risultato, indesiderato, dell'aspetto pratico del processo selettivo descritto nel paragrafo precedente. In breve, e semplificando, è il risultato del fatto che non sono i geni ad essere selezionati ma gli individui. Considerate queste premesse, l'inbreeding è una misura imperfetta del potenziale rischio di osservare una fitness ridotta in un individuo. Questo perché è uno strumento incapace di separare l'accumulo di omozigosità per varianti favorevoli neutre o deleterie. In linea di principio, due animali possono mostrare lo stesso livello di inbreeding ma un differente accumulo di varianti deleterie (genetic load).

## GLOSSARIO

**Allele:** differente forma alternativa di un gene responsabile di forme alternative di uno stesso carattere. Ogni individuo ha un allele paterno e un allele materno, che può essere lo stesso (omozigote) o diverso (eterozigote).

**Aplotipo:** segmento di DNA strettamente associato che può passare da genitore a figlio.

**Gene:** (unità fisica fondamentale dell'eredità) è un segmento di DNA che codifica per una funzione o alcune funzioni correlate.

**Genoma:** tutta la serie di informazioni contenute nel DNA di un individuo.

**Selezione Genomica:** la selezione genomica (SG) stima il potenziale ereditario di un animale, ossia il valore genetico (VG), considerando

le migliaia di marcatori distribuiti in tutto il patrimonio genetico.

**Caratteri Mendeliani:** sono caratteri la cui presenza o assenza dipende dal genotipo di un singolo locus. I caratteri mendeliani dipendono dalla forma allelica in cui si trova il gene a essi associato, hanno fenotipi ben distinguibili e seguono una relazione di dominanza o recessività.

**Modello infinitesimale:** è il modello genetico che asserisce che l'effetto genetico additivo sia infinitesimale piccolo e semplice e che ogni gene sia coinvolto nella determinazione del fenotipo. Con il modello genetico infinitesimale si stima l'effetto genetico (G) di un animale che è

dato dalla somma di tutti gli effetti infinitesimali determinati dai numerosissimi geni che controllano il carattere (effetto gen. additivo, Ga) e dagli effetti di dominanza e di interazione (effetto gen. non additivo, Gna).

**Selezione direzionale:** in genetica delle popolazioni, la selezione direzionale (spesso chiamata anche selezione positiva) è un meccanismo di selezione che si verifica quando la selezione favorisce un singolo allele e perciò la frequenza allelica cambia continuamente verso una direzione.

**Genetic Load:** è la differenza tra la fitness di un genotipo medio in una popolazione e la fitness di un geno-

## È POSSIBILE QUINDI SEPARARE QUESTI DUE ASPETTI?

In teoria sì, visto che l'inbreeding depression è funzione diretta degli effetti di dominanza. A questo proposito, negli ultimi anni diverse varianti (o aplotipi) letali o subletali sono state individuate proprio grazie all'utilizzo dell'informazione genomica (REF). In pratica però, queste ultime rappresentano solo una piccola parte del totale delle varianti deleterie. La rimanente parte di questi effetti è nascosta in parte dalla struttura delle popolazioni zootecniche e dalla natura stessa di queste varianti (REF) che ne rende difficile la stima degli effetti. Di conseguenza, nella pratica ad oggi, le misure globali di inbreeding rappresentano ancora lo strumento più utilizzato per monitorare l'accumulo di varianti deleterie nella popolazione.

Se storicamente l'inbreeding calcolato sulla base della parentela di pedigree è stato utilizzato per controllare l'accumulo di inbreeding nella popolazione e come strumento per determinare i piani di accoppiamento in allevamento, l'informazione genomica offre l'opportunità di espandere il concetto di inbreeding. I marcatori molecolari, infatti, offrono l'opportunità di stimare la proporzione reale del genoma che due individui hanno in comune, al contrario dell'inbreeding calcolato attraverso il pedigree che è una stima statistica del suo valore atteso. In

tipo di riferimento. L'individuo medio prelevato da una popolazione con un basso carico genetico avrà in genere, se cresciuto nelle stesse condizioni, un numero maggiore di figli sopravvissuti rispetto all'individuo medio di una popolazione con un alto carico genetico.

**Inbreeding depression:** la depressione da consanguineità (*inbreeding depression* in inglese) è definita come la riduzione delle performances fenotipiche medie dei soggetti: in altre parole, la consanguineità agisce con effetto negativo sia sulle produzioni dei soggetti, sia sulla loro riproduzione.

**Omozigosità:** individuo o cellula che, per un determinato carattere mendeliano, possiede una coppia di alleli identici.

aggiunta, l'informazione genomica può essere ulteriormente utilizzata per caratterizzare in maniera più precisa l'accumulo di omozigosità in differenti parti del genoma. In particolare l'uso dell'informazione genomica consente di aggiungere un elemento "temporale" alla stima dell'inbreeding.

Quando incontriamo due segmenti di cromosoma identici in un individuo ci troviamo di fronte ad una stringa ininterrotta di marcatori allo stato omozigote, normalmente definita come una run of homozygosity (ROH, REF). La lunghezza di uno di questi segmenti riflette il tempo trascorso dalla sua formazione. Per esempio, ROH della lunghezza di 25, 10 e 2.5 Mb corrispondono ad un progenitore comune (approssimativamente) 2, 5 e 20 generazioni fa. Questo perché le ROH vengono create dal processo di selezione ed erose dal processo di ricombinazione. Passando le generazioni i segmenti omozigoti si accorciano. L'intensa selezione a cui sono sottoposte le popolazioni zootecniche e il basso numero di famiglie rappresentate, fa sì che vi siano lunghi segmenti omozigoti nella maggior parte degli individui. Tuttavia, la frequenza e la distribuzione di questi segmenti non è uniforme entro individuo e popolazione. Diverse ricerche nell'ultimo decennio hanno mostrato come questi segmenti siano più associati con l'accumulo di varianti deleterie rispetto alle misure globali di inbreeding, sia di pedigree che genomiche. Questo fenomeno è dovuto al fatto che lunghi segmenti omozigoti sono rappresentativi di un processo selettivo recente ed è più probabile che al loro interno siano intrappolate varianti deleterie. Con il tempo il processo di erosione di questi segmenti dovuto alla ricombinazione espone queste varianti alla possibilità di essere eliminate dalla popolazione attraverso il processo di selezione.

In conclusione, l'utilizzo dell'informazione genomica offre un'opportunità concreta nelle popolazioni sotto selezione di mantenere un'elevata pressione selettiva, minimizzando al contempo gli effetti dell'accumulo di varianti deleterie.

L'utilizzo dell'informazione genomica permette già da oggi una stima più accurata della consanguineità offrendo l'opportunità di caratterizzare in maniera più accurata l'inbreeding di ciascun individuo. Nel futuro prossimo misure di omozigosità specifiche per regione permetteranno un ulteriore raffinamento dei sistemi di controllo della consanguineità e l'utilizzo sempre più mirato dei piani di accoppiamento nell'allevamento. Con la genotipizzazione di una parte crescente della popolazione femminile, unito all'utilizzo dei dati di sequenza e del raffinamento dei modelli statistici, sarà infine possibile avere una stima diretta degli effetti per le varianti con effetto deleterio nella popolazione.

DAL WORKSHOP ANAFIBJ

## LA VOSTRA OPINIONE CONTA!

di Chiara FranzoniMigliorati e LorenzoBenzoni

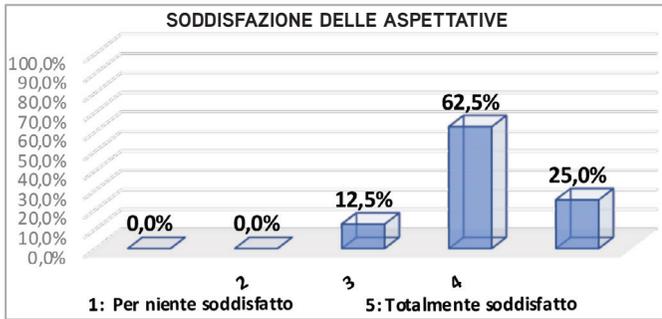
### RISULTATI DEL QUESTIONARIO DI GRADIMENTO AL "MANAGING GENETIC DIVERSITY IN DAIRY CATTLE WORKSHOP"

Dopo due anni caratterizzati da una quasi totale impossibilità di organizzare eventi in presenza, ANAFIBJ il 14 luglio scorso ha riaperto le proprie porte organizzando il "Managing genetic diversity in dairy cattle Workshop" e accogliendo relatori ed ospiti nazionali ed internazionali che operano nel settore del miglioramento genetico dei bovini da latte. Gli oltre 70 partecipanti, di cui 21 connessi da remoto dall'estero (Spagna, Slovenia, Paesi Scandinavi, Cina, Stati Uniti, Paesi Bassi) si sono confrontati in tema di mantenimento della diversità genetica, di modalità di stima della consanguineità e delle relative strategie per mitigarla.

Questo evento è stato un ulteriore elemento a favore del nuovo approccio di comunicazione inclusiva

## GRAFICO

### GRADIMENTO DEL WORKSHOP



a cui l'Associazione ha voluto dar corso e che vuole percorrere insieme ad allevatori, tecnici e mondo accademico. Trattandosi di un percorso collettivo e condiviso è fondamentale avere riscontri dagli utenti, motivo per cui è stato ideato un questionario di gradimento che potesse fornirci anche spunti di miglioramento per incontri futuri.

Come si può notare dal **grafico**, notevole è stato il consenso ricevuto: il 25% dei partecipanti ha dichiarato di essere totalmente soddisfatto dal Workshop, il 62,5% dei partecipanti si è dichiarato soddisfatto e nessun partecipante ha espresso insoddisfazione. Più dell'80% dei partecipanti ha dichiarato di essere già a conoscenza degli argomenti proposti, ma manifestava il desiderio di approfondire ulteriormente queste tematiche: aspettativa che si può considerare attesa visto che

l'87,6% dei partecipanti ha ritenuto utili e stimolanti gli argomenti trattati.

L'organizzazione di questo evento ha confermato che i nostri canali online sono apprezzati e rappresenteranno anche per il futuro un canale di comunicazione strategico: la maggior parte dei partecipanti è infatti venuta a conoscenza del Workshop tramite il nostro sito o tramite le nostre pagine Social. Il "Managing genetic diversity in dairy cattle Workshop" è stato un momento di formazione e confronto con l'unica nota negativa di un iniziale problema di audio, prontamente risolto, segnalato da alcuni partecipanti online, ma che comunque non ha inciso sul giudizio dell'evento. Dimostrazione dell'elevata qualità del Workshop è il fatto che la totalità dei partecipanti ha dichiarato di voler partecipare a futuri eventi organizzati da ANAFIBJ.

La formazione tecnica, la condivisione di conoscenze, contatti e relazioni sono solo alcuni degli obiettivi per cui ANAFIBJ propone queste esperienze con il fine ultimo di mantenere collaborazione e coesione scientifica per portare beneficio all'intero comparto in cui operiamo. L'Associazione è indubbiamente entusiasta dei risultati ottenuti e dal consenso ricevuto con questa prima attività, ma siamo curiosi di ascoltare le vostre idee e consigli. Non esitate quindi a farci sapere la vostra tramite le nostre pagine Social! 🌐

[f Anafibj](#) [y ANAFIBJ](#) [i anafibj.italia](#) [in ANAFIBJ](#) [whatsapp +39 3356156186](#)



## Test genomici Clarifide Plus



**CLARIFIDE PLUS non solo un test genomico  
ma un completo approccio al miglioramento genetico della mandria**

**Per maggiori informazioni  
contatta subito il tuo agente  
Cosapam!**

Con il test Clarifide Plus avrai:

- Iscrizione dell'animale al database CDCB
- Disponibilità immediata anche del dato PFT (ITA)
- Conferma del pedigree
- Accesso al portale per gestione analisi dei dati
- Indice Salute DWPS
- Supporto tecnico specializzato

**Quando testi, testa con il meglio**