

**Parco
Tecnologico
Padano**

La ricerca si fa impresa

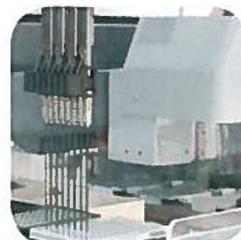
Entrepreneurial research in ag-biotech

Parco Tecnologico Padano S.r.l.

“Società soggetta alla direzione e coordinamento
della Fondazione Parco Tecnologico Padano”

Bilancio d’esercizio per l’anno 2011

Codice Fiscale e Partita IVA 03575650969





BOZZA DI DELIBERA

Il Presidente dà lettura del bilancio chiuso al 31.12.2011 e della nota integrativa, spiegandone le singole componenti.

Vista la relazione presentata da parte del Collegio Sindacale e la relazione presentata dal revisore legale dei conti sul bilancio chiuso al 31.12.2011.

L'Assemblea dei Soci

Preso atto del bilancio e della nota integrativa,

delibera

di approvarli all'unanimità unitamente alla proposta di rinvio al futuro della perdita d'esercizio 2011.



RELAZIONE BILANCIO 2011

Signori Soci

L'esercizio 2011 presenta un rilevante sviluppo delle attività, sviluppo che ha consentito di migliorare notevolmente il risultato economico rispetto alla previsione economico-finanziaria e di raggiungere un consistente ulteriore consolidamento dell'immagine del Parco Tecnologico Padano e al suo posizionamento a livello nazionale e internazionale.

Le aree strategiche si possono suddividere, in sintonia anche con l'attività della Fondazione PTP 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;
- lancio dell'iniziativa del Bio Food Park.



COORDINAMENTO, REALIZZAZIONE E SVILUPPO DEL CLUSTER

Per quanto riguarda l'attività di sviluppo del cluster di innovazione è proseguita nella difficile missione di coordinare 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.

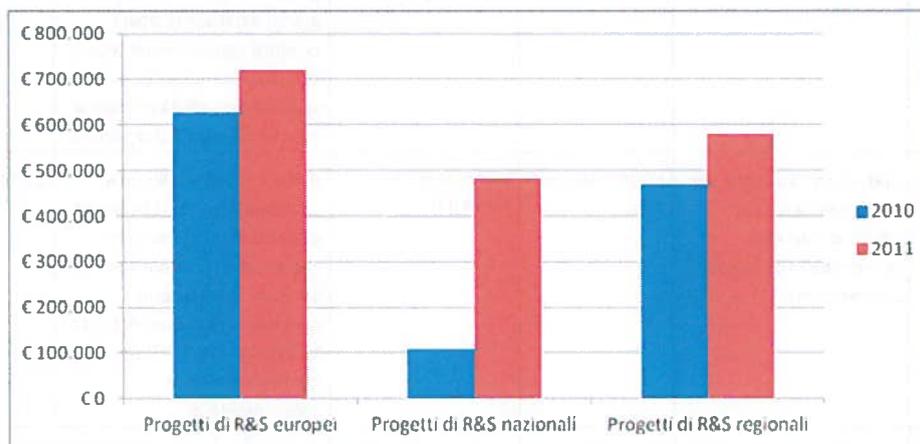
Con il passaggio di proprietà dell'immobile alla regione si dovrebbe risolvere nel 2012 la situazione di stallo per i lavori di ristrutturazione della **Cascina Codazza**.



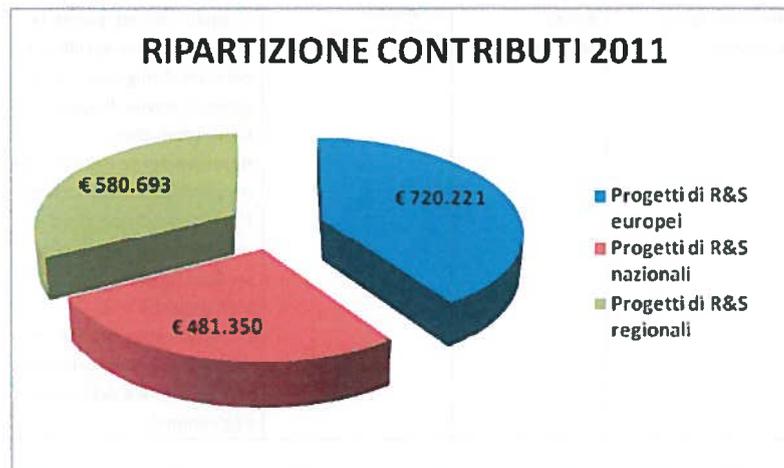
ATTIVITA' DEL CENTRO DI RICERCA

L'attività di ricerca della S.r.l., unitamente a quella della Fondazione, ha avuto nel 2011 un importante consolidamento soprattutto grazie al finanziamento di nuovi progetti nell'ambito del 7°PQ e dei progetti PON con le regioni della convergenza che ci consente di assumere sempre più un ruolo di rilievo in importanti iniziative nel settore di interesse per il territorio offrendo, nella ricerca scientifica di eccellenza, uno stimolo in più per portare innovazione alle imprese lodigiane e lombarde.

Nel grafico seguente si riporta la ripartizione dei contributi per progetti di R&S negli esercizi 2010 e 2011. Si evidenzia un incremento complessivo del 48% dei ricavi derivanti da contributi per progetti di R&S rispetto all'esercizio 2010, il cui totale è passato da euro 1.205.227 dell'esercizio precedente a euro 1.782.263.



Nel grafico seguente si riporta la ripartizione dei contributi dell'esercizio 2011 per lo svolgimento di programmi di R&S. Anche nell'ultimo esercizio la percentuale maggiore di ricavi da progetti di R&S è stata realizzata grazie alla partecipazione a progetti europei, pari al 40% del totale. E' aumentata notevolmente la partecipazione della società a programmi di R&S finanziati a livello nazionale (in particolare progetti MIUR su bandi PON), che risultano nel corso del 2011 pari al 27% del totale. Si è registrato un lieve incremento anche dei ricavi derivanti da progetti di R&S regionali (in particolare grazie alla partecipazione della società ai progetti PROZOO, MDF e INNOVAB) che rappresentano nel corso del 2011 il 33% dei ricavi totali da contributi per progetti di R&S.



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

n.	GRUPPO	TITOLO	ENTE FINANZIATORE	PARTNER	Descrizione	INIZIO	FINE
1	Genomica Vegetale	PARALLELOMICS: <i>PROFILING GENOMICO E METABOLOMICO AD ELEVATO PARALLELISMO DI PRODOTTI TIPICI DELL'AGROALIMENTARE</i>	MIUR - Bando FIRB	<ul style="list-style-type: none"> • ENEA Biotecnologie; • CISI; • Istituto Agrario San Michele all'Adige; • Biogen; CRA; • Bruker; • Ylichron; • Università di Verona 	Profiling genomico e metabolomico ad elevato parallelismo per produrre un nuovo metodo di profiling: Il "Global Biological Profile" o GBP. Uno degli obiettivi del progetto è la creazione di grandi database relativi a prodotti agroalimentari tipici, che rappresentino l'intero spazio di variabilità genomica e metabolomica del prodotto.	18/07/07	18/06/11
2	Genomica Vegetale	FIRB-Egitto: <i>Strategie per migliorare le rese di piante di interesse alimentare in condizioni di stress idrico</i>	MIUR - Bando FIRB	Università di Ain Shams (ET)	Ricerca interdisciplinare in collaborazione con l'Università di Ain Shams del Cairo, con l'obiettivo di mettere a punto analisi di associazione genetica di geni candidati alla tolleranza al deficit idrico in piante di interesse agroalimentare.	22/08/07	22/08/11
3	IDRA Lab, Bioinformatica, Epidemiologia Molecolare	MACROSYS: <i>Macrophage Systems biology applied to disease control</i>	UE - VII PQ	<ul style="list-style-type: none"> • Roslin Institute (UK); • Università di Giessen (D); • Finnzymes (FIN); • Istituto Spallanzani (I); • Queens University of Belfast (UK); • University College of Dublin (IRL); • Trinity College of Dublin (IRL) 	Biologia dei sistemi macrofagi applicata al controllo delle malattie	01/11/08	31/10/12
4	IDRA Lab, Genomica Funzionale, Piattaforma Genomica	Metadistretti LGS: <i>TIPIZZAZIONE GENETICA PREIMPIANTO NELLA SPECIE BOVINA</i>	Regione Lombardia - Bando MetaDistretti	<ul style="list-style-type: none"> • Laboratorio di Genetica e Servizi (Cremona); • LTR-CIZ (Cremona) 	Soddisfare il bisogno delle PMI di incrementare la propria competitività attraverso la promozione dell'eccellenza nei piani di miglioramento genetico bovino lungo le filiere produttive rispettivamente della carne e dei prodotti lattiero-caseari. L'approccio di ricerca ed il programma sperimentale saranno basati sull'applicazione di biotecnologie avanzate nel rispetto della salute umana, dell'ambiente e del benessere degli animali.	18/11/08	17/05/11

5	IDRA Lab, Genomica Funzionale, Piattaforma Genomica	NADIR: <i>The Network of Animal Disease Infectiology Research Facilities</i>	UE- VII PQ (Infrastructures)	15 partner tra cui: • INRA (FR) • Aarhus Universitet (DK) • Kimron Veterinary Institute (IL) • University of Nottingham (UK)	Creare una rete comunitaria di poli di eccellenza, di modo da sviluppare sistemi più efficaci per la gestione delle zoonosi e delle altre malattie trasmissibili tra gli animali e l'uomo, aumentando la sicurezza del settore zootecnico.	01/05/09	30/04/13
6	Biologia Integrativa	INTERPLAY: <i>Interplay of microbiota and gut function in the developing pig – Innovative avenues towards sustainable animal production</i>	UE_ VII PQ	• Wageningen University (NL); • University of Bristol (UK); • INRA (F); Otto von Guericke University of Magdeburg (D); • INRAN (I); • ASG Veehouderij BV (NL); • Nanjing Agricultural University (CN); • Mikrobiologicky Ustav Akademie (CZ); • Helsingin Yliopisto (FIN); • UNIBO (I); • ID-Lelystad (NL)	Interazione del Microbiota e le funzioni gastrointestinali nel suino in via di sviluppo	01/09/09	31/08/13
7	Bioinformatica, IDRA Lab	IN-FARM: <i>On farm innovation for dairy industry sustainability</i>	Ministero Affari Esteri	Progetto bilaterale con AFIMILK (Israele)	Il progetto intende sviluppare nuovi metodi di misura che permettano la raccolta di nuovi ed importanti parametri produttivi, i quali risultino coinvolti nella qualità del latte e nella "robustezza" delle bovine da latte	01/01/10	31/12/12
8	Biologia Integrativa	PORRSCON: <i>New tools and approaches to control Porcine Reproductive and Respiratory Syndrome (PRRS) in the EU and Asia</i>	UE - VII PQ	14 partner tra cui : • Ghent University (B) • Veterinar Institutttet - Danmarks Tekniske Universitet (DK) • Boehringer Ingelheim International BMGH (D)	Nuovi strumenti e approcci per il controllo sindrome riproduttiva e respiratoria (PRRS) nell'UE e in Asia	01/01/10	30/06/14
9	Bioinformatica	NEXTGEN: <i>Next generation methods to preserve farm animal biodiversity by optimizing present and future breeding options</i>	UE - VII PQ	• CNRS (FR); • Cardiff University (UK); • UNICATT (I); • Europaisches Laboratorium fur Molekularbiologie (D); • Ecole Polytechnique Federale de Lausanne (CH); • UNITE (I); • Makerere University (EAU); • INRA (FR); • Gorgan University of Agriculture and Natural Resources (IL); • Commonwealth Scientific and Industrial Research Organisation (AUS)	Il progetto intende rispondere all'esigenza di conservazione della variabilità genetica delle razze bovine, ovine e caprine da latte.	01/04/10	31/03/14

10	IDRA Lab	PIROVAC: <i>Improvement of current and development of new vaccines for theileriosis and babesiosis of small ruminants</i>	UE - VII PQ	16 partner tra cui: <ul style="list-style-type: none"> • Forschungszentrum Borstel (D) • Lanzhou Veterinary Research Institute (CN) • University of Bern (CH), Adnan Menderes University (TR) • Uzbek Scientific Research Institute of the Veterinary (UZ) 	Miglioramento dei vaccini attuali e lo sviluppo di nuovi vaccini per le malattie theileriosis e babesiosis nei piccoli ruminanti.	01/04/10	31/03/14
11	Grant Office	MADE IN ITALY: <i>Incubatore Made in Italy</i>	Comune di Milano	no partner	Sviluppo delle attività di formazione nell'ambito dell'Incubatore dell'Alimentazione e del Gusto – potenziamento delle strutture	28/04/10	30/09/11
12	Bioinformatica	3SR: <i>Sustainable Solutions for Small Ruminants</i>	UE - VII PQ	14 partner tra cui: <ul style="list-style-type: none"> • Genesis Faraday (UK) • INRA (FR) • Utah State University (USA) • Commonwealth Scientific and Industrial Research Organisation (AUS) • Huazhong Agricultural University (CN) • Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (RA) 	Analisi delle informazioni genomiche disponibili per la pecora e la capra, per avviare un processo di miglioramento delle conoscenze genetiche di base e delle caratteristiche che definiscono la salute e la produzione sostenibile dei piccoli ruminanti.	01/05/10	30/04/13
13	Biologia Integrativa, Grant Office	APIFRESH: <i>Developing European standards for bee pollen and royal jelly: quality, safety and authenticity</i>	UE - VII PQ (Bando Capacities)	<ul style="list-style-type: none"> • ITAV (PERA); • European Professional Beekeepers Association; • Országos Magyar Mezőgazdasági Szakmunkaadók Szövetsége (Ungheria); • Federação Nacional dos Apicultores de Portugal; • Centro Tecnológico Nacional de la Conserva y la Alimentación; • Campomiel, Balparmak; • Centro Agrícola Regional Marchamalo; • Tubitak Marmara Research Center. 	Lo sviluppo di standard europei per il polline d'api e pappa reale: qualità, sicurezza e autenticità	01/07/10	30/06/13
14	Grant Office	INCLUSA: <i>Start-up hightech e biotech Innovative per attività di Networking e Collaborazione tra Lombardia e USA</i>	Regione Lombardia/ UnionCamere - Bando Aggregazioni	<ul style="list-style-type: none"> • BICT srl, • International Plant Analysis & Diagnostics srl, • Phytoremedial srl, • Nucleus srl, • Astir s.r.l., • Hyperfair s.r.l., • At grade S.r.l., • TERES S.r.l., • COM.TE S.r.l. 	Il progetto prevede un processo di internazionalizzazione verso gli Stati Uniti per 10 giovani imprese altamente tecnologiche al fine di promuovere i propri prodotti, i propri servizi ed attrarre investimenti esteri	01/07/10	30/06/11
15	Grant Office, Genomica Vegetale	MDF :Mais resistente a Diabrotica e Fusarium nella pianura lombarda.	Regione Lombardia - Bando ATP 2009	<ul style="list-style-type: none"> • Biotrack Srl • IVS Srl • Agricola 2000 ScpA • Università Cattolica del Sacro Cuore • CSA Coop Bergamo 	Due obiettivi realizzativi, il primo riguardante la resistenza/tolleranza del mais al Fusarium ed il secondo riguardante la resistenza alla Diabrotica.	01/07/10	30/06/13



16	IDRA Lab	INNOVAB: Biotecnologie riproduttive innovative per la diffusione della genetica della Bufala Mediterranea Italiana	Regione Lombardia - Bando ATP 2009	<ul style="list-style-type: none"> • Avantea Srl (Capofila) • Biotrack Srl • CNR - IBBA 	Il progetto ha l'obiettivo di sviluppare protocolli operativi basati sull'integrazione di biotecnologie riproduttive, conoscenze genomiche e proteomiche per consentire la produzione di seme ed embrioni bufalini di qualità e quantità superiore per la diffusione della genetica italiana.	01/07/10	30/06/13
17	Genomica Vegetale	IT-CITRUS: <i>Miglioramento genetico ed innovazioni per il superamento dei fattori limitanti la filiera agrumicola</i>	MIUR - PON "Ricerca e Competitività 2007-2013"	<ul style="list-style-type: none"> • Parco Scientifico della Sicilia ScpA • AAT SpA, • IGA Technology Service • International Plant Analysis and Diagnostics • Xenia Progetti Srl 	Il progetto si prepone, tramite applicazioni di genomica funzionale e tecnologie innovative, di valutare il comportamento di varietà e specie di agrumi diverse, da un punto di vista dell'adattabilità a condizioni differenti e della destinazione d'uso (mercato del "fresco", prodotti di IV gamma, prodotti trasformati).	01/09/10	31/08/13
18	IDRA Lab, Bioinformatica, Biologia Integrativa, Genomica Funzionale, Piattaforma Genomica	PROZOO: 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	<ul style="list-style-type: none"> • 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.	01/09/10	31/12/12
19	Bioinformatica, Genomica Vegetale	FRUITBREEDOMICS : <i>ntegrated approach for increasing breeding efficiency in fruit tree crops</i>	UE - VII PQ	26 partner tra cui: <ul style="list-style-type: none"> • INRA (F), • Agricultural Research Organisation (IL) • CRA (I) • Zhejiang University (CN) • New Zealand Institute for Plant and Food Research Limited (NZ) • Washington State University (USA) 	approccio multidisciplinare per migliorare la produttività dei semi degli alberi da frutto.	01/03/11	31/08/15
20	Piattaforma Genomica, IDRA Lab	BIOGNOSTIX: <i>A new generation of fibre-based diagnostic sensors</i>	UE - VII PQ	<ul style="list-style-type: none"> • FFEI Ltd. (UK) • Proteomika S.L. (Spagna) • Prionics AG (Svizzera) • University of Cambridge (UK) • Valtion Teknillinen Tutkimuskeskus (Finlandia) • The UK Intelligent Systems Research Institute Ltd. (UK) 	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.	01/04/11	31/04/14



21	Epidemiologia Molecolare, IDRA Lab	MASTFIELD: <i>Applicazione di sistemi molecolari innovativi per il controllo in campo delle mastiti bovine</i>	Regione Lombardia - Programma Operativo regionale 2007-2013 (Bando agricoltura)	<ul style="list-style-type: none"> • Consorzio Ricerca e Sperimentazioni per gli Allevatori (CRSA) • Istituto Sperimentale Italiano Lazzaro Spallanzani • CNR IBBA • Istituto Zooprofilattico Lombarida ed Emilia • Università degli studi di Milano, Dip. Di Patologia animale, Igiene e sanità pubblica veterinaria 	studio della componente genetica bovina nello sviluppo della risposta dell'animale alla mastite	02/05/11	01/11/13
22	Bioinformatica	NEUTRADAPT: <i>Estimation of neutral and adaptive/selective genetic variation in farm animal species</i>	UE - ERG Marie Curie Actions	no partner	Stimare variazioni genetiche neutrali e adattabili / selettive utilizzando i dati dell'intero genoma nei bovini e 60k SNP-chip in pecore e capre. Utilizzare questa informazioni nella progettazione di metodi di selezione genetica in grado di massimizzare il guadagno, limitando il tasso di consanguineità nei bovini, ovini e caprini;	01/06/11	31/05/14
23	Epidemiologia Molecolare, Biologia Integrativa	EADGENE_S: <i>Strengthening the implementation of durable integration of EADGENE</i>	UE - VII PQ	13 partner tra cui University of Edinburgh, Wageningen Universiteit, Universidad di Cordoba e Aarhus Universitet	Ricerca finalizzata a studiare la risposta immune nel suino: identificazione di microRNA in cellule dendritiche infettate col virus della Pseudorabbia; biobanking e analisi d'espressione di PBMC al LPS (Lipopolisaccaride); metanalisi di dati da mastiti.	01/06/11	31/05/13
24	Biologia Integrativa	NOLESSBLESS: <i>Optimizing a novel, safe and efficient RNA interference protection strategy for honeybee Nosema disease</i>	MIUR - Bando Eurostars	Progetto coordinato, per l'Italia, dalla PTP srl: <ul style="list-style-type: none"> • Istituto Zooprofilattico delle Venezie; • Istituto Zooprofilattico del Lazio; • Beeologics IL Ltd (coordinatore parte europea); • Syngenta Agro Sas 	L'obiettivo generale del progetto è quello di produrre un principio terapeutico sicuro ed efficace in grado di alleviare la malattia Nosema, causata dal parassita Nosema ceranae utilizzando la tecnologia della RNA interference.	01/07/11	30/06/14
25	Epidemiologia Molecolare, IDRA Lab	EPISUD: <i>Programma per sviluppare metodologie per l'identificazione ed il controllo di infezioni micobatteriche animali</i>	MIUR - PON "Ricerca e Competitività 2007-2013"	<ul style="list-style-type: none"> • Università degli Studi di Bari • Istituto Zooprofilattico Sperimentale della Sicilia • Azienda Agricola Valleverde • TelTec Srl 	Individuazione di fattori che riducano l'incidenza di patologie animali ad elevato impatto economico (tubercolosi e paratubercolosi) e sviluppo di biomarcatori che consentano di produrre test diagnostici innovativi per la diagnosi precoce, nuovi target per vaccini e marcatori molecolari associati a resistenza alla patologia da implementare per la selezione genomica	01/07/11	30/06/14



26	IDRA Lab, Epidemiologia Molecolare	MICROMAP: <i>Sviluppo di una piattaforma tecnologica multiplex per diagnostica molecolare, portatile ed automatizzata, basata sulla logica strumentale del Lab-On-Chip, in grado di consentire applicazioni multiparametriche in campo infettivologico</i>	MIUR - PON "Ricerca e Competitività 2007-2013"	10 Parter accademici e industriali tra cui: <ul style="list-style-type: none"> • Università di Bari • Università di Catania • Università di Napoli • 2 Istituti del CNR • l'Istituto Italiano di Tecnologia • Biodiversity SpA 	Il progetto riguarda l'acquisizione sistematica, razionale e comparativa di genomi e proteomi di virus, batteri, funghi e in generale microrganismi isolati da ambienti ecologici diversi, ed alla relativa analisi funzionale di geni target, per identificare biomolecole e marcatori diagnostici utili per applicazioni biomediche, alimentari, ambientali, industriali. Il progetto si caratterizza per una decisiva connotazione applicativa con particolare riferimento al settore industriale.	01/10/11	30/09/14
----	---	--	--	--	---	----------	----------

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

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

TITOLO	GRUPPO	RIVISTA	ABSTRACT
Using SNP array data to test for host genetic and breed effects on Porcine Reproductive and Respiratory Syndrome Viremia <i>Utilizzo di dati di SNP array per verificare la genetica dell'ospite e gli effetti di razza sulla viremia PRRS</i>	Bioinformatica Biologia Integrativa	BMC Proceedings	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.
Transcriptome Analysis of the Medulla Tissue from Cattle in Response to Bovine Spongiform Encephalopathy using Digital Gene Expression Tag Profiling. <i>Analisi del trascrittoma del tessuto midollare bovino in risposta a encefalopatia spongiforme bovina mediante Digital Gene Expression Tag Profiling.</i>	Scienze Animali	J Toxicol Environ Health A.	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>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>	<p>Piattaforma Genomica</p>	<p>ISME J</p>	<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>	<p>Genomica Riso</p>	<p>Theor Appl Genet</p>	<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 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>
<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>	<p>Biologia Integrativa</p>	<p>BMC Genomics</p>	<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>	<p>Genomica Vegetale</p>	<p>Molecular Breeding</p>	<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>	<p>Poultry Science</p>	<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 the validated QTL has been proposed.</p>
<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>	<p>Genomica Vegetale</p>	<p>Tree Genetics & Genomes</p>	<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) × OroA (O) and an F2 from the cross Contender (C) × 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>	<p>Genomica Riso</p>	<p>Plant genetic resources</p>	<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 305 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</p>



			mapping studies on traits such as salt tolerance.
<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 BTA5 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> <p><i>Studio genomico della risposta di pollo al virus altamente patogeno dell'influenza aviaria</i></p>	<p>Bioinformatica</p> <p>Genomica Funzionale</p>	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 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>	Bioinformatica	BMC Proceedings	<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</i></p>	Scienze Animali	J Toxicol Environ Health A.	<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</p>



<p>bovina.</p>			<p>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 Magnaporthe oryzae. 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 M. oryzae 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 (Magnaporthe oryzae)</p> <p><i>Valutazione della diversità genetica in germoplasma di riso italiano in relazione alle caratteristiche agronomiche e di resistenza al brusone (Magnaporthe oryzae)</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 Magnaporthe oryzae, 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 genotype-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</p>



			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>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>	Scienze Animali	J Toxicol Environ Health A.	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>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 selezionati.</i></p>	Genomica Funzionale	Appl Microbiol Biotechnol	Salmonella is a major cause of food-borne disease, and Salmonella enterica subspecies I includes the most clinically relevant serotypes. Salmonella serotype determination is important for the disease etiology assessment and contamination source tracking. This task will be facilitated by the disclosure of Salmonella serotype sequence polymorphisms, here annotated in seven genes (sefA, safA, safC, bigA, invA, fimA, and phsB) from 139 S. enterica 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 S. enterica 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 (Salmonella Hadar, Salmonella Infantis, Salmonella Enteritidis, Salmonella Typhimurium, Salmonella Gallinarum, Salmonella Virchow, and Salmonella 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 target DNA dilutions and with controlled meat contamination, allowing the detection of one Salmonella CFU in 25 g of meat.
<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>	Genomica Funzionale	Poultry Sci.	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>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>	Genomica Funzionale	BMC Proceedings	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>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>	Genomica Funzionale	Molecular and Cellular Probes	<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, vbx1, vbx2, ihp1, wzx, wbd1, 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 universal array (UA)</i></p>	Genomica Funzionale	Mol Biotechnol	<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 fluorescence 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 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.</p>

RIASSUNTO ATTIVITA' SVOLTE

Biologia Integrativa

Nel corso del 2011 è proseguita l'attività di ricerca del gruppo sui progetti INTERPLAY, PoRRSCon e APIFRESH.

Il gruppo ha inoltre 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.

Sono inoltre stati avviati nel corso dell'anno i progetti EADGENE_S e NOLESSBEEs; Sempre nel corso dell'esercizio 2011 è stato avviato il progetto AGER Hepiget, che vede il coinvolgimento del gruppo per le attività di ricerca della Fondazione.



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 corso del 2011 il gruppo ha concluso l'attività di ricerca sul progetto regionale "Metadistretto-LGS". 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.

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 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 il progetto di ricerca PiroVac (finanziato dalla Commissione Europea nell'ambito del 7° Programma Quadro) e 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.

Continua inoltre 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 dr. 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.



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 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 anche in seno alla Fondazione 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.

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.

È 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.

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 innovative 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 e in fase di avvio sono interamente in capo alla Fondazione:

- 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 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.

Nel 2008 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 a livello mondiale, in condizioni controllate (BLASTEST). 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. Attualmente sono in corso prove di BLASTEST, in collaborazione concordata tramite accordo tecnico, con alcuni partner e una ditta sementiera di ITACA (Technological innovation, automation and innovative analytical controls for quality and safety of Piedmont food products), progetto Piattaforma Agroalimentare (POR FESR 2007-2013) della Regione Piemonte.

Piattaforma Bioinformatica e statistica

Le attività principali della sezione riguardano la bioinformatica, l'analisi statistica e l'informatica e 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 alle 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 é 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 a 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 e 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, tra cui anche diverse aziende lodigiane; parecchie le convenzioni stipulate con gli organismi rappresentativi di produttori che hanno consentito un incremento del 18% dei ricavi per servizi nel corso del 2011 (complessivamente pari a euro 360.694 per la sola SRL) e lasciano prevedere un ulteriore incremento dei ricavi nel 2012.

Sono stati abbandonati i seguenti brevetti per la loro onerosità e la difficoltà di utilizzarli commercialmente. Questo nella continuazione della scelta strategica di confermare il deposito di brevetti solo quando vi è una effettiva ricaduta nel loro sfruttamento:

1. "Elettroforesi bidimensionale (2D) per il confronto tra genomi";
2. "Methods for enlarging the range of applicability of multiple displacement amplification of linear DNA";
3. "Metodi per il rilevamento e la quantificazione di parassiti nematodi in pesce e prodotti ittici".



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 (SCML 2012) organizzata da Università di Milano. Il premio, giunto 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 primo 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.

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

Operativi nel 2011 all'interno sono ora i seguenti soggetti:

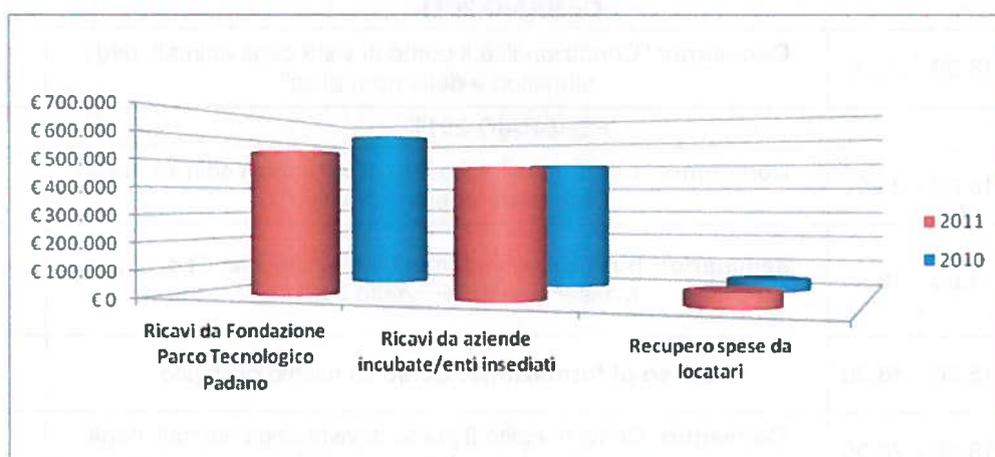
1. IVS S.r.l. (ISTA Veneto Sementi)
2. Biotrack S.r.l.
3. Phytoremedial S.r.l.
4. InCura s.r.l. - uscita al 30.6.2011
5. Plantechno s.r.l. - uscita al 30.6.2011
6. TOP S.r.l.
7. FAStEST S.r.l.
8. BiCT S.r.l.
9. International Plant Analysis and Diagnostics S.r.l. (IPADLAB)
10. Qualitalia sas di Andrea Verme
11. Mybatec S.r.l.
12. PriGen S.r.l.
13. PHARM S.r.l. (PHArmaCeutical Research Management SRL)
14. Mommilk S.r.l., dal 2011
15. Next Genomics, dal 2011

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

- Consorzio GRISù
- Consorzio Italtotec
- Consorzio Nazionale Biogas
- Consorzio del distretto Lombardo di filiera del latte
- Consorzio del distretto Lombardo di filiera delle agro energie-DAEL
- Consorzio del Distretto Lombardo di Filiera dei Suini
- Fondazione Cirgis



Nel corso del 2011 c'è stata una lieve riduzione (pari al 9%) dei ricavi derivanti dall'utilizzo degli spazi all'interno dell'Edificio Centro per la Ricerca e dal recupero spese da locatari, pari complessivamente a 1.050.577 euro nel 2011 a fronte di 1.159.055 euro di ricavi nel 2010. Tale riduzione dipende essenzialmente dalla diminuzione del canone corrisposto dalla controllante Fondazione Parco Tecnologico Padano a seguito del conteggio dei riaddebiti infragruppo per utilizzo spazi da parte del personale di ricerca della Fondazione stessa. Sono rimasti pressoché costanti i ricavi derivanti dall'utilizzo spazi e dal riaddebito delle utenze alle aziende dell'incubatore ed agli altri enti insediati presso il Centro Ricerche della società, pari complessivamente a circa 520 mila euro nel 2011. Nel grafico seguente è riportata la ripartizione dei ricavi per gestione del Centro Ricerche negli esercizi 2010 e 2011.



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.

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 Assobiotech 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.

E' 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, 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, 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 importanti le 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.



FORZA LAVORO

La forza lavoro della società è formata essenzialmente da personale dipendente (quadri ed impiegati) e collaboratori a progetto impiegati per lo sviluppo di specifiche attività e programmi di ricerca e sviluppo.

Alla data del 31/12/2011 la forza lavoro è formata da:

Personale (teste)	31/12/2011	31/12/2010	Variazione
Quadri	4	3	+1
Impiegati	9	7	+2
Collaboratori a progetto	18	19	-1
TOTALE	31	29	+2

di cui donne (teste)	31/12/2011	31/12/2010	Variazione
Quadri	3	2	+1
Impiegati	3	3	-
Collaboratori a progetto	7	12	-5
TOTALE	13	17	-4



SITUAZIONE PATRIMONIALE-FINANZIARIA E ECONOMICA

In relazione all'art. 2428 C.C. si riportano di seguito lo stato patrimoniale e il conto economico riclassificati e gli indici di bilancio che consentano una migliore precisazione della situazione finanziaria ed economico-patrimoniale della società.

Si riporta di seguito lo stato patrimoniale finanziario al 31/12/2011:

STATO PATRIMONIALE FINANZIARIO			
<i>Attivo</i>	<i>Importo in unità di €</i>	<i>Passivo</i>	<i>Importo in unità di €</i>
ATTIVO FISSO	€ 17.561.944	MEZZI PROPRI	€ 13.036.492
Immobilizzazioni immateriali	€ 2.142.601	Capitale sociale	€ 7.000.000
Immobilizzazioni materiali	€ 15.315.727	Riserve	€ 6.036.492
Immobilizzazioni finanziarie	€ 103.616		
		PASSIVITA' CONSOLIDATE	€ 2.138.186
ATTIVO CIRCOLANTE (AC)	€ 3.844.943		
Magazzino	€ 0		
Liquidità differite	€ 3.844.472	PASSIVITA' CORRENTI	€ 6.504.546
Liquidità immediate	€ 471		
		CAPITALE DI FINANZIAMENTO	€ 21.679.224
CAPITALE INVESTITO (CI)	€ 21.406.887		

Nella tabella seguente lo stato patrimoniale funzionale al 31/12/2011:

STATO PATRIMONIALE FUNZIONALE			
<i>Attivo</i>	<i>Importo in unità di €</i>	<i>Passivo</i>	<i>Importo in unità di €</i>
CAPITALE INVESTITO OPERATIVO	€ 21.303.271	MEZZI PROPRI	€ 12.764.155
		PASSIVITA' DI FINANZIAMENTO	€ 0
IMPIEGHI EXTRA-OPERATIVI	€ 103.616		
		PASSIVITA' OPERATIVE	€ 8.642.732
CAPITALE INVESTITO (CI)	€ 21.406.887	CAPITALE DI FINANZIAMENTO	€ 21.406.887

Sulla base delle precedenti riclassificazioni vengono calcolati i seguenti indicatori della situazione patrimoniale e finanziaria della società:

INDICATORI DI FINANZIAMENTO DELLE IMMOBILIZZAZIONI		
Margine primario di struttura	<i>Mezzi propri - Attivo fisso</i>	-€ 4.525.452
Quoziente primario di struttura	<i>Mezzi propri / Attivo fisso</i>	0,74
Margine secondario di struttura	<i>(Mezzi propri + Passività consolidate) - Attivo fisso</i>	-€ 2.387.266
Quoziente secondario di struttura	<i>(Mezzi propri + Passività consolidate) / Attivo fisso</i>	0,86



INDICI SULLA STRUTTURA DEI FINANZIAMENTI

Quoziente di indebitamento complessivo	$(Pml + Pc) / \text{Mezzi Propri}$	1
Quoziente di indebitamento finanziario	$\text{Passività di finanziamento} / \text{Mezzi Propri}$	0,00

INDICATORI DI SOLVIBILITA'

Margine di disponibilità	$\text{Attivo circolante} - \text{Passività correnti}$	-€ 2.659.603
Quoziente di disponibilità	$\text{Attivo circolante} / \text{Passività correnti}$	0,59
Margine di tesoreria	$(\text{Liquidità differite} + \text{Liquidità immediate}) - \text{Passività correnti}$	-€ 2.659.603
Quoziente di tesoreria	$(\text{Liquidità differite} + \text{Liquidità immediate}) / \text{Passività correnti}$	0,59

Nella tabella seguente viene riportato il conto economico riclassificato dell'esercizio 2011:

CONTO ECONOMICO RICLASSIFICATO	
	Importo in unità di €
Ricavi delle vendite	€ 3.652.051
Produzione interna	€ 419.639
VALORE DELLA PRODUZIONE OPERATIVA	€ 4.071.690
Costi esterni operativi	€ 2.746.525
Valore aggiunto	€ 1.325.165
Costi del personale	€ 435.176
MARGINE OPERATIVO LORDO	€ 889.989
Ammortamenti e accantonamenti	€ 1.121.186
RISULTATO OPERATIVO	-€ 231.197
Risultato dell'area accessoria	€ 112.167
Risultato dell'area finanziaria (al netto degli oneri finanziari)	€ 106
EBIT NORMALIZZATO	-€ 118.924
Risultato dell'area straordinaria	€ 0
EBIT INTEGRALE	-€ 118.924
Oneri finanziari	€ 143.731
RISULTATO LORDO	-€ 262.655
Imposte sul reddito	€ 9.682
RISULTATO NETTO	-€ 272.337

Sulla base della precedente riclassificazione, vengono calcolati i principali indicatori della situazione economica:

INDICI DI REDDITIVITA'		
ROE netto	$\text{Risultato netto} / \text{Mezzi propri medi}$	-2,13%
ROE lordo	$\text{Risultato lordo} / \text{Mezzi propri medi}$	-2,06%
ROI	$\text{Risultato operativo} / (\text{CIO medio} - \text{Passività operative medie})$	-1,83%
ROS	$\text{Risultato operativo} / \text{Ricavi di vendite}$	-6,33%



CONCLUSIONI

Il bilancio 2011 chiude con una perdita di esercizio relativamente contenuta rispetto al budget ed alla patrimonializzazione di € 272.337.

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 420.000 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 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 ed ad 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 e da 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 a candidarsi ad avere un ruolo di capofila per un'ipotesi di distretto Tecnologico Agroalimentare Lombardo.

Nella valutazione effettuata con la società di revisione si è provveduto inoltre alla svalutazione di immobilizzazioni ascritte al bilancio della SRL negli esercizi precedenti, per un totale di € 54.472 come costo dell'esercizio 2011.

Nel corso dell'esercizio 2011 la SRL, di concerto con la società di revisione, ha infine provveduto ad imputare l'importo di € 25.000 ad un fondo rischi per rischi su crediti e partecipazioni. Tale immobilizzazione rappresenta un costo dell'esercizio per la società.

I dati presentano quindi un miglioramento significativo di oltre 500 mila euro rispetto alla situazione in bilancio preventivo, miglioramento dovuto all'incremento in corso d'anno dei contributi da progetti.

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 e che si metteranno all'avanguardia anche a livello europeo nel settore 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) è frutto di un accordo a livello europeo tra DG Regio-DG Ricerca per un utilizzo sinergico tra fondi Horizon e fondi strutturali.

Si invita pertanto ad approvare il bilancio come formulato, corredato dalla nota integrativa, e si propone di rinviare la perdita a nuovo.

Il Presidente
Sen. Giancarlo Piatti

PARCO TECNOLOGICO PADANO S.R.L. A SOCIO UNICO

Società soggetta alla direzione e coordinamento della Fondazione Parco Tecnologico Padano

BILANCIO AL 31/12/2011

in forma abbreviata ex art. 2435 bis Codice Civile

Stato patrimoniale attivo	31/12/2011	31/12/2010
A) Crediti verso soci per versamenti ancora dovuti di cui già richiamati		
B) Immobilizzazioni:		
I. Immobilizzazioni immateriali	€ 4.040.221	€ 3.672.027
-F.do amm. immobilizz.immateriali	€ 1.897.620	€ 1.329.335
	€ 2.142.601	€ 2.342.692
II. Immobilizzazioni materiali	€ 18.158.075	€ 17.460.474
-F.do amm. immobilizz. materiali	€ 2.842.348	€ 2.363.527
-F.do svalutaz. immobilizz. materiali	€ -	€ -
	€ 15.315.727	€ 15.096.947
III. Immobilizzazioni finanziarie	€ 103.616	€ 99.416
TOTALE IMMOBILIZZAZIONI	€ 17.561.944	€ 17.539.055
C) Attivo circolante		
I. Rimanenze	€ -	€ -
II. Crediti		
entro 12 mesi	€ 3.822.305	€ 3.263.873
oltre 12 mesi	€ -	€ -
	€ 3.822.305	€ 3.263.873
III. Attività finanziarie che non costituiscono immobilizzazioni	€ -	€ -
IV. Disponibilità liquide	€ 471	€ 456
TOTALE ATTIVO CIRCOLANTE	€ 3.822.776	€ 3.264.329
D) Ratei e risconti	€ 22.167	€ 37.768



TOTALE ATTIVO	€ 21.406.887	€ 20.841.152
Stato patrimoniale passivo	31/12/2011	31/12/2010
A) Patrimonio netto:		
I. Capitale	€ 7.000.000	€ 7.000.000
IV. Riserva legale	€ 799	€ 799
VII. Altre riserve	€ 8.302.992	€ 7.302.991
e) soci vers. in c/futuro aumento di capitale	€ 8.302.992	€ 7.302.992
v) altre riserve di capitale		-€ 1
VIII. Utili (perdite) portati a nuovo	-€ 2.267.299	-€ 1.472.298
IX. Utile (perdita) dell'esercizio	-€ 272.337	-€ 795.001
TOTALE	€ 12.764.155	€ 12.036.491
B) Fondi per rischi e oneri	€ 25.000	€ -
C) Trattamento fine rapporto lavoro subordinato	€ 87.930	€ 68.942
D) Debiti		
Entro 12 mesi	€ 6.257.487	€ 4.723.720
Oltre 12 mesi	€ 2.050.256	€ 3.749.178
	€ 8.307.743	€ 8.472.898
E) Ratei e risconti	€ 222.059	€ 262.821
TOTALE PASSIVO	€ 21.406.887	€ 20.841.152
Conti d'ordine	31/12/2011	31/12/2010
1) Impegni per fidejussioni prestate a favore di terzi	€ 4.635.982	€ 3.637.173
2) impegni verso società di locazione finanziaria	€ -	€ -
Totale conti d'ordine	€ 4.635.982	€ 3.637.173



Conto economico	Esercizio 2011	Esercizio 2010
A) Valore della produzione		
1) Ricavi delle vendite e delle prestazioni	€ 3.652.051	€ 2.705.198
2) Variazione delle rimanenze di prodotti in lavorazione, semilavorati e finiti	€ -	€ -
3) Variazione dei lavori in corso su ordinazione	€ -	€ -
4) Incrementi di immobilizzazioni per lavori interni	€ 419.639	€ 426.827
5) Altri ricavi e proventi:		
- vari	€ 229.295	€ 90.125
- contributi in conto esercizio	€ -	€ -
	<u>€ 229.295</u>	<u>€ 90.125</u>
Totale valore della produzione	€ 4.300.985	€ 3.222.150
B) Costi della produzione		
6) Per materie prime, sussidiarie, di consumo e di merci	€ 134.120	€ 111.287
7) Per servizi	€ 2.611.345	€ 2.261.319
8) Per godimento di beni di terzi	€ 1.060	€ 665
9) Per il personale		
a) Salari e stipendi	€ 311.346	€ 344.772
b) Oneri sociali	€ 96.742	€ 94.512
c) Trattamento di fine rapporto	€ 27.088	€ 26.569
d) Trattamento di quiescenza e simili	€ -	€ -
e) Altri costi	€ -	€ -
	<u>€ 435.176</u>	<u>€ 465.853</u>
10) Ammortamenti e svalutazioni		
a) Ammortamento delle immobilizzazioni immateriali	€ 568.285	€ 486.227
b) Ammortamento delle immobilizzazioni materiali	€ 473.429	€ 469.862
c) Altre svalutazioni delle immobilizzazioni	€ 54.472	€ -
d) Svalutazioni dei crediti compresi nell'attivo circolante e delle disponibilità liquide	€ -	€ -
	<u>€ 1.096.186</u>	<u>€ 956.089</u>
12) Accantonamento per rischi	€ -	€ -
13) Altri accantonamenti	€ 25.000	€ -
14) Oneri diversi di gestione	€ 117.128	€ 126.462
Totale costi della produzione	€ 4.420.015	€ 3.921.675
Differenza tra valore e costi di produzione	-€ 119.030	-€ 699.525



C) Proventi e oneri finanziari

16) Altri proventi finanziari

d) proventi diversi dai precedenti:

- altri

€ 62

€ 87

€ 62

€ 87

17) Interessi ed altri oneri finanziari

- altri

€ 143.731

€ 95.896

€ 143.731

€ 95.896

17 bis) Utili e perdite su cambi

- utili su cambi

€ 44

€ 427

perdite su cambi

€ -

€ 94

€ 44

€ 334

Totale proventi e oneri finanziari

-€ 143.625

-€ 95.476

D) Rettifiche di valore di attività finanziarie

€ -

€ -

Totale rettifiche di valore di attività finanziarie

€ -

€ -

E) Proventi e oneri straordinari

20) Proventi:

- plusvalenze da alienazioni

€ -

€ -

- varie

€ -

€ -

€ -

€ -

21) Oneri:

- minusvalenze da alienazioni

€ -

€ -

- imposte esercizi precedenti

€ -

€ -

- varie

€ -

€ -

€ -

€ -

Totale delle partite straordinarie

€ -

€ -

Risultato prima delle imposte

-€ 262.655

-€ 795.001

22) Imposte sul reddito dell'esercizio

€ 9.682

€ -

Imposte sul reddito dell'esercizio, correnti differite e anticipate

€ -

€ -

23) Utile (perdita) dell'esercizio

-€ 272.337

-€ 795.001

Per il Consiglio di Amministrazione
Il Presidente Sen. Giancarlo Piatti



PARCO TECNOLOGICO PADANO S.R.L. a Socio Unico

Società soggetta alla direzione e coordinamento della Fondazione Parco Tecnologico Padano

§ § §

NOTA INTEGRATIVA AL BILANCIO CHIUSO AL 31.12.2011

(in forma abbreviata ai sensi dell'art. 2435 *bis* C.C.)

PREMESSA

La società ha per oggetto la gestione diretta, indiretta, o tramite la partecipazione in altre società od enti, di centri per la ricerca e lo sviluppo tecnologico per la zootecnia ed il settore agro-alimentare, per le produzioni agrarie vegetali e per l'agritec, nonché la bio-sicurezza, la salute, l'alimentazione e l'ambiente.

Il bilancio dell'esercizio chiuso al 31.12.2011 evidenzia una perdita di €. 272.337.

E' stato redatto secondo le disposizioni degli artt. 2423 e seguenti del Codice Civile e ai sensi dell'art. 2435 bis del Codice Civile, non avendo la società nell'esercizio chiuso al 31.12.2011 ed in quello precedente superato i limiti di cui ai numeri 1), 2) e 3) dello stesso art. 2435 *bis*: è pertanto consentita la redazione del bilancio e della nota integrativa in forma abbreviata.

I criteri di valutazione adottati per la formazione del bilancio sono conformi alle disposizioni dell'articolo 2426 del Codice Civile; la presente nota integrativa è redatta in conformità a quanto disposto dall'art. 2427 del Codice Civile.

Durante l'esercizio non si sono verificati casi eccezionali che abbiano reso necessario il ricorso a deroghe di cui all'articolo 2423, comma 4, ed all'articolo 2423 *bis*, comma 2, del Codice Civile; non si è proceduto al raggruppamento di voci nello Stato Patrimoniale e nel Conto Economico; non vi sono elementi dell'attivo e del passivo che ricadano sotto più voci dello schema. Le valutazioni sono state determinate nella prospettiva della continuazione dell'attività d'impresa.

La presente nota integrativa è stata redatta in unità di euro.

1) CRITERI APPLICATI NELLA VALUTAZIONE DELLE VOCI E NELLE RETTIFICHE DI VALORE:

Nella valutazione delle voci del bilancio ci si è attenuti ai criteri previsti dall'articolo 2426 del Codice Civile. In particolare:

- le immobilizzazioni immateriali e materiali sono valutate al costo, per entrambe vi è la separata indicazione degli ammortamenti effettuati;
- le immobilizzazioni finanziarie sono valutate al costo di sottoscrizione;
- i crediti sono valutati al valore di presumibile realizzo;
- le disponibilità liquide sono valutate al valore nominale;

- i debiti sono iscritti al valore nominale;
- il fondo rischi è stato iscritto a fronte di possibili rischi per oneri futuri;
- il trattamento di fine rapporto rappresenta l'effettivo debito alla data di chiusura del bilancio nei confronti dei dipendenti, determinato in base a quanto prescritto dalla legislazione vigente;
- i ratei e i risconti sono determinati secondo competenza temporale;
- i componenti positivi e negativi di reddito sono imputati secondo il criterio della competenza.

PROSPETTO IMMOBILIZZAZIONI

IMMOBILIZZAZIONI IMMATERIALI

Descrizione	Saldo al 31/12/10	Incrementi	(Decr.ti)	Saldo al 31/12/11	Ammort. 2011	Fondo amm.to al 31/12/11
Costi ad utilizzo pluriennale	5.711	-	-	5.711	-	5.711
Spese di progettazione	7.366	-	-	7.366		7.366
Programmi computer	62.073	1.600	-	63.673	7.916	57.257
Marchi e brevetti	25.888	1.427	-	27.315	2.732	13.293
Spese pluriennali per progetti scientifici	3.570.989	419.639	(54.472)	3.936.156	557.637	1.813.993
Totale	3.672.027	422.666	(54.472)	4.040.221	568.285	1.897.620

Con riferimento alla capitalizzazione dei costi relativi ai progetti scientifici (per €. 419.639 nell'esercizio 2011) si precisa che l'iscrizione nell'attivo di stato patrimoniale è stata effettuata in aderenza al Principio Contabile Nazionale n. 24, e che i costi sono relativi a processi e prodotti definiti, identificabili e misurabili, sono riferiti a progetti realizzabili e sono recuperabili tramite ricavi che si presume si svilupperanno dall'applicazione del progetto stesso.

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 relativa ai costi sostenuti nell'esercizio oltre ad una documentazione tecnico-scientifica sottoscritta dal capo progetto, dalla direzione scientifica e dalle funzioni interessate.

Si è proceduto alla iscrizione della svalutazione dell'importo di euro 54.472, relativo al residuo costo ammortizzabile di un progetto (commessa Sabre), ritenuto non più idoneo a produrre futuri risultati positivi.

La quota di ammortamento di detti costi imputata a conto economico è pari ad euro 557.637.

IMMOBILIZZAZIONI MATERIALI

Descrizione	Saldo al 31/12/10	Incrementi	Decre.ti	Saldo al 31/12/11	Ammort.to 2011	Fondo amm.to al 31/12/11
Fabbricati	15.328.378	563.127	-	15.891.505	253.831	1.591.026
Macchinari e impianti	78.532	41.695	-	120.227	13.550	44.342
Attrezzatura varia e minuta	16.065	-	-	16.065	2.041	10.809
Automezzi ed autovetture	26.457	-	-	26.457	-	26.457
Mobili e arredi ufficio	214.623	32.352	(1.000)	245.975	17.612	95.667
Macchine elettroniche ufficio	177.030	8.417	-	185.447	13.529	162.523
Impianti interni speciali	87.000	-	-	87.000	-	87.000
Telefoni cellulari	529	-	-	529	72	467
Attrezzatura di laboratorio	1.060.144	25.597	(500)	1.085.241	140.292	619.952
Arredamenti	469.926	66.913	(39.000)	497.839	32.323	202.719
Apparecchi audiov.	1.790	-	-	1.790	179	1.386
Totale	17.460.474	738.101	(40.500)	18.158.075	473.429	2.842.348



Gli ammortamenti dell'esercizio 2011 ammontano ad euro 568.285 per le immobilizzazioni immateriali e ad euro 473.429 per le immobilizzazioni materiali e sono stati calcolati in relazione alla vita utile dei cespiti.

Le aliquote applicate sono le seguenti:

- costi utilizzo pluriennale	20%
- spese di progettazione	20%
- marchi e brevetti	10%
- software e licenze	33,34%
- immobili e fabbricati	1,5%
- macchinari e impianti	10%
- attrezzatura varia e minuta	10%
- automezzi e autovetture	25%
- mobili e arredi ufficio	6%
- macchine elettroniche ufficio	20%
- impianti interni speciali	20%
- telefoni cellulari	20%
- attrezzatura di laboratorio	10%
- arredamenti laboratorio	6%
- macchine e apparecchi fotografici	20%

IMMOBILIZZAZIONI FINANZIARIE

Descrizione	Saldo al 31/12/2010	Incrementi	Decrementi	Saldo al 31/12/2011
Consorzio CNRB	25.823	-	-	25.823
Consorzio Italbiotec	25.823	-	-	25.823
Consorzio Distretto Agro energetico - Distretto Agricolo riconosciuto da Regione Lombardia	-	200	-	200
Consorzio Distretto Latte Lombardo - Distretto Agricolo riconosciuto da Regione Lombardia	1.000	3.000	-	4.000
International Plant analysis and diagnostics S.r.l.	1.200	-	-	1.200
Biotrack S.r.l.	17.820	-	-	17.820
Phytoremedial S.r.l.	2.500	-	-	2.500
Molecular Stamping S.r.l.	25.250	-	-	25.250
Contratto di rete "Officina Creativa"	-	1.000	-	1.000
Totale	99.416	4.200	-	103.616



Le partecipazioni sono iscritte al costo di sottoscrizione.

Dati sintetici delle maggiori partecipazioni:

1) CNRB (Consorzio Nazionale per le Risorse Biologiche) (*):

- Fondo di dotazione al 31.12.2010	€.	258.228
- Perdite a nuovo	€.	(227.784)
- Perdita esercizio 2010	€.	(86.415)

2) Consorzio Italbiotec:

- Fondo di dotazione all'01.01.2011	€.	103.292
- Patrimonio netto al 31.12.2011	€.	170.253
- Utile esercizio 2011	€.	4.100

3) Biotrack S.r.l.:

- Capitale sociale	€.	99.000
- Patrimonio netto al 31.12.2010	€.	90.705
- Perdita esercizio 2010 (compresa nel P.N.)	€.	(5.890)

4) Phytoremedial S.r.l.:

- Capitale sociale	€.	50.000
- Patrimonio netto al 31.12.2010	€.	8.217 (**)
- Perdita esercizio 2010 (compreso nel P.N.)	€.	(29.976)

(*) La partecipazione nel Consorzio Nazionale per le risorse Biologiche è stata ceduta nel corso del mese di gennaio 2012.

(**) Nella partecipata Phytoremedial S.r.l. le perdite di esercizio sono state ripianate con la contestuale riduzione del capitale sociale che è stato ricostituito; il Parco S.r.l. non ha partecipato alla ricostituzione del capitale sociale.

Nei conti d'ordine è indicato l'importo degli impegni per fidejussioni prestate a terzi .

3 BIS) MISURA E MOTIVAZIONI DELLE RIDUZIONI DI VALORE APPLICATE ALLE IMMOBILIZZAZIONI MATERIALI E IMMATERIALI: //



4) VARIAZIONI INTERVENUTE NELLA CONSISTENZA DELLE ALTRE VOCI DELL'ATTIVO E DEL PASSIVO

Descrizione	Saldo al 31.12.2010	Incrementi	Decrementi	Saldo al 31.12.2011
Crediti esigibili entro l'esercizio successivo:	3.263.873	889.139	(330.707)	3.822.305
- eccedenza IRES da compensare	-	22.180	-	22.180
- credito imposta per ricerca	270.889	-	(673)	270.216
- rimborsi stu da ricevere	75.186	22.880	-	98.066
- credito IVA da compensare	516.456	-	-	516.456
- Erario c/to IVA	554.052	-	(282.448)	271.604
- contr. c/esercizio di competenza	1.270.230	668.894	-	1.939.124
- crediti di competenza	24.609	-	(23.529)	1.080
- crediti diversi	14.391	-	(13.881)	510
- crediti vs clienti	484.738	116.304	-	601.042
- Fatture da emettere	33.333	58.881	-	92.214
- debitori diversi	-	-	(9.953)	(9.953)
- Anticipi a fornitori	387	-	(223)	164
- Crediti vs partecipate	19.602	-	-	19.602
Disponibilità liquide:	456	15	-	471
- cassa	456	15	-	471
Risconti attivi	37.768		15.601	22.167
	-	25.000	-	25.000
Tratt. Fine Rapporto	68.942	27.088	(8.100)	87.930
Debiti esigibili entro l'esercizio successivo:	4.723.720	3.805.066	(2.271.299)	6.257.487

-Intesa San Paolo	180.101	-	(179.951)	150
- Intesa San Paolo c/ant.	2.011.715	-	(2.011.449)	266
- Banca Popolare di Lodi (c/c n. 133425)	1.312.126	805.682	-	2.117.808
- Banca di credito Cooperativo	307.351	-	(68.715)	238.636
-Monte Paschi Siena	46.317	-	(932)	45.385
-Banca Prossima		705.884	-	705.884
-Banca Prossima Ant.		2.005.667	-	2.005.667
- ant. Contr. Comune MI	380.850	-	(5.713)	375.137
- debiti vs fornitori	372.260	43.374	-	415.634
- erario c/to irpef dipendenti	20.053	2.634	-	22.687
- imposta sost. Tfr	65	69	-	134
- erario per ritenute d'acconto	3.167	357	-	3.524
- Crediti imposta per ritenute	(22.180)	22.180	-	-
-crediti imposta per acconti versati IRAP	(3.352)	3.352	-	-
- enti previdenza per contributi	17.250	2.369	-	19.619
-Assicur. C/perv. Int.	20	132	-	152
- ritenute previdenz. Collaboratori	10.578	-	(152)	10.426
- ente bilaterale sviluppo tutela	191	42	-	233
-F.di prev. Comp.	2.792	-	(80)	2.712
- fatture da ricevere	39.545	202.277	-	241.822
- ratei ferie e permessi	23.825	-	(4.065)	19.760
- ratei 14 mens.	11.272	365	-	11.637
- rateo contrib. 14 mens.	9.774	-	(242)	9.532
- f.do imposte e tasse	-	9.682	-	9.682

-f.do patrimoniale contratti rete		1.000	-	1.000
Debiti esigibili oltre l'esercizio successivo:	3.749.178	-	(1.698.922)	2.050.256
- anticipo cred. agev. progetto industriale	2.749.178	-	(698.922)	2.050.256
- Fondazione Parco Tecnologico	1.000.000	-	(1.000.000)	-
Ratei e risconti passivi	262.821	-	(40.762)	222.059

Nei debiti esigibili oltre l'esercizio successivo è indicato l'importo del finanziamento concesso dal Ministero dell'Istruzione, dell'Università e della Ricerca per il progetto industriale nr. 1674/03, la cui restituzione della quota di credito agevolato è iniziata a partire dal 2009.

I contributi in conto esercizio di competenza relativi agli anni 2007, 2008, 2009, 2010 e 2011 esposti nei "crediti entro l'esercizio successivo", sono pari ad euro 1.939.124, dei quali i più rilevanti sono riferiti ad euro 223.944 per l'esercizio 2009, euro 366.667 per l'esercizio 2010 ed euro 1.283.858 per il solo esercizio 2011. Nella tabella seguente vengono evidenziati i contributi in conto esercizio di competenza:

COMMESSA	TITOLO PROGETTO	COMPETENZA PER ANNO				
		2007	2008	2009	2010	2011
MIUR-FIRB EGITTO	Strategie per migliorare le rese di piante in ambienti siccitosi	5.019	35.000	35.000	30.381	
MIUR-FIRB PARALLELOMICS	Profiling genomico e metabolico di prodotti vegetali		24.636	50.000	51.000	
UE-EADGENE	European Animal Disease Genomics Network for Animal Health			45.129	95.000	
UE-SABRE	Cutting Edge Genomics for Sustainable Animal Breeding			18.815	35.000	
Regione Lombardia/Unio	Innovazione nella			5.000	10.000	

ncamere NOVOSIBIRSK	Regione di Novosibirsk					
Regione Lombardia- META LGS	Tipizzazione genetica preimpianto nelle specie bovine			70.000	70.000	22.434
Regione Lombardia/Fond azione Cariplo/fondazio ne BPL - PROZOO	Applicazione della genomica alla risoluzione di problemi in bovini e suini				47.786	260.000
Ministero Affari esteri -INFARM	On farm innovation for dairy industry sustainability				27.500	27.500
UE -INTERPLAY	Interplay of microbiota and gut function in the developing pig					24.174
UE-NEXTGEN	Next generation methods to preserve farm animal biodiversity					34.940
UE-PIROVAC	New vaccines for theileriosis and babesiosis of small ruminants					14.875
Comune di Milano-MADE IN ITALY	Incubatore dell'Alimentazione e del Gusto – realizzazione incubatore Made in Italy					306.576
Regione Lombardia- MASTFIELD	Applicazione di sistemi molecolari innovativi per il controllo in campo delle mastiti bovine					15.040
UE/MIUR-	Novel RNA interference					32.417

NOLESSBEES	protection strategy for honey bee nosema					
MIUR - IT-CITRUS	Miglioramento genetico ed innovazioni per la valorizzazione dei prodotti della filiera agrumicola					192.292
MIUR -EPISUD RIC	Sviluppo di metodologie per l'identificazione ed il controllo di infezioni micobatteriche animali					163.486
MIUR -EPISUD FORM	Formazione di ricercatori e tecnici per l'identificazione ed il controllo delle infezioni degli animali					22.000
MIUR - MICROMAP RIC	Sviluppo piattaforma tecnologica multiplex per diagnostica molecolare					65.655
MIUR - MICROMAP FORM	Formazione di ricercatori nel campo della genomica funzionale					25.000
MIUR - MACROSYS ART. 16	Contributo MIUR progetti EU - MacroSys					25.823
MIUR - BIOGNOSTIX ART. 16	Contributo MIUR progetti EU - BiognostiX					25.823
MIUR - FRUITBREED ART. 16	Contributo MIUR progetti EU - FruitBreedomics					25.823
TOTALI		5.019	59.636	223.944	366.667	1.283.858



5) ELENCO DELLE PARTECIPAZIONI IN IMPRESE CONTROLLATE E COLLEGATE: la società possiede la seguente partecipazione in impresa collegata

Denominazione	Biotrack S.r.l.
Sede	Lodi, Via Albert Einstein
Capitale sociale	€ 99.000 i.v.
Patrimonio netto al 31.12.2010	€ 90.705
Utile/perdita esercizio 2010	€ - 5.890
Quota posseduta	18%
Valore della partecipazione iscritto in bilancio	€ 17.820

Le altre partecipazioni iscritte in bilancio sono riferite a società non controllate e/o non collegate.

6) AMMONTARE DEI CREDITI E DEI DEBITI DI DURATA SUPERIORE AI CINQUE ANNI E DEI DEBITI ASSISTITI DA GARANZIA REALE SUI BENI SOCIALI CON SPECIFICA INDICAZIONE DELLA NATURA DELLE GARANZIE:

I debiti oltre l'esercizio successivo, pari a complessivi € 2.050.256, sono relativi al residuo debito verso il Ministero dell'Istruzione, dell'Università e della Ricerca per il progetto ex Art. 10 del D.M. 593/00 n° 1674/03; il debito di € 1.000.000, iscritto al 31 dicembre 2010 verso la controllante Fondazione Parco Tecnologico per un versamento infruttifero di interessi, è stato convertito per decisione del socio in versamento in conto aumento di capitale sociale e quindi iscritto nel Patrimonio netto.

6 BIS) EFFETTI SIGNIFICATIVI DELLE VARIAZIONI NEI CAMBI VALUTARI VERIFICATESI SUCCESSIVAMENTE ALLA CHIUSURA DELL'ESERCIZIO: //

6 TER) AMMONTARE DEI CREDITI E DEI DEBITI RELATIVI AD OPERAZIONI CHE PREVEDONO L'OBBLIGO PER L'ACQUIRENTE DI RETROCESSIONE A TERMINE: //

7 BIS) DETTAGLIO DELLE VOCI DI PATRIMONIO NETTO:

	Capitale sociale	Riserva legale	Vers. c/to futuri aumento C.S.	Altre riserve di capitale	Utili (perdite) portati a nuovo	Utile/Perdita dell'esercizio	Totale
Saldo al 31 dicembre 2007	7.000.000	710	7.302.992	1	- 385.935	1.784	13.919.552
Assemblea Ordinaria del 28/04/2008		89			1.695	-1.784	-
Perdita dell'esercizio 2008						- 629.352	- 629.352
Arrotondamenti euro				-2			-2
Saldo al 31 dicembre 2008	7.000.000	799	7.302.992	- 1	- 384.240	- 629.352	13.290.198
Assemblea Ordinaria del 29/04/2009					-629.352	629.352	-
Perdita dell'esercizio 2009						-458.705	-458.705
Arrotondamenti				1	-1		-
Saldo al 31 dicembre 2009	7.000.000	799	7.302.992	-	-1.013.593	-458.705	12.831.493
Assemblea Ordinaria del 09/04/2010					- 458.705	458.705	-
Perdita dell'esercizio						-795.001	-795.001



2010							
Arrotondamenti				-1			-1
Saldo al 31 dicembre 2010	7.000.000	799	7.302.992	-1	-1.472.298	-795.001	12.036.491
Assemblea Ordinaria del 28/04/2011					-795.001	795.001	-
Conversione finanziam. in versamento c/to aumento c.s.			1.000.000				1.000.000
Perdita dell'esercizio 2011						- 272.337	- 272.337
Arrotondamenti euro				1			1
Saldo al 31 dicembre 2011	7.000.000	799	8.302.992	-	- 2.267.299	- 272.337	12.764.155
Informazioni aggiuntive ex art.2427 - n.7 bis) C.C.		B	A-B				

Legenda:

A: aumento di capitale

B: copertura perdite

C: distribuzione ai soci.

8) ONERI FINANZIARI IMPUTATI NELL'ESERCIZIO A VALORI ISCRITTI NELL'ATTIVO: non sono stati imputati oneri finanziari a valori dell'attivo.

11) PROVENTI DI PARTECIPAZIONI DI CUI ALL'ART. 2425 N. 15 DIVERSI DAI DIVIDENDI: la società non ha conseguito alcun provento dalle società partecipate.



18) AZIONI DI GODIMENTO, OBBLIGAZIONI CONVERTIBILI IN AZIONI, TITOLI O VALORI SIMILI EMESSI DALLA SOCIETA': la società non ha emesso azioni o titoli di cui all'oggetto.

19) ALTRI STRUMENTI FINANZIARI EMESSI DALLA SOCIETA': la società non ha emesso strumenti finanziari di cui all'oggetto.

19 BIS) FINANZIAMENTI EFFETTUATI DAI SOCI ALLA SOCIETA': il versamento infruttifero di interessi e con obbligo di rimborso per €. 1.000.000 apportato dall'unico socio (Fondazione Parco Tecnologico Padano) è stato convertito in versamento in conto aumento di capitale sociale. Quindi al 31.12.11 non vi sono in essere finanziamenti del socio.

20) DATI RICHIESTI DAL TERZO COMMA DELL'ART.2447 SEPTIES CON RIFERIMENTO AI PATRIMONI DESTINATI AD UNO SPECIFICO AFFARE: la società non ha costituito uno o più patrimoni ciascuno destinato in via esclusiva ad uno specifico affare.

21) DATI RICHIESTI DALL'ART. 2447 DECIES, OTTAVO COMMA: //



22) OPERAZIONI REALIZZATE CON PARTI CORRELATE: tra la Fondazione e la partecipata Parco Tecnologico Padano S.r.l. vi sono i seguenti rapporti:

Stato Patrimoniale

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

22 TER) NATURA E OBIETTIVO ECONOMICO DI ACCORDI NON RISULTANTI DALLO STATO PATRIMONIALE: in calce allo stato patrimoniale sono indicati i conti d'ordine per €. 4.635.982 relativi a fidejussioni prestate dagli Istituti di Credito per conto della società.

§ § §

INFORMAZIONI NECESSARIE PER L'ESONERO DELLA RELAZIONE SULLA GESTIONE DI CUI ALL'ART.2428 C.C.

La società non possiede azioni o quote di società controllanti (art.2428, comma 2, n.3 C.C.), né ne ha alienate od acquistate nel corso dell'esercizio (art.2428, comma 2, n.4 C.C.) anche per tramite di società fiduciaria o per interposta persona.

§ § §

ALTRE INFORMAZIONI RILEVANTI

a) Nell'esercizio 2011 sono state capitalizzate, per euro 419.639 (voce A4 del Conto Economico), le spese sostenute per personale, materiali di consumo, consulenze, prestazioni di terzi, spese generali ed altri costi sostenuti per lo svolgimento di progetti di ricerca così come da schede analitiche; l'importo è stato contabilizzato nelle "spese pluriennali per progetti scientifici".

b) La voce ricavi delle vendite e delle prestazioni risulta così composta:

Voce	Anno 2011	Anno 2010
Ricavi derivanti da spazi per l'utilizzo Edificio Centro per la Ricerca	996.214	1.114.871
Contributi c/esercizio (contributi da ricevere di competenza 2011)	1.283.858	772.994
Contributo Camera Commercio	1.080	1.152
Recupero spese da locatari	54.363	44.184
Contributi da Progetti (incassati nell'esercizio o negli esercizi precedenti)	929.450	452.357
Corrispettivi per servizi	360.694	303.192
Ricavi servizi diversi	26.392	16.448
Totale	3.652.051	2.705.198

La voce altri ricavi e proventi è così composta:

Voce	Anno 2011	Anno 2010
-------------	------------------	------------------



Rimborso Oneri Diversi	176.796	12.247
Proventi da Sponsorizzazioni	7.800	5.500
Proventi per iscriz. a convegni	2.144	2.612
Sopravvenienze Attive	3.241	69.766
Plusvalenze cessione cespiti	39.314	-
TOTALE	229.295	90.125

c) I contributi da progetti, per euro 929.450 sono relativi ai seguenti progetti:

COMMESSA	TITOLO PROGETTO	2011
UE-MACROSYS	Macrophage System Biology Applied to Disease Control	117.000
UE-INTERPLAY	Interplay of microbiota and gut function in the developing pig	35.826
UE-NADIR	Network Animal Disease Infectiology and Research Facility	113.000
UE-PORRSCON	New tools and approaches to control PoRRS in EU and Asia	35.550
UE-NEXTGEN	Next generation methods to preserve farm animal biodiversity	24.280
UE-PIROVAC	New vaccines for theileriosis and babesiosis of small ruminants	27.625
UE-3SR	Soluzioni sostenibili per piccolo ruminanti	100.000
UE-APIFRESH	Sviluppo standard per polline e pappa reale europea	76.510
Regione Lombardia-MDF	Mais resistente a diabrotica e fusarium in pianura lombarda	106.482
Regione Lombardia-INNOVAB	Biotechnologie riproduttive per diffusione genetica bufala	176.737

UE-FRUITBREED	Integrated approach for increasing breeding efficiency in fruit tree crops	43.541
UE-BIOGNOSTIX	A new generation of fibre-based diagnostic sensors	46.586
UE-NEUTRADAPT	Estimation of neutral and adaptive/selective genetic variation in farm animal species	10.000
UE-EADGENE_S	Strengthening the implementation of durable integration of EADGENE	16.313
TOTALI		929.450

d) I costi per servizi, pari ad euro 2.611.345, sono così dettagliati:

Manutenzioni	
Manutenzione Ordinaria	12.114
Manutenzione Macchinari	22.725
Gestione e manutenzione impianto	97.350
Manutenzione Automezzi	319
Manutenz. Attrezz. Sollevamento	7.669
Manutenz. Macchine Elettroniche	2.125
Manutenzione mobili ufficio	480
Manutenzione aree verdi	6.808
Manutenzioni attrezzature laboratorio	92.437
Spese relative a dipendenti e collaboratori	



Ticket Restaurant	9.485
Spese per adempimenti Legge 626	300
Spese Visite Mediche personale	155
Rimborsi spese viaggi	25.892
Collaborazioni coordinate continuative	482.809
Contributi Previd.Collaborazioni	90.766
Rimborsi spese viaggi collaboratori	16.158
Spese per progetti scientifici	
Consulenze scientifiche	210.146
Spese per lavorazioni di terzi	135.319
Prestito Personale (ricercatori)	245.302
Costi di Formazione	901
Spese servizi amministrativi	
Spese Legali – Notarili	3.911
Competenze Sindaci	18.200
Compenso organo di vigilanza	7.973
Elaborazione Paghe	10.104
Provvigioni agenti	437
Licenze d'uso programmi	2.830

Licenze d'uso programmi informa. Scient.	6.500
Spese per servizi di segreteria	27.924
Consulenze professionali	95.289
Consulenza tecnica	68.224
Spese pulizia immobile	120.526
Illuminazione e Forza Motrice	349.485
Acqua e riscaldamento	163.251
Vigilanza Notturna	105.120
Smaltimento Rifiuti	26.240
Consulenza Informatica e Tecnica	9.202
Assicurazioni	8.274
Assicurazioni personale	12.607
Assicurazione Autovetture	2.000
Spese di pubblicità	7.010
Spese Telefoniche	29.461
Postali e telegrafiche	9.120
Spese x Servizi di Catering	12.672
Partecipazioni a congressi	31.120
Commissioni Bancarie	24.605



e) Gli oneri diversi di gestione, pari ad **euro 117.128**, sono così dettagliati:

Carburante	748
Pedaggi Autostradali Autovetture	2.548
Spese Omaggi e Regalie	64
Spese di Cancelleria	16.935
Giornali e riviste	45
Spese Generali Varie	3.685
Quote Associative	6.381
Utensileria Varia e Minuta	2.191
Beni inferiori 516.46	11.147
Tassa Annuale CC.GG. Libri Soc.	517
Diritto camera di commercio	673
Tasse per la Raccolta Rifiuti	16.583
Imposte di Registro	4.738
Imposta Bollo su E/C Bancari	453
Imposta di Bollo su Contratti	292
I.C.I. Imposta Comunale Immobili	35.381
Sopravvenienze Passive	1.223
Sanzioni Amministrative	90
Tassa circolazione automezzi	234
Oneri indeducibili	13.156

Soste e parcheggi indetraibili	44
Totale	117.128

f) I dati sintetici della Fondazione controllante relativi all'ultimo bilancio d'esercizio approvato al 31.12.2010 sono i seguenti:

Totale attività	€.	19.998.795
Totale passività	€.	4.346.860
Patrimonio netto	€.	15.649.460
Avanzo dell'esercizio	€.	2.475

g) E' stata accantonata l'IRAP di competenza dell'esercizio per euro 9.682, mentre l'imponibile IRES risulta negativo.

h) Non si è ritenuto di iscrivere crediti per imposte anticipate (pur in presenza di perdite fiscalmente deducibili), in quanto gli stessi sarebbero assorbibili in presenza di imponibili attivi futuri.

Ai sensi dell'art.2427, n.14, lett.b) l'ammontare delle perdite fiscali come da Modello Unico 2011 sono le seguenti:

Anno di formazione		Perdite fiscali	Credito teorico per imposte diff.attive
Esercizio	2010	739.293	203.305
Esercizio	2009	484.531	133.246
Esercizio	2008	730.140	200.788
Totale		1.953.964	537.339



PARCO TECNOLOGICO PADANO SRL

Sede Legale: via Einstein Cascina Codazza

Capitale Sociale Euro 7.000.000 i.v. Codice Fiscale 03575650969

RELAZIONE DEL COLLEGIO SINDACALE AL BILANCIO AL 31 DICEMBRE 2011

Al socio unico della *Società Parco Tecnologico Padano a r.l.*,
questo Collegio ha esaminato il progetto di bilancio dell'esercizio chiuso al 31 dicembre 2011, redatto dall'organo amministrativo della società ai sensi di legge approvato in data 28 marzo 2012 dal Consiglio di Amministrazione e regolarmente messo a disposizione di questo Collegio, unitamente a tutti i dettagli, alla nota integrativa e alla relazione sulla gestione.

Riteniamo che tali documenti, in modo ampio e diffuso, illustrino la situazione della società, sia sotto l'aspetto patrimoniale che reddituale.

Ancor prima di procedere all'analisi del bilancio, desideriamo informarVi che questo Collegio non è stato investito, ai sensi dell'ultimo comma dell'art. 2477 c.c., dell'attività di revisione legale dei conti, demandata al Revisore Unico Dott. Andrea Traverso, nominato dall'Assemblea dei soci in data 28.04.2011 con il quale il collegio ha verificato l'inesistenza di rilievi significativi che possano avere avuto impatto sul patrimonio o sul risultato di esercizio.

Al revisore compete la responsabilità del controllo del bilancio di esercizio.

* ANALISI DEL BILANCIO AL 31 DICEMBRE 2011

Abbiamo esaminato il progetto di bilancio d'esercizio chiuso al 31 dicembre 2011, che è stato messo a disposizione di codesto Collegio Sindacale nei termini di cui



all'art. 2429 c.c., in merito al quale riferiamo quanto segue.

Non essendo a noi demandata la revisione legale del bilancio, abbiamo vigilato sull'impostazione generale data allo stesso, sulla sua generale conformità alla legge per quel che riguarda la sua formazione e struttura e a tale riguardo non abbiamo osservazioni particolari da riferire.

Abbiamo inoltre verificato l'osservanza delle norme di legge inerenti alla predisposizione della relazione sulla gestione e a tale riguardo non abbiamo osservazioni particolari da riferire.

Il Collegio Sindacale ha proceduto, alla verifica della rispondenza del bilancio ai dati contabili ed ai risultati emersi durante le verifiche periodiche eseguite.

Con riferimento alle "immobilizzazioni immateriali" ed in particolare alla capitalizzazione dei costi relativi a progetti scientifici gli Amministratori hanno dichiarato che gli stessi risultano ben definiti, di durata pluriennale, e che saranno recuperati tramite ricavi futuri.

La responsabilità della redazione della Relazione sulla Gestione, in conformità a quanto previsto dalle norme di legge, compete all'organo amministrativo della società.

*** 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.

Del nostro operato Vi diamo atto quanto segue.

-Abbiamo partecipato alle Assemblee dei Soci e alle adunanze del Consiglio di Amministrazione, svoltesi nel rispetto delle norme statutarie, legislative e regolamentari che ne disciplinano il funzionamento e per le quali possiamo ragionevolmente assicurare che le azioni deliberate sono state conformi alla legge



ed allo statuto sociale e non sono state manifestamente imprudenti, azzardate, in conflitto d'interessi o tali da compromettere l'integrità del patrimonio sociale.

-Abbiamo ottenuto dagli amministratori informazioni sul generale andamento della gestione, sulla sua prevedibile evoluzione nonché sulle operazioni di maggiore rilievo, per le loro dimensioni o caratteristiche, effettuate dalla Società. -Abbiamo acquisito conoscenza e vigilato sull'adeguatezza dell'assetto organizzativo della società, anche tramite la raccolta di informazioni dai responsabili delle funzioni. A tale riguardo Vi evidenziamo che la società ha provveduto all'aggiornamento del Modello di Organizzazione, Gestione e Controllo ex D. Lgs. 231/2001, che è stato approvato ed adottato con delibera del Consiglio di Amministrazione del 25.01.2012 .

-Abbiamo valutato e vigilato sull'adeguatezza del sistema amministrativo e contabile nonché sull'affidabilità di questo ultimo a rappresentare correttamente i fatti di gestione, mediante l'ottenimento di informazioni dai responsabili delle funzioni, dal soggetto incaricato del controllo contabile, e l'esame dei documenti aziendali e a tale riguardo non abbiamo osservazioni particolari da riferire.

Non sono pervenute denunce ex articolo 2408 del Codice civile.

Relativamente al bilancio d'esercizio chiuso al 31 dicembre 2011, in aggiunta a quanto precede, Vi informiamo di aver vigilato sull'impostazione generale data allo stesso, sulla sua generale conformità alla legge per quel che riguarda la sua formazione e struttura e, a tale riguardo, non abbiamo osservazioni particolari da riferire.

Per quanto a nostra conoscenza, gli Amministratori, nella redazione del bilancio, non hanno derogato alle disposizioni di legge ai sensi dell'articolo 2423, comma quattro, del Codice Civile.

* CONCLUSIONI

Considerando anche le risultanze dell'attività di revisione legale ex art. 2409-ter c.c., quest'ultima demandata al revisore unico Dott. Andrea Traverso , e alla luce di quanto sin qui esposto, questo Collegio, dando atto che l'intera procedura di redazione del bilancio si è svolta nel pieno rispetto dell'art. 2423 c.c., visti i risultati delle verifiche eseguite, i criteri seguiti dall'Organo Amministrativo nella redazione di esso, la rispondenza dello stesso alle scritture contabili, ritiene che il bilancio chiuso alla data del 31 dicembre 2011 sia conforme alle norme di legge che lo disciplinano. Pertanto si invita l'assemblea dei soci ad approvarlo, unitamente agli allegati e alla relazione sulla gestione, uniformandosi alla proposta dell'Organo amministrativo circa il rinvio a nuovo della perdita dell'esercizio.

Lodi, 12 aprile 2012

Il Collegio Sindacale

Dott. Emanuele Fasani *Presidente*

Rag. Giordano Massa *Sindaco effettivo*

Dott. Erminio Lozzi *Sindaco effettivo*



TRAVERSO & PARTNERS
dottori commercialisti

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

All'Assemblea dei Soci
del Parco Tecnologico Padano S.r.l.

1. Abbiamo svolto la revisione legale dei conti del bilancio d'esercizio della Parco Tecnologico Padano S.r.l. al 31 dicembre 2011. La responsabilità della redazione del bilancio d'esercizio in conformità alle norme che ne disciplinano i criteri di redazione compete agli amministratori della Parco Tecnologico Padano S.r.l. È nostra la responsabilità del giudizio professionale espresso sul bilancio d'esercizio 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 bilancio d'esercizio sia vizioso 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 bilancio, 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 bilancio 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 bilancio d'esercizio 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 Parco Tecnologico Padano S.r.l. per l'esercizio chiuso al 31 dicembre 2011.
4. La responsabilità della redazione della relazione sulla gestione in conformità a quanto previsto dalle norme di legge compete agli amministratori della Parco Tecnologico Padano S.r.l. È di nostra competenza l'espressione del giudizio sulla coerenza della relazione sulla gestione con il bilancio. 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 sulla gestione è coerente con il bilancio d'esercizio della Parco Tecnologico Padano S.r.l. al 31 dicembre 2011.

Milano, undici aprile duemiladodici

Andrea E. Traverso
Revisore legale dei conti

GENOVA

VIA SAN VINCENZO 2 PIANO 9 - CAP 16121
TEL 010 5305401 - FAX 010 5536049
E-MAIL: info@traversoandpartners.eu

MILANO

VIA BUONAPARTE 46 - CAP 20121
TEL 02 72023990 - FAX 02 85910156
E-MAIL: milano@traversoandpartners.eu

