



**Parco
Tecnologico
Padano**

La ricerca si fa impresa
Entrepreneurial research in ag-biotech

Fondazione Parco Tecnologico Padano

**Rendiconto patrimoniale e gestionale
per l'esercizio 2011**

Codice Fiscale 92535850157 - Partita IVA 05081870965





BOZZA DI DELIBERA

L'ASSEMBLEA CONGIUNTA

dei Soci Fondatori, Benemeriti e Aderenti

Visto l'art. 10 comma 2a dello Statuto, come modificato con delibera adottata nella seduta del 17 luglio 2008, nella parte in cui demanda al Consiglio d'Amministrazione " *di predisporre entro il 30 Marzo di ogni anno il bilancio consuntivo dell'esercizio precedente da sottoporre all'Assemblea congiunta dei soci Fondatori e Benemeriti per l'approvazione entro il 30 di Aprile ovvero, per comprovate ragioni, entro il 30 di Giugno di ogni anno*";

Richiamato, altresì, il comma 1b dell'articolo 7 dello Statuto, nella parte in cui affida all'Assemblea dei Soci Fondatori, Benemeriti e Aderenti l'approvazione definitiva del bilancio consuntivo;

Visto lo schema del bilancio consuntivo 2011, trasmesso a questa Assemblea dal Consiglio di Amministrazione, che l'ha approvato in data 12 aprile 2012;

Data per letta la relazione di accompagnamento predisposta dalla Presidenza e preso atto delle sue risultanze;

Viste:

-la relazione del Collegio dei Revisori dei conti (allegata);

-la relazione del Revisore legale (allegata);

Dopo ampia discussione, con voto favorevole unanime espresso in modo palese;

delibera

per quanto in premessa, che qui s'intende riportato integralmente di approvare, come con la presente si approva, il bilancio consuntivo relativo all'esercizio 2011 e la relazione di accompagnamento predisposta dalla Presidenza, dando atto delle risultanze contabili come riassunte negli allegati al presente provvedimento.



RELAZIONE BILANCIO 2011

Signori Soci,

L'esercizio 2011 presenta per la Fondazione un incremento positivo delle attività in corso che si è concentrata in corso d'anno nel consolidamento di attività di importanza strategica per il perseguimento della missione e che hanno contribuito a rafforzare l'immagine del Parco Tecnologico Padano e al suo posizionamento a livello nazionale e internazionale.

Le aree strategiche, le cui attività sono condotte anche in collaborazione con la partecipata SRL, si possono suddividere in:

- coordinamento dello sviluppo del cluster;
- attività del centro di ricerca;
- realizzazione di studi e fornitura di servizi alle imprese;
- attività di promozione e incubazione di imprese innovative;
- il lancio dell'iniziativa del Bio Food Park.



COORDINAMENTO, REALIZZAZIONE E SVILUPPO DEL CLUSTER

Per quanto riguarda l'attività di sviluppo del cluster di innovazione, essa è proseguita nella difficile missione di facilitare l'attività per l'attuazione del terzo accordo di programma.

Relativamente agli **insediamenti universitari**, il 2011 è stato l'anno che ha visto finalmente la pubblicazione del bando di gara per la scelta del socio costruttore.

Forti incertezze relativamente alla realizzazione della **Casa dell'Agricoltura** nel suo progetto originario vista la rinuncia da parte di ARAL ed APA.

Su incarico progettuale del Comune di Milano sono stati ultimati i lavori per la realizzazione dell'**incubatore "Made in Italy"** che andrà a valorizzare e formare giovani imprenditori italiani e stranieri nei settori legati alla cucina tipica italiana accompagnandoli alla creazione di una propria impresa. Questo progetto, gestito dall'ATS Alimenta Italia vede quindi affacciarsi la prospettiva di integrare sempre di più le competenze nel settore agroalimentare e sarà una vetrina importante in ottica Expo 2015.

Con il passaggio di proprietà dell'immobile alla regione si dovrebbe risolvere nel 2012 la situazione di stallo per i lavori di ristrutturazione della **Cascina Codazza**.



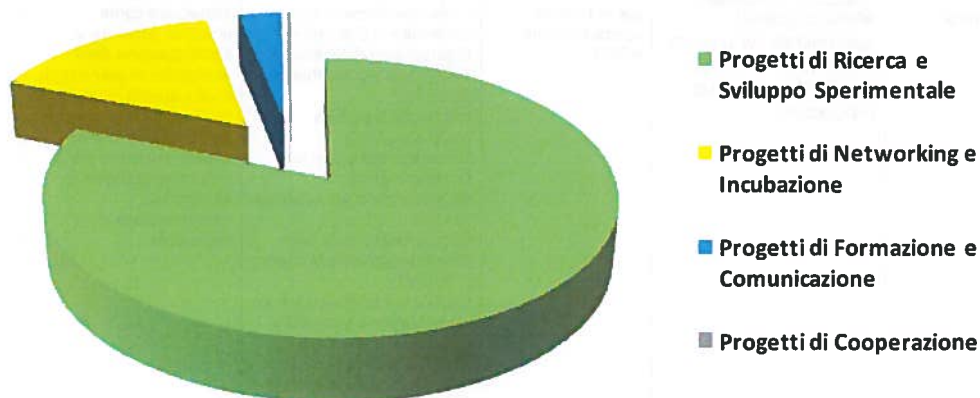
ATTIVITÀ DEL CENTRO DI RICERCA

L'attività di ricerca della Fondazione, ha avuto nel 2011 un'importante consolidamento soprattutto grazie all'avvio di tre importanti progetti nell'ambito dell'iniziativa AGER (fondazioni bancarie). Inoltre, ancorchè l'avvio sia previsto per il 2012, sono stati approvati due nuovi progetti nell'ambito del 7°PQ. Continua l'attività nei settori di interesse per il territorio, offrendo, nella ricerca scientifica di eccellenza, uno stimolo in più per portare innovazione alle imprese lodigiane e lombarde.

Per facilitarci l'accesso e la gestione di progetti europei è stato aperto un ufficio presso la sede di Bruxelles della Regione Lombardia che ci consente di ottenere maggiori conoscenze, di essere informati in anticipo sui programmi europei e di dialogare con i vari rappresentanti delle competenti commissioni di Bruxelles.

Il totale dei contributi per progetti finanziati della Fondazione nel corso dell'esercizio 2011 ammonta ad Euro 1.839.995, di cui l'80% per progetti di Ricerca e Sviluppo, il 16% per progetti di Networking e Incubazione e la restante quota per programmi di formazione, comunicazione e cooperazione internazionale. Nel grafico seguente si riporta la ripartizione dei contributi della Fondazione.

Ripartizione progetti Fondazione - es. 2011



Nella tabella seguente sono rappresentati i progetti in corso nell'esercizio 2011 suddivisi per gruppo di ricerca:

FONDAZIONE PARCO TECNOLOGICO PADANO: ELENCO PROGETTI ATTIVI ESERCIZIO 2011							
N°	GRUPPI DI RICERCA	TITOLO	ENTE FINANZIATORE	PARTNER	DESCRIZIONE	INIZIO	FINE
1	IDRA Lab, Bioinformatica, Biologia Integrativa, Genomica Funzionale, Piattaforma Genomica	<u>PRO.ZOO</u> : Applicazione della genomica alla risoluzione di problemi di fertilità, resistenza alle malattie e assicurazione della qualità dei prodotti in bovini e suini.	Regione Lombardia Fondazione Cariplo Banca Popolare di Lodi	Capofila: Fondazione Parco Tecnologico Padano; Istituto Sperimentale Italiano "Lazzaro Spallanzani"; Istituto Zooprofilattico della Lombardia ed Emilia-Romagna; Università degli Studi di Milano, Facoltà di Medicina Veterinaria.	Il progetto prevede l'applicazione della genomica alla risoluzione di problemi di fertilità, resistenza alle malattie e assicurazione della qualità dei prodotti in bovini e suini.	01/01/09	31/12/12
2	Piattaforma Genomica	<u>MAPPA 5A</u> : Progetto internazionale sequenziamento genoma frumenti: la mappa fisica del cromosoma 5A.	Ministero delle Politiche Agrarie, Alimentari e Forestali - MiPAAF	Il progetto è coordinato da CRA - centro di ricerca della genomica e post genomica animale di Fiorenzuola D'Arda	L'obiettivo principale del progetto è il mappaggio ad alta risoluzione del cromosoma 5A di frumento, utilizzando popolazioni ricombinanti (RIL) in corso di sviluppo presso altre istituzioni Europee e presso l'UO UNIBA.	21/01/09	31/12/11
3	Genomica vegetale	<u>Drupomics</u> : sequenziamento del genoma del pesco e utilizzo della sequenza in programmi di miglioramento della qualità del frutto e della resistenza alle malattie.	Ministero delle Politiche Agrarie, Alimentari e Forestali - MiPAAF	Il progetto è coordinato dal CRA -centro di ricerca per la frutticoltura di Roma	Il progetto ha come obiettivo il sequenziamento del genoma del pesco per determinare le informazioni necessarie per migliorare le qualità di maggior interesse economico e per migliorare la resistenza alle malattie della pianta.	23/04/09	30/06/11
4	Piattaforma Genomica	<u>From seed to pasta</u> : <i>Multidisciplinary approaches for a more sustainable and high quality durum wheat production.</i>	Fondazioni in rete per la Ricerca Agroalimentare - AGER	Capofila: Società Produttori Sementi spa; Università di Bologna - Dipartimento di Scienze e Tecnologie Agroambientali (DISTA); Istituto di Genomica Applicata (IGA); Università della Tuscia - Dipartimento di Agrobiologia e Agrochimica (DABAC); International Maize and Wheat Improvement Center (CIMMYT); CRA- unità di ricerca per la valorizzazione qualitativa dei cereali (CRA-QCE); CNR - Istituto di scienze delle produzioni alimentari (CNR-ISPA); Università di Parma- Dipartimento di chimica organica e industriale.	Il progetto intende proseguire come obiettivo generale la stabilizzazione delle produzioni di grano duro di alta qualità migliorando la materia prima tramite l'utilizzo di metodi di analisi, strumenti per la selezione genetica e tecniche di trasformazione innovative.	01/10/09	30/09/12
5	Gruppo Riso	<u>DRYRICE</u> : Sviluppo di varietà di riso tolleranti alla carenza idrica per una risicoltura ecosostenibile in Italia.	Fondazione Cariplo CCIAA Lodi	CRA- unità di ricerca per la risicoltura (CRA-RIS) di Vercelli; Ente Nazionale Risi.	Il progetto si propone di creare un team di ricercatori italiani impegnati nel generare il know how necessario allo sviluppo di strategie di miglioramento genetico delle varietà di riso di interesse a livello Lombardo e nazionale, per ottenere varietà adatte alla coltura in regime di risparmio idrico che garantiscano elevati livelli produttivi con un utilizzo sostenibile dell'acqua.	01/01/10	31/12/12



6	Grant Office	ACADEMY: Laboratorio formativo di Eccellenza per la filiera agroalimentare lombarda	Regione Lombardia (Programa Lombardia Eccellente)	CESVIP Lombardia Soc. Coop.	Il Progetto intende sviluppare un patrimonio nuovo di conoscenze, strumenti e metodologie di lavoro per azioni di sviluppo e di crescita del capitale umano il settore agricolo e l'industria agroalimentare.	01/07/10	31/12/12
7	IDRA Lab	BuffaloSNP: Sviluppo di strumenti molecolari e loro utilizzazione nel miglioramento genetico del bufalo (<i>Bubalus bubalis</i>).	Bando ASTIL, Accordi Istituzionali di Regione Lombardia	Escola de Veterinária da Universidade Federal de Minas Gerais (Brasile).	Il progetto ha l'obiettivo di sviluppare strumenti molecolari e nuove tecnologie per poter effettuare un miglioramento genetico "avanzato" nella specie bufalina (<i>Bubalus bubalis</i>), con particolare riguardo ai caratteri produttivi, riproduttivi e di resistenza/suscettibilità alle malattie.	01/09/10	28/02/12
8	Grant Office	HIDDEN: Hidden Innovation Initiatives for SMEs	UE_Programma MED	Capofila: Regione dell'Epiro; Business Innovation Center (BIC) of Epirus; Agenzia di Sviluppo Locale del Monferrato (La.Mo.Ro); Camera di Commercio e Industria di Marsiglia; Instituto de Desenvolvimento Social (Portogallo); Camera di Commercio, Industria e Navigazione di Castellion (Spagna); Università Federico II di Napoli - laboratorio di Urbanistica e di Pianificazione Territoriale (LUPT).	Il progetto intende studiare tipologie di innvasione nascosta nei settori tradizionali della Regioni del Mediterraneo per trasformarle in vantaggio competitivo per le PMI dei settori dell'Artigianato, dell'Agricoltura e del Turismo.	01/09/10	01/02/13
9	Genomica Funzionale	AVIFLU: Profilo di espressione della risposta in vitro ed in vivo ai virus influenzali nel suino e nel pollo.	Bando ASTIL, Accordi Istituzionali di Regione Lombardia	Hebrew University of Jerusalem (Israele).	Obiettivo del progetto è l'identificazione dei network genici coinvolti nella risposta in vitro ed in vivo al virus influenzale nel pollo e nel suino.	01/10/10	31/03/12
10	Ufficio Comunicazione	Le Vie Lombarde per EXPO	Fondazione Cariplo Banca Cooperativa Centropadana Expo 2015 spa	/	l'obiettivo del progetto è quello di promuovere la conoscenza del sistema agro-alimentare lombardo e dei suoi prodotti, di stimolare il mondo agricolo ad una visita dell'Expo e di promuovere il turismo in Lombardia attraverso percorsi culturali storico/agricoli.	01/01/11	31/10/12
11	Grant Office	Alimenta 2011	Comune di Milano	/	Attività e sviluppo dell'Incubatore Alimenta per l'anno 2011 - sistema integrato di formazione e d'incubazione di impresa nel settore dell'alimentazione e della salute.	01/01/11	31/12/11



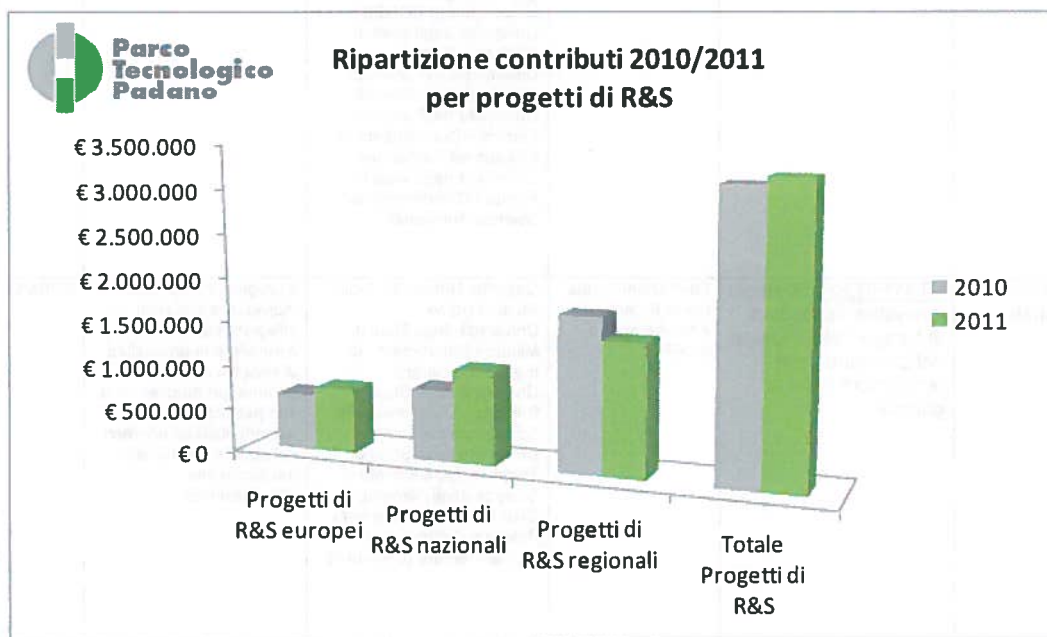
12	IDRA Lab	INNOVAGEN: Ricerca e INNOVAzione nelle attività di miglioramento GENetico animale mediante tecniche di genetica molecolare per la competitività del sistema zootecnico nazionale.	Ministero delle Politiche Agrarie, Alimentari e Forestali - MIPAAF	Capofila: Università della Tuscia - Dipartimento di produzioni animali; Università di Bologna - Dipartimento di Protezione e Valorizzazione Agroalimentare (DIPROVAL); Università Cattolica del Sacro Cuore; Università di Napoli "Federico II" - Dipartimento di Scienze del Suolo, della Pianta, dell'Ambiente e delle Produzioni Animali, sez. Produzioni Animali; Università del Molise, Università di Perugia - Facoltà di Medicina Veterinaria Centro di Studio del Cavallo Sportivo; Consorzio per la Sperimentazione Divulgazione e Applicazione di Biotecnologie innovative; Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie; Istituto Sperimentale Italiano L. Spallanzani; Università di Sassari- Dipartimento di Scienze Zootecniche; Università degli Studi di Milano - Facoltà di Medicina Veterinaria, Dipartimento di Scienze e Tecnologie Veterinarie per la Sicurezza Alimentare (VSA); Consorzio di Ricerca e Sperimentazione degli Allevatori (CRSA).	Obiettivo del progetto è quello di realizzare un modello organico ed integrato tra le conoscenze di genetica molecolare e quelle tecniche-operative degli schemi di selezione animale al fine di validare sperimentalmente le conoscenze acquisite col progetto SELMOL, approfondendole, aggiornandole e trasferendole a sostegno del progresso genetico delle produzioni animali.	01/01/11	31/12/12
13	Piattaforma Genomica	QUALI-DOLCI: Creazione di una rete di imprese alimentari artigiane per la promozione della qualità nei prodotti dolciari.	Regione Lombardia; Union Camere Lombardia.	Confartigianato di Lodi.	Il progetto intende creare una rete sul territorio della Provincia di Lodi di Cremona, al fine di rendere maggiormente competitive le imprese alimentari delle due provincie.	11/04/11	26/01/12
14	Gruppo Riso, Piattaforma Genomica	BIOGESTECA: Piattaforma di biotecnologie verdi e di tecniche gestionali per un sistema agricolo ad elevata sostenibilità ambientale.	Bando ASTIL, Accordi Istituzionali di Regione Lombardia	Capofila: Università degli Studi di Milano – Dipartimento Produzione Vegetale; Università degli Studi di Milano-Bicocca – Dipartimento di Biotecnologie e Bioscienze; CRA - Centro di Ricerca per le Produzioni Foraggere e Lattiero Casearie (CRA-FLC); Ente Nazionale Risi - Centro di ricerche sul riso; Agricola 2000 ScpA; Fondazione Filarete.	Il progetto intende costruire una piattaforma di biotecnologie verdi per sostenere un sistema agricolo che sia in grado di ridurre la pressione ambientale salvaguardando le risorse naturali e limitando la produzione di rifiuti, recuperando i sottoprodotti in modo da trasformarli in energia e fertilizzanti.	15/03/11	15/03/13

15	Gruppo Riso, Bioinformatica, Piattaforma Genomica	RISINNOVA: Sistemi integrati genetici e genomici mirati al rinnovo varietale nella filiera risicola italiana.	Fondazioni in rete per la Ricerca Agroalimentare - AGER	Capofila: CRA- unità di ricerca per la risicoltura (CRA-RIS) di Vercelli e altri istituti (CRA-RIS, CRA-SCV, CRA-GPG e CRA-PAV); Università degli Studi di Pavia - Dipartimento di Ecologia del Territorio; Università degli studi di Milano - Dipartimento di Produzione Vegetale (DIPROVE) e Dipartimento di Scienze Biologiche e Biomolecolari (DSBB); CNR -Istituto di Biologia e Biotecnologia Agraria (CNR-IBBA); CNR - Istituto di protezione delle Piante (CNR-IPP); Agroinnova – Centro di Competenza per l'Innovazione in Campo Agro-ambientale, Università di Torino; Università degli studi di Padova – Dipartimento di Biologia; International Centre for genetic engineering and biotechnology (ICGEB); Università degli studi di Modena e Reggio - Dipartimento di Scienze Agrarie e degli Alimenti; Università degli studi di Ferrara – Dipartimento di Biologia ed Evoluzione; Università degli studi di Parma - Dipartimento di Scienze Ambientali.	Il progetto intende sviluppare varietà di riso competitive per la filiera risicola italiana per dare soluzione a problemi attualmente non risolti dalle tradizionali varietà in commercio, quali l'acquisizione di resistenze durevoli ed effettive nei confronti di stress di natura biotica ed abiotica, ed utilizzare al meglio la genomica per il rinnovo varietale del riso italiano.	01/03/11	28/02/14
16	Genomica Funzionale	STAYFRESH: Strategie innovative rispondenti ai bisogni delle imprese del comparto degli ortofrutticoli della IV gamma.	Fondazioni in rete per la Ricerca Agroalimentare - AGER	Capofila: Università degli Studi di Udine; Università degli Studi di Milano - Dipartimento di Ingegneria Agraria; Università degli Studi di Bologna - Dipartimento di Scienze degli Alimenti; Università degli Studi di Teramo - Dipartimento di Scienze degli Alimenti; CRA unità di Ricerca per i Processi dell'Industria Agroalimentare (CRA-IAA).	Il progetto ha l'obiettivo di individuare soluzioni integrate per ottimizzare e innovare le produzioni di vegetali della IV gamma, promuovendo la competitività delle aziende italiane operanti nel settore sia a livello nazionale che internazionale.	02/05/11	02/05/14
17	Biologia Integrativa	HEPIGET: Advanced research in genomics and processing technologies for the Italian heavy pig production chain - Hepiget	Fondazioni in rete per la Ricerca Agroalimentare - AGER	Università degli Studi di Bologna Università degli Studi di Firenze Università degli Studi di Milano Università degli Studi di Parma Stazione Sperimentale Industrie Conserve Alimentari Università degli Studi di Udine	Il progetto intende sviluppare innovazioni, applicazioni e know-how nei diversi settori suinicoli italiani per incrementarne l'efficienza e la sicurezza alimentare, migliorare la qualità delle carni e del prosciutto crudo e le tecnologie di processo produttivo.	01/07/11	30/06/14



Il totale dei **Progetti di Ricerca e Sviluppo** del Parco Tecnologico Padano (Fondazione ed SRL) vede una ulteriore crescita. I contributi per progetti di R&S sono infatti passati da un totale di euro 3.187.422 nel 2010 ad **euro 3.275.441** nel 2011 con una crescita complessiva del 3% circa. Particolarmente significativa la crescita dei progetti europei (+15%) grazie alla partecipazione della partecipata SRL a diverse nuove proposte di progetto nel corso del 2011 e la crescita nazionale (+30%) derivante dall'avvio da parte della Fondazione di tre nuovi progetti finanziati sui bandi AGER (Riso, Suino e IV Gamma) e di tre nuovi progetti della SRL sui bandi PON (MicroMap, Episud e IT-Citrus). Sempre molto importante, sia per la Fondazione che per la SRL, è la partecipazione ai progetti regionali, che rappresentano il 45% dei contributi per progetti di R&S del 2011. Di particolare importanza nel corso dell'esercizio la partecipazione al progetto PROZOO, che si concluderà al termine dell'esercizio 2012, ma anche a numerosi altri progetti finanziati su bandi regionali quali: ATP, ASTIL, bandi CaRiPo, ecc.

Nel grafico seguente si riporta la **ripartizione dei contributi per progetti di R&S negli esercizi 2010 e 2011 della Fondazione e della controllata SRL.**



Nel 2012 è previsto un ulteriore incremento dei progetti di R&S sia in capo alla Fondazione che alla partecipata SRL. Di particolare rilevanza la partecipazione della Fondazione a due progetti europei in qualità di **coordinatore**, il progetto **Gene2Farm**, con un contributo complessivo per l'ente di oltre 1 milione di euro in 4 anni (avviato il 1° gennaio 2012), ed il progetto **FECUND**, con un contributo per la Fondazione di oltre 700 mila euro in 4 anni ed attualmente in fase di negoziazione. È previsto un ulteriore incremento dei progetti europei anche per la partecipata SRL grazie alla partecipazione al progetto **RUMINOMICS**, avviato il 1° gennaio 2012 con un contributo per la società di circa 970 mila euro in 4 anni, e tuttora in attesa della valutazione di 3 nuove proposte di progetto presentate alla Commissione Europea nel corso del 2011.



Di seguito si riporta anche un breve riassunto delle principali attività dei gruppi di ricerca con un elenco delle pubblicazioni scientifiche e un dettaglio delle principali attività svolte.

TITOLO	GRUPPO	RIVISTA	ABSTRACT
<p>Using SNP array data to test for host genetic and breed effects on Porcine Reproductive and Respiratory Syndrome Viremia</p> <p><i>Utilizzo di dati di SNP array per verificare la genetica dell'ospite e gli effetti di razza sulla viremia PRRS</i></p>	<p>Bioinformatica</p> <p>Biologia Integrativa</p>	BMC Proceedings	<p>Background The effect of breed on Porcine Reproductive and Respiratory Syndrome Viremia (PRRSV) was tested using data collected in 17 Italian commercial pig farms and 1096 genotypes obtained by the PorcineSNP60 BeadChip. A binomial logistic model was used to investigate the relationship between breed-clusters and PRRSV susceptibility. Breed-clusters were defined using the matrix of genomic kinship between all pairs of piglets. Results Only the contemporary group effect, defined as all piglets reared in the same herd, in the same year and whose samples were collected in the same season, was significant. Sex, age and breed-cluster showed no statistically significant effect on PRRS viremia, although the Landrace and Cross breed-clusters showed the lowest Odds-Ratio. Conclusions The model failed to detect a significant breed-cluster effect, highlighting the impact of environment and management on PRRS viremia incidence. Incomplete exposure over the observed period may have masked possible breed differences.</p>
<p>Transcriptome Analysis of the Medulla Tissue from Cattle in Response to Bovine Spongiform Encephalopathy using Digital Gene Expression Tag Profiling.</p> <p><i>Analisi del trascrittoma del tessuto midollare bovino in risposta a encefalopatia spongiforme bovina mediante Digital Gene Expression Tag Profiling.</i></p>	Scienze Animali	J Toxicol Environ Health A.	<p>Bovine spongiform encephalopathy (BSE) is a transmissible, fatal neurodegenerative disorder of cattle produced by prions. The use of excessive parallel sequencing for comparison of gene expression in bovine control and infected tissues may help to elucidate the molecular mechanisms associated with this disease. In this study, tag profiling Solexa sequencing was used for transcriptome analysis of bovine brain tissues. Replicate libraries were prepared from mRNA isolated from control and infected (challenged with 100 g of BSE-infected brain) medulla tissues 45 mo after infection. For each library, 5-6 million sequence reads were generated and approximately 67-70% of the reads were mapped against the Bovine Genome database to approximately 13,700-14,120 transcripts (each having at least one read). About 42-47% of the total reads mapped uniquely. Using the GeneSifter software package, 190 differentially expressed (DE) genes were identified (>2.0-fold change, p</p>
<p>The genome of the obligate endobacterium of an AM fungus reveals an interphylum network of nutritional interactions</p> <p><i>Il genoma dell'endobatterio obbligato di un fungo AM rivela una rete di interazioni nutrizionali interphylum.</i></p>	Piattaforma Genomica	ISME J	<p>As obligate symbionts of most land plants, arbuscular mycorrhizal fungi (AMF) have a crucial role in ecosystems, but to date, in the absence of genomic data, their adaptive biology remains elusive. In addition, endobacteria are found in their cytoplasm, the role of which is unknown. In order to investigate the function of the Gram-negative <i>Candidatus Glomeribacter gigasporarum</i>, an endobacterium of the AMF <i>Gigaspora margarita</i>, we sequenced its genome, leading to an ~1.72-Mb assembly. Phylogenetic analyses placed <i>Ca. G. gigasporarum</i> in the Burkholderiaceae whereas metabolic network analyses clustered it with insect endobacteria. This positioning of <i>Ca. G. gigasporarum</i> among different bacterial classes reveals that it has undergone convergent evolution to adapt itself to intracellular lifestyle. The genome annotation of this mycorrhizal-fungal endobacterium has revealed an unexpected genetic mosaic where typical determinants of symbiotic, pathogenic and free-living bacteria are integrated in a reduced genome. <i>Ca. G. gigasporarum</i> is an aerobic microbe that depends on its host for carbon, phosphorus and nitrogen supply; it also expresses type II and type III secretion systems and synthesizes vitamin B12, antibiotics- and toxin-resistance molecules, which may contribute to the fungal host's ecological fitness. <i>Ca. G. gigasporarum</i> has an extreme dependence on its host for nutrients and energy, whereas the fungal host is itself an obligate biotroph that relies on a photosynthetic plant. Our work represents the first step towards unraveling a complex network of interphylum interactions, which is expected to have a previously unrecognized ecological impact.</p>
<p>Targeted association analysis identified japonica rice varieties achieving Na(+)/K (+) homeostasis without the allelic make-up of the salt tolerant indica variety Nona Bokra</p> <p><i>Identificazione mediante targeted association analysis di varietà di riso japonica capaci di raggiungere l'omeostasi Na (+) / K (+) senza il corredo allelico della varietà Indica Nona Bokra tollerante a salinità.</i></p>	Genomica Riso	Theor Appl Genet	<p>During the last decade, a large number of QTLs and candidate genes for rice tolerance to salinity have been reported. Using 124 SNP and 52 SSR markers, we targeted 14 QTLs and 65 candidate genes for association mapping within the European Rice Core collection (ERCC) comprising 180 japonica accessions. Significant differences in phenotypic response to salinity were observed. Nineteen distinct loci significantly associated with one or more phenotypic response traits were detected. Linkage disequilibrium between these loci was extremely low, indicating a random distribution of favourable alleles in the ERCC. Analysis of the function of these loci indicated that all major tolerance mechanisms were present in the ERCC although the useful level of expression of the different mechanisms was scattered among different accessions. Under moderate salinity stress some accessions achieved the same level of control of Na(+) concentration and Na(+)/K(+) equilibrium as the indica reference variety for salinity tolerance Nona Bokra, although without sharing the same alleles at several loci associated with Na(+) concentration. This suggests (a) differences between indica and japonica subspecies in the effect of QTLs and genes involved in salinity tolerance and (b) further potential for the improvement of tolerance to salinity above the tolerance level of Nona Bokra, provided the underlying mechanisms are</p>



			complementary at the whole plant level. No accession carried all favourable alleles, or showed the best phenotypic responses for all traits measured. At least nine accessions were needed to assemble the favourable alleles and all the best phenotypic responses. An effective strategy for the accumulation of the favourable alleles would be marker-assisted population improvement.
<p>Strengthening insights into host responses to mastitis infection in ruminants by combining heterogeneous microarray data sources</p> <p><i>Approfondimenti sulle risposte dell'ospite alle infezioni mastitiche nei ruminanti, combinando dati microarray da fonti eterogenee.</i></p>	Biologia Integrativa	BMC Genomics	<p>Background Gene expression profiling studies of mastitis in ruminants have provided key but fragmented knowledge for the understanding of the disease. A systematic combination of different expression profiling studies via meta-analysis techniques has the potential to test the extensibility of conclusions based on single studies. Using the program Pointillist, we performed meta-analysis of transcription-profiling data from six independent studies of infections with mammary gland pathogens, including samples from cattle challenged in vivo with <i>S. aureus</i>, <i>E. coli</i>, and <i>S. uberis</i>, samples from goats challenged in vivo with <i>S. aureus</i>, as well as cattle macrophages and ovine dendritic cells infected in vitro with <i>S. aureus</i>. We combined different time points from those studies, testing different responses to mastitis infection: overall (common signature), early stage, late stage, and cattle-specific. Results Ingenuity Pathway Analysis of affected genes showed that the four meta-analysis combinations share biological functions and pathways (e.g. protein ubiquitination and polyamine regulation) which are intrinsic to the general disease response. In the overall response, pathways related to immune response and inflammation, as well as biological functions related to lipid metabolism were altered. This latter observation is consistent with the milk fat content depression commonly observed during mastitis infection. Complementarities between early and late stage responses were found, with a prominence of metabolic and stress signals in the early stage and of the immune response related to the lipid metabolism in the late stage; both mechanisms apparently modulated by few genes, including XBP1 and SREBF1. The cattle-specific response was characterized by alteration of the immune response and by modification of lipid metabolism. Comparison of <i>E. coli</i> and <i>S. aureus</i> infections in cattle in vivo revealed that affected genes showing opposite regulation had the same altered biological functions and provided evidence that <i>E. coli</i> caused a stronger host response. Conclusions This meta-analysis approach reinforces previous findings but also reveals several novel themes, including the involvement of genes, biological functions, and pathways that were not identified in individual studies. As such, it provides an interesting proof of principle for future studies combining information from diverse heterogeneous sources.</p>
<p>Saturating the Prunus (stone fruits) genome with candidate genes for fruit quality</p> <p><i>Posizionamento sul genoma delle drupacee di geni candidati per la qualità del frutto.</i></p>	Genomica Vegetale	Molecular Breeding	<p>To identify genes involved in the expression of a trait using the candidate gene (CG) approach, the genome positions of the maximum number of genes which potentially cause the observed phenotypic variability needs to be known. This position is compared with that of major genes or quantitative trait loci (QTL) for this character, with the co-location of the CG and major gene or QTL indicating a possible cause and effect relationship. In the present study we selected 273 sequences from expressed sequence tag collections, corresponding to CGs from metabolic pathways affecting fruit growth and maturity, texture, sugar and organic acid content, aroma and color, and mapped them in the Prunus reference map (T × E) based on an interspecific almond × peach F2 population. We used the bin-mapping approach, where only eight plants, six of the T × E progeny plus one of the parents and the F1 hybrid, are used to determine the position of a marker. This strategy was very efficient, with 206 CGs mapped, based mainly on the segregation of one or more single-nucleotide polymorphisms. These CGs were located throughout the Prunus genome and are a resource for genetic analysis in stone fruit (peach, plum, apricot and cherry) and almond. Co-locations between CGs and major genes or QTL responsible for natural variability of fruit quality characters in Prunus were identified using the available information on their positions.</p>
<p>Quantitative trait loci associated with the humoral innate immune response in chickens were confirmed in a cross between Green-Legged Partridge-like and White Leghorn</p> <p><i>QTL associati alla risposta immunitaria innata umorale nei polli sono stati confermati in un incrocio tra Green-Legged Partridge-like and White Leghorn.</i></p>	<p>Bioinformatica</p> <p>Scienze Animali</p>	Poultry Science	<p>Natural antibodies (NA) create a crucial barrier at the initial steps of the innate humoral immune response. The main role of NA in the defense system is to bind the pathogens at early stages of infection. Different pathogens are recognized by the presence of highly conserved antigen determinant [e.g., lipopolysaccharide (LPS) in gram-negative bacteria or lipoteichoic acid (LTA) in gram-positive bacteria]. In chickens, a different genetic background of NA binds LPS and LTA antigens, encoded by different QTL. The main objective of this work was to confirm known QTL associated with LPS and LTA NA. For this purpose a chicken reference population was created by crossing 2 breeds: a commercial layer, White Leghorn, and a Polish indigenous chicken, Green-Legged Partridge-like. The chromosomal regions analyzed harbored to GGA3, GGA5, GGA6, GGA8, GGA9, GGA10, GGA14, GGA15, GGA18, and GGAZ. The data collected consisted of the NA titers binding LPS and LTA (determined by ELISA at 12 wk of age) as well as the genotypes (30 short tandem repeat markers; average of 3 markers/chromosome, collected for generations F0, F1, and F2). The analyses were performed with 3 statistical models (paternal and maternal half-sib, line cross, and linkage analysis and linkage disequilibrium) implemented in GridQTL software (http://www.gridqtl.org.uk/). The QTL study of humoral innate immune response traits resulted in the confirmation of 3 QTL associated with NA titers binding LPS (located on GGA9, GGA18, and GGAZ) and 2 QTL associated with NA titers binding LTA (located on GGA5 and GGA14). A set of candidate genes within the regions of</p>



			the validated QTL has been proposed.
<p>QTL analysis of fruit quality traits in two peach intraspecific populations and importance of maturity date pleiotropic effect</p> <p><i>Analisi QTL dei caratteri relativi alla qualità della frutta in due popolazioni intraspecifiche di pesco e l'importanza dell'effetto pleiotropico della data di maturazione</i></p>	Genomica Vegetale	Tree Genetics & Genomes	<p>Two intraspecific peach breeding populations have been used to conduct a quantitative trait locus (QTL) analysis of fruit quality traits: an F1 from the cross Bolero (B) x OroA (O) and an F2 from the cross Contender (C) x Ambra (A). A total of 344 Prunus simple sequence repeats (SSRs) were analyzed in B, O, C, A parents and CxA F1 hybrid. Eight SSR were mapped for the first time in peach. A multiplex-ready polymerase chain reaction (PCR) protocol has allowed considerable time and cost saving during genotyping steps. Two maps (B map and O map) were produced for BxO population following the pseudo-test cross strategy and one for CxA. No marker could be mapped on G6 for the B map, on G4 and G8 for the O map and on G5 for the CxA map. Both populations were phenotyped over 2 years for maturity date (MD), fruit weight, external fruit skin overcolor, juice total soluble solids (SSC, Brix degree), juice titrable acidity and juice pH. Data for blooming time and flower type were scored only for BxO in 2007. All traits had a normal distribution, except for MD which was bimodal in BxO and trimodal in CxA, where it was scored as a co-dominant trait. Up to two QTLs per trait were detected in each population, and most of them were located in the same region forming clusters of QTLs, especially on G4. This is likely due to a major pleiotropic effect of MD masking the identification of other QTLs for different traits.</p>
<p>Molecular characterization of the European rice collection in view of association mapping</p> <p><i>Caratterizzazione molecolare della European Rice Collection in vista della mappatura di associazione.</i></p>	Genomica Riso	Plant genetic resources	<p>In South Europe, rice is grown as an irrigated crop in river deltas where it plays an important role in soil desalinization. Specific varieties are needed for these tough conditions. We analyzed the genetic structure of a set of 30S varieties coming from the European Rice Germplasm Collection (ERGC) with 90 single nucleotide polymorphisms and compared it with a reference set representative of the diversity of <i>Oryza sativa</i> (mini-Germplasm Bank (GB)). These accessions had been characterized for their grain type and growth cycle duration. The polymorphism information contents of the ERGC were lower than those of the mini-GB, indicating a narrower genetic basis. Indeed, almost all ERGC accessions belong to the japonica group. Within the japonica group, both a dendrogram and a Bayesian clustering identified two major clusters. The first cluster encompassed tropical japonicas and American varieties from USA and Argentina characterized by long and narrow grains and medium to long duration. On a finer level, tropical japonicas appear separated from the other accessions. The second cluster is composed of European varieties mostly early or medium in duration and Asian temperate accessions, with a subgrouping based on grain format. A set of 200 accessions was composed for association mapping studies on traits such as salt tolerance.</p>
<p>Information content in genome-wide scans: concordance between patterns of genetic differentiation and linkage mapping associations.</p> <p><i>Contenuto informativo delle scansioni genome-wide: concordanza tra i modelli di differenziazione genetica e delle associazioni di mappatura di linkage.</i></p>	Scienze Animali	BMC Genomics	<p>BACKGROUND: Scanning the genome with high density SNP markers has become a standard approach for identifying regions of the genome showing substantial between-population genetic differentiation, and thus evidence of diversifying selection. Such regions may contain genes of large phenotypic effect. However, few studies have attempted to address the power or efficacy of such an approach. RESULTS: In this study, the patterns of allele frequency differences between two cattle breeds based on the Bovine HapMap study were compared with statistical evidence for QTL based on a linkage mapping study of an experimental population formed by a cross between the same breeds. Concordance between the two datasets was seen for chromosomes carrying QTL with strong statistical support, such as BTAS and BTA18, which carry genes associated with coat color. For these chromosomes, there was a correspondence between the strength of the QTL signal along the chromosome and the degree of genetic differentiation between breeds. However, such an association was not seen in a broader comparison that also included chromosomes carrying QTL with lower significance levels. In addition, other chromosomal regions with substantial QTL effects did not include markers showing strong between-breed genetic differentiation. Furthermore, the overall consistency between the two studies was weak, with low genome-wide correlation between the statistical values obtained in the linkage mapping study and between-breed genetic differentiation from the HapMap study. CONCLUSIONS: These results suggest that genomic diversity scans are capable of detecting regions associated with qualitative traits but may be limited in their power to detect regions associated with quantitative phenotypic differences between populations, which may depend on the marker resolution of the study and the level of LD in the populations under investigation.</p>
<p>Genomic study of the response of chicken to highly pathogenic avian influenza virus</p>	Bioinformatica	BMC Proceedings	<p>The host mounts an immune response to pathogens, but few data are currently available on the role of host genetics in variation in response to avian influenza (AI). The study presented here investigated the role of the host genetic background in response to in vivo infection with AI virus (AIV). METHODS: Experimental lines of chicken and commercial crosses were experimentally infected intratracheally with 103 EID50/bird of</p>



<p><i>Studio genomico della risposta di pollo al virus altamente patogeno dell'influenza aviaria</i></p>	<p>Genomica Funzionale</p>		<p>A/Chicken/Italy/13474/99 H7N1 highly pathogenic avian influenza virus (HPAIV). Chickens were genotyped for the Mx polymorphism causing the S631N mutation, and for the Major Histocompatibility Complex (MHC). Whole-genome genotyping was carried out using 60 k Single Nucleotide Polymorphism (SNP) array developed by the poultry Genome-Wide Marker-Assisted Selection Consortium (GWMASC). RESULTS: Variability in response of different chicken lines to the HPAIV infections and some degree of resistance to AI were observed: a statistically significant effect of chicken line on the response to infection was found. There was no association between survival in healthy conditions and polymorphisms at the Mx gene and the MHC-B region. The analysis based on the 60 k SNPs provided a good clustering of the chicken lines, but no specific genetic cluster associated with response to AIV was identified. CONCLUSIONS: Neither the genotype at the Mx gene or MHC-B locus, nor for SNP spanning the whole-genome identified loci involved in variations to response to AIV infection. These results point towards the possibility that either the genetic factors affecting the response of chickens to the H7N1 HPAIV are weak, or relevant alleles were not segregating in the studied populations.</p>
<p>Genome wide scan for somatic cell counts in holstein bulls</p> <p><i>Scan Genome Wide per la conta delle cellule somatiche in tori di frisona.</i></p>	<p>Bioinformatica</p>	<p>BMC Proceedings</p>	<p>BACKGROUND: Mastitis is the most costly disease for dairy production, and control of the disease is often difficult, due to its multi-factorial nature. Susceptibility to mastitis is under partial genetic control and the industry uses indirect selection for decreased concentrations of somatic cells in milk to reduce mastitis. METHODS: A genome-wide scan was performed to identify genomic regions associated with deregressed estimated breeding values (EBVs) for somatic cell counts (SCC) in Holstein bulls. In total 1183 proven bulls of the Italian of Holstein population, were genotyped with the BovineSNP50 BeadChip (Illumina, San Diego, CA) and a whole genome association analysis was performed using the R package GenABEL. RESULTS: Two chromosomal regions showed association with SCC, a region on chromosome 14 with high significance (P</p>
<p>Gene expression in the medulla following oral infection of cattle with bovine spongiform encephalopathy.</p> <p><i>L'espressione genica nel midollo in seguito a infezione orale di bestiame con l'encefalopatia spongiforme bovina.</i></p>	<p>Scienze Animali</p>	<p>J Toxicol Environ Health A.</p>	<p>The identification of variations in gene expression in response to bovine spongiform encephalopathy (BSE) may help to elucidate the mechanisms of neuropathology and prion replication and discover biomarkers for disease. In this study, genes that are differentially expressed in the caudal medulla tissues of animals infected with different doses of PrP(BSE) at 12 and 45 mo post infection were compared using array containing 24,000 oligonucleotide probes. Data analysis identified 966 differentially expressed (DE) genes between control and infected animals. Genes identified in at least two of four experiments (control versus 1-g infected animals at 12 and 45-mo; control versus 100-g infected animals at 12 and 45 mo) were considered to be the genes that may be associated with BSE disease. From the 176 DE genes associated with BSE, 84 had functions described in the Gene Ontology (GO) database. Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes (KEGG) pathway analysis of 14 genes revealed that prion infection may cause dysfunction of several different networks, including extracellular matrix (ECM), cell adhesion, neuroactive ligand-receptor interaction, complement and coagulation cascades, MAPK signaling, neurodegenerative disorder, SNARE interactions in vesicular transport, and the transforming growth factor (TGF) beta signaling pathways. The identification of DE genes will contribute to a better understanding of the molecular mechanisms of neuropathology in bovine species. Additional studies on larger number of animals are in progress in our laboratory to investigate the roles of these DE genes in pathogenesis of BSE.</p>
<p>Co-expression of host and viral microRNAs in porcine dendritic cells infected by the pseudorabies virus</p> <p><i>Co-espressione di microRNA ospite e virale in cellule dendritiche suine infettate dal virus della pseudorabbia</i></p>	<p>Biologia Integrativa</p>	<p>PLoS One</p>	<p>MicroRNAs are small non-coding RNAs approximately 22 nt long that modulate gene expression in animals and plants. It has been recently demonstrated that herpesviruses encode miRNAs to control the post-transcriptional regulation of expression from their own genomes and possibly that of their host, thus adding an additional layer of complexity to the physiological cross-talk between host and pathogen. The present study focussed on the interactions between porcine dendritic cells (DCs) and the Pseudorabies virus (PRV), an alpha-herpesvirus causing Aujeszky's disease in pigs. A catalogue of porcine and viral miRNAs, expressed eight hours post-infection, was established by deep sequencing. An average of 2 million reads per sample with a size of 21–24 nucleotides was obtained from six libraries representing three biological replicates of infected and mock-infected DCs. Almost 95% of reads mapped to the draft pig genome sequence and pig miRNAs previously annotated in dedicated databases were detected by sequence alignment. In silico prediction allowed the identification of unknown porcine as well as of five miRNAs transcribed by the Large Latency Transcript (LLT) of PRV. The gene target prediction of the viral miRNAs and the Ingenuity Pathway Analysis of differentially expressed pig miRNAs were conducted to contextualize the identified small RNA molecules and functionally characterize their involvement in the post-transcriptional regulation of gene expression. The results support a role for PRV miRNAs in the maintenance of the host cell latency state through the down-regulation of immediate-early viral genes which is similar to other herpesviruses. The differentially expressed swine miRNAs identified a unique network of target genes with highly significant functions in the development and function of the nervous system and in infectious mechanisms, suggesting that the modulation of both host and viral miRNAs is necessary for the establishment of PRV latency.</p>



<p>Building a mutant resource for the study of disease resistance in rice reveals the pivotal role of several genes involved in defence</p> <p><i>La costruzione di una risorsa mutante per lo studio della resistenza alle malattie del riso rivela il ruolo fondamentale di diversi geni coinvolti nella difesa.</i></p>	<p>Genomica Riso</p>	<p>Molecular Plant Pathology</p>	<p>In Arabidopsis, gene expression studies and analysis of knock-out (KO) mutants have been instrumental in building an integrated view of disease resistance pathways. Such an integrated view is missing in rice where shared tools, including genes and mutants, must be assembled. This work provides a tool kit consisting of informative genes for the molecular characterization of the interaction of rice with the major fungal pathogen <i>Magnaporthe oryzae</i>. It also provides for a set of eight KO mutants, all in the same genotypic background, in genes involved in key steps of the rice disease resistance pathway. This study demonstrates the involvement of three genes, OsWRKY28, rTGA2.1 and NH1, in the establishment of full basal resistance to rice blast. The transcription factor OsWRKY28 acts as a negative regulator of basal resistance, like the orthologous barley gene. Finally, the up-regulation of the negative regulator OsWRKY28 and the down-regulation of PR gene expression early during <i>M. oryzae</i> infection suggest that the fungus possesses infection mechanisms that enable it to block host defences.</p>
<p>Assessment of genetic diversity in Italian rice germplasm related to agronomic traits and blast resistance (<i>Magnaporthe oryzae</i>)</p> <p><i>Valutazione della diversità genetica in germoplasma di riso italiano in relazione alle caratteristiche agronomiche e di resistenza al brusone (<i>Magnaporthe oryzae</i>)</i></p>	<p>Genomica Riso</p>	<p>Molecular Breeding</p>	<p>Italy is the only country in Europe with a significant land area used for rice production. In this paper, the genetic diversity of 172 national varieties and 47 foreign accessions (ITALORYZA collection) was investigated using a set of neutral markers evenly distributed throughout the 12 chromosomes. Out of the 218 alleles detected in our analysis, 17 and 29% were specific to the Italian and foreign accessions, respectively. From the neighbour-joining tree generated, six sub-groups of temperate japonica germplasm were identified. Plant height and grain type measured in the source collection were fitted to the phylogenetic tree, along with the period of variety registration. This integrated genotype-phenotype analysis revealed that specific sub-groups are characterized by uniform classes of grain type, or by similar plant size, or by period of release in the market. The whole collection was also evaluated for leaf blast resistance by inoculating the plants with three strains of <i>Magnaporthe oryzae</i>, representing the pathogen genetic diversity existing in Italy. Only 15 out of 172 Italian accessions (8.7%) were resistant to all three fungal strains. The correlation between genotype and leaf blast phenotype revealed that the most highly resistant Italian varieties are included in a single germplasm sub-group derived from US varieties. This study represents the starting point for carrying out detailed phenotype-genotype whole-genome association studies and identification of the genetic basis of important agronomic traits for rice cultivation in temperate climates.</p>
<p>Assessing genetic diversity in peach by AFLP and SSR markers</p> <p><i>Valutazione della diversità genetica in pesco mediante marcatori AFLP e SSR</i></p>	<p>Genomica Vegetale</p>	<p>Minerva Biotecnologica</p>	<p>Although peach (<i>P. persica</i>) has already undergone through many cycles of breeding programmes, there is a strong commercial interest to provide new cultivars which satisfy the producer who in turn responds to changing consumer interests on the market. Molecular information on diversity and genetic distance can help to steer the process of enriching the genetic basis of germplasm collection useful for breeding programmes. Moreover, molecular markers are also useful in the early steps of selecting large progenies, for the so called molecular assisted breeding. The aim of this study is to score the genetic diversity of peach accessions from a germplasm bank located in Imola (Bologna, Italy), by AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism) and SSRs (Simple Sequence Repeats) markers in order to support breeding programmes.</p>
<p>Analysis of gene expression in white blood cells of cattle orally challenged with bovine amyloidotic spongiform encephalopathy.</p> <p><i>Analisi dell'espressione genica nelle globuli bianchi del sangue di bovini infettati per via orale con l'encefalopatia spongiforme bovina amiloidotica.</i></p>	<p>Scienze Animali</p>	<p>J Toxicol Environ Health A.</p>	<p>Bovine amyloidotic spongiform encephalopathy (BASE) is one of the recently discovered atypical forms of BSE, which is transmissible to primates, and may be the bovine equivalent of sporadic Creutzfeldt-Jacob disease (CJD) in humans. Although it is transmissible, it is unknown whether BASE is acquired through infection or arises spontaneously. In the present study, the gene expression of white blood cells (WBCs) from 5 cattle at 1 yr after oral BASE challenge was compared with negative controls using a custom microarray containing 43,768 unique gene probes. In total, 56 genes were found to be differentially expressed between BASE and control animals with a log fold change of 2 or greater. Of these, 39 were upregulated in BASE animals, while 17 were downregulated. The majority of these genes are related to immune function. In particular, BASE animals appeared to have significantly modified expression of genes linked to T- and B-cell development and activation, and to inflammatory responses. The potential impacts of these gene expression changes are described.</p>
<p>Comprehensive analysis of Salmonella sequence polymorphisms and development of a LDR-UA assay for the detection and characterization of selected serotypes.</p> <p><i>Analisi completa dei polimorfismi di sequenza di Salmonella e sviluppo di un test LDR-UA per la rilevazione e la caratterizzazione dei sierotipi</i></p>	<p>Genomica Funzionale</p>	<p>Appl Microbiol Biotechnol</p>	<p>Salmonella is a major cause of food-borne disease, and <i>Salmonella enterica</i> subspecies I includes the most clinically relevant serotypes. <i>Salmonella</i> serotype determination is important for the disease etiology assessment and contamination source tracking. This task will be facilitated by the disclosure of <i>Salmonella</i> serotype sequence polymorphisms, here annotated in seven genes (<i>sefA</i>, <i>saFA</i>, <i>saFC</i>, <i>bigA</i>, <i>invA</i>, <i>fimA</i>, and <i>phsB</i>) from 139 <i>S. enterica</i> strains, of which 109 belonging to 44 serotypes of subsp. I. One hundred nineteen polymorphic sites were scored and associated to single serotypes or to serotype groups belonging to <i>S. enterica</i> subsp. I. A diagnostic tool was constructed based on the Ligation Detection Reaction-Universal Array (LDR-UA) for the detection of polymorphic sites uniquely associated to serotypes of primary interest (<i>Salmonella</i> Hadar, <i>Salmonella</i> Infantis, <i>Salmonella</i> Enteritidis, <i>Salmonella</i> Typhimurium, <i>Salmonella</i> Gallinarum, <i>Salmonella</i> Virchow, and <i>Salmonella</i> Paratyphi B). The implementation of promiscuous probes allowed the diagnosis of ten further serotypes that could be associated to a unique hybridization pattern. Finally, the sensitivity and applicability of the tool was tested on</p>



<p>selezionati.</p>			<p>target DNA dilutions and with controlled meat contamination, allowing the detection of one Salmonella CFU in 25 g of meat.</p>
<p>Use of a reduced set of single nucleotide polymorphisms for genetic evaluation of resistance to Salmonella carrier state in laying hens.</p> <p><i>Uso di un ridotto set di polimorfismi a singolo nucleotide per la valutazione genetica della resistenza alla stato di vettore per Salmonella nelle galline ovaiole.</i></p>	<p>Genomica Funzionale</p>	<p>Poultry Sci.</p>	<p>Salmonella propagation by apparently healthy chickens could be decreased by the selection and use of chicken lines that are more resistant to carrier state. Using a reduced set of markers, this study investigates, for the first time to the authors' knowledge, the feasibility of a genomic selection approach for resistance to carrier state in hen lines. In this study, commercial laying hen lines were divergently selected for resistance to Salmonella carrier state at 2 different ages: young chicks and adults at the peak of lay. A total of 600 birds were typed with 831 informative SNP markers and artificially infected with Salmonella Enteritidis. Phenotypes were collected 28 d (389 young animals) or 38 d (208 adults) after infection. Two types of variance component analyses, including SNP data or not, were performed and compared. The set of SNP used was efficient in capturing a large part of the genetic variation. Average accuracies from mixed model equations did not change between analyses, showing that using SNP data does not increase information in this data set. These results confirm that genomic selection for Salmonella carrier state resistance in laying hens is promising. Nevertheless, a denser SNP coverage of the genome on a greater number of animals is still needed to assess its feasibility and efficiency.</p>
<p>Genomic study of the response of chicken to highly pathogenic avian influenza virus.</p> <p><i>Studio genomico della risposta di pollo al virus altamente patogeno dell'influenza aviaria</i></p>	<p>Genomica Funzionale</p>	<p>BMC Proceedings</p>	<p>Background: The host mounts an immune response to pathogens, but few data are currently available on the role of host genetics in variation in response to avian influenza (AI). The study presented here investigated the role of the host genetic background in response to in vivo infection with AI virus (AIV). Methods: Experimental lines of chicken and commercial crosses were experimentally infected intratracheally with 103 EID50/bird of A/Chicken/Italy/13474/99 H7N1 highly pathogenic avian influenza virus (HPAIV). Chickens were genotyped for the Mx polymorphism causing the S631N mutation, and for the Major Histocompatibility Complex (MHC). Whole-genome genotyping was carried out using 60 k Single Nucleotide Polymorphism (SNP) array developed by the poultry Genome-Wide Marker-Assisted Selection Consortium (GWMASC). Results: Variability in response of different chicken lines to the HPAIV infections and some degree of resistance to AI were observed: a statistically significant effect of chicken line on the response to infection was found. There was no association between survival in healthy conditions and polymorphisms at the Mx gene and the MHC-B region. The analysis based on the 60 k SNPs provided a good clustering of the chicken lines, but no specific genetic cluster associated with response to AIV was identified. Conclusions: Neither the genotype at the Mx gene or MHC-B locus, nor for SNP spanning the whole-genome identified loci involved in variations to response to AIV infection. These results point towards the possibility that either the genetic factors affecting the response of chickens to the H7N1 HPAIV are weak, or relevant alleles were not segregating in the studied populations.</p>
<p>A tool based on Ligation Detection Reaction-Universal Array (LDR-UA) for the characterization of VTEC by identification of virulence-associated and serogroup-specific genes.</p> <p><i>Uno strumento basato sulla rilevazione Ligation Reaction-Universal Array (LDR-UA) per la caratterizzazione di VTEC, grazie all'identificazione di specifici geni associati alla virulenza e serogruppo-specifici.</i></p>	<p>Genomica Funzionale</p>	<p>Molecular and Cellular Probes</p>	<p>Verocytotoxicigenic Escherichia coli (VTEC) are zoonotic pathogens whose natural reservoir is represented by ruminants, particularly cattle. Infections are mainly acquired by consumption of undercooked contaminated food of animal origin, contact with infected animals and contaminated environment. VTEC O157 is the most frequently isolated serogroup from cases of human disease, however, other VTEC serogroups, such as O26, O111, O145 and O103, are increasingly reported as causing Hemolytic Uremic Syndrome (HUS) worldwide. The identification of VTEC is troublesome, hindering the development of effective prevention strategies. In fact, VTEC are morphologically indistinguishable from harmless E. coli and their pathogenic potential is not strictly dependent on the serogroup, but relies on the presence of a collection of virulence genes. We developed a diagnostic tool for VTEC based on the Ligation Detection Reaction coupled to Universal Array (LDR-UA) for the simultaneous identification of virulence factors and serogroup-associated genes. The method includes the investigation of 40 sites located in 13 fragments from 12 genes (sodCF1/F2, adfO, terB, ehxA, eae, vtx1, vtx2, ihp1, wzx, wbdI, rfbE, dnaK) and was evaluated by performing a trial on a collection of 67 E. coli strains, both VTEC and VT-negative E. coli, as well as on 25 isolates belonging to other related species. Results of this study showed that the LDR-UA technique was specific in identifying the target microorganism. Moreover, due to its higher throughput, the LDR-UA can be a valid and cheaper alternative to real time PCR-based (rt-PCR) methods for VTEC identification.</p>
<p>New labelling technology for molecular probes applied to the ligation detection reaction-universal array system.</p> <p><i>Nuova tecnologia di marcatura per sonde molecolari applicate a ligation detection reaction (LDR) associata a sistemi</i></p>	<p>Genomica Funzionale</p>	<p>Mol Biotechnol</p>	<p>The ligation detection reaction (LDR) associated with universal arrays (UA) uses a fluorescently labelled probe (DP) and a Zip Code-extended probe to detect single nucleotide polymorphisms in DNA target sequences. When used for genotyping, the LDR-UA technique uses two DPs, each specific to an allele and labelled with a different fluorophore. The fluorescent signals are processed to calculate the genotype. The uneven decay of fluorophores due to ageing and freezing/thawing cycles and the consequent unequal fluoresce level can lead to erroneous genotype calls. To circumvent this problem, an indirect labelling strategy was developed based on the substitution of the fluorophore with allele-specific 22 bp universal labelling sequences (ULS). Labelling is achieved with</p>



<i>universal array (UA)</i>			fluorescently labelled oligos complementary to the ULS (cULS). The strategy improved the uniformity in probe labelling, and generated results comparable to those using direct-labelled probes, as shown by genotyping 22 polymorphic sites in 70 samples with both strategies. This method can be easily implemented in the routine screening with LDR-UA or other techniques. Moreover, the approach results in a significant cost reduction over traditional direct labelling, and offers the possibility to interchange fluorophores and to increase the fluorescent signal by using multiple-labelled cULS.
-----------------------------	--	--	--

RIASSUNTO ATTIVITÀ SVOLTE

Biologia Integrativa

Il gruppo ha proseguito la propria attività nell'ambito del progetto ProZoo, in particolare all'interno del tema di diagnostica (tema 2) in collaborazione con l'Istituto Zooprofilattico Sperimentale della Lombardia ed Emilia Romagna.

Nel corso dell'esercizio 2011 è stato avviato il progetto AGER Hepiget, che vede il coinvolgimento del gruppo per le attività di ricerca sui suini e la genomica applicata.

Nel corso del 2011 è proseguita (come SRL) l'attività di ricerca del gruppo sul progetto INTERPLAY, PoRRSCon ed APIFRESH e sono inoltre stati avviati i progetti EADGENE_S e NOLESSBEEES.

Ulteriori attività

Il gruppo di Biologia Integrativa è stato coinvolto nello *Swine Genome Sequencing Consortium*, un progetto per l'annotazione del genoma suino oggetto di una importante pubblicazione e nell'organizzazione di incontri e divulgazione relativa ad un'azione Cost sulla tematica di riferimento PRRS.

Genomica Funzionale

Nel 2011 è proseguita l'attività di ricerca sul progetto NADIR ed è stato attivato il progetto AVIFLU finanziato da Regione Lombardia. Sempre nel corso del 2011 il gruppo di ricerca ha avviato le attività sul bando AGER Quarta Gamma. Nel corso del 2011 il gruppo ha concluso (come SRL) l'attività di ricerca sul progetto regionale "Metadistretto-LGS".

IDRA-Lab (Improvement Disease Resistance of Animals – Laboratory)

IDRA-LAB è un laboratorio di ricerca costituito dal PTP in collaborazione con l'Istituto Sperimentale Italiano Lazzaro Spallanzani (ISILS) con lo scopo di generare nuove conoscenze di genomica animale per mettere a punto interventi genetico-molecolari in grado di aumentare, nelle popolazioni zootecniche italiane, la resistenza a contrarre specifiche malattie e per conoscere i meccanismi molecolari correlati alla riproduzione per migliorare la fertilità nei ruminanti, soprattutto bovini. IDRA-Lab segue principalmente due linee di ricerca: studio della resistenza a malattie nei ruminanti e studio della fertilità nei ruminanti.



Nel corso del 2011 il gruppo ha proseguito l'importante attività in Prozoo e ed è stato coinvolto (come SRL) nella partecipazione al progetto europeo MacroSys, coordinato da IDRA-Lab sotto la responsabilità scientifica del dr. J. Williams.

È stato inoltre avviato un nuovo progetto, il progetto MastField, finanziato da Regione Lombardia D.G. Agricoltura, che riguarda lo studio della componente genetica bovina nello sviluppo della risposta dell'animale alla mastite ed è coordinato dal CRSA (Consorzio di Ricerca e Sperimentazione degli Allevatori) sotto la responsabilità scientifica del dr. J. Williams.

Direzione Scientifica

La Direzione Scientifica ha proseguito l'iniziativa coordinata per il sequenziamento del genoma del bufalo promossa dal PTP con la supervisione di ANASB (Associazione Nazionale Specie Bufalina). Il progetto, nato inizialmente mediante un accordo di Collaborazione Scientifica siglato da 13 partner coordinati dal dott. John Williams, ha rapidamente assunto un carattere internazionale con il coinvolgimento di numerosi paesi, tra cui USA, Brasile, Regno Unito, Irlanda, India, Cina, Egitto e Sud-Africa.

Inoltre è proseguita l'importante attività svolta nell'ambito di PROZOO con importanti risultati scientifici.

Come SRL è proseguita l'attività del progetto di ricerca PiroVac (finanziato dalla Commissione Europea nell'ambito del 7° Programma Quadro) ed il progetto INNOVAB (finanziato dalla Regione Lombardia nell'ambito del bando Aree Tematiche Prioritarie – ex metadistretti).

È stato inoltre avviato il progetto BiognostiX, finanziato dalla Commissione Europea nell'ambito del 7° PQ, che ha come obiettivo lo sviluppo di tecnologie e metodi di manifattura flessibili per la fabbricazione su misura di sensori diagnostici economici per un test multiplex basato su substrati di fibre.

Genomica Vegetale

Il gruppo di Genomica Vegetale ha proseguito nel corso del 2011 l'attività di ricerca sulle due principali linee di ricerca già attive presso la sezione, genomica del pesco, dell'orzo e la linea su Mais attivata grazie al finanziamento regionale (come SRL) sul progetto Mais per Diabrotica e Fusarium. È stato invece chiuso per mancanza di fondi e prospettive industriali lo studio interno per la produzione in pianta del fattore di crescita nervoso NGF. Il gruppo ha proseguito la sua attività di ricerca tramite lo svolgimento del progetto DRUPOMICS, conclusosi a giugno del 2011 e che prevede il sequenziamento del genoma del pesco in partnership tra Italia e USA. E' inoltre proseguito lo sviluppo del progetto MASPES, in collaborazione con l'Università degli Studi di Milano, per la dissezione genetica e lo sviluppo di marcatori per il miglioramento assistito di caratteri di qualità del frutto di pesco.

Come SRL è stato avviato il progetto europeo FruitBreedomics, finanziato dalla Commissione Europea nell'ambito del 7° PQ, che si avvale di un approccio multidisciplinare per migliorare la produttività dei semi degli alberi da frutto.

Avviate anche le attività del progetto coordinato dal Parco Scientifico e Tecnologico della Sicilia nell'ambito del bando PON 2007-2013, progetto IT-CITRUS, che ha come obiettivo il miglioramento genetico e l'introduzione di innovazioni per il superamento dei fattori limitanti della filiera agrumicola.



Genomica del Riso

Il gruppo di genomica del riso è stato istituito nel 2006 con lo scopo specifico di eseguire ricerca per affrontare i bisogni della coltivazione del riso in Italia. La coltivazione del riso in Italia, l'area più produttiva del mondo nei paesi temperati del mondo, ha raggiunto la vetta utilizzando sistemi di agricoltura moderna, e la crescita esponenziale della popolazione umana richiede ancora un aumento continuo della produttività. Questo diventerà sempre di più una sfida dovuto ai cambiamenti climatici, che implicano condizioni di stress abiotico avversi come la scarsità dell'acqua e l'aumento della salinità del suolo, insieme al deterioramento dell'ambiente causato dall'alto input di pesticidi contro patogeni e fertilizzanti. Per tali motivi, lo sviluppo di soluzioni innovativi è cruciale per aumentare la produzione del riso, tenendo conto delle condizioni ambientali e le risorse disponibili per ottenere una coltivazione di riso migliore e sostenibile in Italia.

Il gruppo di genomica del riso afferisce interamente alla Fondazione e pertanto i progetti finanziati ed in fase di avvio sono:

- **DRYRICE:** avviato nel gennaio del 2010 il progetto ha come obiettivo lo studio dei meccanismi coinvolti nella resistenza allo stress idrico in varietà di riso di interesse agronomico a livello regionale e nazionale.
- **RISINNOVA:** finanziato nell'ambito del bando AGER il progetto è stato avviato il 1° marzo del 2011. Obiettivo generale del progetto è la ricerca di soluzioni innovative genetico/genomiche in risposta alla necessità prioritaria della filiera riso di disporre di varietà italiane competitive sia dal punto di vista produttivo che qualitativo, in grado di sostenere la produzione nazionale a livello internazionale.
- **BIOGESTECA:** progetto in fase di avvio, finanziato da Regione Lombardia nell'ambito degli Accordi Istituzionali, prevede lo sviluppo di una Piattaforma di Biotecnologie Verdi coordinata dalla Facoltà di Agraria dell'Università degli Studi di Milano e supportata presso la Regione Lombardia dagli Enti Locali di Lodi.

È stato messo a punto il sistema di infezione e test per determinare il livello di suscettibilità e resistenza di plantule di riso al brusone, la più grave patologia del riso, in condizioni controllate (Blash test). Tale sistema di screening è utilizzato nei diversi progetti della Genomica Riso del PTP; ma è anche attivo come servizio per conto terzi di cui possono avvalersi istituzioni o ditte esterne.

È stato finanziato e si avvierà nel 2012 il progetto Polo Riso finanziato dal Ministero dell'Agricoltura e con capofila INEA.

In preparazione il progetto a valere sul bando FIRST per attività di ricerca internazionale sul bando promosso da Fondazione Cariplo/Fondazione Agropolis di Montpellier.

Piattaforma Bioinformatica e statistica

Le attività principali della sezione riguardano la bioinformatica, l'analisi statistica e l'informatica ed in particolare:

1. progettazione di procedure di analisi di sequenze biologiche

2. studio delle basi genetiche di caratteri produttivi
3. disegno di procedure statistiche
4. studi di genetica di popolazioni

La piattaforma svolge inoltre attività di supporto tecnologico quali:

1. analisi statistica
2. realizzazione di software
3. realizzazione di database
4. calcolo ad alte prestazioni

La piattaforma ha sviluppato numerosi database di dati biologici quali: ESTree DB, GoSh DB, Eurigen e Misagen. Inoltre sono stati effettuati studi di identificazione di microRNA candidati in *Vitis vinifera*, EST human e ricerca nuovi geni di bovino, il Bovine SNP Retriever ed un Database dedicato per le analisi di elementi trasponibili in vite. La piattaforma bioinformatica sviluppa inoltre algoritmi e software di analisi; realizza piattaforme di software e sviluppa software per la gestione genetica (selezione e controllo della consanguineità).

Il gruppo ha acquisito importanti risultati e riconoscimenti a livello internazionale quali ad es. l'invito al responsabile della nostra unità di ricerca di partecipare alla task force EU/USA per il settore della genomica animale.

Inoltre nel piano organizzativo è previsto che il gruppo nel 2012 sia organizzato con due nuovi gruppi collegati denominati Core facility e Epigenetica.

Piattaforma Genomica

La Piattaforma Genomica (PGP), sviluppata in collaborazione con i principali leader Europei dell'automazione e della genomica, consente di svolgere analisi molecolari ad alta processività nel settore della genomica applicata al settore agroalimentare e umano.

Inaugurata nel febbraio 2006, è Certificata ISO 9001:2008 per la Progettazione, Realizzazione e Assistenza di analisi genomiche di genotipizzazione di campioni animali e vegetali dall'Ente Certificatore BureauVeritas (luglio 2007).

Ha ottenuto inoltre l'Accreditamento Ministeriale per l'effettuazione delle analisi per l'accertamento della rispondenza varietale per le seguenti categorie di materiali:

- piantine ortive e relativi materiali di moltiplicazione;
- piante da frutto e relativi materiali di moltiplicazione;
- materiali di moltiplicazione delle piante ornamentali;



Il Comitato Settoriale per l'Accreditamento dei Laboratori ACCREDIA ha approvato, nel 2009, la concessione dell'Accreditamento N°1002 al Laboratorio Piattaforma Genomica in conformità alla norma UNI EN ISO 17025 per l'esecuzione di 8 Metodi di Prova per la ricerca di Organismi Geneticamente Modificati in sementi e prodotti derivati.

La PGP è stata identificata dal M.I.U.R. come Piattaforma Tecnologica di riferimento a livello nazionale per l'automazione delle analisi genomiche di genotipizzazione di campioni animali, vegetali e microbici. Merita inoltre sottolineare che lo strumento Illumina Beadexpress in dotazione alla PGP ha ricevuto dalla Food and Drug Administration l'autorizzazione per effettuare analisi ufficiali di diagnostica molecolare per test di genotipizzazione per l'identificazione di varianti genetiche del Fattore V e della protrombina.

Grazie all'alto grado di automazione delle sue apparecchiature e ad un sofisticato sistema di tracciabilità dei campioni analizzati e dei risultati ottenuti (sistema LIMS, laboratori Integrated Management System), che le consente di processare fino a 800 campioni svolgendo su di essi 5.000 analisi/giorno, la PGP ha svolto analisi genomiche e molecolari sia nel settore della ricerca che dei servizi alle aziende per garantire la tracciabilità e la sicurezza della filiera e dei prodotti nel settore agro-alimentare; analizzare e preservare la biodiversità esistente di specie animali e vegetali; identificare e caratterizzare microrganismi dannosi per la salute umana ed animale e certificare l'origine e la purezza di prodotti tipici.

Le analisi molecolari/genomiche automatizzate che la Piattaforma Genomica svolge sono:

- Purificazione automatizzata di acidi nucleici da matrici animali, vegetali e microbiche
- Genotipizzazione mediante marcatori molecolari di campioni animali, vegetali, microbici e umani
- Analisi di espressione genica quantitativa
- Analisi di tracciabilità di contaminanti (ex. OGM) nella catena alimentare
- Messa a punto di kit diagnostici molecolari nel settore agro-alimentare
- Organizzazione e gestione di Bio-repository di acidi nucleici (DNA/RNA) di campioni animali e vegetali

In particolare nel settore risicolo sono stati offerti servizi di comparazione, verifica purezza e identificazione di varietà commerciali (servizio RICE-ID) e di varietà Basmati (BASMATI-ID); al fine di adempiere alle richieste normative comunitarie (Regolamento CE 272/2010) è stato sviluppato e attualmente in fase di validazione un metodo quantitativo per rilevare in partite di riso la percentuale di varietà Basmati non autorizzate dalla Comunità Europea.

Nel campo della tracciabilità dei prodotti tipici, si è conclusa la validazione del metodo per garantire la distinzione tra formaggi Provolone Dolce DOP e non DOP, per il Consorzio Tutela Provolone. Tale metodo basato sullo studio della popolazione microbica complessa con tecnologia ARISA rappresenta il primo esempio di metodo molecolare inserito all'interno di un disciplinare di produzione di un prodotto DOP a tutela della garanzia di qualità del prodotto e quindi del consumatore finale.

A seguito dell'ottenimento dell'accreditamento in conformità alla norma ISO17025, al fine di rispondere meglio alle esigenze dei clienti e rendere più semplice l'adeguamento del sistema informatico (LIMS) agli aggiornamenti normativi il sistema SQL*LIMSV5 è stato affiancato da un nuovo software "Analisi rel. 5.1" di Polysystem.



La Piattaforma Genomica sviluppa inoltre diversi progetti di ricerca, in particolare in capo alla Fondazione, quali:

- **Mappa 5A:** l'obiettivo principale del progetto è il mappaggio ad alta risoluzione del cromosoma 5A di frumento.
- **Progetto Ager Grano Duro:** filiera di ricerca integrata per la produzione di grano duro di alta qualità.

La Piattaforma Genomica partecipa inoltre attivamente a diversi progetti svolti dagli altri gruppi di ricerca del PTP ed in particolare al progetto ProZoo.



STUDI E SERVIZI

Anche nel 2011 è proseguita l'attività di studi e servizi a favore del settore produttivo per mettere a frutto i risultati delle ricerche finora realizzate e le potenzialità della piattaforma genomica, di quella bioinformatica e di quella proteomica dello spin-off partecipato Biotrack.

Sono 157 i contratti con le aziende: parecchie le convenzioni stipulate anche con gli organismi rappresentativi di produttori che hanno consentito alla Fondazione di consolidare il fatturato dell'attività commerciale ad oltre 400 mila euro annui per attività di studi e servizi ad aziende agroalimentari svolte prevalentemente dalla Piattaforma Genomica del PTP.

Il contatto con le aziende del settore agroalimentare è costante e il parco Tecnologico sta puntando su un allargamento del bacino di utenza potenziale iniziato con l'attivazione di contratti nel settore della cosmetica/erbe officinali e con alcuni progetti nel settore salute umana con studi svolti dalla piattaforma chimica.

Inoltre oltre alla gamma di servizi tecnologici si è avviata un'attività di supporto alle imprese finalizzata ad essere un punto di riferimento per servizi di consulenza, certificazione (ad es. i progetti Halal e Kosher), qualità e anche di supporto allo sviluppo del proprio business. Grazie anche ad una rete di consulenti in via di consolidamento si sono visti i primi risultati.

INCUBATORE E BUSINESS PARK

Nel 2011 è proseguita l'importante attività per l'attrazione e il sostegno di spin-off e start-up nell'incubatore ALIMENTA.

Tale attività si è concentrata soprattutto nello scouting di nuove potenziali idee innovative suscettibili di attrarre capitali privati ed essere localizzate nell'incubatore anche attraverso la sponsorizzazione del premio nel settore agroalimentare e cleantech nella manifestazione Start Cup Milano Lombardia organizzata da Università di Milano. Il premio alla sua ottava edizione prevede una ricerca di idee imprenditoriali innovative all'interno delle università lombarde e la loro valorizzazione attraverso un percorso di tutoraggio per la stesura di un business plan che verrà valutato da operatori finanziari specializzati.

L'attività dell'incubatore rappresenta un ulteriore esempio di ricaduta territoriale delle attività del parco tecnologico in quanto consente di attirare e sviluppare una nuova generazione di imprese tecnologicamente avanzate garantendo l'attuazione di politiche per l'innovazione e di politiche del lavoro.

Nel corso del 2011 si è conclusa l'attività di internazionalizzazione delle start up soprattutto con il progetto INCLUSA (start up high tech e biotech in USA). Inoltre è stato organizzato in collaborazione con Regione Lombardia un workshop che ha visto la presenza di operatori nel settore delle scienze veterinarie ed imprese del Quebec (Canada); a valle di questo incontro è stato siglato un accordo con il Parco Scientifico di Saint Hyacinthe.



Continua la collaborazione con la regione di Montpellier per sviluppare programmi di incubazione congiunta. Nel 2011 è stato presentato al sistema francese il primo business plan di un'azienda che vede le proprie radici a Lodi come spin off di una delle aziende dell'incubatore. L'azienda francese si chiamerà Qualiplante ed ha già vinto un premio nazionale per la creazione di impresa (creation entreprise innovante).

Completata la riallocazione degli spazi ex-zooprofilattico che ospitano alcuni spin-off e altri soggetti.

Si riporta di seguito il trend di incubazione:



Sono inoltre localizzati presso il PTP i seguenti consorzi ed enti:





Intensa l'attività per favorire l'avvio del **Business Park** destinato ad accogliere imprese del settore Agro e Bio che escono dall'incubatore ed aziende nazionali ed estere interessate ad insediarsi in un'area dedicata con facilità di collegamenti stradali, ferroviari ed aerei, e vicinissimo ad una grande metropoli quale la città di Milano con forte presenza scientifica e mano d'opera specializzata.

In particolare è stato realizzato su incarico di Comune, Provincia e CCIAA di Lodi lo studio di fattibilità affidato alla società Alpina S.p.A e Studio Leone/Torrani. Lo studio ipotizza un modello preciso e uno schema da seguire per realizzare il progetto a cui si dovrà dare seguito nel 2012: costituzione di un fondo immobiliare chiuso e scelta di una SGR per la gestione.

È in corso poi grazie ad un intervento della locale CCIAA, un'attività di pre marketing con Invest in Milano e un'analisi con Assoimmobiliare/Nomisma.

DISSEMINAZIONE E COMUNICAZIONE

Le attività di aggregazione, ricerca e sviluppo del Parco sono state supportate da azioni di comunicazione rivolte a diversi pubblici: istituzioni, ricercatori, agricoltori, imprenditori, scuole e cittadinanza.

Le azioni intraprese hanno riguardato l'organizzazione di eventi, la pubblicazione di articoli e materiali divulgativi e la partecipazione a tavoli di lavoro/commissioni settoriali.

Eventi

Sul fronte dell'organizzazione di eventi/seminari si segnalano in particolare:

data	inizio	fine	titolo	partecipanti	
GENNAIO 2011					
25	MAR	18,00	20,00	Convegno: "Condizionalità:il punto di vista degli animali, degli allevatori e della normativa"	100
FEBBRAIO 2011					
8	MAR	18,00	20,00	Convegno: "Condizionalità:il punto di vista degli animali, degli allevatori e della normativa"	90
16	MER	14,00	18,00	Seminario: "Business environment in the life science sector in Massachusetts" Progetto INCLUSA	45
22	MAR	15,00	16,30	Corso di formazione: Corso su rischio biologico	40
25	VEN	18,00	20,00	Convegno "Condizionalità:il punto di vista degli animali, degli allevatori e della normativa"	90
MARZO 2011					
1	MAR	10,00	14,00	Seminario: "Opportunità di collaborazione Italia-Cile" - ICE/CO.Export/EuroChile	45
8	MAR	15,00	16,30	Corso di formazione: Corso su rischio biologico	43



11	VEN	9,00	13,00	Convegno: "Paratubercolosi nell'allevamento del bovino da latte"	100
25	VEN	9,00	13,00	Convegno: "Mais: Risultati campi varietali"	120
30	MER	10,00	13,00	Seminario: "Biomolecular NMR, a versatile tool: from protein-ligand interactions to metabolomics" Dott.ssa Giovanna Musco	33
APRILE 2011					
4	LUN	9,00	13,00	Seminario: "Opportunità di collaborazione con Romania, Moldavia e Bulgaria" - ICE/CoExport	50
4	LUN	14,00	17,00	Seminario: "Metagenomic Bar-Coding" Dott. Taberlet	45
7	GIO	14,30	16,00	Incontro informativo: Valutazione rischi: stress correlati al lavoro	65
8	VEN	10,00	13,00	Seminario: "Ecologia microbica e biochimica ambientale per la produttività agraria" Dott. Squartini e Dott. Concheri	35
9	SAB	9,00	14,00	Convegno: "Le nuove politiche comunitarie: Quale futuro per le aziende agricole"	120
18	LUN	9,00	13,00	Convegno: "Prospettive europee per il lodigiano"	85
21	GIO	9,00	18,00	Seminario: "Genomica e IT: i vantaggi dello sviluppo congiunto" - HP	70
MAGGIO 2011					
4	MER	10,30	11,30	Seminario: "Le potenzialità della chimica per l'agroalimentare" Dr. Costantini	42
11	MER	9,30	14,00	Seminario: "Lombardia e Quebec si incontrano nell'agroalimentare"	60
26	GIO	9,00	18,00	Seminario: "Il Progetto 3SR - Sustainable Solutions for Small Ruminants"	35
GIUGNO 2011					
17	VEN	10,30	16,30	Seminario: "Visit of US Delegation to Science&Technology Parks in Italy" - ICE	50
21	MAR	8,30	18,30	Seminario: "Biogas: Situazione e prospettive in Italia"	150
23	GIO	14,00	16,00	Seminario: "Delegazione CHEDE -" "	70
27	LUN	9,00	18,00	Convegno: Il progetto Ager Riso - Risinnova	60
SETTEMBRE 2011					
2	VEN	10,30	12,00	Seminario: "Metabolomics based breeding of seed crops: the tomato case study" Dott. Aaron Fait	40
30	VEN	10,30	13,00	Seminario: "Presentazione delle attività del Distretto Latte Lombardia"	85
OTTOBRE 2011					



6	GIO	9,00	18,00	Seminario: "Il progetto INTERPLAY - Interplay of microbiota and gut function in the developing pig – Innovative avenues towards sustainable animal production"	38
13	GIO	9,00	18,00	Seminario: "Genomics for Research and Molecular Diagnostics"	150
NOVEMBRE 2011					
9	MER	13,45	14,45	Seminario: "Medicago truncatula CYP716A12 Is a Multifunctional Oxidase Involved in the Biosynthesis of Hemolytic Saponins" Dott.ssa Elisa Biozzi	34
11	VEN	14,15	15,15	Seminario: "Advanced quantitative genetics for dissecting complex traits in maize" Dott. Giorgio Pea	40
16	MER	9,45	11,00	Seminario: "Molecular networks controlling reproduction and seed development" Dott.ssa Raffaella Battaglia	38
21	LUN	9,45	11,00	Seminario: "Identification and molecular characterization of novel genes modulated by oxidative stress in plants" Dott.ssa Anca Macovei	40
21	LUN	14,15	16,00	Seminario: "Exploring the molecular bases of secondary metabolite biosynthesis, defense responses and reproductive barriers in Olea europaea" Dott.ssa Fiammetta Alagna	35
DICEMBRE 2011					
2	VEN	14,15	16,00	Seminario: "At the root of the plant breeding: how microbial communities inhabiting the rhizosphere can contribute to sustainability of agriculture" Dr. Davide Bulgarelli	32

Networking

Per quanto riguarda le iniziative istituzionali, il PTP ha proseguito il suo impegno in APSTI dove è rappresentato nelle commissioni Incubazione, Rete Laboratori, Biotecnologie e Parchi e ricopre il ruolo di coordinatore della Commissione Agroalimentare, al cui interno ha promosso la messa in rete dei servizi erogati dai singoli parchi per creare una piattaforma nazionale di servizi di diagnostica, permettendo di estendere le attività del Parco a tutto il territorio nazionale.

Nell'ambito di Assobiotec il PTP è presente nella Commissione Direttiva e, oltre alla già citata commissione Italian BioParks, partecipa al gruppo di lavoro Agrobiotecnologie e a quello Food.

È proseguita inoltre l'attività di coordinamento del gruppo di lavoro Biotecnologie industriali e Bioeconomia, un settore in forte crescita dal punto di vista delle applicazioni, che ha visto l'organizzazione del primo forum nazionale sulle Biotecnologie industriali il 29.11.2011 a Milano con più di 150 partecipanti.



Il PTP è rappresentato nella Commissione Direttiva del CNRB, Consorzio Nazionale Risorse Biologiche, e nel Comitato di Gestione e nel Comitato Scientifico della Fondazione CIRGIS, Centro Internazionale Ricerche Giuridiche e Scientifiche, oltre che nella Commissione Comunicazione e Trasferimento Tecnologico della Piattaforma Europea Food for Life.

Sempre all'interno dell'attività di networking, è proseguito il dialogo con i principali cluster di innovazione europei e sono state sottomesse diverse proposte all'Unione Europea nell'ambito dei vari programmi quadro per rinsaldare questi legami.

Per favorire la divulgazione ed il trasferimento di quanto realizzato dal Parco, esponenti e ricercatori del PTP hanno partecipato alle principali fiere e convegni di settore quali PAG, Bio, Bio Europe, Bio Europe spring, Cibus, Fiera del Bovino da Latte e altre anche a livello locale.

Disseminazione

In parallelo alle pubblicazioni scientifiche, sono stati redatti anche articoli divulgativi su riviste nazionali di settore (Agrisole et al.), giornali (il Cittadino, il Giorno) e un volume di approfondimento delle attività del Parco distribuito in allegato a il Cittadino in 20.000 copie nel mese di Dicembre 2011. Si sono registrate anche alcune uscite televisive.

Il Parco, in collaborazione con l'Ufficio Scolastico Regionale, l'Università di Milano e la Provincia di Lodi, ha organizzato la terza edizione di GeniALodi per entrare in contatto con gli studenti del territorio, ma anche aprirsi al di fuori dei confini regionali. L'edizione 2011, che ha visto la partecipazione di alcune centinaia di ragazzi e ha avuto 60 finalisti, era infatti aperta a tutto il territorio nazionale. Tra i 9 vincitori si segnalano anche 2 ragazzi di Grosseto, oltre che ragazzi di Milano, Sondrio e Lodi.

EXPO2015

Il PTP ha lavorato anche ad azioni collegate a **Expo 2015**. In particolare, accanto a 7 progetti che hanno già ottenuto ufficialmente il patrocinio (Genome Center, Food Open Lab, Alimenta, Bio&Food Park, Made in Italy, Halal Italia e Biodiversipedia), è stato avviato il progetto Le Vie Lombarde per Expo (ora rinominato: Experience 2015) che prevede la realizzazione di un sistema interattivo che ha come scopo quello di censire e rendere fruibili ai visitatori le opportunità offerte dalla Lombardia in termini di eccellenze agricole, siti produttivi, di ricerca, innovazione e turismo. EXPO 2015 S.P.A, nel caso di EXPERIENCE2015 ha anche co-finanziato l'iniziativa.

Attività per il territorio

Molto importante l'attività per il territorio:

- ✓ progetto genomico che aiuterà tutti gli allevatori di bovini lodigiani e nazionali a progredire maggiormente rispetto agli altri paesi, grazie alla collaborazione con CRSA, AIA, ed agli altri partner.
- ✓ studi e servizi per la tracciabilità, tipicità e la sicurezza alimentare di aziende del territorio;
- ✓ il Parco è l'ente certificatore del marchio di qualità **Lodigiano Terra Buona**, registrato dalla Provincia di Lodi e che vede più di 25 aziende partecipanti;
- ✓ il Parco ha stipulato una convenzione con la Provincia di Lodi per il supporto nel campo dell'erogazione di servizi specialistici inerenti attività di statistica e sperimentazione in campo



agricolo, con particolare riferimento alle attività di consulenza e formazione promosse ai sensi delle misure 114 e 111 del P.S.R. di Regione Lombardia;

- ✓ progetto **GeniaLodi** che coinvolge insegnanti e studenti di tutte le scuole superiori di Lodi e della Provincia (ora esteso a tutto il territorio nazionale) in lavori di genomica per la biodiversità vegetale, biodiversità animale e strumenti bioinformatici per la biodiversità, con stage estivi presso il Cluster di Lodi e anche all'estero;
- ✓ grazie al supporto della CCIAA di Lodi è stato attivato il progetto **Agro** che prevede tre azioni a supporto della filiera agroalimentare. Due azioni rivolte a imprese del territorio attraverso bandi della stessa CCIAA prevedono il finanziamento di progetti di start up agroalimentari e la messa a disposizione di voucher per l'innovazione di servizi. La terza misura ha visto l'attivazione di un contratto con un esperto tecnologico che sia in grado di valutare le esigenze di innovazione delle aziende lodigiane promuovendo il trasferimento di tecnologie dal Parco.

Sempre con riferimento alle ricadute territoriali, grazie ad una consistente partecipazione ai progetti europei, il PTP sarà in grado, nel medio periodo attivando meccanismi di trasferimento tecnologico, di poter rendere fruibili anche al territorio ulteriori competenze e conoscenze acquisite attraverso le attività di ricerca condotte in ambito internazionale e con il contributo dei maggiori esperti dei settori specifici di riferimento.

Alcuni esempi di ricerche che già oggi, sia a livello diretto che a livello indiretto, portano informazioni e competenze sul territorio sono per il **comparto suinicolo**, economicamente rilevante per il territorio lodigiano e lombardo, i progetti *PoRRSCon*, *EuroPRRSNet* ed *Interplay*. I primi due sono incentrati sul virus della PRRS, i cui danni stimati ammontano a circa 60 milioni di euro all'anno per la sola Lombardia. Le nuove evidenze ottenute attraverso i due progetti circa la variabilità del virus e i meccanismi della risposta immune possono avere evidenti ricadute pratiche dal punto di vista epidemiologico per limitare la diffusione della malattia o per sviluppare misure di controllo. *Interplay* studia, invece, le variazioni della microflora nelle diverse razze suine e in relazione alle diverse malattie che colpiscono questo animale. L'identificazione di popolazioni microbiche associate ad animali più robusti e sani può contribuire a migliorare lo stato di salute degli animali in allevamento.

Il progetto *Gene2Farm*, in collaborazione con associazioni di allevatori sia italiane che europee, offre importanti prospettive per l'allevamento dei **bovini da latte**, mirando a ridurre l'intervento veterinario in azienda mediante miglioramento genetico, sistemi di diagnostica rapida in stalla e gestione alimentare, oltre che a sviluppare sistemi di accoppiamenti mirati per numerosi fenotipi innovativi (salute, in particolare acidosi/chetosi).

Il progetto *MacroSys* mira invece al miglioramento della salute e del benessere dei **bovini** e la sicurezza di **prodotti derivati**, focalizzando l'attenzione su Tuberculosis (TB) e Para-tuberculosis bovina (Para-TB), quest'ultima presente in maniera endemica anche sul territorio lombardo e causa di ingenti danni economici negli allevamenti di bovine da latte. I risultati del progetto porranno le basi per la messa a punto di test per la diagnosi di tale patologia.

Sul piano dell'impatto ambientale dell'allevamento zootecnico sono particolarmente interessanti i risultati attesi dal progetto *Ruminomics*: focalizzato su **bovini** e **suini**, il progetto, avviato nel mese di gennaio del



2012, analizzerà le interazioni tra animale, microflora ruminale/intestinale e microflora ambientale ed alimentare nella produzione dei principali inquinanti zootecnici.

Sul fronte delle **colture agrarie**, è di particolare interesse per il territorio l'attività di ricerca nel settore risicolo che ha permesso di sviluppare strumenti e competenze che possono essere valorizzate (in collaborazione anche con il CRA, l'Ente Risi e gli Atenei lombardi) mettendole al servizio dell'industria sementiera al fine di testare in campo varietà di riso maggiormente competitive ed adattate alle condizioni climatiche del territorio italiano (Lombardia e Piemonte). In particolare, le varietà di rilevanza per il mercato interno (Carnaroli, Arborio) potrebbero essere valorizzate per l'elevato grado di resistenza al brusone fogliare (principale malattia del riso).

COOPERAZIONE INTERNAZIONALE

Oltre alla rilevante attività internazionale di ricerca che ci consente di ottenere buoni ritorni economici, significativa è anche l'attività della Fondazione nel campo della cooperazione internazionale, sia in termini di progetti sia in termini di relazioni e collaborazioni con diversi paesi extraeuropei.

Per la cooperazione allo sviluppo -che rientra nei nostri compiti statutari- si intende proseguire l'esperienza dei due progetti realizzati in Perù (finanziati dalla Caritas, dalla Fondazione Rotary International e dalla Fondazione Cariplo) volti al miglioramento della filiera lattiero-casearia. Abbiamo sottoposto una proposta in tal senso alla Fondazione Banca del Monte di Lombardia e ci stiamo attivando per presentare un progetto su un nuovo bando Fondazione Cariplo-Regione Lombardia.

Nell'ambito della sicurezza alimentare e in vista di Expo 2015, nel 2011 abbiamo partecipato a due bandi del Comune di Milano: il primo insieme alla ONG CISV di Torino sull'allevamento ovo caprini in Mali -non approvato- il secondo sulla tutela e valorizzazione della biodiversità in Guinea Bissau insieme alle ONG LVIA e Manitese -approvato e già attivato.

È proseguita la collaborazione con la Provincia di Vercelli nell'ambito di un progetto triennale di accompagnamento tecnico in Burkina Faso per la caratterizzazione genetica e la valorizzazione delle varietà locali di riso, e si è concluso un intervento in partnership con l'ONG CESVI in Mozambico, volto al miglioramento delle pratiche agronomiche nelle produzioni di riso.

Recentemente la ONG Soleterre ci ha invitato a partecipare a un progetto di sviluppo rurale in India meridionale: la nostra consulenza tecnica in questo caso è rivolta a identificare i principali problemi legati alla produzione di spirulina per uso animale e come integratore alimentare per l'uomo ed a realizzare le analisi necessarie al miglioramento ed alla standardizzazione della produzione in partnership con istituzioni già presenti sul territorio. La prima missione si è realizzata nel mese di marzo 2012.



Nell'ambito del progetto UE "Realsan", coordinato dal Comune e dalla Provincia di Milano, abbiamo organizzato il seminario sulla Sicurezza e Sovranità alimentare con tutte le principali istituzioni e associazioni di categoria del territorio lodigiano, il giorno 16 marzo u.s.

La nostra finalità non è solamente la realizzazione di progetti di cooperazione in Paesi in via di sviluppo ma anche la fornitura di consulenza, corsi di formazione, servizi "a mercato" in paesi extraeuropei.

In quest'ultima direzione, su invito della Regione Lombardia e del Consolato Italiano ad Erbil –Kurdistan Iracheno, abbiamo elaborato un progetto di consulenza e formazione per i tecnici di un laboratorio per la sicurezza degli alimenti. Il progetto è stato presentato insieme all'Istituto Zooprofilattico Sperimentale sede di Brescia e di Lodi, ed è in attesa di approvazione.

Un paese con cui ci è stata richiesta una collaborazione scientifico-commerciale e di trasferimento tecnologico è la Cina, dopo tre visite di autorevoli delegazioni di Pechino (accompagnata al Parco dall'Agenzia Italiana per l'Innovazione), dell'area di Shanghai (indirizzata dalla D.G. Industria Regione Lombardia – Cestec) e dalla Regione di Canton guidata dal Presidente del locale Partito Comunista Signor Wang Yang indicato figura emergente dei nuovi vertici nazionali del governo Cinese.

Con alcuni paesi dell'America meridionale, veri e propri giganti nel settore agroalimentare, quali Argentina, Brasile, Cile e Uruguay, sono in essere solide relazioni tanto con realtà del settore produttivo privato quanto con Università Fondazioni e centri di ricerca.

Anche in questo caso è in corso una riflessione strategica sulle reali possibilità di trasformare questi contatti in progetti, collaborazioni e servizi.

Obiettivo è la realizzazione di sinergie con la facoltà di veterinaria ed agraria in vista del trasferimento a Lodi.

Obiettivo più ambizioso, anche se difficile, è il progetto discusso con Expo per realizzare, in stretta collaborazione con la stessa Società di gestione, da parte di centri di ricerca, Università, ONG, organizzazioni ed istituzioni progetti di sviluppo agroalimentare mirati a rispondere anche alle richieste avanzateci dalle decine di delegazioni internazionali che hanno visitato il Parco chiedendo il nostro supporto per rispondere alle richieste di popolazioni in forte crescita demografica.

E la sfida che l'Occidente, cogliendo l'occasione di Expo, deve affrontare per aiutare a risolvere il grande problema del periodo storico che stiamo vivendo: l'emigrazione di popoli che fuggono dai loro paesi perché hanno fame.



ORGANI SOCIALI

Consiglio di Amministrazione

Nome e Cognome	Carica
Pietro Foroni	Presidente
Lorenzo Guerini	Vice Presidente
Luigi Tarenzi (*)	Consigliere Delegato
Alessandro Barbieri	Consigliere
Angelo Antonizzi	Consigliere
Carlo Franciosi	Consigliere
Cesare Bonacina	Consigliere
Claudia Sorlini	Consigliere
Claudio Garbelli	Consigliere
Claudio Stefanelli	Consigliere
Giancarlo Piatti	Consigliere
Giuliano Toninelli	Consigliere
Nino Andena	Consigliere
Paola Santeramo	Consigliere
Pasquale Maria Cioffi	Consigliere
Ugo Maggioli	Consigliere

(*) Poteri ed attribuzioni di ordinaria amministrazione nei limiti previsti dalla legge e dallo Statuto e nel rispetto delle riserve di competenza dell'Assemblea dei soci, del Consiglio di Amministrazione e del Comitato Esecutivo, secondo il deliberato del Consiglio di Amministrazione del 30 luglio 2008.

Comitato Esecutivo

Nome e Cognome	Carica
Pietro Foroni	Presidente
Lorenzo Guerini	Vice Presidente
Luigi Tarenzi (*)	Consigliere Delegato
Giancarlo Piatti	Consigliere
Giuliano Toninelli	Consigliere

Comitato Scientifico

Nome e Cognome	Carica
Francesco Salamini	Presidente
Daniel Zamir	Membro del Comitato
Eugenio Scanziani	Membro del Comitato
Maurizio Cocucci	Membro del Comitato
Michel Georges	Membro del Comitato

Collegio dei Revisori

Nome e Cognome	Carica
Giordano Massa	Presidente Collegio dei Revisori
Giulio Boselli	Sindaco Effettivo
Riccardo Angelo Ferrari	Sindaco Effettivo
Pietro Polenghi	Sindaco Supplente
Vanni Mauro Madonini	Sindaco Supplente

Revisore Legale dei Conti

Andrea Enrico Traverso

Organismo di Vigilanza (ex d.lgs 231/2001)

Nome e Cognome	Carica
Giordano Massa	Presidente O.d.V.
Emanuele Basile	Membro O.d.V.
Salvino Nupieri	Membro O.d.V.

CONCLUSIONI

Il bilancio 2011 chiude con un utile di esercizio di € 557.

A concorrere al raggiungimento di questo risultato è stata anche l'iscrizione in contabilità dei ricavi per incrementi immobilizzazioni per lavori in corso (capitalizzazioni delle spese di ricerca) per circa 300 mila euro. Le capitalizzazioni delle spese di ricerca sono state effettuate, di concerto con la società di revisione, sulla valutazione delle effettive potenzialità di sviluppo progettuale e commerciale e delle ricerche condotte presso il Parco Tecnologico Padano.

I risultati dai progetti realizzati presentano infatti la potenzialità di partecipare ad ulteriori bandi europei e di aumentare il fatturato di studi e servizi a favore delle aziende ed enti che hanno consentito anche di stipulare accordi di collaborazione con primarie associazioni ed enti italiani nei settori della produzione di materie prime per industrie cosmetiche e farmaceutiche.

Ci hanno altresì consentito di avere un ruolo attivo al tavolo di lavoro con il laboratorio di sanità pubblica dell'Asl di Milano competente per le Asl di Milano, Pavia, Lodi e Monza Brianza ed a quello dell'Assessorato Regionale alla sanità per certificare la salubrità dei prodotti di tutti i consorzi dei formaggi della Lombardia.

I risultati ottenuti pongono il Parco idoneo a candidarsi ad avere un ruolo di capofila per un'ipotesi di distretto Tecnologico Agroalimentare Lombardo.

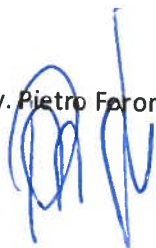
In virtù del numero di progetti presentati e finanziati con notevole tasso di successo ed in presenza della possibilità di riorganizzare l'attività di servizio delle piattaforme tecnologiche, con l'acquisizione di attrezzature di nuova generazione che ci metteranno all'avanguardia anche a livello europeo nel settore, quindi con buone prospettive industriali, si prevede anche nell'ambito di un piano prospettico per gli esercizi 2013 e 2014, di poter raggiungere delle positività nei prossimi esercizi.

Stiamo infatti preparandoci – e molto è dovuto alla nostra credibilità per i progetti già realizzati – ad essere attori della nuova politica industriale integrata dell'Unione Europea, al programma Europeo Cosme per la competitività delle PMI ed al programma Horizon 2014 che prevede lo stanziamento di 80 milioni di euro di cui il 25% a favore delle PMI.

Ancora, il nuovo impianto dei fondi strutturali (532 milioni di euro quelli in corso per Regione Lombardia) prevede, sulla base di un accordo a livello europeo tra DG Regio-DG Ricerca, un utilizzo sinergico tra fondi Horizon e fondi strutturali.

Si invita pertanto ad approvare il rendiconto economico come formulato, corredato dalla nota integrativa, e si propone di accantonare l'utile a riserva.

Il Presidente - Avv. Pietro Foroni



FONDAZIONE PARCO TECNOLOGICO PADANO
Rendiconto patrimoniale e gestionale per l'esercizio 2011

STATO PATRIMONIALE	31.12.2011 (importi espressi in euro)	31.12.2010 (importi espressi in euro)
ATTIVO		
B) IMMOBILIZZAZIONI		
I) Immobilizzazioni immateriali nette		
Spese pluriennali progetti scientifici	€ 611.915	€ 405.486
Diritti di Brevetto	€ 44.833	€ 43.765
Studi e ricerche	€ 62.482	€ 93.722
Realizzaz. Sito web	€ 5.749	€ 5.666
Software	<u>€ 95</u>	<u>€ 193</u>
Totale immobilizzazioni immateriali nette	€ 725.074	€ 548.832
II) Immobilizzazioni materiali		
Terreni	€ 1.236.844	€ 1.236.844
Immobili e Fabbricati	€ 20.880	€ 20.880
Macchinari ed impianti	€ 222.415	€ 222.415
Attrezzatura varia	€ 20.050	€ 20.050
Mobili e arredi	€ 1.549	€ 1.549
Macchine elettroniche ufficio	€ 99.726	€ 80.971
Attrezzatura laboratorio	€ 100.350	€ 96.276
Altri beni	€ 3.808	€ 1.501
- Fondi ammortamento	<u>-€ 357.818</u>	<u>-€ 329.211</u>
Totale immobilizzazioni materiali nette	€ 1.347.804	€ 1.351.275
III) Immobilizzazioni finanziarie		
Partecipazioni	€ 7.000.000	€ 7.000.000
Versamento infruttifero	€ -	€ 1.000.000
Versamento c/aumento capitale partecipata	<u>€ 8.302.992</u>	<u>€ 7.302.992</u>
Totale immobilizzazioni finanziarie	€ 15.302.992	€ 15.302.992
B) TOTALE IMMOBILIZZAZIONI	€ 17.375.870	€ 17.203.098
C) ATTIVO CIRCOLANTE		
II) Crediti esigibili entro l'esercizio successivo:		
Contributi c/esercizio di competenza	€ 2.378.474	€ 2.315.910
Crediti verso l'Erario	€ 49.959	€ 33.916
Crediti v/s clienti	€ 173.791	€ 167.699
Fatture da emettere	€ 167.188	€ -
Rimborsi STU da ricevere	€ 320.054	€ 247.371
Crediti verso altri	<u>€ 27.480</u>	<u>€ 29.912</u>
Totale crediti	€ 3.116.946	€ 2.794.809
IV) Disponibilità liquide		
Depositi bancari	€ -	€ -
Denaro e valori in cassa	<u>€ 674</u>	<u>€ 218</u>
Totale disponibilità liquide	€ 674	€ 218
C) TOTALE ATTIVO CIRCOLANTE	€ 3.117.620	€ 2.795.027
D) RATEI E RISCONTI	€ 21.774	€ 670
	€ 21.774	€ 670
TOTALE ATTIVITA'	€ 20.515.264 =====	€ 19.998.795 =====



	31.12.2011 (importi espressi in euro)	31.12.2010 (importi espressi in euro)
<u>PASSIVO</u>		
<u>A) PATRIMONIO NETTO</u>		
Fondo di dotazione	€ 297.950	€ 297.950
Fondi da Fondazione Cariplo	€ 5.236.844	€ 5.236.844
Contrib.Regione Legge 31	€ 10.203.410	€ 10.203.410
Risultato gestionale esercizi precedenti	-€ 86.269	-€ 88.744
Arrotondamenti	€ -	€ -
Avanzo/(disavanzo) della gestione	€ 557	€ 2.475
	€ 15.652.492	€ 15.651.935
<u>C) TRATTAMENTO DI FINE RAPPORTO DI LAVORO SUBORDINATO</u>		
	€ 161.199	€ 134.097
<u>D) DEBITI CON SEPARATA INDICAZIONE DEGLI IMPORTI ESIGIBILI OLTRE L'ESERCIZIO SUCCESSIVO</u>		
Debiti verso banche	€ 3.990.010	€ 3.503.891
Debito vs fornitori	€ 221.537	€ 123.600
Debiti diversi	€ 64.169	€ 390.502
Debiti verso l'Erario	€ 70.113	€ 48.448
Debiti verso Enti Previdenziali	€ 35.803	€ 35.247
Debiti di competenza	€ 57.301	€ 62.927
Debiti vs la partecipata	€ -	€ -
	€ 4.438.933	€ 4.164.617
<u>E) RATEI E RISCONTI</u>		
	€ 262.640	€ 48.146
TOTALE PASSIVITA'	€ 20.515.264 =====	€ 19.998.795 =====
<u>CONTI D'ORDINE</u>		
-Impegni:		
- canoni leasing e prezzo di riscatto	€ -	€ -
- fidejussioni a terzi	€ 463.999 =====	€ 225.576 =====



	Esercizio 2011 (importi espressi in euro)	Esercizio 2010 (importi espressi in euro)
<u>PROVENTI ED ONERI</u>		
<u>PROVENTI</u>		
<u>CONTRIBUTI</u>		
Contributi da progetti	€ 765.923	€ 729.439
Contributi Fondazione Cariplo	€ -	€ -
Contributi B.P.V./B.P.L.	€ -	€ -
Contributi da Enti sostenitori	€ 300.000	€ 300.000
Contributi da Enti sostenitori di competenza	€ -	€ -
Contributi c/esercizio di competenza	<u>€ 1.074.072</u>	<u>€ 1.420.542</u>
	€ 2.139.995	€ 2.449.981
<u>PROVENTI DIVERSI</u>		
Incrementi immobilizzazioni	€ 299.078	€ 174.462
Rimborso oneri diversi	€ 248.214	€ -
Crediti imposta per ricerca	€ -	€ -
Corrispettivi per servizi	€ 12.804	€ 222.005
Proventi vari	€ 11.728	€ 2.072
Sconti, abbuoni attivi e diff. attive cambi	<u>€ 200</u>	<u>€ 173</u>
	€ 572.024	€ 398.712
<u>PROVENTI FINANZIARI</u>		
Interessi attivi c/c bancari	<u>€ 125</u>	<u>€ -</u>
	€ 125	€ -
<u>PROVENTI STRAORDINARI</u>		
Sopravvenienze attive	<u>€ 459</u>	<u>€ 19.113</u>
	€ 459	€ 19.113
<u>PROVENTI DA ATTIVITA' COMMERCIALE</u>		
Ricavi servizi diversi	€ 89	€ 5.000
Corrispettivi per servizi	€ 423.994	€ 406.806
Contributi da progetti	<u>€ -</u>	<u>€ -</u>
	€ 424.083	€ 411.806
TOTALE PROVENTI	<u>€ 3.136.686</u> =====	<u>€ 3.279.612</u> =====



	Esercizio 2011 (importi espressi in euro)	Esercizio 2010 (importi espressi in euro)
<u>ONERI</u>		
<u>ONERI DA ATTIVITA' TIPICA</u>		
<u>Oneri del personale</u>		
Costo del personale dipendente	€ 463.733	€ 461.396
Contributi previdenziali	€ 159.508	€ 142.874
Costi vari dipendenti	€ 86.055	€ 61.635
Prestito di personale	€ 38.458	€ -
Accantonamento fine rapporto	€ 34.389	€ 33.959
Collaborazioni a progetto	€ 640.843	€ 618.536
Contributi previdenziali collaboratori	€ 94.318	€ 93.101
TFR Previdenza complementare	<u>€ 1.776</u>	<u>€ -</u>
	€ 1.519.080	€ 1.411.501
<u>Costi per servizi</u>		
Spese progetti scientifici	€ 128.233	€ 159.298
Assicurazioni	€ 24.808	€ 25.129
Canone servizi internet	€ 2.404	€ 3.425
Consulenze tecniche	€ 15.449	€ 27.443
Manutenzione attrezzatura laboratorio	€ 4.079	€ 7.513
Spese per lavorazioni di terzi	<u>€ 30.809</u>	<u>€ 130.410</u>
	€ 205.782	€ 353.218
<u>Spese d'amministrazione</u>		
Servizi per utilizzo spazi e attrezzature	€ 479.127	€ 595.376
Spese legali e notarili	€ -	€ -
Consulenze professionali	€ 36.000	€ 63.487
Elaborazione paghe	€ 13.800	€ 10.552
Altre spese di amministrazione	€ -	€ -
Compensi organo di vigilanza e sindaci	<u>€ 38.606</u>	<u>€ 38.320</u>
	€ 566.813	€ 707.735
<u>Spese per organizzazione e partecipazione congressi e manifestazioni</u>		
	€ 12.453	€ 20.040
<u>Materiale di consumo per attività di ricerca</u>		
	€ 168.554	€ 225.603
<u>Spese generali</u>		
	€ 77.023	€ 74.205
<u>Oneri finanziari</u>		
Interessi passivi c/c	€ 88.342	€ 75.701
Altri interessi passivi	€ 55	€ 53
Commissioni bancarie	<u>€ 13.880</u>	<u>€ 16.679</u>
	€ 102.277	€ 92.433
<u>CANONI LOCAZIONE FINANZIARIA</u>		
Leasing macchinari e impianti	€ -	€ -
Oneri finanz.leasing	€ -	€ -
Noleggi	<u>€ 1.225</u>	<u>€ 633</u>
	€ 1.225	€ 633

	Esercizio 2011 (importi espressi in euro)	Esercizio 2010 (importi espressi in euro)
<u>AMMORTAMENTI</u>		
Immobilizzazioni materiali:		
Immobili e Fabbricati	€ 626	€ 626
Macchinari e impianti	€ 5.553	€ 8.344
Attrezzatura varia	€ 530	€ 1.413
Mobili e arredi ufficio	€ 223	€ 121
Macchine elettroniche ufficio	€ 6.637	€ 5.435
Altri beni	€ 221	€ 19
Attrezzatura laborarori	<u>€ 14.747</u>	<u>€ 14.442</u>
	€ 28.537	€ 30.400
Immobilizzazioni immateriali:		
Spese plur. Progetti scientifici	€ 92.649	€ 57.756
Studi e ricerche	€ 31.240	€ 31.241
Diritti di Brevetto	€ 6.094	€ 5.732
Realizzazione sito web	€ 3.917	€ 2.834
Programmi computers	<u>€ 98</u>	<u>€ 1.009</u>
	€ 133.998	€ 98.572
<u>ALTRI ONERI</u>		
Imposte e tasse deducibili	€ 558	€ 951
Imposte e tasse indeducibili	€ 3.846	
Imposte e tasse di competenza dell'esercizio	€ 28.982	€ 7.567
Oneri passivi diversi	<u>€ 113</u>	<u>€ 1.415</u>
	€ 33.499	€ 9.933
<u>CONTRIBUTI</u>		
Contributi alla partecipata	<u>€ -</u>	<u>€ -</u>
	€ -	€ -
<u>COSTI DA ATTIVITA' COMMERCIALE</u>		
Libri e riviste tecniche	€ 89	€ 7
Consulenze professionali e tecniche	€ 86.884	€ 15.167
Materiale di consumo ed accessori	€ 34.776	€ 66.584
Spese per lavorazioni di terzi	€ 3.018	€ 6.298
Spese varie	€ 9.713	€ 26.157
Ammortamento	€ 393	
Consulenze scientifiche	€ 2.700	€ 4.000
Servizi per utilizzo spazi e attrezzature	<u>€ 149.315</u>	<u>€ 134.650</u>
	€ 286.888	€ 252.863
TOTALE ONERI	€ 3.136.129	€ 3.277.137
AVANZO/(DISAVANZO) DELLA GESTIONE	€ 557	€ 2.475
TOTALE A PAREGGIO	€ 3.136.686	€ 3.279.612

Per il Consiglio di Amministrazione

Il Presidente - Avv. Pietro Foroni



FONDAZIONE PARCO TECNOLOGICO PADANO

§ § §

Nota Integrativa al rendiconto patrimoniale e gestionale per l'esercizio 2011

Signori Soci,

il rendiconto sottoposto alla Vs. attenzione per l'approvazione è stato redatto in conformità alle disposizioni degli artt. 2423 e seguenti del Codice Civile.

L'attività nel corso dell'esercizio 2011 si è svolta regolarmente ed il contenuto della stessa è illustrato nella relazione sulla gestione.

L'esercizio chiuso al 31 dicembre 2011 chiude con un risultato positivo di €. 557.

Al 31 dicembre 2011 la Fondazione aveva in organico undici dipendenti a tempo indeterminato, un dipendente a tempo determinato, cessato al 31/12/2011 e ventiquattro collaboratori a progetto di cui 5 cessati al 31/12/2011.

La presente nota integrativa è stata redatta ai sensi dell'art. 2427 del Codice Civile.

Gli importi sono espressi in euro.

Note al rendiconto patrimoniale

Criteri di valutazione

I criteri di valutazione adottati per la formazione del rendiconto sono conformi alle disposizioni dell'art. 2426 del Codice Civile e sono i medesimi del precedente esercizio.

Attività:

Le immobilizzazioni immateriali sono valutate al costo, al netto degli ammortamenti cumulati: le stesse sono costituite dalle spese sostenute per la realizzazione del software, dalle spese sostenute per l'acquisto di brevetti, dai costi ad utilizzo pluriennale e dalla capitalizzazione dei costi relativi a "studi e ricerche" ed alle spese pluriennali per progetti scientifici.



Descrizione	Saldo al 31/12/2010 (valore netto)	Incrementi/ Decrementi	Ammor.to dell'esercizio 2011	Saldo al 31/12/2011 (valore netto)
Software	193	-	98	95
Diritti di brevetto	43.765	7.555	6.487	44.833
Realizzazione sito web	5.666	4.000	3.917	5.749
Studi e ricerche	93.722	-	31.240	62.482
Spese pluriennali per progetti scientifici	405.486	299.078	92.649	611.915
Immobilizzazioni immateriali nette	548.832	310.633	134.391 (*)	725.074

(*) la voce è composta dalle quote di ammortamento dell'anno di euro 133.998 oltre ad euro 393 di ammortamento riclassificato nei costi dell'attività commerciale

In particolare i costi capitalizzati, in ottemperanza ai principi contabili, si riferiscono alle attività di ricerca non finanziata che verrà sfruttata principalmente in tre ambiti:

- erogazione di servizi commerciali e studi derivanti dal know how delle ricerche;
- possibilità di utilizzo delle attività sviluppate negli ambiti della ricerca come base per nuove richieste di finanziamento;
- deposito di nuove domande di brevetto e loro proposizione come out-licensing o vendita.

I progetti sono certi, definiti e con durata pluriennale, ed è stato predisposto un fascicolo per ogni progetto contenente le indicazioni ricavate dalla contabilità analitica relative ai costi sostenuti nell'esercizio oltre ad una documentazione tecnico-scientifica sottoscritta dal capo progetto.

Le immobilizzazioni materiali sono valutate al costo di acquisto, con separata indicazione del fondo di ammortamento; la loro movimentazione nel corso dell'esercizio è stata la seguente:

Descrizione	Saldo al 31/12/2010	Incrementi/ Decrementi	Saldo al 31/12/2011	Ammor.to dell'esercizio 2011
Terreni	1.236.844	-	1.236.844	-
Immobili e Fabbricati	20.880	-	20.880	626
Macch. e impianti	222.415	-	222.415	5.553
Attrezz. Varia	20.050		20.050	530
Mobili e arredi	1.549		1.549	223
Macch. elettr. ufficio	80.971	18.755	99.726	6.637
Attrezz. laboratorio	96.275	4.075	100.350	14.747
Altri beni	1.501	2.307	3.808	221
Totali	1.680.485	25.137	1.705.622	
F.di ammortamento	-329.211	28.607	-357.818	
Immobilizzazioni materiali nette	1.351.274	3.470	1.347.804	28.537

Gli ammortamenti sono stati calcolati tenendo conto della residua vita utile dei beni ammortizzabili, le aliquote applicate sono le seguenti:

- immobili e fabbricati: 3%,
- macchinari e impianti: 15%,
- attrezzatura varia: 15%,
- mobili e arredi: 12%,
- macchine elettroniche ufficio: 20%,
- attrezzatura di laboratorio: 15%,
- costi pluriennali: 20%,
- studi e ricerche: 20%,
- software: 33,34%.



Le immobilizzazioni finanziarie, pari ad €. **15.302.992**, sono iscritte al costo e si riferiscono alla sottoscrizione del 100% del capitale sociale della controllata "Parco Tecnologico Padano S.r.l.", (€. 7.000.000), ed ai finanziamenti del socio in conto futuro aumento del capitale sociale apportati fino al 31 dicembre 2011.

I dati sintetici della partecipata, relativi all'ultimo bilancio chiuso al 31.12.2011 e approvato dal Consiglio di amministrazione sono i seguenti:

Totale attività	€.	21.406.887
Totale passività	€.	8.642.732
Totale patrimonio netto	€.	12.764.155
Perdita dell'esercizio 2011 (già compresa nel Patrimonio Netto)	€.	- 272.337

Si ritiene che il valore della partecipazione, pur ridotto dalle perdite, sia in futuro recuperabile e quindi vi siano i presupposti per mantenere invariato il valore del costo iscritto nelle immobilizzazioni finanziarie.

Al proposito si riportano di seguito alcuni indici della partecipata.

L'Ebitda, che rappresenta il reddito lordo identificato prima della detrazione di interessi passivi, imposte sul reddito, ammortamenti e svalutazione delle immobilizzazioni, è positivo e pari ad euro 977.156; il margine di disponibilità (attivo a breve – passivo a breve) è negativo e pari ad euro 2.634.603, tuttavia l'equilibrio finanziario rappresentato dall'indice di indebitamento (capitale investito / patrimonio netto) indica il valore di 1,68, ben al di sotto del valore di 3 considerato il valore limite di buon equilibrio finanziario.

Nel bilancio consolidato, alla redazione del quale la Fondazione non è obbligata per legge, ma che normalmente viene presentato come documento aggiuntivo al Consiglio di Amministrazione, è comunque evidenziata l'esatta consistenza patrimoniale della Fondazione e della partecipata.

Da ultimo si precisa che una valutazione effettuata in data 26 aprile 2011 da perito indipendente ha attestato che il valore immobiliare iscritto tra le attività della società partecipata è di circa €. 16.100.000, tale immobile è iscritto nel bilancio della S.r.l. partecipata al 31.12.2011 per il valore, al netto degli ammortamenti cumulati, di €. 14.300.479.

Quindi la partecipata continua ad incorporare un plusvalore latente, rappresentato dal maggior valore dell'immobile, pari a circa €. 1.800.000.

I crediti sono valutati secondo il presumibile valore di realizzo e sono tutti esigibili entro l'esercizio successivo.

I crediti per contributi in conto esercizio di competenza ammontano ad euro **2.378.474** e sono relativi a finanziamenti per progetti per euro 1.778.474 ed a contributi dei Soci Fondatori per sostegno delle attività di ricerca e sviluppo per euro 600.000 come da convenzione triennale (2009-2010-2011).

Nella tabella seguente i crediti per contributi in conto esercizio di competenza per progetti:

COMMESSA	TITOLO PROGETTO	COMPETENZA PER ANNO					
		2006	2007	2008	2009	2010	2011
IZLERO3	Progetto sullo studio della zoonosi del suino	11.000					
MIUR - FISR SAFE-EAT	Metodi e sistemi per aumentare la sicurezza nell'agroalimentare		103.833	103.000	11.000		
MIPAAF - VALORYZA	Strategie innovative competitività e sicurezza riso italiano				9.367		
Comune di Milano - ALIMENTA2009	Sviluppo incubatore d'impresa – Anno 2				100.000		
Provincia di Lodi - BIODIVERSIPEDIA	Un fiore per ogni campanile				49.000		
Fondazione Cariplo - NATURA 2000	Redazione integrata dei piani di gestione dei siti Natura 2000				28.198		
MIUR - FIRB PIATTAFORMA	Piattaforma per la genomica nel settore vegetale e zootecnico					37.592	
MIPAAF - SAFRUMENTO	Mappaggio ad alta risoluzione del cromosoma 5A					16.516	33.033
Regione Lombardia - SOLANA124	Nuovi prodotti a base di pomodori pelati cubettati					2.000	
Fondazione Cariplo - DRYRICE	Sviluppo di varietà di riso tolleranti alla carenza idrica per una risicoltura ecosostenibile					52.000	110.000
Regione Lombardia - ACADEMY	Laboratorio formative di eccellenza nella filiera agroalimentare					19.486	13.368
Comune di Milano - ALIMENTA2010	Sviluppo incubatore d'impresa – Anno 3					54.150	
Regione Lombardia - BUFFALOSNP	Progetto di cooperazione scientifica internazionale Italia-Brasile					52.260	156.780
Regione Lombardia - AVIFLU	Progetto di cooperazione scientifica internazionale Italia-Israele					25.000	100.000
UE (Programma MED) - HIDDEN	Innovative Initiatives for SMEs					30.000	90.000
MIPAAF - DRUPOMICS	Sequenziamento genoma pesco						54.133
Regione Lombardia, Fondazione Cariplo, Fondazione BPL - PROZOO	Applicazione della genomica alla risoluzione di problemi in bovini e suini						144.580
Fondazioni bancarie - AGER GRANO	Progetto "From Seed To Pasta"						43.238
Regione Lombardia - BIOGESTECA	Piattaforma di biotecnologie verdi per sistema agricolo sostenibile						18.940

Comune di Milano - ALIMENTA2011	Sviluppo incubatore d'impresa – Anno 2011						200.000
EXPO/Cariplo/Centro padana/BPL - VLEXPO	Le vie lombarde per EXPO						40.000
MIUR - CEPR 2011	Contributo Enti Privati di Ricerca – Anno 2011						70.000
Totale		11.000	103.833	103.000	197.565	289.004	1.074.072

Nella tabella seguente i crediti per contributi in conto esercizio di competenza, di euro 600.000, per impegni dei Soci Fondatori per il sostegno delle attività di ricerca e sviluppo della Fondazione:

ENTE SOSTENITORE	COMPETENZA PER ANNO				
	2007	2008	2009	2010	2011
Comune di Lodi	-	-	-	100.000	100.000
Provincia di Lodi	100.000	-	100.000	100.000	100.000
Totale	100.000	-	100.000	200.000	200.000

I crediti verso l'Erario, pari ad **euro 49.959**, si riferiscono principalmente al credito d'imposta per le spese di ricerca e sviluppo maturato ai sensi degli art. 1, commi da 280 a 284, Legge n. 296/2006, art. 1, comma 66, Legge n. 244/2007 e Decreto Interministeriale 28.3.2008, n. 76, e pari ad euro 11.371, al credito verso l'Erario per IVA per euro 30.324, agli acconti IRAP ed IRES per euro 7.894 e ad altri crediti di minore importo per complessivi euro 370.

I crediti verso clienti, pari ad **euro 173.791**, sono iscritti al presumibile valore di realizzo; non si è ritenuto necessario procedere all'iscrizione tra le passività di un fondo svalutazione.

Il credito di **euro 320.054** rappresenta l'importo degli anticipi effettuati per conto della STU (Società di Trasformazione Urbana) su richiesta dell'Ente Comune di Lodi. La costituenda STU si occuperà della costruzione degli edifici didattici e di ricerca delle Facoltà di Veterinaria e di Agraria dell'Università degli Studi di Milano come previsto nel terzo Accordo di Programma per il "Polo dell'Università e della Ricerca di Lodi" siglato in data 23 Febbraio 2009. I costi anticipati dalla Fondazione verranno rimborsati dalla STU alla costituzione che dovrebbe avvenire entro l'esercizio 2011 a seguito della sottoscrizione già avvenuta del protocollo di intesa tra gli enti sottoscrittori dello stesso Accordo di Programma.



I "crediti verso altri" sono pari ad **euro 27.480** e sono rappresentati da:

Rimborsi da ricevere	€.	25.168
Credito vs INAIL		2.163
Credito vs INPS	"	149
Totale	€.	27.480

I crediti per rimborsi pari a **euro 25.168** sono relativi all'esecuzione dello studio di fattibilità per il Bio&Food Park anticipati dalla Fondazione Parco Tecnologico Padano su richiesta di Comune, Provincia e Camera di Commercio di Lodi, e verranno rimborsati all'avvio del progetto Bio&Food Park dalla società che sarà incaricata dello sviluppo operativo o, in caso di non esecuzione del progetto, dagli stessi enti pubblici committenti.

Le disponibilità liquide, pari ad **euro 674**, sono valutate al valore nominale e sono relative a:

Disponibilità di cassa	€.	674
Totale	€.	674

I risconti attivi sono pari ad **euro 21.774**.

Passività:

Il trattamento di fine rapporto di lavoro subordinato esprime il debito al 31.12.2011 nei confronti dei dipendenti per il trattamento di quiescenza ed ammonta ad **euro 161.199**; la movimentazione nel corso dell'esercizio è stata la seguente:

	31.12.2010	Aumenti	Diminuzioni	31.12.2011
Fondo T.F.R.	134.097	34.389	7.287	161.199

I debiti sono iscritti al loro valore nominale e sono tutti esigibili entro l'esercizio successivo.

Debiti verso Istituti di Credito:

Banca Popolare di Lodi	€.	1.390.665
Monte dei Paschi Siena	"	66.570



Intesa Sanpaolo	"	350
BCC Laudense	"	746.774
BCC Centropadana Credito Cooperativo	"	293.793
Banca Prossima	"	1.491.858
Totale	€.	3.990.010

I debiti verso fornitori sono pari ad euro 221.537

I debiti diversi, pari ad euro 64.169, sono composti dai debiti verso creditori diversi.

I debiti verso l'Erario per euro 70.113 sono così dettagliati:

Ritenute IRPEF dipendenti	€.	35.379
Imposta sostitutiva su TFR	"	257
Erario per ritenute d'acconto	"	5.495
Imposte dell'esercizio	"	28.982
Totale	€.	70.113

I debiti verso Enti Previdenziali per euro 35.803 si riferiscono ai debiti verso gli enti di previdenza maturati relativamente al personale dipendente.

I debiti di competenza per euro 57.301 sono relativi a:

Debiti verso personale dipendente per ferie e permessi	€.	28.836
Debiti verso personale dipendente per 14esima	"	15.568
Debiti verso personale dipendente per contributi 14esima		12.897
Totale	€.	57.301



I ratei e risconti passivi per euro 262.640 sono determinati con il criterio della competenza temporale e si riferiscono a componenti negativi di competenza dell'anno 2011 per i ratei ed a componenti positivi di competenza dell'esercizio 2012 per i risconti:

Ratei passivi	€.	15.449
Risconti passivi	"	247.191
Totale ratei passivi	€.	262.640

Composizione del Patrimonio Netto:

Il Patrimonio Netto della Fondazione al 31.12.2011 risulta così composto:

	31.12.2010	31.12.2011	Incr/Decr.
Fondo di dotazione	297.950	297.950	-
Fondi da Fondazione Cariplo	5.236.844	5.236.844	-
Contributi Regione Lombardia Legge 31	10.203.410	10.203.410	-
Risultati di gestione degli esercizi precedenti	(88.744)	(86.269)	2.475
Risultato di gestione dell'esercizio in corso	2.475	557	(1.918)
<i>Arrotondamenti</i>	-	-	- 1
Totale	15.651.935	15.652.492	557

I Fondi da Fondazione Cariplo rappresentano le somme erogate per l'acquisizione del terreno di proprietà sul quale è stato realizzato il Centro di Ricerca e dai contributi erogati nel corso del 2007.

L'importo di euro 10.203.410 si riferisce al contributo erogato al 31.12.2011 dalla Regione Lombardia per la realizzazione del Centro di Ricerca.

Ai sensi dell'art. 2427 n. 7 bis) c.c. si precisa che i fondi ed i contributi costituenti il patrimonio netto della Fondazione non sono disponibili, né distribuibili.



Note al rendiconto gestionale

Proventi e oneri della gestione

I proventi e gli oneri sono stati contabilizzati secondo il criterio della competenza temporale.

Tra i proventi:

I contributi ammontano in totale ad euro 2.139.995. Di questi euro 1.839.995 sono relativi a contributi da progetti dell'esercizio 2011 (di cui euro 765.923 già ricevuti ed euro 1.074.072 da ricevere) ed euro 300.000 sono relativi a contributi dei Soci Fondatori per sostegno delle attività di ricerca e sviluppo come da convenzione triennale (2009-2010-2011).

Contributi da progetti:

COMMESSA	TITOLO PROGETTO	Importo in euro
UE - EURIGEN	Genotyping for the conservation and valorization of EU rice	11.391
MIPAAF -DRUPOMICS	Sequenziamento genoma pesco	18.674
Regione Lombardia, Fondazione Cariplo, Fondazione BPL -PROZOO	Applicazione della genomica alla risoluzione di problemi in bovini e suini	316.419
Fondazioni bancarie -AGER GRANO	Progetto "From Seed To Pasta"	19.262
Regione Lombardia - BIOGESTECA	Piattaforma di biotecnologie verdi per sistema agricolo sostenibile	59.395
Fondazioni bancarie – AGER RISINNOVA	Sistemi integrati per rinnovo varietale filiera risicola italiana	138.889
Fondazioni bancarie – AGER SUINO	Advanced research in genomics and processing technologies for the Italian heavy pig production chain	126.743
Fondazioni bancarie – AGER IV GAMMA	Novel strategies meeting the needs of the fresh-cut vegetable sector	42.000
MIPAAF - INNOVAGEN	Ricerca e INNOVAzione nelle attività di miglioramento GENetico	29.700
UE – MOZ981	Progetto di cooperazione in Mozambico	3.450
Totale		765.923

**Contributi da Enti sostenitori:**

ENTE SOSTENITORE	Importo in euro
Comune di Lodi	100.000
Provincia di Lodi	100.000
Camera di Commercio di Lodi	100.000
Totale	300.000

Contributi c/esercizio di competenza:

COMMESSA	TITOLO PROGETTO	Importo in euro
MIPAAF -5AFRUMENTO	Mappaggio ad alta risoluzione del cromosoma 5A	33.033
Fondazione Cariplo - DRYRICE	Sviluppo di varietà di riso tolleranti alla carenza idrica per una risicoltura ecosostenibile	110.000
Regione Lombardia - ACADEMY	Laboratorio formative di eccellenza nella filiera agroalimentare	13.368
Regione Lombardia - BUFFALOSNP	Progetto di cooperazione scientifica internazionale Italia-Brasile	156.780
Regione Lombardia - AVIFLU	Progetto di cooperazione scientifica internazionale Italia-Israele	100.000
UE (Programma MED) - HIDDEN	Innovative Initiatives for SMEs	90.000
MIPAAF -DRUPOMICS	Sequenziamento genoma pesco	54.133
Regione Lombardia, Fondazione Cariplo, Fondazione BPL -PROZOO	Applicazione della genomica alla risoluzione di problemi in bovini e suini	144.580
Fondazioni bancarie -AGER GRANO	Progetto "From Seed To Pasta"	43.238
Regione Lombardia - BIOGESTECA	Piattaforma di biotecnologie verdi per sistema agricolo sostenibile	18.940
Comune di Milano - ALIMENTA2011	Sviluppo incubatore d'impresa – Anno 2011	200.000
EXPO/Cariplo/Centropadana/BPL - VLEXPO	Le vie lombarde per EXPO	40.000
MIUR - CEPR 2011	Contributo Enti Privati di Ricerca – Anno 2011	70.000
Totale		1.074.072



La capitalizzazione delle spese sostenute per progetti scientifici per **euro 299.078**, in ossequio alle norme dettate dai Principi Contabili, si riferisce a costi pluriennali che non esauriscono la loro utilità nell'esercizio ma che produrranno benefici economici futuri.

I proventi dell'attività commerciale e della vendita di servizi si riferiscono alle attività svolte dal laboratorio accreditato Piattaforma genomica nel settore della diagnostica molecolare oltre a studi commissionati dal settore privato e da altri enti di ricerca. I suddetti proventi ammontano complessivamente ad **euro 423.994**, l'attività commerciale è comunque svolta a favore ed a beneficio dell'attività istituzionale.

I corrispettivi per servizi per **euro 12.804** si riferiscono principalmente al contributo che è stato erogato nel corso dell'esercizio dall'ente americano USDA per lo svolgimento di un progetto di ricerca nell'ambito dell'attività istituzionale della Fondazione.

Tra gli oneri:

Spese generali:

illuminazione forza motrice	€.	731
Acqua e riscaldamento	€.	71
Abbonamenti giornali e riviste	€.	938
Carburante	€.	1.490
Servizi catering	€.	7.651
Spese di pubblicità	€.	10.050
Spese omaggi e regalie	€.	150
Spese per servizi di pulizia	€.	40
Spese telefoniche	€.	12.442
Spese postali e telegrafiche	€.	7.496
Spese di cancelleria	€.	1.261
Rimborsi spese collaboratori	€.	4.266
Manutenzione	€.	1.200
Beneficenza e liberalità	€.	50
Generali varie	€.	2.381
Quote associative	€.	16.246
Utensileria varia e minuta	€.	86



Contravvenzioni e multe	€.	90
Attrezzatura minuta	€.	4.276
Sopravvenienze passive	€.	3.392
Spese legali e notarili	€.	60
Spese condominiali	€.	2.656
Totale	€.	77.023

Imposte e tasse di competenza dell'esercizio:

Sono state accantonate le imposte di competenza dell'esercizio e pari ad euro 8.412 per IRAP ed euro 20.570 per IRES.

I.R.A.P. dell'esercizio	€.	8.412
I.R.E.S. dell'esercizio	"	20.570
Totale	€.	28.982

§ § §

Informativa ai sensi dell'art. 2427 n. 22 bis e n. 22 ter C.C.

Tra la Fondazione e la partecipata Parco Tecnologico Padano S.r.l. vi sono i seguenti rapporti:

Stato Patrimoniale

	Fondazione Parco Tecnologico Padano	Parco Tecnologico Padano S.r.l.
Crediti	125.906	-
Debiti	-	125.906

I saldi originano da operazioni di prestito di personale infragruppo nell'ambito dell'attività istituzionale dei due enti per lo svolgimento dei progetti.

Conto economico

	Operazioni attive della Fondazione Parco Tecnologico Padano	Operazioni attive del Parco Tecnologico Padano S.r.l.
Corrispettivi per servizi	33.498	-
Ricavi derivanti da spazi per l'utilizzo Edificio Centro per la Ricerca	-	530.898
Rimborso oneri diversi	-	48
Prestito del personale	245.302	81.437

Informativa sul D. Lgs. 196/2003

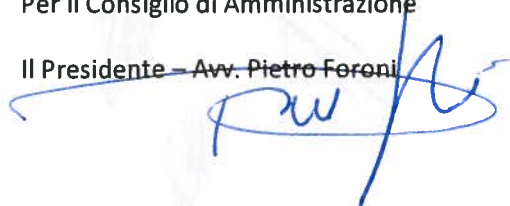
Il documento è stato aggiornato alla data del 31 marzo 2010.

Signori Soci, Vi invitiamo quindi ad approvare il rendiconto patrimoniale e gestionale dell'esercizio 2011 così come predisposto.

Lodi, 27 aprile 2012

Per il Consiglio di Amministrazione

Il Presidente – Avv. Pietro Feroni



FONDAZIONE PARCO TECNOLOGICO PADANO
VIA EINSTEIN LOC. CASCINA CODAZZA - 26900 LODI
P.IVA 06081870965 C.F. 92536730150

.....
RELAZIONE DEL COLLEGIO DEI REVISORI SUL BILANCIO DI
ESERCIZIO AL 31 DICEMBRE 2011
.....

Signori Soci,

abbiamo esaminato il bilancio consuntivo 2011 corredato dalla nota integrativa e dalla relazione sulla gestione di accompagnamento, predisposto dall'Organo Amministrativo, approvato nel corso della riunione del 12 aprile 2012, e da questo messi a disposizione del Collegio dei Revisori.

FUNZIONI DI VIGILANZA

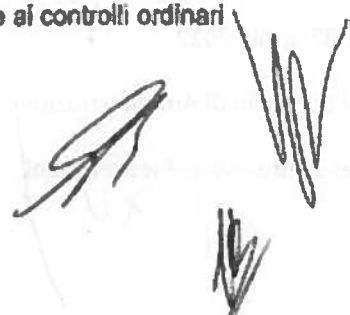
Nel corso dell'esercizio chiuso al 31 dicembre 2011 abbiamo vigilato sull'osservanza della legge e dell'atto costitutivo e sul rispetto dei principi di corretta amministrazione utilizzando, nell'espletamento dell'incarico, i suggerimenti indicati nelle "Norme di comportamento del Collegio Sindacale raccomandate dai Consigli Nazionali dei Dottori Commercialisti e dei Ragionieri".

Il Collegio dei Revisori, nel corso dell'esercizio chiuso al 31 dicembre 2011, ha effettuato n. 4 riunioni collegiali per verifiche di competenza. Si sono tenuti scambi di informazioni tra il Revisore legale dei Conti dottor Andrea Traverso, l'Organismo di Vigilanza, il Collegio Sindacale della Società Controllata e questo Collegio dei Revisori.

Nello svolgere l'attività di controllo il Collegio dei Revisori ha mantenuto stretti contatti con gli organi della Società.

Le informazioni relative alle operazioni di maggior rilievo e in genere all'attività svolta, ci sono state fornite in maniera adeguata e continua dal Consigliere Delegato.

Abbiamo effettuato periodiche verifiche con la partecipazione del responsabile amministrativo della Società. Nell'ambito di dette verifiche, oltre ai controlli ordinari di legge, si è provveduto al reciproco scambio di informazioni.



Abbiamo partecipato a tutte le riunioni del Consiglio d'Amministrazione e alle assemblee dei soci e del Comitato Esecutivo, potendo assicurare con ragionevolezza che quanto è stato deliberato è conforme alle norme di legge e statutarie.

Abbiamo preso visione della relazione dell'Organismo di Vigilanza, abbiamo acquisito informazioni e non sono emerse criticità rispetto alla corretta attuazione del Modello Organizzativo D.lgs 231/2001, che è stato approvato ed adottato dal consiglio di amministrazione, nella sua forma revisionata ed aggiornata, nella seduta dell'1 dicembre 2011 unitamente al codice etico, al documento di organizzazione, al sistema sanzionatorio e al manuale delle procedure.

Particolare attenzione è stata prestata alle operazioni in potenziale conflitto di interessi.

Il Collegio si è dedicato in modo particolare alle verifiche di sua competenza circa l'adeguatezza della struttura organizzativa, del sistema di controllo interno e del sistema amministrativo contabile.

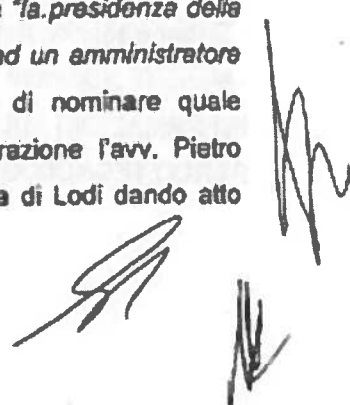
INFORMAZIONI SULL'ATTIVITA' E OPERAZIONI DI MAGGIOR RILIEVO

Periodicamente abbiamo ottenuto dal Consigliere Delegato informazioni sull'attività svolta e sulle operazioni di maggior rilievo economico, finanziario e patrimoniale effettuate dalla Fondazione e possiamo ragionevolmente affermare che le azioni deliberate e poste in essere sono conformi alla legge ed allo statuto sociale e non appaiono manifestamente imprudenti, azzardate, in potenziale conflitto di interesse o in contrasto con le delibere assunte o tali da compromettere l'integrità del patrimonio sociale.

Le operazioni di maggior rilievo effettuate nell'esercizio si possono così riassumere:

- L'Assemblea dei Soci Fondatori del 28 aprile 2011 ha preso atto e accettato le dimissioni del Dr. Lorenzo Guerini dalla carica di Presidente della Fondazione.

Nella stessa seduta l'Assemblea dei Soci Fondatori richiamato l'art. 8 comma 1 dello Statuto della Fondazione nella parte in cui prevede che *"la presidenza della Fondazione e del Consiglio di Amministrazione è riservata ad un amministratore nominato direttamente dai Soci Fondatori"* ha deliberato di nominare quale Presidente della Fondazione e del Consiglio di Amministrazione l'avv. Pietro Foroni, legale rappresentante del Socio Fondatore Provincia di Lodi dando atto



che la carica del Presidente scadrà il 29 luglio 2012, contestualmente alla scadenza del Consiglio di Amministrazione.

- Il Consiglio di Amministrazione nella riunione del 28 aprile 2011 ha ratificato la nomina, quale Presidente della Fondazione e del Consiglio di Amministrazione, dell'avv. Pietro Foroni, ed ha nominato quale Vicepresidente della Fondazione e del Consiglio di Amministrazione il dottor Lorenzo Guerini, legale rappresentante del Socio Fondatore Comune di Lodi, confermandone i poteri attribuiti al Presidente in caso di sua assenza o impossibilità a svolgere il proprio mandato.

- Il Consiglio di Amministrazione nella riunione del 28 aprile 2011 ha deliberato la nomina, quali componenti l'Organo di Vigilanza per il triennio 2011 – 2013 i signori:

-Giordano Massa - Presidente

-Salvino Nupieri - Membro effettivo

-Basile Emanuele- Membro effettivo

- Il Consiglio di Amministrazione inoltre nella riunione del 28 aprile 2011 ha deliberato di chiedere la retrocessione delle aree concesse nel 2001 a titolo gratuito in diritto di superficie all'Associazione Provinciale degli Allevatori di Lodi-Milano e all'Associazione Regionale Allevatori della Lombardia.

- Il Consiglio di Amministrazione nella riunione del 9 maggio 2011 ha deliberato di affidare l'incarico di revisione legale dei conti per gli esercizi 2011 -2012 – 2013 allo studio Traverso & Partners Dottori Commercialisti di Genova, revisore responsabile dott. Andrea Traverso

- Il Consiglio di Amministrazione nella seduta dell' 1 dicembre 2011 ha deliberato di approvare ed adottare il modello organizzativo ai sensi del D.lgs 231/2001, nella sua nuova forma aggiornata in relazione all'inserimento di nuovi resti, comprendente i seguenti documenti:

- Modello organizzativo

- Codice etico

- Organizzazione Parco Tecnologico Padano

- Sistema sanzionatorio

- Manuale procedure.

INFORMAZIONI SULLE SOCIETA' CONTROLLATE

PARCO TECNOLOGICO PADANO S.r.L. – PARTECIPAZIONE 100%

La partecipazione è iscritta al costo pari ad € 7.000.000 e a favore della società controllata è stato effettuato un finanziamento in conto futuro aumento di capitale di € 8.302.992.

Abbiamo scambiato informazioni con i sindaci della società controllata e non sono emersi dati o informazioni rilevanti che debbano essere evidenziati nella presente relazione.

ADEGUATEZZA DELLA STRUTTURA ORGANIZZATIVA

Per quanto di nostra competenza abbiamo verificato e vigilato sull'adeguatezza della struttura organizzativa della società, sul rispetto dei principi di corretta amministrazione e sull'adeguatezza delle disposizioni impartite, tramite raccolta di informazioni dai responsabili delle funzioni.

Alla data del 31 dicembre 2011 l'organico della società era composto da n. 38 risorse, di cui n. 12 dipendenti diretti e n. 24 collaboratori dei quali n. 1 dipendente diretto e n. 5 collaboratori hanno cessato il loro rapporto con la Fondazione in data 31 dicembre 2011.

OPERAZIONI CON PARTI CORRELATE .

Dalla Relazione degli Amministratori e dalle verifiche dirette del Collegio dei revisori, non si evidenzia alcuna operazione atipica o inusuale tale cioè da suscitare dubbi circa la correttezza dell'informazione in bilancio, il conflitto di interesse, la salvaguardia del patrimonio aziendale.

Non vi sono state operazioni atipiche o inusuali né con soggetti terzi, né con società del partecipate, né con parti correlate. Il Collegio dei Revisori ritiene che le operazioni con parti correlate siano state effettuate nell'interesse della Fondazione..

FATTI NUOVI DI RILIEVO INTERVENUTI DOPO LA CHIUSURA DELL'ESERCIZIO

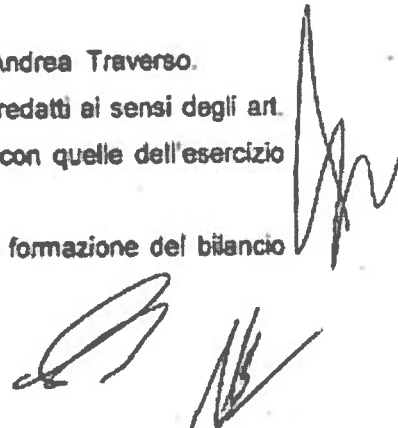
Non si sono verificati fatti di rilievo dopo la chiusura dell'esercizio.

FUNZIONI DI CONTROLLO CONTABILE

La funzione di revisore legale dei conti compete al dottor Andrea Traverso.

Lo Stato Patrimoniale ed il Conto Economico sono stati redatti ai sensi degli art. 2423 e seguenti del C.C. raffrontando le singole poste con quelle dell'esercizio precedente.

Per quanto attiene ai criteri di valutazione adottati nella formazione del bilancio



chiuso al 31 dicembre 2011, diamo atto che sono conformi a quanto previsto dall'art. 2426 C.C. e non differiscono da quelli seguiti nella redazione del bilancio del precedente esercizio nelle valutazioni e nella continuità dei medesimi principi.

In particolare, per ciò che concerne i criteri di valutazione si precisa che:

- le immobilizzazioni immateriali sono state iscritte al costo di acquisto e sono costituite da spese per la realizzazione di software, spese per brevetti e dalla capitalizzazione di costi relativi a progetti ben definiti di durata pluriennale e che dovranno essere recuperabili, come dichiarato anche dagli amministratori, tramite ricavi futuri.

CONCLUSIONI

Il Collegio dei Revisori non ha osservazioni in merito al rispetto dei principi di corretta amministrazione.

Non vi sono osservazioni sull'adeguatezza della struttura organizzativa.

Il Collegio dei Revisori valuta il sistema amministrativo contabile sufficientemente adeguato.

Sulla corretta amministrazione, adeguatezza della struttura e sul documento programmatico sulla sicurezza D.lgs 198/2003 non sono pervenuti rilievi.

Non sono pervenute al Collegio dei Revisori denunce ex art. 2408 c.c.

Il Collegio dei Revisori quindi, sulla base di quanto sin qua esposto e nell'ambito dei profili di propria competenza, esprime pertanto parere favorevole all'approvazione della bozza di bilancio così come predisposto dall'Organo Amministrativo con la proposta di portare a nuovo l'avanzo di gestione di 557 euro.

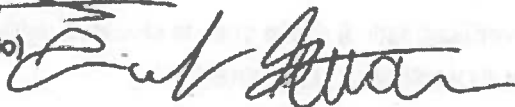
Lodi, 16 aprile 2012

Il Collegio dei Revisori

(Massa rag. Giordano)

(Boselli dottor Giulio)

(Ferrari rag. Riccardo Angelo)





TRAVERSO & PARTNERS
dottori commercialisti

RELAZIONE DI REVISIONE LEGALE DEI CONTI (ex Art. 14 D.Lgs. 39/2010)

All'Assemblea dei Soci
della Fondazione Parco Tecnologico Padano

1. Abbiamo svolto la revisione legale dei conti del rendiconto d'esercizio della Fondazione Parco Tecnologico Padano al 31 dicembre 2011. La responsabilità della redazione del rendiconto in conformità alle norme che ne disciplinano i criteri di redazione compete agli amministratori della Fondazione Parco Tecnologico Padano. È nostra la responsabilità del giudizio professionale espresso sul rendiconto e basato sulla revisione legale dei conti.
2. Il nostro esame è stato condotto secondo gli statuiti principi di revisione. In conformità ai predetti principi, la revisione è stata svolta al fine di acquisire ogni elemento necessario per accertare se il rendiconto sia viziato da errori significativi e se risulti, nel suo complesso, attendibile. Il procedimento di revisione legale dei conti è stato svolto in modo coerente con la dimensione della società e con il suo assetto organizzativo. Esso comprende l'esame, sulla base di verifiche a campione, degli elementi probativi a supporto dei saldi e delle informazioni contenuti nel rendiconto, nonché la valutazione dell'adeguatezza e della correttezza dei criteri contabili utilizzati e della ragionevolezza delle stime effettuate dagli amministratori. Riteniamo che il lavoro svolto fornisca una ragionevole base per l'espressione del nostro giudizio professionale.

Per il giudizio relativo al rendiconto dell'esercizio precedente, i cui dati sono presentati a fini comparativi, secondo quanto richiesto dalla legge, si fa riferimento alla relazione da noi emessa in data 21 marzo 2011.

3. A nostro giudizio, il soprammenzionato rendiconto è conforme alle norme che ne disciplinano i criteri di redazione; esso pertanto è stato redatto con chiarezza e rappresenta in modo veritiero e corretto la situazione patrimoniale e finanziaria e il risultato economico della Fondazione Parco Tecnologico Padano per l'esercizio chiuso al 31 dicembre 2011.
4. La responsabilità della redazione della relazione gestionale in conformità a quanto previsto dalle norme di legge compete agli amministratori della Fondazione Parco Tecnologico Padano. È di nostra competenza l'espressione del giudizio sulla coerenza della relazione gestionale con il rendiconto. A tal fine, abbiamo svolto le procedure indicate dal principio di revisione n. 001 emanato dal Consiglio Nazionale dei Dottori Commercialisti e degli Esperti Contabili e raccomandato dalla Consob. A nostro giudizio la relazione gestionale è coerente con il rendiconto della Fondazione Parco Tecnologico Padano al 31 dicembre 2011.

Milano, dodici aprile duemiladodici

Andrea E. Traverso
Revisore legale dei conti

GIUNOYA

VIA SAN VINCENZO 2 PIANO 5 - CAP 16121
TEL. 010 5305401 - FAX 010 5536949
E-MAIL: info@traversoandpartners.eu

MILANO

FORO BUONAPARTE 46 - CAP 20121
TEL. 02 73023990 - FAX 02 66910178
E-MAIL: milano@traversoandpartners.eu

