



F.lli Galloni S.p.a.
Stagionatura Prosciutti
Langhirano (Parma)
Tel. 0521 354211 | Fax 0521 354222
E-mail info@galloniprosciutto.it
www.galloniprosciutto.it



PROGETTI DI FILIERA - FORMAT SCHEDA 16.2 SALDO PIANO INNOVAZIONE

TITOLO (IN ITALIANO):

Progetto pilota per valutare la qualità tecnologica della carne di suino pesante per i prosciutti DOP con tecniche innovative genomiche e di processo

TITLE (IN ENGLISH):

Pilot project for assessing technological quality of heavy pig meat suitable for PDO dry-cured hams thought advanced process and genomic technologies

EDITOR: Carlo Galloni

RESPONSABILE ORGANIZZATIVO:

Il responsabile del progetto e del coordinamento delle attività

Nome: Carlo Cognome: Galloni Indirizzo: Via Roma, 84, 43013, Langhirano (PR)
telefono: +390521354211

e-mail: info@galloniprosciutto.it; alessiocilloni@galloniprosciutto.it ... Ente di appartenenza: F.lli Galloni S.p.A.

RESPONSABILE TECNICO-SCIENTIFICO:

Il responsabile del team scientifico

Nome: Paolo Cognome: Zambonelli Indirizzo: Viale Fanin, 46, 40127 Bologna (BO)
telefono: +390512088055 / +393401448406

e-mail: paolo.zambonelli@unibo.it ... Ente di appartenenza: Alma Mater Studiorum – Università di Bologna, Dipartimento di Scienze e Tecnologie Agro-alimentari (UNIBO-DISTAL)

PAROLE CHIAVE (IN ITALIANO):

suino, qualità della carne, prosciutto, denominazione di origine protetta (DOP), tecnologie di processo, genomica

PAROLE CHIAVE (IN ENGLISH):

swine, meat quality, dry-cured ham, protected designation of origin (PDO), process technologies, genomics

CICLO DI VITA PROGETTO: Data Inizio 09/08/2018 Data fine 10/07/2020

STATO PROGETTO: Progetto **concluso**

FONTE FINANZIAMENTO: PSR

COSTO TOTALE 300.000 Euro % FINANZIAMENTO 70%
CONTRIBUTO CONCESSO 210.000 Euro



F.lli Galloni S.p.a.
Stagionatura Prosciutti
Langhirano (Parma)
Tel. 0521 354211 | Fax 0521 354222
E-mail info@galloniprosciutto.it
www.galloniprosciutto.it



LOCALIZZAZIONE GEOGRAFICA: livello NUTS3 (province) Parma

ABSTRACT (IN ITALIANO)

Obiettivi del progetto

La filiera dei prosciutti DOP (Denominazione di Origine Protetta) italiani necessita di innovazioni trasferibili nei piani aziendali di tracciabilità, produzione e controllo qualità, con l'obiettivo di fornire un prodotto finito di qualità costante e rispondente alle esigenze dei consumatori. Il presente progetto pilota ha valutato nuovi strumenti in grado di fornire informazioni utili per la valutazione della qualità tecnologica e la tracciabilità delle cosce suine, e ha sperimentato l'applicabilità di tecnologie innovative di processo e genomiche.

Riepilogo risultati ottenuti

Risultati principali. Implementazione in prosciuttificio di una strumentazione on-line non invasiva per la stima del contenuto di carne magra delle cosce fresche e del sale assorbito in salagione. Individuazione di marcatori genetici associati a parametri di qualità delle cosce destinate alla produzione di prosciutti crudi stagionati DOP.

Principali benefici/opportunità apportate dal progetto all'utilizzatore finale. È stato messo a punto un sistema di predizione on-line della carnosità delle cosce fresche e del sale assorbito nel magro. Sono stati identificati 25 marcatori altamente associati con caratteri fenotipici riguardanti la qualità della materia prima e dei prosciutti in stagionatura. Per valutare la trasferibilità alla filiera dei risultati di questo progetto pilota, i dati ottenuti dovranno essere verificati per diversi tipi genetici di suini di genealogia nota, allevamenti, stabilimenti di macellazione e prosciuttifici rappresentativi per la produzione del Prosciutto di Parma DOP. Tale estensione è necessaria per aumentare il livello di maturità tecnologica del sistema studiato e verificare che i risultati prodotti nell'ambito di questa ricerca siano estendibili alla popolazione suina utilizzata per la produzione del Prosciutto di Parma. La validazione dei risultati ottenuti per il trasferimento alla filiera potrà inoltre offrire nuove opportunità selettive e portare innovazione nelle tecnologie di produzione e una migliore qualità dei prosciutti stagionati.

Descrizione delle attività

Misura di caratteri fenotipici e tecnologici delle cosce: peso, %carne magra (stima on-line), pH ultimo, attività degli enzimi catepsina B e Fe/Zn-chelatasi. Misure sui prosciutti in lavorazione: %sale aggiunto e assorbito (stima on-line), cali peso. Misura dei caratteri di qualità del prosciutto stagionato: composizione, proteolisi, Zn-protoporfirina, eme, indici di consistenza e colorimetrici, analisi sensoriale qualitativa descrittiva. Genotipizzazione con un pannello di 70000 polimorfismi del DNA dei suini utilizzati per la prova. Studio dell'associazione tra genotipi e fenotipi.

ABSTRACT (IN ENGLISH)

Goals of the project

The production chain of typical Italian PDO (Protected Designation of Origin) dry-cured ham needs an innovation program useful to obtain a product fitting consumer's request and promptly adaptable to a quality control and traceability plan. To fulfill these requirements the pilot project investigated the applicability of innovative process and genomic technologies to evaluate the technological quality of pig thighs and to trace the product along the whole production chain.





F.lli Galloni S.p.a.
Stagionatura Prosciutti
Langhirano (Parma)
Tel. 0521 354211 | Fax 0521 354222
E-mail info@galloniprosciutto.it
www.galloniprosciutto.it



Summary of the expected results

Main results. Implementation at the ham processing plant of an on-line, not invasive system capable to estimate the lean meat content of fresh hams and the salt adsorbed during the salting phase. Detection of genetic markers associated with quality parameters of thighs used for the production of PDO dry-cured hams.

Main benefits/opportunities carried by the project to the final user. A system able to trace and predict on-line the leanness of trimmed thighs and the adsorbed salt was developed. Twenty-five DNA markers highly associated with phenotypic traits of fresh and dry-cured hams quality were identified. The transfer to the production chain of the results obtained in this pilot project for the genomic technologies should be verified for different pig genetic types with known pedigree and belonging to herds, slaughterhouses, and processing plans representative of the PDO Parma dry-cured ham production. Such extension of the research is necessary to increase the degree of technological maturity of the tested system and to verify that the obtained results can be extended to the pig population used for Parma ham production. The validation of the results within the pig production chain can also offer new opportunities in porcine selection programs and an update of the production technologies to improve the quality of PDO dry-cured hams.

Activities description

Measurement of phenotypic and technological thigh traits: weight, % lean meat (on-line prediction), ultimate pH, enzymatic activities of cathepsin B and Fe/Zn-chelataze. Measurements over processing: % added and absorbed salt (on-line prediction), weight losses. Measurements of dry-cured ham quality traits: composition, proteolysis, zinc-protoporphyrin, heme, texture and colorimetric indices, descriptive sensory analysis. Genotyping of the selected pigs and of their relatives using a panel composed by 70000 DNA polymorphisms. Association study between genotypes and phenotypes.

REPORT FINALE PROGETTO (IN ITALIANO)

Dopo la misura dei pesi delle carcasse, dello spessore del lardo e della carnosità (misurati con FOM), 240 prosciutti freschi (13,2-14,7 kg), cosce sinistre, forniti in due repliche (R1=autunno e R2=inverno) dagli allevamenti A1, A2, A3, sono stati stagionati 15 mesi. Al prosciuttificio sono stati misurati il peso delle cosce rifilate, il pH ultimo nel muscolo semimembranoso (SM) e prelevati i campioni di SM per le analisi biochimiche, chimiche, fisiche, sensoriali e genomiche.

Analisi biochimiche, chimiche, fisiche e sensoriali. Prosciutti freschi: stima della % di magro (%magrof) con Ham Inspector™ (HI): %magrof media=63,1±2,2. La calibrazione di HI ($R^2=0,928$, errore 1,2%) è stata verificata sezionando 10 prosciutti. Le % di magro stimate per le carcasse e le corrispondenti cosce non sono correlate. A1, A2, A3 differiscono ($P<0,001$) per %magrof, cathepsina B (CatB; A1=1,34, A2=1,48, A3=1,57), R1=1,34 e R2=1,60 ($P<0,001$), pH (A1=5,67, A2=5,60, A3=5,70) e Fe/Zn-chelatasi (Fe/Zn CH; A1=21,3, A2=31,8, A3=46,0), R1=36,1 e R2=30,1 ($P<0,05$). Stima della % di sale assorbito a fine salagione (%NaCl_s) con HI: la calibrazione di HI ($R^2=0,953$, errore 0,2%) è stata verificata sezionando 30 prosciutti durante e a fine salagione. %NaCl_s medio =2,68%±0,25, R1=2,81% e R2=2,54% ($P<0,001$). Prosciutti stagionati: la % di sale media nel muscolo bicipite femorale (%NaCl_f) =5,55% ±0,56, R1=5,90% e R2=5,18% ($P<0,001$). %NaCl_s, %magrof e calo peso finale sono predittivi di %NaCl_f ($R=0,83$, errore 0,3%). Il calo peso, %NaCl_s e %NaCl_f differiscono tra allevamenti e repliche. L'indice di proteolisi (IP), media=32,9%±2,62,



F.lli Galloni S.p.a.
Stagionatura Prosciutti
Langhirano (Parma)
Tel. 0521 354211 | Fax 0521 354222
E-mail info@galloniprosciutto.it
www.galloniprosciutto.it



differisce ($P < 0,001$) per allevamento ($A1=31,8\%$, $A2=33,6\%$, $A3=33,2\%$) e replica ($R1=32,0\%$, $R2=33,7\%$), ed è influenzato da pH, CatB e %NaClf. L'aumento di IP penalizza la durezza; una maggiore %umidità riduce la durezza e la resistenza allo stress e aumenta l'elasticità del prodotto finito. La qualità generale (analisi sensoriale descrittiva) è associata a colore rosso-rosato, consistenza compatta e moderata marezzatura (%grasso muscolo bicipite femorale $< 4-5\%$). Il rosso porpora del muscolo e il colore rosato del grasso sono favoriti dai pigmenti ZnPP ed eme. La consistenza è penalizzata da IP, %umidità e %grasso muscolo elevati.

Analisi genomiche. Sono state effettuate analisi genotipiche con il pannello Illumina GeneSeek® Genomic Profiler (GGP) porcine genotyping array (70k) sul DNA estratto dai 240 campioni di prosciutto. Questo pannello ha sostituito quello inizialmente previsto (pannello 60k) in quanto contiene più marcatori e fornisce una maggiore copertura del genoma rispetto al precedente. È stato usato il software GenAbel e un modello che include il giorno di macellazione, il sesso degli animali e il tipo genetico (1 tipo genetico per allevamento) per le analisi di associazione tra genotipi e i 65 caratteri fenotipici rappresentativi delle caratteristiche delle cosce fresche, in salagione e a fine stagionatura. È stata usata una matrice di parentela genomica calcolata con gli SNP (Single Nucleotide Polymorphism) utilizzati per estrapolare le parentele tra gli animali campionati mediante la somiglianza di sequenza nelle regioni del DNA genomico dove i marcatori del pannello sono localizzati. Sono stati identificati 25 marcatori altamente significativi. In particolare sono stati identificati 13 marcatori localizzati in una specifica regione del cromosoma 1 associati all'attività dell'enzima Fe/Zn CH con significatività molto elevata ($P=1,52E-15$). In questa regione è localizzato il gene che codifica per l'enzima Fe/Zn CH (*FECH*) che catalizza l'inserimento del ferro/zinco nel gruppo eme della Protoporfirina IX, intervenendo nella formazione dei pigmenti rossi del muscolo. Un'altra regione significativa è stata individuata sul cromosoma 7 dove mappano due SNP associati ($P=3,28E-9$) ad alcuni parametri di consistenza del muscolo SM.

REPORT FINALE PROGETTO (IN ENGLISH)

Weight, back fat thickness and % lean (by FOM) of the selected carcasses were measured. Next, 240 left fresh hams (13.2-14.7 kg), delivered by A1, A2, A3 farms in two replications ($R1$ =autumn and $R2$ =winter), were processed for 15 months. Trimmed weight, ultimate pH in semimembranosus muscle (SM) were measured at processing plant, and SM samples were taken for biochemical, chemical, physical, sensory and genomic analyses.

Biochemical, chemical, physical and sensory analyses. Fresh hams: %lean was estimated with Ham Inspector™ (HI) and average %lean = 63.1 ± 2.2 . HI calibration ($R2 = 0.928$, error = 1.2%) was confirmed by sectioning 10 hams. The correlation between %lean of the carcasses and thighs was not significant. A1, A2, A3 differ ($P < 0.001$) by %lean, cathepsin B (CatB; $A1 = 1.34$, $A2 = 1.48$, $A3 = 1.57$), $R1 = 1.34$ and $R2 = 1.60$ ($P < 0.001$), ultimate pH ($A1 = 5.67$, $A2 = 5.60$, $A3 = 5.70$), Fe/Zn-chelataze (Fe/Zn CH; $A1 = 21,3$, $A2 = 31.8$, $A3 = 46.0$), $R1 = 36.1$ and $R2 = 30.1$ ($P < 0.05$). Estimated %salt absorbed in lean after salting (% NaClf) with HI: HI calibration ($R2 = 0.953$, error = 0.2%) was verified with 30 hams manually analyzed during and after salting. Average %NaClf = $2.68\% \pm 0.25$, $R1 = 2.81\%$ and $R2 = 2.54\%$ ($P < 0.001$). In matured hams the average %salt in biceps femoris muscle (% NaClf) = $5.55\% \pm 0.56$, $R1 = 5.90\%$ and $R2 = 5.18\%$ ($P < 0.001$). %NaClf, %lean and final weight loss are predictive of %NaClf ($R = 0.83$, error = 0.3%). Weight loss and salt content (%NaClf and %NaClf) were affected by herd and replication. The average proteolysis index (IP) = $32.9\% \pm 2.62$ differed ($P < 0.001$) between herds ($A1 = 31.8\%$, $A2 = 33.6\%$, $A3 = 33.2\%$) and replications ($R1 =$





F.lli Galloni S.p.a.
Stagionatura Prosciutti
Langhirano (Parma)
Tel. 0521 354211 | Fax 0521 354222
E-mail info@galloniprosciutto.it
www.galloniprosciutto.it



32.0%, $R^2 = 33.7\%$), and was influenced by pH, CatB and %NaClf. The increase in IP decreased ham hardness, high %moisture impaired hardness and stress resistance, and increased springiness of the final product. Descriptive sensory analysis: the general quality of the matured hams was associated with the pink-red color, compact texture and low marbling (%fat in biceps femoris <4-5%). The muscle purple red and fat pink colors were favored by zinc-protoporphyrin (Zn-PP) and heme pigments. Texture is penalized in the case of high values of IP, %moisture and %marbling fat.

Genomic analyses. The genotyping was performed using the Illumina GeneSeek® Genomic Profiler (GGP) porcine genotyping array (70k) using the DNA extracted from the 240 ham samples. This panel was used instead of the originally planned (60k) because contains more markers and provides a better coverage of the porcine genome. The GenABEL software was used with a statistical model including day of slaughter, sex, genetic type (1 genetic type for each herd) for the association analyses between genotypes and the 65 phenotypic traits representative of green hams, hams during the salting phase, dry cured hams characteristics. A genomic kinship matrix was calculated using the employed SNPs (Single Nucleotide Polymorphisms) to infer the pedigree relationships among the genotyped pigs. 25 highly significant DNA markers were identified. In particular, 13 markers located on a limited region of porcine chromosome 1 were associated with the activity of the enzyme Fe/Zn CH ($P=1.52E-15$). On this chromosome region maps the gene Fe/Zn CH (*FECH*) catalyzing the insertion of iron into the heme group of Protoporphyrin IX, contributing to the formation of red muscle pigments. Another significant region found is localized on porcine chromosome 7 were 2 SNPs associated ($P=3.28E-9$) with consistency parameters of SM muscle maps.

ELEMENTI RACCOMANDATI

Materiale audiovisivo o altro materiale interessante ai fini dell'illustrazione dei dati

Nell'ambito del presente progetto è stato prodotto il seguente materiale divulgativo che si allega alla relazione in formato PDF.

Brochure PQ-Inn, contenente il logo creato per questo progetto (PQ-Inn_Brochure.pdf);

Newsletter (PQ-Inn_Newsletter.pdf);

2 presentazioni a convegni internazionali (Presentazione effettuata al X Congresso Mundial del Jamón: PQ-Inn_Presentazione_XCMJ.pdf; Poster presentato al X Congresso Mundial del Jamón: PQ-Inn_Poster_XCMJ.pdf).

Inoltre i partner scientifici che forniscono la loro prestazione per questo progetto produrranno uno o più articoli scientifici che illustreranno i risultati del progetto.

Indirizzo web del progetto

<http://galloniprosciutto.it/il-metodo/ricerca-sviluppo/#> [Genomica]

Incontri svolti nell'ambito del progetto

Incontro tra Capofila e rappresentanti della filiera:

26/09/2019: Condivisione del programma di lavoro ed eventuali suggerimenti operativi

Incontri tra capofila ed Enti di ricerca coinvolti (UNIBO e SSICA):

28/08/2018: Avvio del progetto;

07/09/2018: Definizione delle tempistiche e modalità dei campionamenti;

24/05/2019: Aggiornamento sullo svolgimento delle attività del progetto;

Stabilimenti

Via Roma, 84 | 43013 Langhirano (PR)
Via Martiri della Libertà, 17 | 43013 Langhirano (PR)
Via Don Minzoni, 2 | 43013 Langhirano (PR)

Capitale Sociale € 1.549.500,00 int. vers.
Registro Imprese n. 4196 di Parma
R.E.A. n. 82085 di Parma | C.F. / P.IVA: 00145840344
N. ISO: IT 00145840344 | N. Export: 1626/L - 586/L - 62/L
Ditta Associata al Consorzio del Prosciutto di Parma





F.lli Galloni S.p.a.
Stagionatura Prosciutti
Langhirano (Parma)
Tel. 0521 354211 | Fax 0521 354222
E-mail info@galloniprosciutto.it
www.galloniprosciutto.it



06/11/2019: Aggiornamento sullo svolgimento delle attività del progetto.

Incontro tra Capofila e responsabile scientifico (UNIBO):

27/03/2019: Potenzialità dell'introduzione della genetica e della genomica nella produzione di salumi di pregio.

COMMENTI ADDIZIONALI (IN ITALIANO)

Questo progetto ha consentito di sperimentare metodi innovativi nella produzione dei prosciutti di Parma DOP. L'accuratezza dello scanner HI nella stima non distruttiva e rapida del magro del prosciutto e del sale assorbito è risultata adeguata per il controllo delle carni in azienda e per la previsione del sale dei prosciutti stagionati.

Il sistema è risultato compatibile con l'installazione sulla linea di salagione del prosciuttificio. I tecnici aziendali hanno necessitato di formazione per la gestione dei prosciutti da scansionare e per l'utilizzo e gestione dei dati generati (data base di grandi dimensioni). L'impiego di un sistema in grado di stimare in modo predittivo e non distruttivo il magro nel prosciutto fresco e il sale nel prosciutto post salagione potrà dare allo stabilimento la possibilità di riorganizzare la selezione dei prosciutti freschi e impostarne la lavorazione in funzione dell'obiettivo aziendale in termini di contenuto di sale del prodotto finito (Parma DOP). Tale passaggio non era in precedenza realizzabile, se non su piccoli numeri di prosciutti, scarsamente rappresentativi della produzione a causa della variabilità inter e intra lotto, e sottoposti a costose analisi distruttive. Inoltre, i risultati ottenuti con HI hanno dimostrato che la percentuale di carne magra della carcassa è scarsamente predittiva di quella del prosciutto fresco. La possibilità di controllare i prosciutti durante la lavorazione ha fornito un data set importante per valutare l'influenza delle caratteristiche della materia prima e dei parametri tecnologici sui caratteri di qualità del prodotto finito. L'implementazione di questo sistema rappresenta un'importante innovazione di processo rispetto all'attuale sistema di produzione di prosciutti stagionati DOP, permettendo di dosare il sale aggiunto in base alle caratteristiche dei prosciutti freschi e all'andamento dell'assorbimento del sale. Il processo adottato ha permesso di ridurre di oltre un quarto l'utilizzo degli impianti frigoriferi, con un conseguente significativo minor utilizzo di combustibili fossili, ed un miglioramento quindi in termini di contenimento dell'inquinamento ambientale. Questo dato è confermato dall'ultima analisi carbon footprint (ISO/TS 14067 Carbon Footprint of Products) eseguita nel prosciuttificio. Il minor utilizzo di sale aggiunto nel processo di lavorazione, nonché la raccolta automatica delle salamoie, ha permesso all'azienda inoltre di ridurre significativamente il carico inquinante dei reflui di lavorazione.

Non è stato possibile sviluppare in modo più completo le potenzialità delle tecnologie genomiche e utilizzare in modo più efficace i risultati delle analisi genotipiche in quanto non erano disponibili i dati genealogici degli animali campionati. E' stata quindi utilizzata una matrice di parentela genomica per ottenere le similitudini/differenze di sequenza del DNA nelle regioni dove gli SNP del pannello sono localizzati per dedurre in tal modo le parentele tra i campioni genotipizzati. Per l'analisi dei genotipi è stato utilizzato un pannello di marcatori SNP che presentava un numero di polimorfismi più elevato (circa 10000 polimorfismi in più) rispetto al pannello descritto nella proposta progettuale (70k SNP panel vs. 60k SNP panel). L'utilizzo di questo pannello con più marcatori ha consentito di ricavare una matrice di parentela genomica utilizzata per dedurre e stimare le più probabili relazioni di parentela tra i suini della prova basandosi su dati genomici invece che su informazione sul pedigree. I dati ottenuti confermano la potenziale utilità dei marcatori del DNA come strumento potente che consente di individuare collegamenti tra fenotipi (anche di difficile o costosa misurazione) e geni

Stabilimenti

Via Roma, 84 | 43013 Langhirano (PR)
Via Martiri della Libertà, 17 | 43013 Langhirano (PR)
Via Don Minzoni, 2 | 43013 Langhirano (PR)

Capitale Sociale € 1.549.500,00 int. vers.
Registro Imprese n. 4196 di Parma
R.E.A. n. 82085 di Parma | C.F. / P.IVA: 00145840344
N. ISO: IT 00145840344 | N. Export: 1626/L - 586/L - 62/L
Ditta Associata al Consorzio del Prosciutto di Parma



localizzati in specifiche regioni del genoma di suino. In considerazione di quanto indicato e dei dati ottenuti quindi vale la pena di sottolineare l'importanza di sollecitare una maggiore integrazione della filiera suinicola in modo da rendere disponibile fino alla fine del sistema produttivo (di trasformazione) i dati genealogici dei singoli animali che sono di fondamentale importanza per la definizione delle corrispondenze tra caratteristiche genetiche e fenotipi.

L'analisi di un certo numero di cosce sulle quali sono stati rilevati moltissimi parametri ha consentito di eseguire un'analisi genomica completa, anche se preliminare, per individuare associazioni tra marcatori del DNA localizzati in tutto il genoma del suino e i fenotipi rilevati durante il periodo di questa ricerca. Le analisi genotipiche hanno individuato alcuni marcatori del DNA che, dopo validazione ulteriore su un campione più ampio e con più informazioni e dati genealogici sugli animali utilizzati, possono essere utili per una valutazione anche genetica di alcuni parametri tecnologici dei prosciutti di Parma DOP (es. colore e consistenza) per ottimizzare in termini di efficacia ed efficienza, che non vanno intesi come aumento dei volumi di produzione ma vanno intesi come ricerca della salubrità (prodotti salutistici a minor contenuto di sale) e della conseguente qualità del prodotto finito, la lavorazione ma anche per identificare i soggetti portatori delle varianti geniche più favorevoli per ottenere prosciutti stagionati di alta qualità. Tuttavia l'analisi sarà da estendere ad un numero maggiore di campioni, di allevamenti e di tipi genetici considerando anche la necessità di adeguamenti della filiera di produzione.

Posto tutto questo, è possibile affermare che il progetto di ricerca ha portato a risultati importanti che hanno permesso di:

- analizzare le carni fresche dopo la macellazione in modo non distruttivo;
- valutare in via preventiva la predisposizione delle cosce fresche a fornire un prodotto finito con adeguata consistenza (valutabile oggettivamente tramite l'indice di proteolisi);
- valutare in via preventiva la predisposizione delle cosce fresche allo sviluppo del colore rosso tipico nel prodotto finito (valutabile oggettivamente tramite il contenuto dei pigmenti Zn-protoporfirina ed eme);
- stimare in via preventiva la quantità di magro delle cosce fresche grazie all'utilizzo della tecnologia HI;
- stabilire in via preventiva il contenuto di sale alla fine del processo di salagione grazie all'utilizzo della tecnologia HI al fine di ridurre le percentuali di sale aggiunto e il conseguente carico inquinante;
- prevedere il contenuto di sale del prosciutto stagionato grazie alle stime non distruttive del contenuto di magro e del sale assorbito;
- identificare dei marcatori genetici (SNP) che nel campione analizzato sono risultati associati con la qualità del prosciutto crudo di Parma DOP stagionato, i risultati necessitano di validazione su altre popolazioni;
- ridurre i tempi di salagione con conseguente risparmio di combustibili di origine fossile;
- ridurre l'inquinamento ambientale a seguito del nuovo sistema di lavorazione adottato.

COMMENTI ADDIZIONALI (IN ENGLISH)

This project allowed testing innovative practices in the production line of PDO Parma dry-cured hams. The accuracy of the HI scanner for the non-destructive and fast estimate of ham lean content and absorbed salt was appropriate for the industry-scale control of meat and for the prediction of final salt content in matured hams. The system proved to be compatible with the ham plant facilities. The



F.lli Galloni S.p.a.
Stagionatura Prosciutti
Langhirano (Parma)
Tel. 0521 354211 | Fax 0521 354222
E-mail info@galloniprosciutto.it
www.galloniprosciutto.it



technical staff required training for the management of the scanner and hams to be scanned, and of the generated data (big database). The implementation of a system capable of predictively estimating the lean meat content in fresh hams and the salt absorbed in salted hams, would give the possibility to reorganize the selection of fresh hams and to manage ham processing according to the company target in terms of salt content. This type of ham control was not previously feasible, except on limited numbers of hams, which are poorly representative of plant production, due to inter and intra batch variability, and destined to expensive and destructive analyses. Furthermore, the results obtained with HI showed that the percentage of lean meat in the carcass is poorly predictive of the lean content of trimmed fresh ham. Ham control during processing provided a valuable data set to assess the influence of raw material and of technological parameters on the quality of final outcome. The implementation of the HI system allow a remarkable innovation compared to the current production practices of PDO dry-cured hams, allowing to tune salt additions according to fresh hams traits and salt uptake dynamics. The adopted process allowed to reduce of more than a quarter the use of refrigerators, with a consequent significant reduction on the use of the use of fossil fuels, bringing to a reduction of the environment pollution. This aspect is confirmed by the last carbon footprint analysis (ISO/TS 14067 Carbon Footprint of Products) carried out on the processing plan. The reduction of the added salt during the ripening and the automatic collection of the brines, allowed to the processing plan to reduce notably the polluting load of the wastes.

It was not possible to fully develop the potential of genomic technologies and to use in a more accurate way the results of genotypic analyzes because the genealogic data of the sampled animals were not available. A genomic kinship matrix was used to obtain DNA sequence similarities/differences in the regions where the SNPs included in the panel are located to deduce the relationship among the genotyped samples. For the analysis of genotypes, a panel of SNP markers which had an higher number of polymorphisms (about 10000 more polymorphisms) was used instead of the panel described in the proposed project (70k vs. 60k SNP panel). The use of this panel with more markers allowed to identified a genomic relationship matrix used to estimate the most likely relationship among the tested pigs based on genomic data instead of pedigree information. It was possible to demonstrate that DNA markers are potentially a powerful tool that allow to identify connection between phenotypes (also of difficult or expensive determination) and genes localized on specific regions of the porcine genome. In order to make more efficient the method it is possible to urge an higher integration of the swine supply chain to make available the pedigree data of each animal up to the end of the productive system because these information are crucial for the assessment of connection between genetic and phenotypic traits.

The analysis of a certain number of tights on which were measured many phenotypic parameters allowed to perform a full, but preliminary, genomic analysis to detect association between DNA markers spread on the whole porcine genome and the phenotypes recorded during this research. The genotypic analyses allowed to detect a certain number of DNA markers that, after a further validation on a larger sample with pedigree data available, can be used for an evaluation (also a genetic one) of some ham technological parameters (i.e. color, texture) in order to optimize in terms of effectiveness and efficiency, that are not intended as an increase of the production volumes but as a search for healthiness (health products with a reduces salt content) and a resultant increase of the quality of the final product, the processing steps and to identify the carriers of the most favorable genetic variants useful for obtaining high quality dry-cured hams. However, the analysis must be applied to a larger number of animals, herds and genetic types considering also the necessity of adjustments on the





F.lli Galloni S.p.a.
Stagionatura Prosciutti
Langhirano (Parma)
Tel. 0521 354211 | Fax 0521 354222
E-mail info@galloniprosciutto.it
www.galloniprosciutto.it



production chain.

Overall, it is possible to state that the research project brought to relevant results that allowed:

- to analyze meat after slaughtering using a non destructive method;
- to evaluate in advance the aptitude of green tights to provide a final product with an adequate texture (assessable by the proteolysis index);
- to evaluate in advance the aptitude of green tights to develop the typical red color in the final product (assessable by the content of Zn-protoporphyrin and heme pigments);
- to estimate in advance the lean meat content of green tights thanks to HI technology;
- to establish in advance the salt content at the end of the ripening thanks to HI technology in order to reduce the amount of added salt and as a consequence, the polluting load;
- to predict the salt content of fully matured hams thanks to the early non-destructive estimates of ham lean content and absorbed salt;
- to identify in the analyzed sample, genetic markers (SNPs) for quality of the seasoned PDO Parma dry-cured hams, the results need validation;
- to reduce the salting time with a reduction of use of fossil fuels;
- to reduce the environmental pollution thanks to the newly adopted processing system.

Stabilimenti

Via Roma, 84 | 43013 Langhirano (PR)
Via Martiri della Libertà, 17 | 43013 Langhirano (PR)
Via Don Minzoni, 2 | 43013 Langhirano (PR)

Capitale Sociale € 1.549.500,00 int. vers.
Registro Imprese n. 4196 di Parma
R.E.A. n. 82085 di Parma | C.F. / P.IVA: 00145840344
N. ISO: IT 00145840344 | N. Export: 1626/L - 586/L - 62/L
Ditta Associata al Consorzio del Prosciutto di Parma

