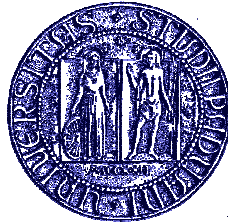


UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI PADOVA



Dipartimento di AGRONOMIA ANIMALI ALIMENTI
RISORSE NATURALI E AMBIENTE - DAFNAE

SCUOLA DI DOTTORATO DI RICERCA IN: SCIENZE ANIMALI

INDIRIZZO: GENETICA, BIODIVERSITA', BIOSTATISTICA E
BIOTECNOLOGIE
CICLO: XXIV

**SVILUPPO DI METODI PER LA GESTIONE DI RAZZE
AUTOCTONE ITALIANE**

Direttore della Scuola: Ch.mo Prof. Martino Cassandro

Coordinatore d'indirizzo: Ch.mo Prof. Roberto Mantovani

Supervisore: Ch.mo Prof. Roberto Mantovani

Dottorando: Manolo Cappelloni

A Luca

INDICE

ABSTRACT	5
RIASSUNTO	7
1. INTRODUZIONE	10
1.1 <i>IL RUOLO DEI CONTROLLI FUNZIONALI SUL PATRIMONIO ZOOTECNICO NAZIONALE</i>	10
1.2 <i>I METODI UFFICIALI DI CONTROLLO FUNZIONALE E LA GESTIONE DEL DATO</i>	13
1.3 <i>L'EVOLUZIONE DEL CONCETTO DI SPECIE E RAZZA</i>	14
1.4 <i>LE DIFFERENZE TRA LIBRO GENEALOGICO E REGISTRO ANAGRAFICO</i>	17
1.5 <i>LE ATTIVITÀ INERENTI LA GESTIONE DEL REGISTRO ANAGRAFICO</i>	18
1.6 <i>LA CONSANGUINEITÀ NELLE SPECIE DI LIBRO GENEALOGICO E DI REGISTRO ANAGRAFICO</i>	23
1.6.1 <i>LE PROBLEMATICHE AD ESSA CORRELATE</i>	26
1.7 <i>LA BIODIVERSITÀ E GLI EFFETTI DELLE ATTIVITÀ UMANE</i>	27
1.8 <i>BIODIVERSITÀ E RISORSE GENETICHE ANIMALI (RGA)</i>	30
1.9 <i>L'EROSIONE GENETICA E IL RISCHIO DI ESTINZIONE DELLE RISORSE AUTOCTONE LOCALI</i>	33
1.10 <i>LA PERDITA DI BIODIVERSITÀ –SCENARIO INTERNAZIONALE</i>	38
1.11 <i>LA PERDITA DI BIODIVERSITÀ –SCENARIO ITALIANO</i>	40
1.12 <i>LA SITUAZIONE DELLE RISORSE GENETICHE ANIMALI IN ITALIA</i>	49
1.13 <i>LA CONSERVAZIONE E LA VALORIZZAZIONE DELLE RAZZE AUTOCTONE</i>	55
1.13.1 <i>IL QUADRO NORMATIVO INTERNAZIONALE</i>	55
1.13.2 <i>IL QUADRO NORMATIVO NAZIONALE</i>	58
2. ANALISI STRUTTURALE SUI DATI DEI CONTROLLI FUNZIONALI LATTE E STUDIO DEI TREND FENOTIPICI PER RAZZA	61
2.1 <i>I CONTROLLI FUNZIONALI IN ITALIA</i>	61
2.2 <i>OBIETTIVI DEL LAVORO</i>	64
2.3 MATERIALI E METODI	64
2.4 RISULTATI E DISCUSSIONE	67
3. INDAGINE SULLA VARIABILITÀ GENETICA DELLE RAZZE BOVINE AUTOCTONE ITALIANE ISCRITTE AL REGISTRO ANAGRAFICO (R.A.B.)	88
3.1 <i>RAZZE E POPOLAZIONI IN ITALIA</i>	88
3.2 <i>APPROCCI PER LA VALUTAZIONE DELLA CONSANGUINEITÀ E DELLA DIVERSITÀ GENETICA NELLE POPOLAZIONI</i>	88
3.3 <i>STATO DELL'ARTE SULLO STUDIO DELLA DIVERSITÀ GENETICA NELLE RAZZE BOVINE AUTOCTONE ITALIANE</i>	91
3.4 <i>OBIETTIVI DEL LAVORO</i>	92
3.5 MATERIALI E METODI	93
3.5.1 <i>LE RAZZE OGGETTO DI STUDIO</i>	93
- <i>AGEROLESE</i>	93
- <i>BURLINA</i>	94
- <i>CABANNINA</i>	94
- <i>CALVANA</i>	95
- <i>CINISARA</i>	95
- <i>GARFAGNINA</i>	96
- <i>MODENESE</i>	96

- MODICANA	96
- MUCCA PISANA	97
- PEZZATA ROSSA D'OROPA.....	97
- PONTREMOLESE.....	98
- PUSTERTALER SPRINZEN	98
- SARDA	99
- SARDO BRUNA.....	100
- SARDO MODICANA.....	100
- VARZESE - OTTONESE - TORTONESE.	100
3.5.2 RACCOLTA E PREPARAZIONE DEI DATI.....	104
3.5.3 ANALISI DEI PEDIGREE	105
3.5.4 CALCOLO DELL'INBREEDING	106
3.6 RISULTATI.....	107
3.6.1 DATI DEMOGRAFICI E CONSISTENZA DEI PEDIGREE	107
3.6.2 REFERENCE POPULATION E PEDIGREE COMPLETENESS	108
3.6.3 NUMBER OF EQUIVALENT GENERATIONS	108
3.6.4 FOUNDERS E ANCESTORS	109
3.6.5 AVERAGE RELATEDNESS	110
3.6.6 INBREEDING.....	110
3.7 DISCUSSIONE.....	116
4. SVILUPPO DI UN TEST-DAY MODEL APPLICABILE ALLE PICCOLE RAZZE AUTOCTONE: CASO STUDIO DELLA RAZZA VALDOSTANA PEZZATA ROSSA.	124
4.1 L'ATTUALE METODO DI VALUTAZIONE GENETICA	124
4.1.1 FATTORI AMBIENTALI CAUSA DI VARIAZIONE DEI DATI TEST DAY.	125
4.2 I PRINCIPALI MODELLI TEST DAY.	127
4.3 TEST DAY MODEL: VANTAGGI E SVANTAGGI DELLA LORO APPLICAZIONE.	129
4.4 DIFFUSIONE DEI TEST DAY MODEL NEL MONDO.	129
4.5 OBIETTIVI DEL LAVORO	130
4.6 MATERIALI E METODI.....	131
4.6.1 PREPARAZIONE DEI DATI E MODELLI A CONFRONTO	131
4.7 RISULTATI E DISCUSSIONI.....	135
5 CONCLUSIONI.....	143
6. BIBLIOGRAFIA	146

ABSTRACT

The aim of this work is to give a review of official performance recordings performed by the Italian Breeders Association underlining the role of official recordings for all species and breeds of zoo-technical interest. Information and data collected with official performance recordings have allowed to analyze many aspects related to the conservation of autochthonous cattle breeds recorded at the Anagrafic Register of native cattle populations (R.A.B.), which are not subject to any national selection scheme, and to analyze some aspect of genetic improvement for autochthonous Herdbook breeds, focusing on the native Valdostana Red Pied breed. In the first chapter the Italian geographic distribution of heads and milk production has been described for year 2011. Evolution of productive and reproductive parameters are also analyzed for years 2004-2011 in large population breeds. A cluster analysis shows the degree of proximity between breeds recorded. This work concerns the identification of a (co)variance structure that allows a better interpretation of performance recording time series data by analyzing the phenotypic trend within breed in the period 2004-2011. Data show high concentration of official milk recording in the north of the country (79% herds and 86-87% of recorded cattle and milk production), the significant gap in milk production of Friesian over the other breeds, or in milk quality of Jersey, Brown Swiss and Valdostana Red Pied over the other breeds; whereas regarding to the fertility performances, Friesian has shown worst results, certainly due to its specialization in milk production. Focusing on cross breeding production and reproduction performance data, it can be noticed a similarity to Friesian performances, suggesting a most likely proximity to this breed than to other genetic types. The second chapter is a survey of the genetic variability of the sixteen autochthonous Italian cattle breeds recorded at the Anagrafic Register of native cattle populations (R.A.B.). The purpose was to analyze the genetic diversity of each population by the study of demographic and parentage index (i.e.: number of founders, number of ancestors, relatedness average between individuals, etc.) and the evaluation of inbreeding performance using a standard classification (Mc Parland, 2007). As a result, the effect of R.A.B. activity on autochthonous breeds conservation performed by the Italian Breeders Association was evaluated. A different scenario in pedigree completeness for different breeds has raised up from this work. In particular, Sardinian breeds (Sarda and Sardo Bruna breeds) and Agerolese have the most incomplete pedigrees while Tuscany breeds (Calvana,

Garfagnina, Mucca Pisana e Pontremolese breeds), Varzese and Burlina breeds have deepest pedigrees. Regarding to the degree of relatedness average of each breed it can be seen that large size breeds (Sardo, Sardo Bruna, Sardo Modicana and Modicana breeds) have higher values of within herd average relatedness whereas have low values of within breed average relatedness (AR%), this is due to the rare use of artificial insemination and the infrequent exchange of bulls between farmers. The third chapter focuses on the development of a test-day model for genetic evaluation of autochthonous Valdostana Red Pied breed with the aim to review the current total lactation yield method versus a more sophisticated and accurate test-day yield method in order to give more efficient answers to selection needs. The work is a comparison of two different test-day models, one worked out by University of Padua and the other by the Research and Development office of Italian Breeders Association (A.I.A.). In detail, the first comparison considered two different Repeatability TD models (below named as RP-TD_{m1} and RP-TD_{m2}), afterwards the comparison has involved two different Random Regression TD models (below named as RR-TD_{m1} and RR-TD_{m2}). The aim was to evaluate which model (1 Vs 2) and which method (RP Vs RR) were more appropriate for peculiar Valdostana Red Pied breed's characteristics, and to build the best proposal to the Valdostana Red Pied National Breeders Association (A.Na.Bo.Ra.Va.). These comparisons were analyzed in terms of variance and covariance components estimation, then in terms of heritability for milk yield, fat percentage, protein percentage and somatic cell count and also in terms of Rank Correlation between the models. The work shows that random regression models can barely adapt to the reality of the Valdostana breed, which is characterized by a high level of calving seasonality and by the practice of summer pasture, which causes the rare number of test days in the tail of lactations. The two different methods (RP and RR) tested have both manifested a considerable difficulty in estimating the extremes of the lactation curve. Ali-Shaeffer model (RR_{m1}), in fact, has produced a strong overestimation in early lactation phase for all traits, while the model based on Legendre's polynomial (RR_{m2}) produces a strong overestimation at the end of lactation phase. Instead, repeatability models (RP_m) have produced comparable estimations between model 1 and model 2 and with results published in literature: milk yield 18-21% di h², fat percentage 18% di h², protein percentage 34-36% di h² e SCS 10-12% di h². The rank correlations of bulls or cows with greatest index accuracy were rather good for fat and protein indexes,

the selection index IRC, which is based on the fat and protein indexes, has rank correlations between 87 and 94%. Rank correlations for milk genetic index were between 81 and 82%, these low values are worth of farther investigation.

RIASSUNTO

Lo scopo del presente lavoro è stato quello di approfondire diversi aspetti del panorama zootecnico nazionale focalizzando l'attenzione sul ruolo e l'importanza dei controlli funzionali svolti, su tutte le specie e razze di interesse zootecnico, dall'Associazione Italiana Allevatori. Le informazioni e i dati provenienti dai controlli funzionali hanno permesso poi di ampliare lo scenario dello studio analizzando da un lato gli aspetti riconducibili alla salvaguardia delle razze bovine autoctone iscritte al registro anagrafico (R.A.B.) e non sottoposte ad un piano nazionale di selezione e dall'altro le attività inerenti il miglioramento genetico delle razze autoctone dotate di Libro genealogico, soffermando l'attenzione sulla razza autoctona Valdostana Pezzata Rossa.

Nel primo contributo viene presentata la distribuzione geografica dei capi e del latte prodotto sul territorio nazionale per l'anno 2011. E' stata analizzata l'evoluzione di alcuni parametri produttivi e riproduttivi per tutte le razze controllate di maggiore rilevanza. In questo lavoro è stata poi identificata la struttura di (co)varianza in grado di interpretare meglio serie temporali di dati di controllo funzionale analizzando infine i trend fenotipici entro razza nel periodo 2004-2011. Da questo contributo i principali risultati emersi sono stati la forte concentrazione dell'attività di controllo per il latte al nord del Paese (79% delle aziende e 86-87% di bovine sotto controllo e latte prodotto), la forte differenziazione produttiva della Frisona sulle altre razze, quella su piano qualitativo del latte della Jersey e, a seguire, della Bruna e Pezzata Rossa, mentre per quanto riguarda i dati di fertilità sempre la razza Frisona ha messo in luce le peggiori performance, riconducibili sicuramente alla maggiore propensione produttiva. Dal quadro generale è emersa soprattutto la tipologia meticcica che, pur non essendo ben identificata nel tipo di incrocio praticato, sulla base dei dati produttivi e riproduttivi, sembra molto probabilmente più vicina alla Frisona che ad altri tipi genetici.

Nel secondo contributo è stata condotta un'indagine sulla variabilità genetica delle sedici razze bovine autoctone italiane iscritte al registro anagrafico (R.A.B.) con

l'intento di analizzare la diversità genetica delle singole popolazioni attraverso lo studio di indicatori di popolazione (ad esempio numero di fondatori, numero di antenati, parentela media tra individui ecc) nonché valutare l'andamento dell'inbreeding utilizzando una suddivisione in classi predefinite ed ampiamente accettate in letteratura allo scopo di valutare l'efficacia delle azioni attuate nella gestione della singole razze da parte dell'Associazione Italiana Allevatori. Da questo lavoro sono emerse delle situazioni piuttosto diversificate in termini di completezza dei pedigree nelle singole razze. In particolare sono stati evidenziati pedigree piuttosto incompleti nelle razze sarde (Sarda e Sardo Bruna) e nella razza Agerolese mentre pedigree più robusti sono presenti nelle razze toscane (Calvana, Garfagnina, Mucca Pisana e Pontremolese) e nelle razze Varzese e Burlina. Per quanto riguarda il grado di parentela medio di ciascuna razza si è visto che in quelle a maggiore numerosità (Sardo, Sardo Bruna, Sardo Modicana e Modicana) si hanno valori di average relatedness (AR %) piuttosto elevati entro allevamento ma bassi entro razza a causa della scarsa tendenza degli allevatori allo scambio di riproduttori.

Il lavoro del terzo contributo ha riguardato la messa a punto di un modello test-day per le valutazioni genetiche della razza autoctona Valdostana Pezzata Rossa con l'intento di rivedere l'attuale metodo di valutazione a lattazione con un metodo più sofisticato ed accurato in grado di rispondere in maniera più efficace alle esigenze di selezione. In particolare il lavoro ha riguardato l'applicazione pratica di due diversi modelli test day, dei quali uno è stato sviluppato con l'Università di Padova mentre l'altro con l'Ufficio Studi dell'Associazione Italiana Allevatori (A.I.A.). Nel dettaglio per entrambi gli approcci sono stati messi a confronto due diverse tipologie di TDm-Ripetibilità e due diverse tipologie di TDm-Random Regression con l'intento di valutare quale modello e quale tipologia rispondesse meglio alle caratteristiche della razza e, di conseguenza, potesse essere proposto per l'utilizzo all'Associazione Nazionale Allevatori competente (A.Na.Bo.Ra.Va.). Questi quattro livelli di confronto sono stati analizzati in termini di stima delle componenti di varianza e covarianza, quindi dell'ereditabilità per i caratteri quantità di latte, % grasso, % proteine e conteggio delle cellule somatiche (SCS) ed in termini di correlazione degli indici genetici ottenuti con i diversi modelli studiati (Rank Correlation). Dal lavoro è emerso come i modelli random regression possano a fatica adattarsi alla realtà della razza Valdostana, caratterizzata da un elevato livello di stagionalità e dalla presenza dell'alpeggio estivo, che pone in problema dei pochi controlli sulle code di lattazione.

Pur adottando modelli diversi di interpretazione della curva di lattazione, entrambi hanno palesato difficoltà di stima agli estremi. Il modello Ali-Shaeffer infatti ha prodotto una forte sovrastima all'inizio della lattazione per tutti i caratteri, mentre il modello basato sul polinomio di Legendre verso la fine delle lattazioni. Al contrario i modelli a ripetibilità hanno permesso di ottenere stime compatibili tra loro e con quelle riportate in bibliografia per latte (18-21% di h^2), grasso percentuale (18%), proteine percentuale (34-36%) e scs (10-12%). Le correlazioni tra i rank dei tori o delle vacche con maggiore accuratezza dell'indice sono risultate piuttosto buone per grasso, proteine e indice selettivo (IRC), basato sui precedenti due indici (87-94%), un po' più deboli per l'indice genetico latte (81-82%), richiedendo una più accurata e approfondita analisi di confronto per questo tipo di indice.

1. INTRODUZIONE

1.1 IL RUOLO DEI CONTROLLI FUNZIONALI SUL PATRIMONIO ZOOTECNICO NAZIONALE.

La finalità dei Controlli Funzionali è quella di realizzare, attraverso il controllo sistematico di tutti i soggetti allevati nelle aziende iscritte al sistema allevatori, il rilevamento, la registrazione, l'elaborazione, la pubblicazione e la divulgazione dei dati tecnici necessari all'attività di incremento e miglioramento della produttività animale nonché alla valorizzazione economica delle produzioni nazionali, secondo norme stabilite a livello comunitario e recepite a livello nazionale.

I dati del controllo forniscono anche informazioni precise per il miglioramento del management aziendale coadiuvando l'allevatore nelle scelte giornaliere da adottare.

Con il termine di "*controlli funzionali*" si intendono i dati rilevati sui singoli animali allevati (anche di razza meticcica) presenti in aziende iscritte.

Oggetto del controllo sono la quantità e la qualità del latte prodotto, la funzionalità mammaria, gli eventi riproduttivi, gli eventi vitali ed ogni verifica, informazione, o campionamento di materiale biologico stabiliti dal Comitato Tecnico Centrale. Per quanto riguarda le specie da carne vengono rilevati i pesi nelle varie fasi di accrescimento.

I controlli funzionali sono svolti per ogni specie e razza in funzione dell'attitudine produttiva dall'Associazione Italiana Allevatori (A.I.A.) in conformità ad apposite norme tecniche¹, approvate dal Mi.P.A.A.F., mediante l'Ufficio Centrale (U.C.) e gli Uffici Periferici (U.P.) ubicati presso le Associazioni Provinciali Allevatori (A.P.A).

L'esecuzione dei controlli funzionali affidati all'Ufficio Centrale (U.C.) consentono la realizzazione di programmi di miglioramento genetico che vengono impostati e realizzati dalle singole Associazioni Nazionali di razza e/o specie.

Nella definizione delle norme intervengono differenti organi a secondo della tipologia della norma.

Nel dettaglio a livello nazionale agiscono:

- l'Ufficio Centrale dei Controlli (UC);

¹ Queste norme sono costituite da Disciplinari, regolamenti e Comitati Tecnici Centrali (C.T.C.)

- i Comitati Tecnici Centrali dei Controlli per il latte e per la carne (CTC).

I Comitati Tecnici Centrali per i controlli funzionali nelle diverse specie sono organi di studio del Piano di lavoro, di determinazione dei diversi programmi, consulenza e di valutazione delle norme tecniche di esecuzione dei controlli medesimi. Essi sono costituiti da rappresentanti degli allevatori, da rappresentanti delle Regioni, da rappresentanti del MiPAAF e del Ministero della Sanità, da professori universitari specialisti in zootecnia. Un solo rappresentante dell'Ufficio Centrale dell'AIA siede in Comitato con funzioni di segreteria.

Le norme per l'esecuzione dei controlli funzionali da sottoporre all'approvazione dei Comitati Tecnici Centrali riguardano:

- ❖ le modalità di misurazione delle quantità di latte, del peso corporeo e di rilevamento degli altri eventi produttivi e riproduttivi;
- ❖ i metodi analitici per le determinazioni di laboratorio circa i valori delle componenti del latte e della carne;
- ❖ i metodi di calcolo dei dati fenotipici di tipo produttivo e riproduttivo;
- ❖ le specifiche tecniche da adottare, i controlli da effettuare sulla congruità dei dati, i criteri di codifica ed identificazione degli animali delle razze e degli allevamenti;
- ❖ i criteri di taratura e calibrazione per tutti gli strumenti di misura necessari all'attività dei controlli (vasi, lattometri, apparecchiature di laboratorio);
- ❖ le modalità ed i criteri di esecuzione delle ispezioni finalizzate alla verifica della corretta applicazione delle norme approvate;
- ❖ le modalità di pubblicazione delle statistiche ufficiali;
- ❖ le modalità di formazione e aggiornamento professionale del personale operante nell'attività di controllo (controllori zootecnici).

Le modalità di esecuzione dei controlli devono essere compatibili con le norme approvate dall'International Committee of Animal Recording (ICAR) mentre le norme quadro relative al "disciplinare" dei controlli funzionali sono approvate dal MiPAAF che le rende operative con specifico decreto.

Il Comitato Internazionale per i Controlli della Produttività Animale (ICAR) è un organismo internazionale (con sede a Roma) che definisce le regole univoche per l'esecuzione dei controlli funzionali nei paesi aderenti. Nel dettaglio esso stabilisce le

norme di riferimento internazionali per quanto attiene i metodi di esecuzione dei controlli, i metodi di calcolo dei dati produttivi e riproduttivi, i metodi analitici per le determinazioni di laboratorio, i criteri di accuratezza per gli strumenti di misurazione delle quantità e della qualità del latte. I paesi che aderiscono all'ICAR, quindi, forniscono dati per valutazioni genetiche standardizzati e confrontabili.

Le modalità di definizione delle norme tecniche per l'attività del Libro genealogico e per le relative valutazioni genetiche sono simili a quelle già descritte per l'esecuzione dei controlli funzionali.

A livello nazionale operano gli *Uffici Centrali di Libro genealogico* che hanno sede presso le Associazioni Nazionali Allevatori (ANA) di ciascuna razza (per i bovini ed equini) o specie (per gli ovini, caprini, bufalini, suini e conigli). L'attività del Libro genealogico ed i criteri di selezione della razza sono regolati da appositi "Disciplinari".

Nell'ambito di ciascun Libro genealogico operano le Commissioni Tecniche Centrali (CTC) dei Libri Genealogici, organi che studiano e determinano i criteri e gli indirizzi per la selezione al fine del miglioramento delle diverse specie e razze, stabiliscono le metodologie per l'azione di selezione e tutto quanto è necessario ai suddetti fini. Esse sono costituite da rappresentanti degli allevatori, delle Regioni, del Ministero delle Politiche Agricole e Forestali, del Ministero della Sanità e da professori universitari scelti tra quelli esperti nelle materie collegate alla selezione animale. Un solo rappresentante dell'Ufficio Centrale dei Controlli e dell'Ufficio Centrale del Libro siedono in Commissione, quest'ultimo con funzioni di segretario.

Le principali norme da sottoporre all'approvazione delle Commissioni Tecniche Centrali sono quelle riguardanti:

- a) i criteri e le modalità di iscrizione degli animali al Libro;
- b) i metodi di stima del valore genetico dei riproduttori;
- c) i programmi di selezione e le relative valutazioni genetiche;
- d) le valutazioni morfologiche e le attività ad esse collegate;
- e) le modalità e la frequenza di pubblicazione degli indici genetici;
- f) i confronti e le prove internazionali dei riproduttori.

Le norme relative al disciplinare per l'effettuazione delle valutazioni genetiche sono approvate dal Ministero delle Politiche Agricole, Alimentari e Forestali (Mi.P.A.A.F) mentre INTERBULL, sottocomitato dell'ICAR in cui sono rappresentati tutti i principali paesi interessati alle valutazioni genetiche del bestiame, definisce le linee guida per

la corretta esecuzione delle valutazioni genetiche dei riproduttori documentandone i metodi ufficiali usati ed effettuando inoltre graduatorie e confronti dei riproduttori

1.2 I METODI UFFICIALI DI CONTROLLO FUNZIONALE E LA GESTIONE DEL DATO.

Per gestione del dato si intende la sua rilevazione in campagna, il suo trasferimento al Centro Elaborazione Dati (C.E.D.), l'elaborazione ed il ritorno agli allevatori e alle Associazioni Nazionali Allevatori (A.N.A.). Una non corretta attuazione di una sola di queste fasi vanifica il lavoro su cui si basa tutta l'attività di selezione che ha il suo cardine nella corretta rilevazione del dato. Per questo motivo il controllo in fase di inserimento del dato, di validazione e di trasferimento alle ANA viene effettuato nel Sistema Allevatori in modo puntuale, attenendosi alle linee guida dettate dall'ICAR e verificando la coerenza dei dati trasmessi con i dati già presenti in archivio.

I metodi di controllo adottati sono definiti nel "Disciplinare dei Controlli dell'attitudine produttiva per la produzione del latte".

I Controlli Funzionali per la produzione del latte sono eseguiti per tutta la carriera produttiva delle fattrici includendo nel controllo tutte le fattrici presenti in azienda, siano esse iscritte o meno ai Libri genealogici o ai Registri anagrafici.

Il disciplinare determina una serie di prescrizioni da ottemperare per il corretto svolgimento dei controlli che riguardano l'identificazione, l'allontanamento definitivo del neonato dalla fattrice, i limiti minimi e massimi di distanza tra parto e primo controllo o tra controlli successivi.

I controlli vengono effettuati normalmente con frequenza mensile e le modalità ammesse sono le seguenti:

- ✓ **metodo A:** eseguito dal controllore zootecnico;
- ✓ **metodo B:** svolto, in modalità fiduciaria, dall'allevatore;
- ✓ **metodo C:** svolto dal controllore in collaborazione con l'allevatore;

Nell'ambito del metodo A è possibile distinguere diverse tipologie di controllo di seguito specificate:

- ❖ **tipologia A4:** vengono controllate tutte le mungiture giornaliere. Il campione di latte viene prelevato durante l'ultima mungitura controllata nella medesima

sessione di controllo rispettando l'alternanza mattina/sera. La produzione giornaliera è ottenuta sommando le produzioni rilevate in ciascuna mungitura.

- ❖ **tipologia AJ:** viene controllata solo una mungitura giornaliera ma viene recuperata dal lattometro la produzione di latte della stessa fattrice nelle mungiture precedenti in funzione del numero di mungiture giornaliere. Il campione di latte viene prelevato durante la mungitura controllata rispettando l'alternanza mattina/sera. La produzione giornaliera si ottiene sommando la quantità di latte della mungitura misurata con le produzioni fornite dal lattometro.
- ❖ **tipologia AT:** viene controllata solo una mungitura giornaliera in modo alternato tra mattina e sera lungo la lattazione. Il campione di latte viene prelevato durante la mungitura controllata. La produzione giornaliera viene ottenuta moltiplicando le produzioni misurate in una mungitura con i coefficienti approvati dal CTC su proposta dell'Ufficio Centrale.
- ❖ **tipologia AR:** relativa al robot di mungitura, prevede la registrazione di tutte le produzioni relative alla fattrice effettuate nei giorni precedenti al controllo unitamente alla data e all'ora di ciascuna. Il campionatore va mantenuto attivo per un tempo sufficiente a campionare tutte le fattrici servite dal robot e comunque non meno 12 ore continue. Lo stacco del campionatore determina la fine del controllo e la data del controllo medesimo. La produzione giornaliera risulta essere una elaborazione dei dati raccolti.

Per le razze da carne i controlli vengono effettuati pesando gli animali presenti in allevamento. Il peso può essere determinato tramite rilevazione con bilancia o stimato attraverso la misura della circonferenza toracica.

Per alcune razze da carne e per tutte quelle iscritte al Registro Anagrafico il controllo funzionale riguarda la sola rilevazione degli eventi vitali e riproduttivi.

1.3 L'EVOLUZIONE DEL CONCETTO DI SPECIE E RAZZA

Nel corso degli anni i concetti di specie e di razza hanno subito un processo di evoluzione tanto che le definizioni e le revisioni che si sono susseguite nel tempo non hanno permesso ancora oggi di arrivare ad una definizione condivisa ed accettata da tutti (Matassino, 2010).

Ad esempio per Linneo e Agassiz la specie era un qualcosa di assoluto e di immutabile se non per piccoli aspetti riconducibili agli aspetti morfologici.

Definizioni successive furono quelle di Cuvier secondo cui la specie è “una collezione di individui simili tra loro indefinitamente fecondi”, di Emery per il quale la specie è “un complesso di individui che in condizioni normali hanno la possibilità di generare una progenie simile ai genitori”, di Komarov che la definisce come “un insieme di generazioni differenziate dal resto degli organismi per mezzo della selezione naturale e quindi dalla lotta per l’esistenza e dall’ambiente”. Una prima definizione “evoluzionistica” del concetto di specie è quella di Dobzhansky (1937) secondo cui la specie rappresenta “una tappa del processo evolutivo strettamente legata all’ambiente anch’esso in lenta evoluzione”. Di conseguenza è possibile distinguere “specie in essere” cioè destinate all’estinzione perché non in grado di adattarsi ai cambiamenti climatici e “specie in divenire” cioè in grado di adattarsi ai lenti ma inesorabili mutamenti climatici. Altri tentativi di definizione furono quelli di Kurn che descrive una specie come “gruppi di individui che in particolari condizioni ambientali sono praticamente uguali nelle forme e nelle funzioni e fecondi tra loro”, Kalmus secondo cui la specie è “un gruppo di organismi interriproducendosi formante una popolazione continua nel senso statistico del termine” e Parisi che la descrive come “un insieme di individui fenotipicamente simili in grado di riprodursi e di dare luogo a progenie feconda”.

Analogamente a quanto esposto per il concetto di specie anche per quello di razza non esiste attualmente una definizione universalmente riconosciuta e condivisa. In passato molti autori come ad esempio Settegast (1876) e Von Gruber rifiutavano il concetto di razza arrivando ad affermare che “ogni genotipo è una razza a se stante”. Successivamente Mascheroni (1932) la definisce come “un insieme di individui appartenenti alla stessa specie con caratteristiche fenotipiche simili che vivono nel medesimo ambiente e i cui caratteri fondamentali si ritrovano nei loro ascendenti e con fedeltà nella loro progenie” mentre Taussig (1939) introduce il concetto di “razze economiche” legandolo all’indirizzo produttivo e alla finalità dell’allevamento.

Definizioni più recenti sono da ricondurre a Oldenbroek (2007) che la descrive come “gruppi di animali interincrocianti all’interno di una specie con alcuni caratteri identificabili come aspetto, produzioni, ascendenti o storia selettiva” e Russo (2009) secondo cui si tratta di “popolazioni chiuse parzialmente costituite da soggetti con caratteristiche morfologiche e funzionali proprie conservate o selezionate dagli

allevatori che si riuniscono in associazioni ed utilizzano un sistema centrale di identificazione, registrazione e controllo”.

Con il termine di *popolazione* si fa riferimento all’insieme di più soggetti che differiscono per alcuni aspetti morfologici e fisiologici e che, al pari della razza, presenta una propria continuità nello spazio e nel tempo. Da ciò è possibile comprendere come non esistano tra le specie domestiche “razze pure” dal punto di vista genetico mentre nel linguaggio comune vengono considerate tali quelle che hanno caratteri che si trasmettono con una certa fedeltà.

La creazione delle nuove razze è da ricondurre all’incrocio di razze autoctone presenti sul territorio con razze cosmopolite o provenienti da territori esteri. Matassino (2010) evidenzia la difficoltà di definizione della razza e della specie e la mancanza di studi fenotipici e morfologici che non consentono né di discriminare una razza da un’altra se non per alcuni caratteri fenotipici come ad esempio il colore del mantello né di definire delle soglie o delle classificazioni per distinguere razze contigue. Secondo Matassino inoltre è possibile distinguere diverse tipologie di razze:

- ✓ *razze ecologiche*: riconducibili ai tipi genetici autoctoni (TGA) o ai tipi genetici autoctone antichi (TGAA) in base tempo di permanenza su un preciso territorio;
- ✓ *razze geografiche*: che si differenziano dalle ‘ecologiche’ per la natura della barriera che ne determina la formazione;
- ✓ *razze di cultura*: cioè create dall’uomo per motivi culturali (che ne determinano una standardizzazione delle condizioni fisiche per aumentarne il rendimento biologico-produttivo allontanandole dalle condizioni naturali di allevamento) e non strettamente riconducibili alle condizioni dell’ambiente di allevamento (Matassino, 1989, 1997, 2010).

Sulla base di tali considerazioni le razze domestiche possono essere considerate come popolazioni più o meno numerose che presentano una discreta variabilità genetica e una serie di genotipi diversi, pur essendo affini da un punto di vista della manifestazione dei caratteri.

1.4 LE DIFFERENZE TRA LIBRO GENEALOGICO E REGISTRO ANAGRAFICO.

Il libro genealogico (L.G.) rappresenta lo strumento per lo sviluppo ed il perfezionamento dell'azione di miglioramento della razza ed ha la finalità di indirizzare sul piano tecnico l'attività selettiva anche attraverso il testaggio dei discendenti dei migliori riproduttori, promuovendone allo stesso tempo la valorizzazione economica. Nel dettaglio rappresenta un banca dati di informazioni riguardanti la sfera produttiva (dati quali-quantitativi del latte nelle specie e razze ad indirizzo produttivo latte, peso alla nascita e pesi alle età tipiche per le specie e razze ad indirizzo produttivo carne) , riproduttiva (fecondazioni, diagnosi di gravidanza, parti, aborti, interparti, facilità al parto ecc) e morfologica (esito valutazioni morfologiche eseguite sui riproduttori ad età variabili in funzione della specie e della razza). Tale banca dati è tenuta dalle Associazioni Nazionali Allevatori di razza (nel caso dei bovini) e di specie nel caso degli ovi-caprini, dei bufali, dei suini e degli equini.

L'organizzazione e le attività del L.G. sono definite in uno specifico Disciplinare approvato dal Ministero delle Politiche Agricole, Alimentari e Forestali (Mipaaf) ed è svolta dall'Associazione Nazionale avvalendosi del contributo delle Associazioni Provinciali Allevatori (A.P.A.). Per l'attività del Libro genealogico vengono definiti in primo luogo gli obiettivi e i criteri di selezione dopodiché i soggetti iscritti (ammessi sulla base dello standard di razza contenuto nelle norme tecniche di selezione) vengono sottoposti alle valutazioni morfologiche e funzionali. I dati rilevati vengono vagliati e validati prima di essere registrati nel L.G. così da poter essere utilizzati per la stima del valore genetico additivo per uno o più caratteri produttivi mediante opportuni programmi di valutazione genetica.

A differenza del Libro Genealogico, per le razze autoctone presenti sul territorio sono stati istituiti i Registri Anagrafici come strumenti per la tutela e la conservazione delle razze non sottoposte ad un piano nazionale di selezione. Nel registro anagrafico vengono conservate le informazioni genealogiche dei soggetti iscritti al fine della conservazione delle popolazioni, spesso minacciate di estinzione, con particolare attenzione al mantenimento della loro variabilità genetica e promuovendone al contempo la valorizzazione economica. Per le razze bovine autoctone il Registro Anagrafico, ai sensi dell'art.3 della Legge 15 gennaio 1991 n.30, è tenuto

dall'Associazione Italiana Allevatori (A.I.A) che provvede allo svolgimento delle attività mediante:

- la *Commissione Tecnica Centrale (CTC)*, che studia e determina i criteri e gli indirizzi per la conservazione delle razze ammesse;
- l'*Ufficio Centrale (UC)*, che garantisce il funzionamento del registro stesso coordinando e controllando l'attività degli Uffici periferici e degli esperti di razza;
- gli *Uffici Periferici (UP)*, che svolgono l'attività di informazione, verifica, raccolta di dati e campioni biologici negli allevamenti iscritti secondo le istruzioni dell'UC;
- il *Corpo degli Esperti*, incaricati dell'esecuzione delle visite aziendali per lo svolgimento degli esami morfologici ai fini dell'iscrizione e/o abilitazione alla riproduzione dei soggetti secondo le Norme Tecniche approvate dal Mipaaf.

1.5 LE ATTIVITÀ INERENTI LA GESTIONE DEL REGISTRO ANAGRAFICO.

L'Associazione Italiana Allevatori (A.I.A.), date le finalità e l'organizzazione che caratterizzano il Registro Anagrafico, provvede a svolgere le attività relativamente ai seguenti 5 ambiti:

- ***Gestione della Banca dati***
- ***Formazione e coordinamento degli esperti di razza***
- ***Attività di elaborazione dati***
- ***Attività di promozione e sviluppo***
- ***Attività di ufficio***

Nel dettaglio l'attività di gestione della Banca Dati per le popolazioni ammesse al Registro Anagrafico ha come obiettivo il monitoraggio della situazione demografica delle razze e della qualità dei dati archiviati.

Nel merito, si fa presente che l'attività in questione viene espletata, a cura dell'Ufficio Centrale, con la collaborazione degli Uffici Periferici del Registro, sulla base del flusso dati descritto nello schema di seguito riportato



Diagramma 1 - Flussi dati implicati nella gestione della Banca Dati del Registro Anagrafico delle razze bovine autoctone e a limitata diffusione.

Il diagramma 1 evidenzia come gli Uffici Periferici del Registro provvedano a rilevare, durante i sopralluoghi periodici negli allevamenti iscritti, gli eventi vitali e riproduttivi ai fini dell'aggiornamento della Banca Dati.

Nel corso del 2012, l'Ufficio Centrale ha svolto la propria attività mediante la nuova procedura informatica "RAB" integrata nelle logiche funzionali e con i flussi informativi di Siall (Sistema Informativo Allevatori). La procedura R.A.B., che utilizza un linguaggio di programmazione SQL elastico e flessibile in grado di fornire ampie opportunità di reporting, consente oggi di gestire tutti i dati delle razze di registro nonché svolgere direttamente on-line tutta l'attività relativa agli esami morfologici (ai fini dell'iscrizione e/o abilitazione alla riproduzione dei tori) e ai prelievi dei campioni biologici ai fini della creazione della banca del materiale biologico presso il Laboratorio di Genetica e Servizi (ex LGS) con sede a Cremona.

L'Ufficio Centrale ha provveduto inoltre all'attività di coordinamento e controllo degli Uffici Periferici, elaborazione e pubblicazione dei dati delle consistenze nonché alla predisposizione dei documenti ufficiali del registro (schede esami morfologici e certificati genealogici).

In tale ambito, al fine di agevolare gli Uffici Periferici nella predisposizione della lista dei soggetti iscritti aventi diritto agli aiuti comunitari (Premi ex art.68 e PSR regionali), l'U.C. ha messo a disposizione delle proprie Associate un attestato di iscrizione

cumulativo aziendale.

Relativamente alle attività di campagna l'Ufficio Centrale programma l'attività tecnica degli esperti di razza abilitati, finalizzata al periodico svolgimento di campagne di esami morfologici, che vengono effettuate allo scopo di verificare in che misura i soggetti presenti negli allevamenti ammessi al registro, una volta raggiunta l'età riproduttiva, rispondano agli standard di razza. L'esame morfologico per i soggetti presenti in allevamenti iscritti al R.A.B. è requisito fondamentale per l'iscrizione alla sezione supplementare del registro (nei soggetti privi totalmente o parzialmente di genealogia) o per l'abilitazione alla riproduzione dei maschi iscritti alla sezione principale.

Tale gestione prevede la predisposizione periodica dell'attività relativa agli esami morfologici da svolgere. Inoltre, per fornire agli esperti gli stessi strumenti tecnici ed informatici, vengono organizzati dall'Ufficio Centrale corsi di aggiornamento periodici utili anche per valutare le problematiche riscontrate nelle attività di campagna e di ufficio.

Di seguito (Tabella 1) si riporta l'elenco degli esperti abilitati e il luogo di svolgimento dei corsi aggiornato al 31 dicembre 2012.

LOCALITA' (N°CORSI)	RAZZA/E	ESPERTI ABILITATI
Alghero/Oristano (2)	Sarda, Sardo Bruna, Sardo Modicana	35
Pisa	Calvana, Garfagnina, Pontremolese, Pisana	4
Modena	Modenese	2
Pavia	Varzese, Cabannina	3
Vicenza	Burlina	3
Torino	Pustertaler Sprinzen	5
Palermo (2)	Modicana, Cinisara	30
Napoli (2)	Agerolese	5
Vercelli	Pezzata Rossa Oropa, Pustertaler Sprinzen	2
Fregene, Benevento	Agerolese, Burlina, Varzese, Pontremolese, Modenese	6
TOTALE		95

Tabella 1: Corsi esperti svolti e numero totale di candidati abilitati.

Il numero complessivo di aziende assegnate agli esperti al 31.08.2012 ai fini dell'abilitazione e/o iscrizione dei soggetti sulla procedura R.A.B. sono riassunti nella Tabella 2.

Nel periodo settembre-dicembre 2012 si prevede lo svolgimento delle visite aziendali per le razze rimanenti al fine di completare il giro annuale di verifiche. Il leggero ritardo nello svolgimento delle stesse per l'anno 2012 è riconducibile all'implementazione della procedura informatica a seguito della decisione del Consiglio Direttivo di AIA della compartecipazione economica degli allevatori allo svolgimento delle visite aziendali da parte del Corpo Esperti RAB.

RAZZA	N. AZIENDE VISITATE DAL CORPO ESPERTI
Sarda, Sardo Bruna, Sardo Modicana	451
Modenese	12
Varzese, Cabannina	11
Agerolese	36
Cinisara e Modicana	200
Pezzata Rossa Oropa	24
Pustertaler	44
TOTALE	778

Tabella 2: Numero di aziende visitate distinte per razza.

L'attività di elaborazione dei dati è finalizzata al mantenimento della variabilità genetica e alla conservazione della biodiversità promuovendo la valorizzazione economica delle produzioni riconducibili alle singole razze. In tale ambito le azioni che vengono eseguite sono:

- Fornitura delle consistenze alle Regioni (con almeno una delle razze in via di estinzione) per l'inserimento nei piani di Sviluppo Rurale (PSR 2007-2013);
- Predisposizione Piani di accoppiamento e stima dei coefficienti di consanguineità (%) dei soggetti iscritti al R.A.B per ciascuna razza di registro.
- Assistenza all'Ufficio forfait e servizio ad enti terzi per il calcolo dei soggetti di razze ad indirizzo produttivo carne iscritti al R.A. ed ammissibili al premio supplementare vacche nutrici previsto da AGEA.
- Trasmissione alla BDN di Teramo dei soggetti di nuova iscrizione al

RAB ai fini dell'erogazione dei premi comunitari.

E' stata inoltre fornita:

- Assistenza alle associate per quanto riguarda la gestione del flusso informatico in Banca dati S.I.All..
- Gestione delle richieste di importazione seme di razze estere non aventi in Italia un equivalente Libro Genealogico.
- Gestione delle autorizzazioni di prelievo e stoccaggio del seme dei tori iscritti al R.A.B.

Le attività di promozione e sviluppo che vengono effettuate nell'ambito della gestione del Registro Anagrafico, riguardano l'organizzazione di mostre e fiere a livello provinciale e/o regionale nonché le attività finalizzate a conseguire la valorizzazione economica delle razze e dei prodotti ad esse riconducibili. In particolare si fa riferimento alla partecipazione di soggetti bovini iscritti al R.A.B. alle manifestazioni territoriali quali ad esempio la Mostra Interprovinciale della razza bovina Calvana (epoca: marzo), la mostra Interprovinciale dei bovini di razza autoctona Varzese-Ottone-Tortone (epoca: agosto), la mostra del Registro Anagrafico della Razza Cabannina (epoca: settembre) , il Meeting Regionale della razza Pezzata Rossa d'Oropa (epoca: settembre) e il Meeting regionale della razza Pustertaler (epoca: novembre). La gestione quotidiana fatta dall'Ufficio Centrale del Registro prevede infine la tenuta dei contatti con gli Uffici Provinciali, il coordinamento dell'attività degli esperti, l'effettuazione di visite e sopralluoghi in campo finalizzati ad incontri con allevatori e tecnici coinvolti nella gestione delle razze e la predisposizione e l'organizzazione dei lavori della Commissione Tecnica Centrale (C.T.C).

1.6 LA CONSANGUINEITÀ NELLE SPECIE DI LIBRO GENEALOGICO E DI REGISTRO ANAGRAFICO.

Le direttive comunitarie recepite con legge del 15 gennaio 1991 n.30 e le sue successive modifiche evidenziano una netta distinzione fra il Libro Genealogico ed il Registro Anagrafico. Entrambe le strutture hanno infatti come attività comune quella di registrare i dati produttivi e riproduttivi per gli animali di competenza, ma tali informazioni sono utilizzate a scopi selettivi per le razze di Libro Genealogico mentre vengono utilizzati al fine della conservazione per le razze di Registro Anagrafico. In altre parole, gli animali iscritti ad uno stesso Libro Genealogico sono sottoposti ad uno schema di selezione comportante la scelta dei migliori riproduttori maschi e femmine per indice di selezione per la razza, che diverranno i genitori della generazione di animali successiva che avrà, mediamente, un valore genetico più alto di quello dei genitori. Gli animali di una razza ammessa al Registro Anagrafico, al contrario, non subiscono un'attività di selezione, quindi non hanno schemi di selezione, valutazione genetica ed accoppiamenti mirati a produrre prole più produttiva, ma sono gestiti in maniera da conservare quanto più possibile i genotipi della razza cui appartengono mediante la predisposizione dei piani di accoppiamento. La consanguineità, in tali due situazioni, si alza con il passare degli anni per motivi tecnicamente diversi.

Nel caso di razze in selezione, l'aumento di consanguineità è dovuto al fatto che poche linee di riproduttori vanno ad operare sulla popolazione, e le generazioni successive necessariamente saranno via via sempre più imparentate: tale problema è proporzionalmente più grave quanto più diffuse sono le tecniche riproduttive adottate. In realtà il miglioramento genetico applicato ad una razza comporta una continua necessità di bilanciare l'uso di un numero relativamente piccolo di riproduttori dovuto all'alta intensità di selezione ed il mantenimento di un'opportuna variabilità genetica per garantire una opportuna risposta di selezione nelle generazioni successive senza allo stesso tempo aumentare i problemi di depressione da inbreeding sui caratteri produttivi e riproduttivi. Tale situazione è stata negli ultimi decenni enfatizzata sia dall'applicazione di tecniche di valutazione genetica avanzate, come il BLUP, che hanno premesso un aumento della pressione di selezione grazie all'alta accuratezza dei valori genetici additivi calcolati; tale stato di cose ha comunque aumentato la probabilità di coselezionare animali imparentati

fra loro. Anche gli sviluppi delle tecniche riproduttive quali ad esempio l'embryo transfer e la fecondazione in vitro hanno condotto ad un innalzamento della consanguineità nelle popolazioni in selezione a causa della riduzione del numero di riproduttori necessari per produrre la generazione successiva di animali da allevare. Altra causa dell'innalzamento dell'inbreeding nelle popolazioni in selezione è il cambiamento di alcune strutture nei programmi di selezione, come ad esempio lo sviluppo di schemi MOET (Multiple ovulation and embryo transfer) che hanno ridotto gli intervalli di generazione ingenerando però una aumentata enfasi delle informazioni sulle parentele piuttosto che sui dati produttivi. A causa di queste situazioni, sia il miglioramento genetico delle popolazioni sotto selezione sia la consanguineità delle stesse sono in aumento.

Molti autori hanno studiato come porre rimedio a questo aumento di consanguineità. In un lavoro di review, Weigel (2001) ha illustrato i principali metodi per controllare l'inbreeding in popolazioni in selezione. Il primo di questi è la riduzione della grandezza delle linee familiari. Goddard e Smith (1990) hanno ricercato il numero di tori che sarebbe necessario per avere in una razza in selezione sia il massimo miglioramento genetico raggiungibile che il mantenimento di una adeguata variabilità genetica a lungo termine. Considerata una popolazione cosmopolita, hanno trovato che un minimo di 10 tori, usati globalmente in tutti i paesi, avrebbero potuto dare il desiderato miglioramento genetico mantenendo una adeguata variabilità genetica. Woolliams et al (1999) hanno proposto diverse modifiche su schemi di uso di nuclei MOET per aumentare la risposta alla selezione limitando allo stesso tempo l'accumulo di inbreeding. Le principali soluzioni che hanno trovato riguardano restrizioni nella scelta di fratelli, l'uso di caratteri con alta ereditabilità che limitavano la correlazione fra indici genetici di animali imparentati in quanto in questo caso il peso del dato individuale rispetto al dato della progenie aumenta, e l'uso di schemi fattoriali piuttosto che schemi gerarchici con un aumentato numero di tori per vacca. Un altro modo di controllare l'inbreeding nelle popolazioni in selezione mantenendo il guadagno genetico è quello dell'uso di sottolinee e successivo incrocio di tali linee. A tale riguardo si è visto che l'uso di sottolinee e successivo incrocio fra esse dava un un più basso livello di risposta genetica a parità di incremento di inbreeding (Smith and Quinton, 1993), mentre un altro lavoro (Terawaki et al, 1998) concludeva che l'uso di sottolinee invece di una sola linea genetica poteva ridurre sostanzialmente l'inbreeding, al costo di un leggero effetto di calo del guadagno genetico.

Il controllo della consanguineità nelle popolazioni in selezione può essere realizzato anche attraverso i piani di accoppiamento; molti autori hanno studiato tale aspetto (Klieve et al., 1994; Boswenger et al, 1994; Weigel e Lin, 2000). Da tali ricerche si evince che piani di accoppiamento programmati derivanti da elaborazioni possono ridurre l'inbreeding della generazione successiva aumentando le produzioni e il profitto dell'allevamento; comunque, si nota anche che tale tipo di strumento ha una efficacia a breve termine, cioè ha effetto fino alla generazione successiva, mentre il controllo dell'inbreeding ed il mantenimento della variabilità genetica a lungo termine richiedono modifiche nelle procedure di selezione dei padri di toro.

A livello di BLUP, Quinton et al, 1992 hanno notato che in piccole popolazioni metodi di selezione alternativi al BLUP possono essere competitivi rispetto a questo quando il tasso di incremento di inbreeding accettabile è piccolo o moderato. Verrier et al, 1993 e Perez-Enciso et al (1991) hanno suggerito di scomporre l'EBV derivante da valutazione BLUP in una parte entro famiglia ed una fra famiglie, e variare il peso della componente familiare in modo da tenere conto diversamente, tramite un peso statistico, della componente entro famiglia. Queste strategie hanno portato ad un sostanziale rallentamento dell'accumulo di consanguineità con solamente una ridotta diminuzione del guadagno genetico.

Altri autori (Woolliams e Meuwissen, 1993; Meuwissen e Goddard, 1997; Wray e Goddard, 1994; Brisbane e Gibson, 1995; Meuwissen, 1997; Grundy et al, 2000) hanno studiato l'effetto a lungo termine del contributo degli animali selezionati sulle generazioni future, facendo simulazioni basate sulla "Optimal Contribution Theory". Si è visto che l'applicazione di tale teoria può ridurre l'inbreeding nelle popolazioni future con una minima riduzione del progresso genetico.

La gran parte dei lavori citati forniscono delle conclusioni partendo da simulazioni ed ipotizzando una serie di condizioni che, spesso, nella realtà non sempre sono applicabili. Fra le assunzioni, la principale è che il pedigree di studio sia completo ed accurato; nella realtà delle popolazioni in selezione, questo non è mai vero in quanto esistono genealogie errate o mancanti per una serie di animali ed inoltre la pratica dell'importazione da altri paesi, senza tenere in considerazione le parentele di origine dell'animale importato, va a peggiorare ancora la situazione.

Per risolvere questo problema, Van Raden, 1992 ha proposto un metodo per gestire i genitori non conosciuti nel corso del calcolo dell'inbreeding. Tale soluzione consiste nel considerare ogni animale ignoto come imparentato con la popolazione in misura

della parentela media nella razza per gli animali noti nati nello stesso anno. Tale metodica è stata dimostrata capace di recuperare efficacemente informazioni sull'inbreeding apportato da animali sconosciuti fino ad una quantità del 20% delle femmine senza genitori nel data set (Lutaaya et al., 1999).

Per quanto riguarda la gestione della biodiversità, è chiaro che tale problema investe le razze a limitata diffusione per le quali il rischio di una crescita incontrollata dell'inbreeding è reale e probabile.

1.6.1 LE PROBLEMATICHE AD ESSA CORRELATE.

Il miglioramento genetico del patrimonio zootecnico comporta una lotta per raggiungere il giusto equilibrio tra la selezione intensa di un piccolo numero di genitori nell'attuale generazione e il mantenimento di una sufficiente variabilità genetica quantitativa per rispondere alle necessità delle generazioni future.

Nel corso degli anni infatti la selezione delle razze cosmopolite ha permesso la diffusione e l'allevamento di milioni di capi con l'utilizzo di un limitato numero di linee di sangue e la conseguenza che i migliori tori in FA appartengono spesso a poche famiglie. Recenti sviluppi nei programmi di selezione hanno portato all'introduzione di una serie di fattori legati alla funzionalità degli animali allo scopo di consentire l'impiego dei tori che erano esclusi dai precedenti programmi di selezione. Ad esempio il miglioramento dei metodi statistici per la stima del valore genetico dei riproduttori, come il BLUP Animal Model, hanno portato ad una maggiore precisione degli EBV e una maggiore probabilità di coselezione di animali correlati. I progressi fatti in ambito di tecnologia riproduttiva, come ad esempio il trasferimento embrionale (ET) e la fecondazione in vitro (IVF), hanno portato ad un aumento dell'intensità di selezione attraverso una riduzione del numero dei genitori necessari per produrre la generazione successiva di riproduttori. I cambiamenti nella struttura dei programmi di allevamento, come gli schemi di ovulazione multipla e trasferimento embrionale (MOET), hanno ridotto gli intervalli di generazione, ma hanno anche portato ad una maggiore attenzione sulle informazioni provenienti dai genitori, piuttosto che ai soli dati riguardanti la performance individuale. Per queste ragioni, sia il progresso genetico che consanguineità sembrano essere in aumento ad un tasso crescente nelle popolazioni in selezione.

In tale contesto la conservazione della diversità genetica assume grande importanza per la messa a punto di programmi di selezione da parte delle generazioni future. Tuttavia non bisogna sottovalutare gli effetti negativi della consanguineità che si manifestano in azienda con la cosiddetta “depressione da consanguineità” ed effetti negativi in termini di riduzione delle prestazioni produttive (Smith et al, 1998;. Thompson et al, 2000a-2000b), incremento della patologie (Wall et al 2003; Cassell et al, 2003a- 2003b), peggioramento dei parametri riproduttivi e riduzione della redditività aziendale a causa dell’aumento dei costi veterinari.

Ciò è da ricondurre sia alla metodologia adottata per la stima del valore genetico degli animali da reddito (animal model) sia all’unico obiettivo di selezione (aspetti produttivi) mantenuti a lungo da tutti e con poche eccezioni.

1.7 LA BIODIVERSITÀ E GLI EFFETTI DELLE ATTIVITÀ UMANE.

Il termine “biodiversità” è stato coniato da W.G. Rosen nel 1985 nel corso della pianificazione del Forum Nazionale sulla Biodiversità svoltosi nel 1986 a Washington; il successo del termine è dovuto in particolare all’opera “Biodiversity” di E. O. Wilson e F. M. Peter pubblicata nel 1988. Per biodiversità si intende la “variabilità tra gli organismi viventi provenienti da qualsiasi origine, inclusi gli ecosistemi terrestri, marini e acquatici e i complessi ecologici di cui questi sono parte; ciò comprende la diversità all’interno delle specie, tra le specie e degli ecosistemi” (OCSE, 1999). Un'altra definizione della biodiversità si riferisce alla “varietà della vita e dei suoi processi. Essa include tutte le forme di vita, dalla singola cellula ai complessi organismi e processi, ai percorsi e ai cicli che collegano gli organismi viventi alle popolazioni, agli ecosistemi e ai paesaggi” (Commissione UE, 2001).

Questo concetto è rapidamente entrato nel linguaggio dei cittadini per la crescente consapevolezza dei pericoli derivanti dal degrado incalzante delle risorse viventi e degli ecosistemi.

Gli aspetti della biodiversità possono essere affrontati su uno spettro di livelli di organizzazione, riconducibili alla diversità genetica, organismica ed ecologica (Heywood & Baste, 1995) in un crescendo di complessità. E’ inoltre riconosciuta la diversità culturale.

La *diversità genetica*, o *all’interno delle specie*, si fonda su componenti genetiche e comprende la diversità tra individui di una stessa specie, tra popolazioni di una

stessa specie geograficamente isolate (intraspecifica), e tra specie (interspecifica). Il patrimonio genetico di ciascuna specie è più o meno vasto, sulla base della varietà e variabilità degli organismi che la compongono. Infatti ogni individuo, con il suo corredo genetico o genotipo, contribuisce alla diversità della propria specie, esprimendo il fenotipo, risultato delle interazioni del genotipo con le condizioni ambientali. Una elevata variabilità intraspecifica garantisce alla specie un minor rischio di estinzione, dal momento che può attingere alla diversità dei suoi organismi per affrontare nuove caratteristiche ambientali. L'uomo si è avvalso di tali differenze per selezionare, nell'arco di 12.000-15.000 anni, migliaia di razze di animali e decine di migliaia di varietà di piante.

La *diversità organismica e tra specie* è quella più comunemente nota e si rivolge alle specie e alle popolazioni, di cui le specie sono composte. Finora il numero di specie conosciute e descritte è di circa 1.750.000. Molte specie restano ancora da riconoscere e classificare: attualmente si stima che il numero di specie viventi sia compreso in un *range* che arriva fino a 40 milioni con valori plausibili tra 7 e 14 milioni (Rapporto sulla Biodiversità del *World Conservation Monitoring Centre* dell'UNEP, 2002).

La *diversità di ecosistemi* comprende i sistemi ecologici di tutti i differenti ambienti, naturali e non, che esistono sulla terra. Un ecosistema è il risultato, nel tempo, delle interazioni tra gli organismi viventi (componente biotica) e tra questi e l'ambiente fisico, chimico e geomorfologico in cui vivono (componente abiotica). Un ecosistema, oltre ad avere una dimensione spaziale i cui confini sono sottoposti a cambiamenti, è anche un'entità strutturale sulla base delle relazioni trofiche che vi si instaurano e che determinano parte delle caratteristiche dei flussi di energia e dei cicli della materia. Nella categoria della diversità di ecosistemi viene compresa anche la diversità del paesaggio, tra paesaggi all'interno dei biomi (complesso degli ecosistemi di una particolare area geografica del pianeta), tra i biomi del pianeta, nonché la diversità culturale. Per paesaggio si intende un insieme di ecosistemi che si ripetono in modo simile su un determinato territorio (Massa & Ingegnoli, 1999); sono incluse sia aree ad alto grado di naturalità, che aree soggette alle attività antropiche, tra cui i sistemi agrari, le aree rurali e quelle suburbane e urbane.

Nella *diversità culturale*, si comprendono i risultati delle interazioni umane a tutti i livelli di biodiversità, incluse le tradizioni legate all'uso delle risorse dell'ambiente e del territorio e risulta molto spesso legata alle pratiche agronomiche.

Gli studi sulla biodiversità sono resi complessi e difficoltosi dal fatto che la combinazione di più componenti produce insiemi caratterizzati da nuove proprietà, dette “emergenti”, che non sono presenti al livello immediatamente precedente e non possono essere previste dallo studio delle componenti di quel livello (Odum, 1989). Inoltre, ciascuno dei livelli di biodiversità considerati è interconnesso con gli altri, sulla base dell’approccio di studio e delle caratteristiche delle discipline con cui si affrontano le tematiche della biodiversità; tra queste: biologia evoluzionistica, tassonomia, ecologia, genetica, biologia di popolazioni, economia, sociologia, etc.

Misurare la biodiversità non è compito facile anche perché metodi, parametri, indicatori ed indici cambiano al variare dei livelli di complessità. Tra le misure più note sono da annoverare la *ricchezza in specie* - che rappresenta il numero totale di specie ed è in genere espresso come rapporto specie/area - e le misure di diversità, che pongono in relazione, oltre al numero di specie per area, anche il numero di individui per specie. Analogamente, la diversità ambientale viene spesso misurata considerando il tipo e il numero di habitat per area. D’altra parte, vari aspetti della perdita in biodiversità non sono tra loro in relazione diretta. Ad esempio, la perdita in ricchezza di specie non riflette necessariamente la perdita in habitat, anche se molte stime sulle estinzioni si fondano su equazioni matematiche che comprendono le dimensioni delle aree.

Con l’agricoltura l’uomo ha avviato processi di trasformazione del territorio, sostituendo ecosistemi naturali con un nuovo tipo di sistema, l’agroecosistema. E’ dalla seconda guerra mondiale in poi che è stata realizzata una impennata nella trasformazione delle caratteristiche ambientali. I settori di attività coinvolti sono individuati nell’agricoltura, nei trasporti, nei processi di industrializzazione e di urbanizzazione. Tra le conseguenze sono elencati la frammentazione del territorio, la perdita e l’alterazione di habitat, l’inquinamento, l’introduzione di specie aliene, l’alterazione del ciclo dei nutrienti e dell’acqua. Tutti questi effetti tendono ad interagire e ad enfatizzarsi l’uno con l’altro, e si esprimono a livello globale nei cambiamenti climatici, nella perdita di biodiversità, e nei processi di aridificazione.

Il *Millenium Ecosystem Assessment Biodiversity Synthesis*, redatto dall’UNEP nel 2005, riporta che i cambiamenti ambientali e la conseguente perdita di biodiversità sono ora più veloci che mai nella storia dell’uomo e non ci sono segnali di riduzione di questo processo. Dal rapporto emerge, ancora una volta, che il declino della biodiversità è in relazione diretta con l’intensificarsi delle attività umane più recenti e i

dati di estinzione di specie relativi ai soli 30 anni - compresi tra il 1970 ed il 2000 - sono drammatici.

1.8 BIODIVERSITÀ E RISORSE GENETICHE ANIMALI (RGA)

In zootecnia, il concetto di biodiversità si riferisce prevalentemente alla “diversità genetica”, cioè alla diversità all’interno delle specie domestiche allevate. Le specie allevate che contribuiscono all’agricoltura attuale sono il frutto di un lungo percorso di domesticazione e sviluppo. Circa 12 centri principali di domesticazione sono stati identificati grazie ai reperti archeologici e alla genetica molecolare. Le capre ad esempio, sarebbero state domestiche per la prima volta circa 10000 anni fa nelle montagne dello Zagros particolarmente fertili. Le migrazioni umane, il commercio, le conquiste militari e le colonizzazioni avvenute nei secoli hanno provocato la movimentazione degli animali dai loro habitat naturali a nuovi scenari agro-ecologici. La selezione naturale, la selezione controllata dall’uomo e l’incrocio con le popolazioni d’origine hanno dato luogo ad una grande variabilità genetica. All’inizio del diciannovesimo secolo si è avuto un nuovo impulso migratorio localizzato principalmente all’interno dell’Europa. Questo fenomeno ha portato le razze europee a stabilirsi principalmente nell’Emisfero Sud e in alcune zone secche a clima tropicale (ad esempio il montone Awassi adattatosi al clima del sud Europa ma anche in Australia, l’introduzione dello Zebù asiatico in America latina) mentre tale adattamento non è avvenuto nelle zone umide dei tropici a causa del clima eccessivamente caldo e della conseguente mancanza di risorse foraggere. Sul finire del ventesimo secolo ebbe inizio una nuova fase di migrazione genetica favorita dalla domanda crescente di prodotti di origine animale da parte dei paesi in via di sviluppo e dalla disponibilità di nuove tecniche riproduttive (biotecnologie) che facilitano lo spostamento del materiale genetico pur essendo quest’ultimo limitato ad un numero ristretto di razze. Attualmente la razza bovina Holstein, la più diffusa in assoluto, risulta presente in 128 paesi, la razza suina Large White in 117 paesi, la capra Saanen in 81 paesi e la Suffolk in 40 paesi (FAO, 2007). In generale è fondamentale tener conto dello scenario attuale per fare in modo che le azioni messe in atto in futuro garantiscano la conservazione delle risorse genetiche minacciate.

Delle oltre 50.000 specie note di Uccelli e Mammiferi, solo una quarantina sono classificate come domestiche o addomesticate, e solo 5 – bovini, ovini, polli, caprini e

suini – sono allevate in tutti i continenti. Di queste specie esistono numerosissime razze, e il loro numero è in continua variazione, sia perché non esiste una definizione condivisa di razza, sia perché i risultati delle ricerche portano a continui aggiustamenti.

Queste risorse genetiche formano l'insieme della “diversità degli animali domestici” (DAD), necessaria a soddisfare la continua crescita di domanda di prodotti di origine animale e di servizi per l'agricoltura. La perdita di questa biodiversità è progressivamente aumentata con il crescere della popolazione mondiale e con i cambiamenti apportati ai sistemi produttivi tradizionali. Per arrestare questa perdita sono stati effettuati numerosi sforzi, sia nel campo della conservazione che nell'uso sostenibile delle risorse genetiche animali (RGA). Un importante attore di questi sforzi è stata la FAO, che, nell'ambito della “Global Strategy for the Management of Farm Animal Genetic Resources”, ha stabilito un sistema di monitoraggio a livello mondiale, il “Global Early Warning System for Domestic Animal Diversity”. Alla base di questo sistema c'è il “Domestic Animal Diversity Information System” (DAD-IS), grazie al quale vengono registrati e messi a disposizione gli elenchi nazionali delle razze e le informazioni sul loro stato di conservazione. Il DAD-IS costituisce, quindi, una vera e propria rete di conoscenza delle RGA, la cui conservazione è stata definita nel “Global Plan of Action for Animal Genetic Resources”, sottoscritto da 109 nazioni alla prima “International Technical Conference on Animal Genetic Resources for Food and Agriculture”, tenutasi a Interlaken (CH) nel settembre del 2007 (“Dichiarazione di Interlaken”).

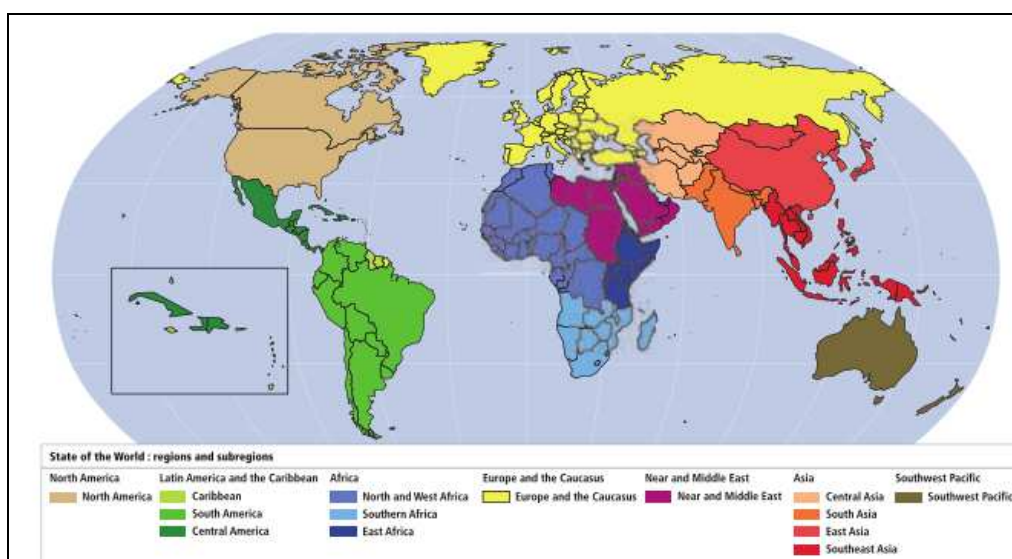


Figura 1: Suddivisione delle aree geografiche in regioni e sottoregioni

Basandosi sul più recente “World Watch List for Domestic Animal Diversity” (WWL–DAD), le razze allevate nel mondo sono definite “locali” (“local”), se presenti in una sola Nazione, o “transnazionali” (“transboundary”), se presenti in più di una Nazione; queste ultime possono essere “regionali” (“regional”) o “internazionali” (“International”), a seconda dell’ampiezza della loro diffusione.

La pubblicazione riporta un totale di 7.616 razze (quasi 2/3 appartenenti a Mammiferi), di cui 6.536 locali e 1.080 transnazionali. Di queste ultime, 523 sono regionali e 557 sono internazionali; 690 razze sono classificate come estinte. A partire dal primo monitoraggio, la perdita è quantificabile in 2 razze a settimana, ad ogni modo la consistenza delle specie di interesse zootecnico a livello mondiale è la seguente:

- Bovini: 1,3 miliardi di capi;
- Bufali: circa 165.000 milioni di capi;
- Caprini: circa 800 milioni di capi;
- Equidi: circa 164.000 milioni di capi;
- Ovini: circa 1 miliardo di capi;
- Polli: circa 17 miliardi di capi.

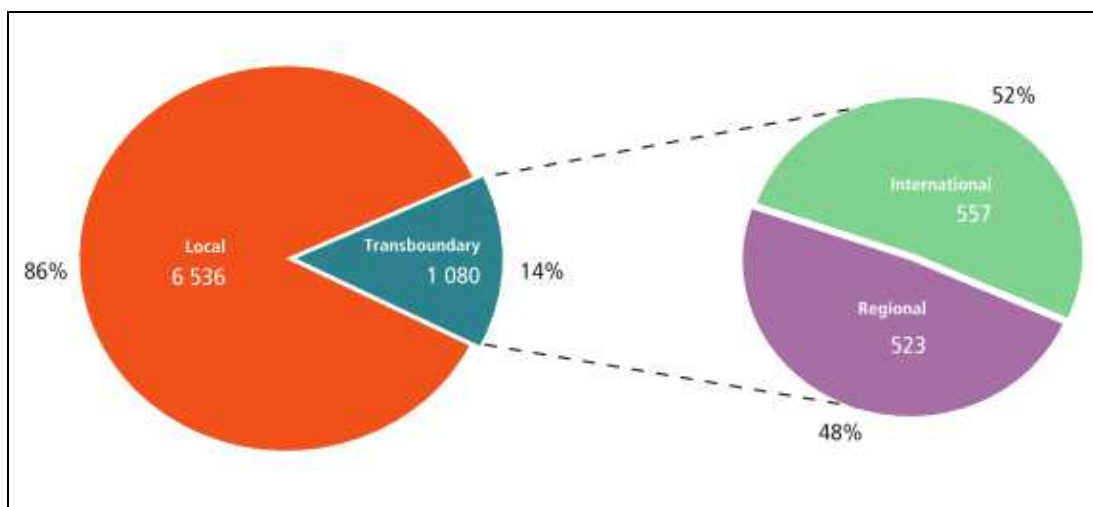


Figura 2: Distribuzione delle razze locali e transfrontaliere nel mondo.

In Europa è presente quasi la metà (46%) della diversità domestica mondiale; secondo la FAO, delle 2.576 razze di mammiferi ed avicoli domestici globalmente minacciate, quasi la metà (48%) è allevata in Europa e nell’area mediterranea, nonostante siano in atto, in assoluto, il maggior numero di programmi di conservazione. Nell’area mediterranea sono presenti circa il 45% delle razze bovine ed il 55% delle razze caprine di tutta l’Europa e del Medio Oriente. Va comunque

sottolineato che all'elevato numero di razze a rischio presenti in Europa non corrisponde un'analisi completa dello stato di rischio per le singole razze negli altri paesi dove per un elevato numero di razze lo stato di pericolo risulta sconosciuto (ad esempio in America latina per il 68% delle razze bovine e per l'81% delle razze avicole non è stata redatta un'analisi del rischio).

Recentemente, grazie al progetto GLOBALDIV (www.globaldiv.eu) finanziato dalla UE, è disponibile una visione globale della biodiversità animale e delle attività di conservazione svolte in Europa. GLOBALDIV è formato da un gruppo di esperti europei ed è finalizzato al miglioramento della caratterizzazione, raccolta e utilizzazione delle RGA in Europa, nonché all'armonizzazione delle iniziative di conservazione in atto. Altri dati inerenti il patrimonio zootecnico europeo sono disponibili nei database realizzati nell'ambito dei progetti EuReCa ("Toward self-sustainable European Regional cattle breeds"), EFABISNet ("European farm animal biodiversity information system network"), HERITAGESHEEP ed EU GENRES ("European Genetic Resources"). Tra i progetti finanziati interamente a ONG europee, si ricorda infine ELBARN" (www.elbarn.net), coordinato dalla Fondazione SAVE e finalizzato al censimento di aziende "arca", che ospitano razze autoctone a rischio di estinzione e alla creazione di centri di recupero delle razze maggiormente minacciate.

1.9 L'EROSIONE GENETICA E IL RISCHIO DI ESTINZIONE DELLE RISORSE AUTOCTONE LOCALI .

Nonostante la presenza di un'ampia diversità genetica tuttora vivente, si stima che circa il 16% di razze locali - ben adattate ad ambienti particolari di allevamento - si sia estinto dall'inizio del secolo (Hall & Ruane, 1993), e un ulteriore 30% sia a rischio di estinzione.

Poiché il rischio di estinzione di una razza dipende dal suo grado di minaccia, Gandini et al. (2004) lo definiscono come la "misura della probabilità che una razza, nelle attuali condizioni e aspettative, si possa estinguere". Il grado di minaccia, o lo stato di rischio di una razza, dipende da numerosi fattori, di tipo sia demografico che genetico. La dimensione del rischio è generalmente espressa in termini di tasso di inbreeding nella popolazione (ΔF), che è la misura delle variazioni attese nelle frequenze geniche della popolazione dovute a deriva genetica (Wright, 1969;

Woolliams, 2004). ΔF è generalmente dedotto dalla dimensione effettiva della popolazione (N_e).

All'aumento di N_e , diminuisce ΔF , o più precisamente:

$$N_e = 1/(2 \Delta F)$$

N_e è un valore che, in realtà, viene spesso approssimato sulla base della dimensione della popolazione maschile (M) e femminile (F) in età riproduttiva, con la seguente equazione (Falconer & MacKay, 1996):

$$N_e = 4MF/(M + F)$$

A bassi valori di N_e (<100), la velocità di perdita di diversità genetica aumenta rapidamente. Per esempio, quando N_e è pari a 250, 125, 50 e 25, in 10 generazioni viene persa rispettivamente una percentuale pari a 1,6, 4, 10 e 18% di diversità genetica.

L'uso di questa equazione in zootecnia non è scevra da inconvenienti, perché molto spesso solo alcuni individui sono utilizzati come riproduttori. In particolare, N_e è largamente influenzato da cambiamenti nella popolazione maschile, sempre molto meno numerosa di quella femminile.

Purtroppo i dati di N_e non sono sempre precisi, e spesso non sono addirittura noti; a livello mondiale per circa il 53% delle razze avicole e per il 48% delle razze di mammiferi registrate nel DAD-IS mancano, infatti, dati sulla consistenza delle popolazioni.

Il grado di minaccia dipende anche dal trend attuale e futuro (o previsto) della popolazione. Un rapido trend negativo indica, ovviamente, un alto livello di rischio.

Valutare il trend non è semplice, e un ulteriore fattore di incertezza è dato dalla difficoltà di prevedere le fluttuazioni nel tempo di una popolazione, a causa di fattori esterni, quali la variabilità nella domanda di determinati prodotti di origine animale, il diffondersi di malattie, la stabilità del sistema agro zootecnico di un Paese, la distribuzione spaziale degli animali e la loro densità (Gandini et al., 2004).

Il monitoraggio del trend delle popolazioni richiede un regolare aggiornamento dei dati demografici. Per consentire un monitoraggio efficace, i dati dovrebbero essere raccolti, soprattutto per le razze a rischio, almeno una volta ad ogni generazione. Ciò significa ogni 8 anni per cavalli e asini, ogni 5 per bovini, bufali, pecore e capre, ogni

3 per suini e ogni 2 per tutte le specie avicole. La frequenza dipende dalla tecnica riproduttiva utilizzata, e andrebbe anch'essa registrata come parte del processo di monitoraggio.

Altro importante fattore è la distribuzione geografica della razza; una popolazione molto concentrata è più vulnerabile, ad esempio, a epidemie anche localizzate che non una popolazione ad ampia distribuzione o dispersione territoriale. E' da tenere presente che i dati demografici ottenuti a livello nazionale devono essere inquadrati in un contesto generale: una razza poco diffusa in un determinato Paese non dovrebbe, infatti, avere una priorità di conservazione, se non è geneticamente distinta dal resto della popolazione mondiale.

Nel 1992 la FAO ha riunito un gruppo di esperti per sviluppare i criteri per definire lo stato di rischio delle razze domestiche. Questi si basano sui dati di N_e , aggiustati per i valori del trend della popolazione, di incrocio, di crioconservazione e di variabilità della dimensione delle singole popolazioni; è stato anche suggerito di includere il numero di greggi o mandrie esistenti. Tuttavia, a causa della limitatezza dei dati disponibili su scala globale, è stato adottato un criterio più semplice, basato solo sul numero di riproduttori maschi e femmine e sul trend della popolazione.

Secondo le "Secondary guidelines for development on National farm animal genetic resources management plans" della FAO (2003), le razze sono divise in 7 categorie di rischio: estinta, critica, critica conservata, minacciata, minacciata conservata, non a rischio, stato sconosciuto.

La definizione di "estinta" viene attribuita alle razze per la quale non è più possibile ricreare la popolazione; in quanto non esistono riproduttori maschi (seme) o femmine (oociti) né embrioni.

Lo stato di razza "critica" viene attribuita alle razze con popolazione totale di circa 100 animali e % di femmine allevate in purezza inferiori all'80%.

La definizione di razza "critica conservata" viene attribuita alle razze che si trovano in condizione "critica" ma per le quali vengono attuati dei programmi di conservazione mantenuti da compagnie commerciali o da enti di ricerca.

Lo stato di "minacciata" viene attribuita alle razze con un numero totale di femmine riproduttrici maggiore di 100 e minore di 1000 e con un numero di riproduttori maschi compreso tra 5 e 20.

Lo stato di razza "non a rischio" viene attribuito a quelle che hanno con numero totale di femmine e maschi riproduttori maggiore rispettivamente di 1000 e 20.

Lo “stato sconosciuto” viene attribuito alle razze per le quali si rendono necessarie indagini conoscitive approfondite poiché le consistenze non risultano ad oggi note.

Alla classificazione della FAO se ne aggiungono altre come quella sviluppata per la EAAP-AGBD (European Association of Animal Production – Animal Genetic Data Bank), e attualmente utilizzata dall’EFABIS (European Farm Animal Biodiversity Information System), che riguarda le razze di bufali, bovini, capre, pecore, cavalli, asini, suini e conigli di 46 Paesi europei. Questa classificazione si basa sul rischio genetico, inteso come tasso cumulativo atteso di inbreeding in 50 anni ($\Delta F-50$).

Un altro esempio di classificazione è quello proposto dalla ONG Rare Breeds International. Il sistema, molto semplificato, è basato sul numero di femmine registrate, allevate in purezza e utilizzate per la riproduzione; le razze sono classificate in 4 categorie: critica, minacciata, vulnerabile e a rischio (Alderson, 2010).

Se il rischio di estinzione può essere stimato e classificato, le cause di estinzione e di erosione genetica delle risorse genetiche autoctone (RGA), benché ampiamente riconosciute, sono più difficili da valutare. C’è unanime consenso, infatti, che le RGA siano tuttora minacciate, e che il livello di minaccia sarà sempre più elevato in futuro, nonostante le misure messe sinora in atto dai Governi (Gibson et al., 2006). Tuttavia, non esistono attualmente analisi approfondite dei fattori specifici di minaccia delle singole razze, e gli studi sulle cause di recenti estinzioni delle razze sono relativamente scarsi.

Secondo Rege & Gibson (2003), le principali cause di estinzione e di erosione genetica sono da attribuire all’uso di germoplasma non autoctono o esotico, ai cambiamenti nei sistemi di allevamento e produzione, ai mutamenti dei gusti dei consumatori per motivi socio-economici e a cause naturali (siccatà, epidemie, etc.). Tisdell (2003) e la FAO (2007) riportano, tra le cause di estinzione ed erosione genetica, la specializzazione produttiva, l’introggressione genetica, lo sviluppo e la diffusione di nuove tecnologie e biotecnologie, l’instabilità politica e i disastri naturali. Nel 2005 e nel 2009 la FAO ha tentato di analizzare, descrivere e valutare le cause di estinzione e di erosione genetica delle razze domestiche, attraverso due questionari distribuiti attraverso il network DAD-Net.

Le risposte del questionario del 2009 hanno evidenziato 12 categorie di minaccia:

- 1) fattori economici e di mercato
- 2) politiche di settore inadeguate

- 3) instabilità socio-politica
- 4) carenza di istituzioni funzionanti
- 5) strategie di conservazione inadeguate
- 6) malattie e controllo delle malattie
- 7) mancanza di forza lavoro
- 8) perdita di ambiente di allevamento
- 9) sostituzione delle attitudini produttive delle razze
- 10) cambiamenti climatici
- 11) disastri naturali
- 12) uso di tecnologie riproduttive

Queste 12 categorie sono riscontrabili, con pesi e importanze diverse, anche nella situazione italiana.

Dai risultati del questionario si possono riassumere alcune considerazioni generali:

- 1) La frequenza e l'intensità delle minacce di erosione delle RGA sono reali e ubiquitarie, a prescindere dall'area o dal sistema di allevamento adottato;
- 2) Le maggiori minacce sono causate da fattori economici e di mercato, quindi non direttamente controllabili all'interno del settore zootecnico. Altre minacce derivano da politiche di settore inadeguate e da strategie di conservazione inefficaci; queste sono modificabili con una gestione più oculata del comparto zootecnico a livello nazionale o locale;
- 3) Non c'è accordo sulle future dinamiche delle minacce oggi in atto; è necessario attivare ricerche per acquisire più informazioni;
- 4) Una razza è esposta generalmente a più minacce contemporaneamente; l'eliminazione di una non ne garantisce la sopravvivenza;
- 5) La maggior parte delle minacce deve essere gestita con sforzi comuni del settore pubblico e privato, finalizzati a definire le politiche di conservazione e interventi tecnici adeguati;
- 6) Le strategie di conservazione devono combinare tecniche *in situ* ed *ex situ*;
- 7) Molte minacce possono essere attribuite a politiche economiche e di mercato scadenti. A livello nazionale è necessario migliorare le politiche del settore zootecnico, anche regolamentando l'uso di quelle tecniche riproduttive o di produzione di incroci, che possono avere effetti negativi in tempi molto rapidi.

Nel lungo periodo, sarà anche necessario rivedere, a livello sovra-nazionale, le politiche di lotta alle malattie e ai cambiamenti climatici.

1.10 LA PERDITA DI BIODIVERSITÀ –SCENARIO INTERNAZIONALE.

La perdita di biodiversità nel settore zootecnico è principalmente riconducibile a cambiamenti nell'economia e nei mercati locali e globali con il conseguente progressivo abbandono delle tecniche di allevamento tradizionali e di conseguenza alla scomparsa delle razze autoctone.

Nei Paesi caratterizzati da zootecnia intensiva, in particolare Europa e Nord America, si stima che circa il 40% delle razze allevate siano a rischio estinzione mentre rispetto ai dati disponibili ad inizio del secolo precedente circa un 30% delle razze risulta ormai scomparso (Hammond & Leitch, 1996). La specializzazione oltre a provocare la perdita di alcune razze autoctone è responsabile della perdita di diversità all'interno delle razze più diffuse; ad esempio la razza Frisona rappresenta in Europa circa il 60% del patrimonio zootecnico complessivo e nel 2000 dei circa 5000 maschi riproduttori nati e testati in 18 Paesi oltre la metà è risultata essere figlia di soli 5 tori.

Nelle Tabelle 3, 4, 5 e 6 si riporta la classificazione FAO (FAO,2007) distinta per mammiferi ed uccelli con, in evidenza, le razze a rischio di estinzione per singola area territoriale.

	Africa	Asia	Europa e Caucaso	America Latina e Caraibi	Vicino e Medio Oriente	Nord America	Sud Ovest Pacifico	Mondo
Bufali	2	88	11	11	8	0	2	122
Bovini	154	239	277	129	43	29	26	897
Yak	0	26	1	0	0	0	0	27
Capre	86	182	170	26	34	3	11	512
Pecore	109	265	458	47	50	31	3	995
Suini	49	229	165	67	1	18	12	541
Asini	17	39	40	21	16	4	3	140
Cavalli	36	141	269	65	14	23	22	570
Dromedari	44	13	1	0	23	0	2	83
Conigli	11	16	125	14	5	0	0	171
TOTALE	508	1.246	1.519	380	194	108	113	4.068

Tabella 3: Mammiferi a rischio di estinzione per area geografica.

	Africa	Asia	Europa e Caucaso	America Latina e Caraibi	Vicino e Medio Oriente	Nord America	Sud Ovest Pacifico	Mondo
Sconosciuto	384	469	459	304	107	79	2	1.882
Critica	13	23	182	9	0	0	0	248
Crit. Min.	4	51	4	0	0	0	0	59
Minacciata	26	50	249	21	6	22	11	385
Min. mant.	4	3	142	9	0	1	1	160
Estinta	35	45	481	21	5	49	6	643
TOTALE	466	641	1.517	364	118	151	20	3.376

Tabella 4: Classificazione in base al rischio di estinzione per area geografica - Mammiferi.

	Africa	Asia	Europa e Caucaso	America Latina e Caraibi	Vicino e Medio Oriente	Nord America	Sud Ovest Pacifico	Mondo
Polli	89	243	608	84	24	12	17	1.077
Anatre	14	76	62	22	4	1	7	186
Tacchini	11	11	29	11	3	11	2	78
Oche	10	39	100	5	2	0	2	158
Muschiate	7	10	10	3	1	0	3	34
Pernici	2	8	3	0	0	0	0	13
Fagiani	0	7	5	6	0	0	0	18
Piccioni	7	12	30	7	8	1	2	67
Struzzi	6	2	4	0	0	0	1	13
TOTALE	146	408	851	138	42	25	34	1.644

Tabella 5: Uccelli a rischio di estinzione per area geografica.

	Africa	Asia	Europa e Caucaso	America Latina e Caraibi	Vicino e Medio Oriente	Nord America	Sud Ovest Pacifico	Mondo
Sconosciuto	113	214	305	120	33	1	23	809
Critica	7	8	204	1	0	15	0	235
Crit. Min.	0	6	12	2	0	0	0	20
Minacciata	10	23	220	5	0	7	4	269
Min. mant.	0	3	45	7	0	0	0	55
Estinta	2	5	39	0	0	1	0	47
TOTALE	132	259	825	135	33	24	27	1.435

Tabella 6: Classificazione in base al rischio di estinzione per area geografica - Uccelli.

1.11 LA PERDITA DI BIODIVERSITÀ –SCENARIO ITALIANO.

Nel nostro paese sono attualmente presenti un elevato numero di razze autoctone che tuttavia risultano a forte rischio di estinzione da ormai molti anni. In Italia sin dagli anni '50 ha avuto inizio il lento ma inesorabile abbandono delle razze ad indirizzo poliproduttivo (latte, carne, lavoro) a favore di quelle monoattitudinali riconducibili perciò a quelle cosmopolite.

La sopravvivenza delle razze locali è riconducibile principalmente alla loro diffusione in ambienti caratterizzati da condizioni pedoclimatiche sfavorevoli che impediscono la diffusione delle razze cosmopolite esaltando le capacità di adattamento di quelle autoctone. Altri fattori responsabili della loro sopravvivenza sono da ricondurre a fattori legati alla tradizione e alla coltura contadina anche se, negli ultimi anni, un ruolo di fondamentale importanza in tal senso è da ricercare nei cambiamenti e nella maggiore domanda da parte dei consumatori di prodotti tipici locali con conseguente valorizzazione delle razze locali. In generale si può quindi affermare che la conservazione della biodiversità è il frutto della riscoperta del legame tra ambiente di allevamento, razza locale e prodotto tipico ad essa riconducibile.

Il concetto della conservazione della biodiversità, acquisito ampiamente da allevatori e consumatori, ha trovato un notevole aiuto dall'applicazione, a livello nazionale e regionale, delle normative comunitarie a sostegno di tale materia. Gli incentivi forniti per la conservazione in purezza delle razze locali pur garantendo la salvaguardia e il rilancio di alcune razze, ha mostrato i limiti di una salvaguardia basata solamente sulla scarsa numerosità delle razze.

Analizzando le tabelle del rapporto FAO (FAO,2007) redatte per il nostro paese dal National Focal Point del Consdabi, si evidenziano per bovini, ovini e suini un elevato numero di razze estinte o in situazione critica. In particolare per i bovini (Tabella7&8) su un totale di 61 razze censite ben 19 sono classificate come estinte, altre 20 razze hanno invece un Libro Genealogico ed una Associazione Nazionale Allevatori e 16 un Registro Anagrafico gestito dall'Associazione Italiana Allevatori (A.I.A.) con funzioni di salvaguardia della biodiversità e di conservazione della variabilità genetica.

Questo registro è dotato di una sezione specifica nella quale rientrano le razze estere a numerosità limitata allevate nel nostro Paese e dotate di un Libro

genealogico nel Paese di origine. Ad oggi le razze ammesse a tale sezione sono: Blonde d'Aquitaine, Aberdeen Angus e Higland.

Abruzzese (estinta)	Grigia Alpina	Pisana
Agerolese	Grigia di Val d'Adige (estinta)	Podolica
Bardigiana (estinta)	Grigia di Val di Fiemme (estinta)	Pontremolese
Bianca Val Padana	Grossetana (estinta)	Pugliese del veneto (estinta)
Bruna Italiana	Jersey	Pustertaler Sprinzen
Bruna Italiana Vecchio Ceppo	Limousin	Reggiana
Burlina	Lucana (estinta)	Rendena
Cabannina	Marchigiana	Romagnola
Calabrese (estinta)	Maremmiana	Romana (estinta)
Calvana	Modenese	Sarda
Camandona (estinta)	Modicana	Sardo Bruna
Carniella (estinta)	Molltal (estinta)	Sardo Modicana
Charolais	Montana	Siciliana
Chianina	Oropa	Valdarno (estinta)
Chianino-maremmiana	Ossolnana (estinta)	Val di Chiana (estinta)
Cinisara	Pasturina	Valdostana Castana
Demonte (estinta)	Perugina (estinta)	Valdostana Pezzata Nera
Frisona	Pezzata Rossa Italiana	Valdostana Pezzata Rossa
Frisona Italiana	Piemontese	Valtarese (estinta)
Friuli (estinta)	Pinzgauer	Varzese Ottonese Tortonese
Garfagnina		

Tabella 7: Elenco delle razze-popolazioni bovine italiane presenti nel database DAD-IS - FAO

BOVINI				
Estinte	Critica	Critica Mantenuta	Minacciata	Minacciata Mantenuta
Abruzzese, Bardigiana, Calabrese, Camandona, Carniella, Di Demonte, Friulana, Grigia Val d'Adige, Grigia Val di Fiemme, Grossetana, Lucana, Ossolana, Perugina, Pugliese del Basso Veneto, Romana, Valdichiana, Valdarno, Valtarese	Chianino Maremmiana, Pasturina, Varzese - Ottonese - Tortonese	Burlina, Cabannina, Calvana, Montana, Pontremolese	Sardo Bruna, Siciliana	Agerolese, Garfagnina, Modenese, Pisana

Tabella 8: Elenco delle razze-popolazioni bovine italiane in funzione dello stato di rischio

Nel DAD-IS sono censite per l'Italia 54 razze caprine delle quali 8 hanno il Libro Genealogico ufficiale gestito dall'ASSONAPA (6 autoctone e 2 di origine straniera) e 32 rientrano nel registro anagrafico di competenza della stessa Associazione (Tabella 9&10).

Alpina	Di L'Aquila	Passeirer Gebirgziege
Argentata dell'Etna	Di Montecristo	Pomellata
Bianca Monticellana	Di Potenza	Potentina
Bionda dell'Adamello	Di Salerno	Roccoverano
Bormina	Di Teramo	Rossa Mediterranea
Camosciata delle Alpi	Frisa Valtellinese	Rustica di Calabria
Capestрина	Garganica	Saanen
Capra dell'Aspromonte	Girgentana	Sarda
Capra Pezzata Mochena	Grigia Molisana	Sarda di Tavolara
Cilentana Fulva	Istriana	Sarda Primitiva
Cilentana Grigia	Jonica	Screziata
Cilentana Nera	Lariana o Di Livio	Sempione
Ciociarra Grigia	Maltese	Val Di Livio (estinta)
Delle Tremiti	Messinese	Valdostana
Derivata di Siria	Napoletana	Valfortorina
Di Benevento	Nera di Napoli	Valgerola
Di Campobasso	Nicastrese	Vallesana
Di Cosenza	Orobica o Valgerola	Verzaschese

Tabella 9: Elenco delle razze-popolazioni caprine italiane presenti nel database DAD-IS - FAO

CAPRINI				
Estinte	Critica	Critica Mantenuta	Minacciata	Minacciata Mantenuta
Val di Livo	Di Benevento, Istriana, Nicastrese, Sarda di Tavolara, Sempione, Valdostana, Valfortorina, Vallesana	Di Montecristo	Cilentana grigia, Ciociara grigia, Di Campobasso, Di L'Aquila, Di Potenza, Di Salerno, Di Teramo, Frisa valtellinese, Garganica, Girgentana, Grigia molisana, Napoletana, Potentina	

Tabella 10: Elenco delle razze-popolazioni caprine italiane in funzione dello stato di rischio

Nell'ambito delle razze ovine italiane presenti nel Database della FAO, su 84 razze – popolazioni (Tabella 11&12): 18 sono dichiarate estinte, 17 hanno il Libro genealogico e 38 hanno il Registro anagrafico gestito dall'Associazione Nazionale Allevatori della Pastorizia (ASSONAPA). In questo ambito 4 razze per le quali l'ASSONAPA dichiara l'esistenza del registro anagrafico non sono ancora censite nel Database cosiccome nessuna razza estera risulta censita dalla FAO pur essendo sottoposta regolarmente ai controlli funzionali.

Alpagota	Cornella Bianca	Massese	Sambucana
Altamura	Cornetta (estinta)	Matesina	Sampeierina
Appenninica	Corniglio	Merinizzata Italiana	Sarda
Bagnolese	Delle Langhe	Moscia Leccese	Savoiarda
Barbaresca Campana	Fabrianese	Nera di Arbus	Schwarzbraune Bergsch.
Barbaresca Siciliana	Finarda	Nobile di Badia	Sciara (estinta)
Bellunese	Frabosana	Nostrana	Sopravissana
Bergamasca	Friulana (estinta)	Noticiana	Steinschaf
Biellese	Garessina	Noventana (estinta)	Tacola
Borgotarese (estinta)	Garfagnina Bianca	Paduan (estinta)	Tiroler Bergschaf
Brentegana	Gentile di Lucania (est.)	Pagliarola	Trimeticcia di Segezia
Brianzola	Gentile di Calabria (est.)	Pavullese (estinta)	Turchessa
Brigasca	Gentile di Puglia	Pecora di Corteno	Tyrol Mountain
Brogne	Istriana	Pinzirita	Urbascia (estinta)
Cadorina (estinta)	Lamon	Plezzana	Valle del Belice
Carapellese (estinta)	Laticauda	Pomarancina	Varesina
Carnica (estinta)	Leccese	Pusterese	Vicentina (Foza)
Ciavenasca	Livo (estinta)	Quadrella	Villonesser Schaf
Cinta (estinta)	Locale	Razza di Garessio	Vissana
Ciuta (estinta)	Maremmiana (estinta)	Rosset	Zerasca
Comisana	Marrane	Saltasassi	Zucca Modenese (est.)

Tabella 11: Elenco delle razze-popolazioni ovine italiane presenti nel database DAD-IS - FAO

OVINI				
Estinte	Critica	Critica Mantenuta	Minacciata	Minacciata Mantenuta
Borgotarese, Cadorina, Carapellese, Carnica, Cinta, Ciuta Cornetta, Friulana, Gentile di Calabria, Gentile di Lucania, Livo, Maremmana, Noventana, Padovana, Pavullese, Sciara, Urbascia, Zucca Modenese	Bellunese, Brentegana, Brianzola, Cornella Bianca, Marrane, Matesina, Plezzana, Rosset, Savoiarda, Turchessa, Varesina	Altamura, Garfagnina bianca	Brogne, Di Corniglio, Di Garessio, Istriana, Nobile di Badia, Pagliarola, Pomarancina, Saltasassi, Sampeireina, Trimeticchia di Segezia Villonesser Schaf	Bagnolese, Di Corteno, Lamona

Tabella 12: Elenco delle razze-popolazioni ovine italiane in funzione dello stato di rischio

Analizzando la situazione dei monogastrici si evidenzia che nel nostro Paese sono presenti 15 popolazioni asinine, circa un quarto di quelle europee e un dodicesimo di quelle mondiali. Piuttosto considerevole anche il numero di razze equine e suine presenti nel nostro paese. Tutte da inserire le razze-popolazioni cunicole, pur essendo il nostro uno dei paesi a maggior tradizione dal punto di vista dell'allevamento del coniglio.

Delle 15 popolazioni asinine (Tabella 13&14), 7 hanno un Registro Anagrafico gestito dall'A.I.A., 4 appartengono a popolazioni non ancora ufficializzate mentre 4 sono dichiarate estinte.

Asino Albino	Cariovilli (estinta)
Asino dell'Amiata	Grigio Viterbese (estinta)
Asino dell'Asinara	Martina Franca
Asino di Pantelleria, Pantesco	Ragusano
Asino Grigio Siciliano	Romagnola (estinta)
Asino Sardo	Romagnolo
Asino Sardo Grigio Crociato	Sant'Alberto (estinta)
Baio Lucano	

Tabella 13: Elenco delle razze-popolazioni asinine italiane presenti nel database DAD-IS - FAO

ASINI				
Estinte	Critica	Critica Mantenuta	Minacciata	Minacciata Mantenuta
Cariovilli, Grigio viterbese, Romagnola, Sant'Alberto	Albino, Baio Lucano, Dell'Asinara, Di Pantelleria, Grigio Siciliano, Romagnolo, Sardo Grigio Crociato		Dell'Amiata, Martina Franca, Ragusano, Sardo	

Tabella 14: Elenco delle razze-popolazioni asinine italiane in funzione dello stato di rischio

Le cavie non sono mai state censite nel nostro Paese poiché, a differenza di quel che accade in Sudamerica, vengono allevate esclusivamente come animali da affezione. Infine non è ancora stata censita nessuna razza di cani anche se parecchie di quelle presenti, hanno importanza dal punto di vista agricolo (cani da pastore, cani da caccia, bovani).

Nell'ambito delle 34 popolazioni equine (Tabella 15&16), 9 hanno il Libro Genealogico (7 autoctone e 2 straniere), 15 hanno il Registro Anagrafico gestito dall'AIA, 32 sono da considerarsi estinte e 7 non hanno ancora alcun riconoscimento.

Avelignese	Delta
Avelignese tradizionale	Italiano da Sella
Calabrese	Lipizzano
Cavallino di Monterufoli	Maremmano tradizionale
Cavallo Agricolo Italiano	Napoletano
Cavallo Anglo-Arabo-Sardo	Persano
Cavallo Bardigiano	Pony di Esperia
Cavallo del Gatria	Pugliese (estinta)
Cavallo della Giara	Puro Sangue Orientale
Cavallo del Ventasso	Quarter Horse
Cavallo Maremmano	Salernitano
Cavallo Murgese	Samolaco
Cavallo Norico	Sanfratellano
Cavallo Pentro	Sarcidano
Cavallo Sardo	Tolfetano
Cavallo Siciliano	Trottatore Italiano
Cremonese (estinta)	

Tabella 15: Elenco delle razze-popolazioni equine italiane presenti nel database DAD-IS - FAO

EQUINI				
Estinte	Critica	Critica Manten.	Minacciata	Minac. Mantenuta
Cremonese, Pugliese	Avelignese tradizionale, Cavallino di Monterufoli, Napoletano, Persano, Samolaco		Del Catria, Del Ventasso, Della Giara, Pony dell'Esperia, Salernitano, Sanfratellano, Tolfetano	

Tabella 16: Elenco delle razze-popolazioni equine italiane in funzione dello stato di rischio

Nell'ambito delle 45 popolazioni suine censite (Tabella 17&18), circa la metà sono da considerarsi estinte, 5 (di origine estera) sono dotate di Libro genealogico, 5 sono dotate di Registro Anagrafico gestito dall'Associazione Nazionale Allevatori Suini (A.N.A.S.), 11 sono popolazioni non ufficialmente riconosciute e 2 sono razze estere prive di Libro genealogico in Italia.

Abruzzese (estinta)	Fumati (estinta)	Nero Siciliano
Apulo Calabrese	Gargano (estinta)	Parmigiana Nera
Basilicata (estinta)	Garlasco (estinta)	Perugina (estinta)
Bastianella (estinta)	Hampshire	Pietrain
bergamasca nera	Lagonegrese (estinta)	Pugliese
Borghigiana (estinta)	Landrace Belga	Reggitana (estinta)
Casertana	Landrace Italiana	Riminese (estinta)
Catanzarese (estinta)	Large White	Rossa modenese (estinta)
Chianina (estinta)	Macchiaiola Maremmana	Samolaco (estinta)
Cinta Senese	Mora Romagnola	San lazzaro (estinta) ⁹
Cosentina (estinta)	Murgese (estinta)	Sarda
Duroc	Napoletana Fulva	Siciliano
Faentina (estinta)	Nero dei Lepini	Spotted
Forlivese (estinta)	Nero dei Monti Dauni merid.	Suino delle Nebrodi e Madonie
Friulana nera (estinta)	Nero Reatino	Valtellina (estinta)

Tabella 17: Elenco delle razze-popolazioni suine italiane presenti nel database DAD-IS - FAO

SUINI				
Estinte	Critica	Critica Manten.	Minacciata	Minac. Mantenuta
Abruzzese, Basilicata, Bastianella, Borghigiana, Catanzarese, Chianina, Cosentina, Faentina, Forlivese, Friulana nera, Fumati, Gargano, Garlasco, Lagonegrese, Murgese, Perugina, Reggitana, Riminese, Rossa modenese, Samolaco, San Lazzaro, Valtellina	Bergamasca Nera, Casertana, Dei Nebrodi e Madonie, Macchiaiola Maremmana, Mora Romagnola, Parmigiana nera, Pugliese		Cinta senese, Nero siciliano, Siciliano	Calabrese

Tabella 18: Elenco delle razze-popolazioni suine italiane in funzione dello stato di rischio

Nel Database della FAO non sono registrate popolazioni italiane di Camelidi, anche se nel nostro Paese sono presenti attualmente diversi allevamenti di Alpaca (Tabella 19).

SPECIE	ITALIA	EUROPA	MONDO	ITALIA/EUROPA (%)	ITALIA/MONDO (%)
Camelidi	0	4	16	0,00	0,00
Dromedari	0	1	98	0,00	0,00
Alpaca	0	0	10	0,00	0,00
Guanaco	0	0	3	0,00	0,00
Lama	0	0	8	0,00	0,00
Vigogna	0	0	4	0,00	0,00

Tabella 19: Elenco delle altre popolazioni presenti nel database DAD-IS - FAO

Passando ad analizzare la situazione relativa ai volatili, si nota come, tra tutte le specie avicole siano state censite soltanto 6 razze di polli (Tabella 20). Da tale situazione emerge quindi il notevole lavoro da svolgere in termini di catalogazione e caratterizzazione non solo per le razze di polli ma anche per quelle relative ad altre specie di volatili quali faraone, anatre, tacchini e oche.

SPECIE	ITALIA	EUROPA	MONDO	ITALIA/EUROPA (%)	ITALIA/MONDO (%)
Polli	6	1.103	2.315	0,50	0,30
Faraone	0	10	64	0,00	0,00
Tacchini	0	90	179	0,00	0,00
Anatre	0	161	363	0,00	0,00
Anatre mute	0	10	50	0,00	0,00
Oche	0	165	253	0,00	0,00

Tabella 20: Elenco delle popolazioni di volatili presenti nel database DAD-IS – FAO

Nel nostro Paese non sono state attualmente censite popolazioni nell'ambito delle specie dell'avifauna (Tabella 21) quali piccioni, starne, pernici, pavoni e fagiani che, in alcuni casi, vengono curiosamente considerati di interesse agricolo come ad esempio le rondini in Indonesia.

SPECIE	ITALIA	EUROPA	MONDO	ITALIA/EUROPA (%)	ITALIA/MONDO (%)
Piccioni	0	32	72	0,00	0,00
Quaglie	0	12	52	0,00	0,00
Fagiani	0	5	18	0,00	0,00
Pernici/Starne	0	3	13	0,00	0,00
Pavoni	0	0	1	0,00	0,00
(Rondini)	0	0	1	0,00	0,00

Tabella 21: Elenco delle altre popolazioni dell'avifauna presenti nel database DAD-IS – FAO

Per concludere con le specie aviarie si ricordano i ratiti, nell'ambito dei quali sarà opportuno in futuro censire almeno gli struzzi (Tabella 22).

SPECIE	ITALIA	EUROPA	MONDO	ITALIA/EUROPA (%)	ITALIA/MONDO (%)
Struzzi	0	5	22	0,00	0,00
Emu	0	1	5	0,00	0,00
Casuari	0	1	2	0,00	0,00
Nandu	0	1	3	0,00	0,00
Tinamou	0	0	1	0,00	0,00

Tabella 22: Elenco delle altre popolazioni dell'avifauna presenti nel database DAD-IS – FAO

In generale si può concludere evidenziando che c'è molto lavoro da fare sia per completare le schede delle razze esistenti sia per redigere le schede di altre razze non ancora sviluppate soprattutto nel settore degli avicoli, dell'avifauna e dei bufali. Va inoltre sottolineato che le stesse schede dovranno essere integrate con il nuovo

modulo PED (Production Environment Description) sviluppato dalla FAO. Il PED prevede la descrizione dettagliata dell'ambiente di allevamento dal punto di vista tecnico, economico e geografico mediante la georeferenziazione dell'area di allevamento.

All'attività connessa con DAD-IS dovrà proseguire in futuro l'indagine per il monitoraggio e la caratterizzazione delle razze-popolazioni dal punto di vista genetico, fenotipico, ambientale anche culturale (Gandini e Villa, 2003).

1.12 LA SITUAZIONE DELLE RISORSE GENETICHE ANIMALI IN ITALIA.

L'Italia è uno dei Paesi più ricchi di biodiversità in Europa e nel mondo. La presenza di ambienti molto variegati e di antiche tradizioni allevatoriali hanno favorito, nel corso dei secoli, la selezione di numerosissime razze.

Gli atlanti CNR del 1983 e del 1991 riportavano 28 razze bovine, 51 ovine, 22 caprine, 17 equine e 5 asinine mentre l'Atlante delle razze autoctone redatta dal MiPAAF nel 2007 elenca la presenza di 26 razze bovine, 42 ovine, 27 caprine, 17 equine, 6 asinine e 6 suine, ufficialmente riconosciute. A queste si devono aggiungere le razze avicole (polli, oche, anatre, tacchini, piccioni), che, nel complesso, ammontano a circa 50.

Per quanto riguarda i conigli, il Registro Anagrafico comprende 43 razze suddivise, in base al peso e alla struttura del pelo, in 4 categorie: pesanti, medie, leggere e a struttura di pelo speciale; con l'esclusione di una razza, tutte le altre sono di origine estera.

E' da sottolineare che esistono diverse fonti disponibili che riportano informazioni sulle razze sopra menzionate ma in molti casi discordanti per quel che riguarda il nome e il numero delle razze stesse. Tuttavia va chiarito che sin dal 1983 l'allora Ministero dell'Agricoltura e delle Foreste (M.A.F.) ha istituito presso l'Associazione Italiana Allevatori dapprima il "Registro Anagrafico delle popolazioni bovine autoctone - RAB" e successivamente nel 1990 il "Registro Anagrafico delle popolazioni equine". Nel 1997 il "Registro Anagrafico delle popolazioni ovi-caprine a limitata diffusione" e nel 2001 il "Registro Anagrafico delle popolazioni suine autoctone" sono stati affidati con Legge del 3.08.1990 n.280 rispettivamente all'ASSONAPA (Associazione Nazionale della Pastorizia) e all'ANAS (Associazione Nazionale Allevatori Specie Suinicola). I registri, oltre a rappresentare gli strumenti

per la salvaguardia delle popolazioni ammesse promuovendone la valorizzazione economica, rappresentano gli unici strumenti ufficiali per il monitoraggio delle consistenze zootecniche. In particolare il R.A.B. si occupa di un pool di 16 razze bovine autoctone ed effettua, grazie all'attività degli Uffici Periferici (Associazioni Provinciali Allevatori), il costante monitoraggio della situazione demografica anche mediante la messa a punto di schemi di riproduzione predisposti dall'Ufficio Centrale che mirano a conciliare le esigenze derivanti dalle loro limitate consistenze con la salvaguardia della variabilità genetica. Per tali popolazioni vengono attuati dei piani di accoppiamento con l'intento di contenere la consanguineità e di conseguenza il livello di parentela media della popolazione.

A titolo esemplificativo viene di seguito riportato l'elenco delle razze di Mammiferi allevate in Italia (35 bovine, 66 ovine, 52 caprine, 27 equine, 8 asinine e 6 suine) secondo l'Atlante delle razze autoctone (Bigi & Zanon, 2008). Per i conigli, (non inclusi nell'elenco), si segnalano una sola razza italiana iscritta al Registro Anagrafico dell'ANCI (Leprino di Viterbo) e 3 razze con Libro Genelogico (Bianca Italiana, Macchiata italiana e Argentata italiana) ma di origine straniera.

Il Governo Italiano, con D.D.L.L. dell' 8 novembre 1986 n.752 e del 10 luglio 1991 n.201, ha legiferato sulla salvaguardia economica e biogenetica delle razze a limitata diffusione, anticipando la Convenzione sulla diversità biologica definita a Rio de Janeiro in occasione della Conferenza delle Nazioni Unite su Ambiente e Sviluppo (UNCED, 1992).

In virtù della notevole ricchezza di germoplasma animale nazionale, l'allora Ministero dell'Agricoltura e delle Foreste (MAF), oggi Ministero delle Politiche Agricole, Alimentari e Forestali (MiPAAF), nell'ambito dei predetti provvedimenti legislativi, ha istituito, con il supporto dell'Associazione Italiana Allevatori (AIA) e del Comune di Circello (BN), nel 1990, il Centro Nazionale per la Salvaguardia del germoplasma degli animali in via di estinzione (CeSGAVE); questo centro, nel 1992, è stato inglobato nel Consorzio per la Sperimentazione, Divulgazione e Applicazione di Biotecnologie Innovative (ConSDABI) con sede in Circello (BN) presso l'azienda Casaldianni. Nel 1994 il Governo Italiano ha accreditato presso la FAO il ConSDABI come National Focal Point (N.F.P.) nell'ambito del Programma Globale per la Gestione delle Risorse Genetiche Animali (The Global Strategy for the Management of Farm Animal Genetic Resources).

Il National Focal Point rappresenta il livello base della struttura organizzativa del

Programma Globale FAO per la Gestione delle Risorse Genetiche Animali al fine di assistere e di organizzare i programmi per la gestione delle risorse genetiche (a livello locale, regionale e nazionale) e di coordinare i bisogni e le attività delle iniziative, incluse le politiche di sviluppo, la ricerca, la divulgazione ecc.

Le funzioni che il N.F.P. del Consdabi esplica sono riassumibili in:

- a) Identificazione e conoscenza dei Tipi genetici Autoctoni (TGA);
- b) Conservazione e monitoraggio dei TGA;
- c) Educazione della popolazione umana alla consapevolezza dell'importanza della biodiversità, ai fini di uno sviluppo ecosostenibile per le future generazioni;
- d) Utilizzazione dei tipi genetici autoctoni allevati al fine di poter attuare tutte quelle strategie future connesse con il raggiungimento dei traguardi socio-economici dinamici, ma propri di un sistema produttivo sostenibile.

Il successo nella conservazione della biodiversità può essere ottenuto solo se si conoscono dettagliatamente la sua distribuzione e il suo valore.

Nella valutazione di un tipo genetico autoctono è necessario prendere in considerazione:

- I. L'unicità genetica basata su marcatori e sulla presenza di geni specifici;
- II. Il sistema di produzione specifico di un prodotto "tradizionale tipizzato" che, fra l'altro, è legato al mantenimento di agro-ecosistemi di notevole valore turistico nonché alla testimonianza della diversità colturale.

L'attività di conservazione delle risorse genetiche animali può essere realizzata "in situ", attraverso il mantenimento di animali vivi nel loro ambiente di produzione originario, nel quale tali popolazioni continueranno ad evolversi e ad essere utilizzate per usi diversi o "extra situ" quindi in un luogo diverso da quello nel quale la popolazione animale domestica si è sviluppata comprendendo in tale definizione sia la conservazione "in frigido" , sia quella in "vivo" nell'ambito di centri di ricerca, parchi, zoo.

Attualmente esiste un numero elevato di elenchi e banche dati sulle razze, tutti finalizzati - nonostante le diverse origini e impostazioni - ad aumentare il livello di

conoscenza e di consapevolezza dei fruitori, sull'importanza delle razze locali e sulla necessità di una loro salvaguardia.

In generale, i database elettronici delle associazioni di razza, delle associazioni di allevatori, dei consorzi di razza, di Province o Regioni sono finalizzati alla descrizione e alla valorizzazione di una o più razze di un determinato territorio o alla didattica, hanno un interesse nazionale e rappresentano le uniche fonti ufficiali per il monitoraggio delle consistenze e per la salvaguardia delle singole razze.

Per molte Regioni e Province sono presenti gli elenchi e le descrizioni delle razze allevate nei loro territori, nonché delle attività di conservazione intraprese; a queste informazioni si accede attraverso i rispettivi siti ufficiali.

Il secondo gruppo di database è costituito da siti web nazionali, spesso realizzati dopo la Convenzione sulla Biodiversità di Rio de Janeiro del 1992, gestiti da enti governativi o da Ministeri. Questi siti contengono informazioni su tutte le razze allevate in un determinato Paese, e sono accessibili sia nella lingua nazionale che in altre lingue.

Il terzo gruppo comprende siti gestiti da Enti di ricerca o Organizzazioni internazionali; in essi sono comprese gran parte delle specie e delle razze allevate nel mondo. Di grandissimo interesse pratico e applicativo è il sito web della EAAP (European Association for Animal Production – www.eaap.org), che contiene numerosissime informazioni su ricerche e progetti, nonché dati relativi alle razze europee. Il sito dell'EAAP è stato per anni la base del sito web DAD-IS della FAO (<http://www.fao.org/dad-is/>); successivamente è stato ridisegnato e trasformato in FABISnet, un network mondiale con database integrato contenente informazioni destinate a una diffusione globale; tutte le Nazioni aderenti alla FAO hanno, infatti, sottoscritto l'impegno di far confluire i dati delle proprie razze nel sistema DAD-IS (che oggi è il nodo FAO della rete FABISnet), attraverso i "Coordinatori Nazionali per la Gestione delle Risorse Genetiche Animali" di ciascun Paese. Rispetto agli altri siti web, FABISnet contiene informazioni e dati misurati per più di 200 voci o campi, consente una ricerca per parole chiave, è accessibile in diverse lingue e può interagire con i database nazionali. Attualmente, un network di 13 sistemi informativi nazionali (Austria, Cipro, Georgia, Gran Bretagna, Estonia, Islanda, Irlanda, Italia, Olanda, Polonia, Slovacchia, Slovenia e Svizzera) è connesso con il nodo europeo di EFABIS (<http://efabis.tzv.fal.de>), a sua volta connesso con il DAD-IS della FAO. Il database FABISnet contiene dati su 17.000 razze e popolazioni appartenenti a 37

specie di 198 Paesi, comprensivo di descrizioni morfologiche, performance produttive e riproduttive e dati demografici. Molto interessante è il dato sul livello di rischio di una razza, che viene automaticamente calcolato sulla base del numero di riproduttori maschi e femmine censiti o, se il dato non è disponibile, sulla base della numerosità complessiva della popolazione. Anche se perfezionabile e non completo, FABISnet è senz'altro la più importante risorsa consultabile on line attualmente disponibile.

Il Database si compone di schede, una per ogni razza-popolazione censita nel Paese, organizzate nei seguenti 17 punti:

- a. Nome della razza;
- b. Immagini degli animali;
- c. Origini e evoluzione;
- d. Destinazioni produttive;
- e. Informazioni sulle qualità peculiari della razza;
- f. Il mantello;
- g. Informazioni morfologiche;
- h. Informazioni sulle corna;
- i. Dati riproduttivi;
- j. Consistenze e numero di allevamenti;
- k. Organizzazioni coinvolte;
- l. Programmi di conservazioni in vivo;
- m. Le pubblicazioni e i siti di interesse;
- n. Ulteriori informazioni di carattere riproduttivo;
- o. Dati produttivi;
- p. Contatti.

Il Database mondiale, in continua evoluzione, ha raggiunto nel 2010, il totale di 13.463 schede; per circa la metà riconducibili a ruminanti, per quasi un quarto a mammiferi monogastrici, per quasi un quarto a popolazioni avicole e per il resto a camelidi, all'avifauna e ai ratidi (Tabella 23).

L'Europa fino al 2010 ha implementato 5698 schede circa il 50% di quelle mondiali (FAO,2007); di queste circa il 5% sono state aggiornate dall'Italia il che testimonia il lavoro e l'impegno costante del National Focal Point italiano guidato dal Prof D.Matassino.

SPECIE	ITALIA	EUROPA	MONDO	ITALIA/EUROPA (%)	ITALIA/MONDO (%)
Ruminanti	199	2.465	6.857	8,0	2,9
Monogastrici	94	1.629	3.052	5,8	3,1
Camelidi	0	5	139	0,0	0,0
Avicoli	6	1.539	3.224	0,4	0,2
Avifauna	0	52	158	0,0	0,0
Ratiti	0	8	33	0,0	0,0
TOTALE	299	5.698	13.463	5,2	2,2

Tabella 23: Struttura del Database DAD-IS - FAO

Analizzando la classifica mondiale della biodiversità animale si nota una leadership della Cina che annovera 584 popolazioni delle quali, come era lecito aspettarsi, una buona parte sono riconducibili a polli e maiali. A livello europeo invece la Francia domina con 372 schede, di cui circa la metà da ricondurre a razze di polli e poi, a distanza, di pecore. Seguono poi l'Italia (299 schede), il Regno Unito (262 schede di razze principalmente avicole e ovine), la Russia (240 popolazioni, specie ovini e cavalli), la Spagna (203 schede, soprattutto bovine e ovine), la Germania (185 razze, principalmente cunicole ed equine), l'Ucraina (163 popolazioni, polli e bovini), i Paesi Bassi (151 schede, specie polli e pecore), la Polonia (117 popolazioni, soprattutto di polli e anatre) e infine la Romania (114 popolazioni, principalmente di polli e bovini). Da tale analisi si evidenzia una distribuzione delle specie da Paese a Paese con differenze eloquenti che stanno ad indicare diverse culture agricole, pastorali ed alimentari, ma anche criteri di lavoro e approcci diversi.

Nel nostro paese inoltre sono presenti numerose razze-popolazioni di ruminanti, anche estinte, ed in particolare di bovini, ovini e caprini. Non sono state ancora censite le popolazioni di bufalo, yak e cervi pur essendo presenti nel nostro territorio. (Tabella 24)

SPECIE	ITALIA	EUROPA	MONDO	ITALIA/EUROPA (%)	ITALIA/MONDO (%)
Bufalo	0	16	174	0,0	0,0
Bovini	61	957	3.040	6,4	2,0
Yak	0	2	27	0,0	0,0
Pecore	84	1.138	2.371	7,3	3,5
Capre	54	332	1.183	16,3	4,6
Cervi	0	20	62	0,0	0,0

Tabella 24: Struttura del Database DAD-IS - FAO per le principali specie allevate

1.13 LA CONSERVAZIONE E LA VALORIZZAZIONE DELLE RAZZE AUTOCTONE.

Il concetto di “conservazione” ha un significato molto ampio poiché consiste nella gestione sostenibile delle risorse disponibili da parte dell’uomo in maniera da fornire benefici a tutte le generazioni. “Conservazione” è quindi un concetto che include, oltre a quello di salvaguardia, quelli di mantenimento, uso sostenibile, recupero e valorizzazione delle risorse naturali (IUCN-UNEP-WWF- FAO-UNESCO, 1980).

Nel settore agricolo la conservazione delle razze autoctone è il risultato delle azioni svolte per la gestione della diversità animale disponibile per garantirne la salvaguardia e l’utilizzo nel tempo.

Per riuscire a perseguire tali azioni è necessario darsi degli obiettivi precisi riassumibili nei seguenti punti:

- a. Definizione condivisa del concetto di “razza”;
- b. Identificazione ed elenco delle razze esistenti così da conoscerne le caratteristiche morfologiche, genetiche, produttive nonché i legami storici, culturali esistenti con il territorio di origine;
- c. Monitoraggio continuo delle popolazioni per valutarne lo stato di rischio;
- d. Incentivare l’utilizzo delle razze autoctone come strumento di salvaguardia;
- e. Prelievo e conservazione di materiale genetico (seme, oociti ecc.) ;
- f. Avvio di programmi di educazione e formazione sulla genetica delle popolazioni e sulle tecniche di campo;
- g. Avvio di politiche nazionali e internazionali per il sostegno alle razze autoctone;
- h. Rendere i programmi di conservazione efficaci mediante il coinvolgimento del maggior numero degli attori della filiera produttiva.

1.13.1 IL QUADRO NORMATIVO INTERNAZIONALE.

A livello internazionale gli strumenti normativi per tutela della biodiversità hanno avuto origine dallo strumento della Convenzione Internazionale successivamente recepita da legislazioni nazionali. Tali convenzioni (attualmente 28 convenzioni principali vigenti, più i protocolli attuativi), inquadrabili per ambiti geografici (contesti

regionali, europei, internazionali) e per fasi storiche (prima generazione fino agli anni '60, seconda generazione anni '70 e '80, terza generazione conseguenti alla Conferenza di Rio, 1992), rappresentano gli elementi basilari per le politiche comuni, in tema di conservazione della natura e della biodiversità e costituiscono i presupposti delle politiche comunitarie e nazionali. Tra le numerose convenzioni riguardanti la tutela della biodiversità, si ricordano le seguenti:

- ❖ Convenzione relativa alla conservazione della fauna e della flora allo stato naturale, Londra 8 novembre 1993;
- ❖ Convenzione internazionale per la protezione degli uccelli, Parigi 18 ottobre 1950;
- ❖ Convenzione relativa alle zone umide di importanza internazionale, Ramsar 2 febbraio 1971;
- ❖ Convenzione sulla protezione del patrimonio culturale e naturale mondiale, Parigi, 16 novembre 1972;
- ❖ Convenzione sul commercio internazionale delle specie di flora e di fauna selvatiche minacciate di estinzione, Washington 3 marzo 1973;
- ❖ Convenzione per la protezione del Mediterraneo, Barcellona 16 febbraio 1976;
- ❖ Convenzione sulla conservazione delle specie migratrici appartenenti alla fauna selvatica, Bonn 23 giugno 1979;
- ❖ Convenzione relativa alla conservazione della vita selvatica e dell'ambiente naturale in Europa, Berna 19 settembre 1979;
- ❖ Convenzione per la protezione delle Alpi, Salisburgo 7 novembre 1991;
- ❖ Convenzione sulla diversità biologica, Rio de Janeiro 5 giugno 1992;
- ❖ Convenzione europea sul paesaggio, Firenze 20 ottobre 2000.

La Convenzione sulla diversità biologica, approvata dall'ONU nella Conferenza di Rio del 1992 nell'ambito della riunione sull'Ambiente e lo Sviluppo, costituisce il fondamento di gran parte delle politiche di conservazione dell'Unione Europea e dell'Italia. La Comunità Europea con decisione 93/626/CEE ha approvato ufficialmente la Convenzione, con la specifica che essa è "finalizzata ad anticipare, prevenire e combattere alla fonte le cause di significativa riduzione o perdita della diversità biologica, in considerazione del suo valore intrinseco e dei suoi valori

ecologici, genetici, sociali, economici, scientifici, educativi, culturali, ricreativi ed estetici". La Convenzione è stata ratificata dall'Italia con legge 14.02.1994, n. 124.

Nel 2002, nel corso del Summit di Johannesburg sullo Sviluppo sostenibile, la comunità internazionale ha ribadito la necessità di intensificare e coordinare gli sforzi, per arrestare, o perlomeno ridurre in misura significativa, la perdita di biodiversità, al più tardi entro il 2010. Tale iniziativa, che è stata divulgata con il nome di "Countdown 2010", fa riferimento all'impegno siglato nel lontano 1987 con il "Rapporto Brundtland", che rappresenta l'eredità che le generazioni presenti intendono lasciare a quelle future.

Per la protezione delle risorse genetiche ad uso agricolo, la FAO agli inizi degli anni '80 istituisce il "Sistema Globale di Protezione delle Risorse Genetiche Vegetali". Si tratta di un sistema basato sostanzialmente sulla protezione dei diritti degli agricoltori, in particolare dei Paesi in via di sviluppo, attraverso strumenti legali, fondi internazionali e istituti di ricerca.

Durante tutti gli anni '80, emerge sempre più chiara la consapevolezza che anche la biodiversità agricola è un patrimonio universale, e che la sua distribuzione non rispetta confini politici. Emerge il concetto di "sviluppo sostenibile", e gli Stati sono ormai d'accordo che la definizione di un equilibrio tra l'utilizzo delle risorse naturali e la tutela di tutte le forme di vita e degli ambienti che le ospitano è raggiungibile solo attraverso strategie e azioni concordate a livello internazionale.

Nella già ricordata Convenzione sulla Diversità Biologica di Rio de Janeiro, viene finalmente riconosciuta l'importanza della biodiversità in agricoltura e della sua conservazione a garanzia della sopravvivenza dell'uomo sul pianeta.

In Europa, l'importanza della conservazione della biodiversità viene trasferito al mondo agricolo e allevatorio in gran parte attraverso Regolamenti Comunitari.

Il primo regolamento (CE 2078/92) viene adottato come misura di accompagnamento alla riforma della PAC e riproposto in Agenda 2000 tra le misure per lo sviluppo rurale. Il Reg. 2078/92 è relativo ai metodi di produzione compatibili con le esigenze di protezione dell'ambiente e la cura dello spazio rurale, e prevede incentivi finanziari per la conservazione di razze e varietà minacciate di estinzione.

Nel 1999 vengono emanati i Regolamenti CE 1251/99 e CE 1254/99, che prevedono sostegni alla realizzazione di forme di agricoltura ecocompatibile (sovrapponibili ad altre misure agro-ambientali), il mantenimento di pratiche tradizionali di allevamento, incentivi per la riduzione della densità dei capi bovini e altre indicazioni che, nel

complesso, si rivelano efficaci sulle specie selvatiche e, in molti casi, anche sulle razze autoctone.

Sempre del 1999 è il Regolamento CE 1257/99 relativo ai PSR (Piani di Sviluppo Rurale), che individua – tra le varie misure – la “cross-compliance”, ovvero l’aiuto finanziario subordinato a requisiti minimi di gestione dell’ambiente. Come negli altri, anche in questo Regolamento viene incentivata la conservazione e la valorizzazione delle razze autoctone a rischio di estinzione, anche attraverso l’impiego di sistemi di allevamento estensivi, di sistemi di trasformazione e vendita di prodotti locali di origine animale e di prodotti biologici, etc.

A partire dal 2000, l’Unione Europea adotta nuove e più incisive misure per la conservazione dell’ambiente. Nel gennaio 2001 la Commissione Europea adotta il VI Programma Quadro per l’Ambiente (“Ambiente 2010 – Il nostro futuro, la nostra scelta”), che contiene un programma d’azione per affrontare e risolvere nuovi e urgenti problemi, quali i cambiamenti climatici e l’accumulo di sostanze tossiche persistenti nell’ambiente, o problemi ancora irrisolti, come la perdita di biodiversità e il ripristino di ecosistemi. Pochi mesi dopo (marzo 2001) viene presentato il “Piano d’azione a favore della biodiversità in agricoltura”, con l’obiettivo di rallentare o fermare la diminuzione della variabilità genetica in razze animali e varietà vegetali.

Nel 2004, il Regolamento CE 870/04 riconosce che la diversità biologica e genetica in agricoltura è un fattore insostituibile per lo sviluppo sostenibile della produzione agricola e per le comunità rurali, e istituisce un programma comunitario per la conservazione, la caratterizzazione, la raccolta e l’utilizzazione delle risorse genetiche in agricoltura, abrogando il precedente Regolamento CE 1467/94.

I successivi Regolamenti CE 1698/05 e CE 1974/06, relativi ai PSR, individuano azioni specifiche di conservazione *in situ* ed *ex situ* delle razze autoctone a rischio di estinzione.

1.13.2 IL QUADRO NORMATIVO NAZIONALE

A livello nazionale, la principale istituzione di riferimento in tema di biodiversità è il Ministero dell’Ambiente e della Tutela del Territorio e del Mare. Ad esso vengono attribuite funzioni specifiche in materia di: coordinamento delle attività relative all’attuazione della convenzione sulla biodiversità; redazione e gestione del piano nazionale della biodiversità; attuazione degli accordi internazionali; formulazione di linee guida per la gestione sostenibile delle risorse naturali; coordinamento delle

attività relative alla attivazione e gestione del piano nazionale della biodiversità.

Nel 1994, il Ministero dell’Ambiente ha pubblicato le linee strategiche per l’attuazione della convenzione di Rio de Janeiro e per la redazione di un Piano Nazionale sulla biodiversità, ponendo, tra gli altri, l’obiettivo di realizzare una rete intergrata di centri per la conservazione *ex situ* del germoplasma, utilizzando come punti nodali le strutture esistenti e gli istituti specializzati (G.U. del 10/05/1994 n. 107).

Per il settore agricolo, il punto di riferimento nazionale è il Ministero delle Politiche Agricole, Alimentari e Forestali, al quale il Decreto Legislativo n. 143 del 04/06/1997 affida “... *compiti di disciplina generale e di coordinamento nazionale ...*”, fra l’altro anche per la “... *salvaguardia e tutela delle biodiversità vegetali e animali, dei rispettivi patrimoni genetici ...*”. Il D.P.R del 23 marzo 2005 n. 79, inoltre, attribuisce al Dipartimento delle Politiche di Sviluppo la materia relativa alla salvaguardia e tutela dei patrimoni genetici delle specie animali e vegetali.

Il problema della difesa delle razze e delle popolazioni autoctone locali è stato affrontato da numerose Regioni, attraverso la promulgazione di specifiche leggi.

Il 1997 vede la promulgazione, da parte della Toscana, della prima legge regionale di conservazione, tutela e valorizzazione delle varietà e razze locali con la L.R. 16 luglio 1997 n. 50 (“Tutela delle risorse genetiche autoctone”), sostituita dalla L.R. 16 novembre 2004 n. 64 (“Tutela e valorizzazione del patrimonio di razze e varietà locali di interesse agrario, zootecnico e forestale”).

Seguono, nell’ordine:

- Lazio (L.R. 1 marzo 2000 n. 15: “Tutela delle risorse genetiche autoctone di interesse agrario”);
- Umbria (L.R. 4 settembre 2001 n. 25: “Tutela delle risorse genetiche di interesse agrario”);
- Friuli Venezia Giulia (L.R. 22 aprile 2002 n. 11: “Tutela delle risorse genetiche autoctone di interesse agrario e forestale”);
- Marche (L.R. 3 giugno 2003 n. 12: “Tutela delle risorse genetiche animali e vegetali del territorio marchigiano”);
- Emilia Romagna (L.R. 29 gennaio 2008 n. 1: “Tutela del patrimonio di razze e varietà locali di interesse agrario del territorio emiliano-romagnolo”);
- Basilicata (L.R. n. 14 ottobre 2008, n. 26: “Tutela delle risorse genetiche autoctone animali e vegetali di interesse agrario”);
- Campania: proposta di legge “Tutela delle risorse genetiche di interesse

agrario”;

- Sardegna: proposta di legge “Tutela, conservazione e valorizzazione dell'agrobiodiversità e della biodiversità vegetale della Sardegna”;
- Sicilia: è stata presentata una bozza di legge sulla tutela dell'agrobiodiversità;
- Calabria: è stata presentata una bozza di legge sulla tutela della biodiversità in agricoltura.

In Europa, queste iniziative regionali sono, ad oggi, l'unico esempio istituzionale/legislativo - in ambito di tutela delle risorse genetiche di interesse agrario - che cerchi di coniugare lo sviluppo del territorio alla conservazione della biodiversità agricola. Sono, quindi, anticipatrici dello sviluppo rurale in Europa.

Le leggi regionali sono nate per rispondere a due fondamentali esigenze: conoscere, classificare e tutelare il patrimonio vegetale e animale locale; e permettere lo scambio del materiale conservato tra agricoltori e allevatori, in modo da favorirne l'uso e la diffusione e limitarne l'erosione, creando un apposito quadro legale. Hanno permesso di valorizzare parte delle attività di studio, ricerca, salvaguardia della biodiversità locale, frutto del lavoro di agricoltori e allevatori, tecnici, politici, ricercatori e cittadini che, fino ad allora, avevano agito senza un quadro normativo di riferimento.

Alcuni elementi comuni delle leggi regionali sono i “repertori” o “registri”, e le “banche regionali” delle varietà e delle razze locali e autoctone.

All'interno di questi elementi comuni sono nate nuove figure istituzionali, quali le “commissioni tecnico-scientifiche”, gli “agricoltori/conservatori custodi” e la “rete di conservazione e sicurezza”, con l'obiettivo di realizzare un modello di conservazione a livello locale che faccia dialogare il sistema *ex situ* con quello in azienda (*on farm e in situ*).

2. ANALISI STRUTTURALE SUI DATI DEI CONTROLLI FUNZIONALI LATTE E STUDIO DEI TREND FENOTIPICI PER RAZZA.

2.1 I CONTROLLI FUNZIONALI IN ITALIA

L'attività dei controlli funzionali si sviluppa sulla base di un programma quinquennale predisposto dall'Associazione Italiana Allevatori (A.I.A.) e in linea con quanto previsto in materia dal "Programma dei controlli funzionali svolti dalle Associazioni Provinciali degli Allevatori per ogni specie" del Ministero delle Politiche Agricole Alimentari e Forestali (Mipaaf).

I dati di controllo funzionale rilevati nelle singole aziende socie sono oggetto di verifica e certificazione da parte dell'Ufficio Centrale dei Controlli sulla Produttività Animale dell'Associazione Italiana Allevatori (U.C.C.P.A.). I controlli della produttività sono svolti conformemente all'apposito regolamento nonché in base a successive normative introdotte dal Comitato Tecnico Centrale (C.T.C.) del latte ed in linea con i principi stabiliti dall'ICAR (International Committee for Animal Recording).

Dall'analisi dei dati della Tabella 25, le 19.865 aziende controllate dall'AIA, pari al 51,67% del totale delle aziende che hanno conferito latte nel periodo 2010/2011, hanno prodotto il 78,2% del latte commercializzato. Tale risultato avvalorata da un lato l'importanza dell'attività di selezione basata sui controlli funzionali e dall'altro l'attività svolta negli anni dal Sistema Allevatori che fornisce, grazie al costante monitoraggio della produttività dei capi e della qualità del prodotto, uno strumento a sostegno del reddito per gli allevatori.

ANNO	AZIENDE	PRODUZIONE (,000 t)	AZIENDE	CAPI	PRODUZIONE (,000 t)	LATTE CONTROLLATO AIA
2000/01	67.615	10.679	24.976	1.290.423	7.963,7	74,6%
2001/02	63.858	10.989	24.429	1.340.508	8.223,9	74,8%
2002/03	60.465	11.241	23.946	1.358.778	8.364,7	74,4%
2003/04	57.187	11.015	23.292	1.345.517	8.179,7	74,3%
2004/05	52.674	10.926	22.526	1.341.863	8.518,3	78,0%
2005/06	49.168	11.154	22.011	1.340.569	8.584,7	77,0%
2006/07	46.297	11.139	21.483	1.336.689	8.693,7	78,0%
2007/08	43.861	11.105	20.970	1.337.872	8.646,9	77,9%
2008/09	42.038	10.897	20.606	1.344.733	8.647,9	79,4%
2009/10	40.199	10.876	20.208	1.363.556	8.779,5	80,7%
2010/11	38.442	11.002	19.865	1.387.679	8.603,0	78,2%
		Campagna AGEA: 1° apr-31 mar		Campagna AIA: 1° ott-30 set		

* sono conteggiati solo gli allevamenti che nella campagna di riferimento hanno consegnato latte

Tabella 25. Produzione di latte vaccino controllato dall'AIA rispetto alla produzione Nazionale (FONTE: Osservatorio del Latte su dati Aima-Agea; AIA Bollettino annuale dei controlli, 2011)

L'attività di controllo, spinta da esigenze di efficienza e riduzione dei costi, ha subito in anni recenti un'evoluzione verso metodi semplificati. Tali metodi sono studiati in modo da ottimizzare l'efficienza nella raccolta del dato, mantenendo nel contempo inalterato il livello di attendibilità del dato stesso. Il metodo AT, ad esempio, prevede che il controllore sia presente in stalla durante una sola sessione di mungitura anziché supervisionare tutte le mungiture giornaliere; la restante produzione giornaliera viene stimata con algoritmi di previsione appositamente determinati. La tabella 2 evidenzia come la transizione dal controllo di tutte le sessioni di mungitura (A4 e A6) verso il metodo semplificato AT abbia visto un incremento di incidenza delle aziende dal 38% al 97% nel periodo 2006 – 2011 (Tabella 26).

ANNO	2006/07	2007/08	2008/09	2009/10	2010/11
A4	55%	36%	4%	3%	2%
A6	7%	23%	1%	0%	0%
AT	38%	41%	95%	97%	98%
AZIENDE	21.483	20.970	20.606	20.208	19.865
CAPI	1.336.689	1.337.872	1.344.733	1.363.556	1.387.679

Tabella 26. Produzione di latte vaccino controllato dall'AIA rispetto alla produzione Nazionale

Va inoltre ricordato che le innovazioni tecnologiche attualmente disponibili hanno permesso in anni recenti di misurare in stalla molti più parametri rispetto a quelli convenzionalmente rilevati, raggiungendo livelli di automazione molto elevati nelle

operazioni di identificazione dei capi in mungitura, nel rilievo delle produzioni individuali e nell'identificazione del campione di latte prelevato ai fine delle analisi qualitative del latte. In futuro, inoltre, grazie ai latte-misuratori automatici, potrebbero ulteriormente snellirsi le presenze del controllore in stalla (limitate solo alla fase di installazione/disinstallazione degli apparecchi di misurazione), affidando direttamente all'allevatore, opportunamente formato ed istruito, il compito del controllo funzionale. Anche se in alcuni casi in maniera minima, il dato generale riguardante i controlli funzionali ha visto un costante aumento dei capi nell'ultimo quinquennio (Tabella 27). Il dettaglio sulla situazione dei bovini da latte e in particolare il dato relativo al numero di aziende iscritte, se letto in relazione al numero dei capi controllati, è sicuramente interessante. Da un lato si assiste infatti alla riduzione del numero di aziende, chiaro indicatore delle difficoltà oggettive in cui si trova il comparto zootecnico nazionale, dall'altro si osserva un aumento dei capi controllati, fatto questo che rileva la tendenza delle aziende che continuano l'attività ad ingrandirsi accrescendo il numero di capi (Tabella 28; Grafico 1). Di tutto rispetto appare sia la produzione media per capo che la qualità del prodotto latte, misurabile in termini di contenuto in grasso e proteine.

	2007	2008	2009	2010	2011
Bovini latte	1.336.689	1.337.872	1.344.733	1.363.556	1.387.679
Bovini carne	270.430	268.950	291.722	327.698	311.110
Ovini latte	500.086	512.214	493.210	521.473	495.680
Caprini	72.333	75.511	72.740	76.166	75.182
Bufalini	44.430	46.799	48.535	50.240	54.548
TOTALI	2.223.968	2.241.346	2.250.940	2.322.545	2.326.210

Tabella 27. Produzione di latte vaccino controllato dall'AIA rispetto alla produzione Nazionale

	2007	2008	2009	2010	2011
Capi controllati (n°)	1.336.689	1.337.872	1.344.733	1.363.556	1.387.679
Allevamenti (n°)	21.483	20.970	20.606	20.208	19.865
Latte (media capo/Kg)	8.620	8.712	8.554	8.564	8.603
Proteine (%)	3,30	3,32	3,33	3,33	3,32
Grasso (%)	3,68	3,67	3,66	3,68	3,68

Tabella 28. Produzione di latte vaccino controllato dall'AIA rispetto alla produzione Nazionale

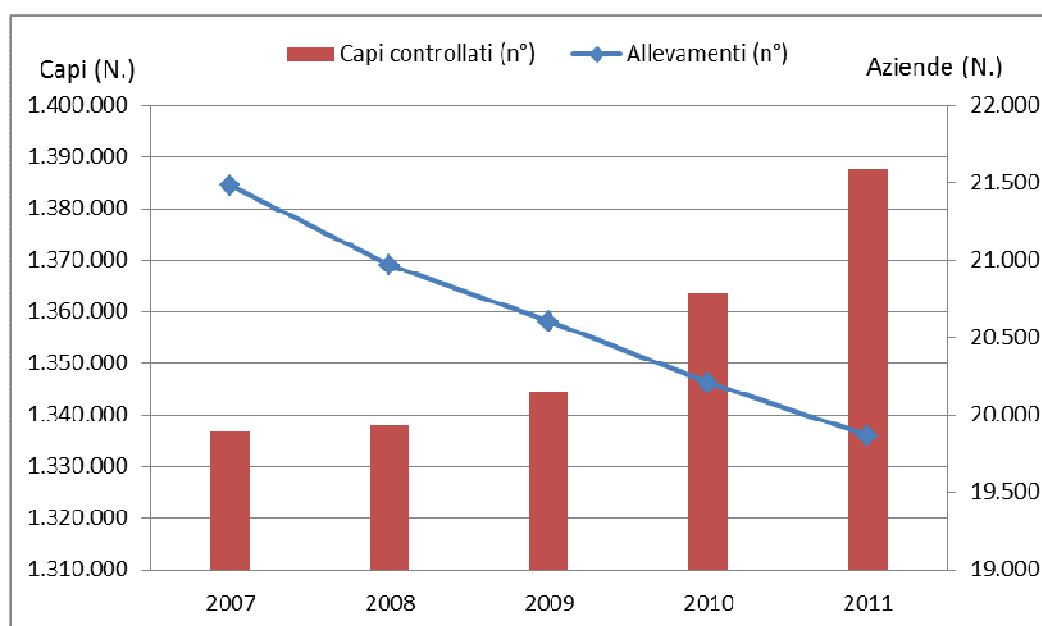


Grafico 1. Andamento delle consistenze e degli allevamenti controllati negli anni (Bovini da latte)

2.2 OBIETTIVI DEL LAVORO

Il presente contributo sperimentale ha inteso analizzare in modo approfondito una serie temporale di controlli funzionali latte così da ottenere indicazioni sia di carattere geografico sia strutturale sui caratteri analizzati nonché le serie temporali, analizzando inoltre i trend fenotipici riscontrati per le singole razze. In definitiva nel presente contributo sperimentale **i)** è stata analizzata la distribuzione geografica dei controlli funzionali per il latte bovino in Italia, **ii)** è stato identificato mediante analisi di cluster il grado di vicinanza tra le più importanti razze sottoposte a controllo funzionale, **iii)** è stata identificata la struttura di (co)varianza che meglio permette di interpretare serie temporali di dati di controllo funzionale del latte e **iv)** sono stati analizzati i trend fenotipici entro razza conseguiti nel periodo 2004-2011 delle razze sottoposte a controllo funzionale numericamente più importanti.

2.3 MATERIALI E METODI

I dati utilizzati per l'elaborazione di questo contributo sono stati forniti dall'Associazione Italiana Allevatori (A.I.A.) che tramite i propri Uffici Periferici (U.P) effettua i controlli funzionali presso le aziende iscritte al Sistema Allevatori.

Nell'operazione di controllo vengono raccolti i dati produttivi delle vacche in mungitura e gli eventi vitali e riproduttivi aziendali; ciò serve a valutare i trend fenotipici e genotipici degli animali che sono utilizzati soprattutto come parametro di riferimento per migliorare la gestione aziendale. Un'ulteriore analisi dei dati permette un'accurata stima dei mancati redditi aziendali, che si ottiene confrontando i trend economici ottimali delle razze allevate con i trend aziendali.

Il dataset di partenza impiegato in questo contributo sperimentale rappresenta la sintesi dell'attività di raccolta dei dati produttivi e riproduttivi effettuata mensilmente su tutto il territorio nazionale tra il 2004 ed il 2011, ed è comprensivo di 151.652 record produttivi di 28 razze bovine appartenenti a 21.709 allevamenti che hanno effettuato i controlli funzionali nel periodo indicato. Ai fini delle analisi si è scelto di considerare tre caratteri produttivi (produzione di latte espressa in kg, quantità percentuale di grasso e quantità percentuale di proteina) e tre caratteri riproduttivi (età media al primo parto, intervallo parto-concepimento e numero di interventi di inseminazione).

Allo scopo di ottenere un quadro generale e recente della distribuzione degli allevamenti, dei capi controllati e della quantità di latte controllata nel territorio nazionale, sono stati estratti dalla base dati di partenza i controlli relativi alle produzioni del 2011, consistenti in 18.822 record appartenenti a 15.369 allevamenti. Questi dati sono stati utilizzati per geo-referenziare il territorio nazionale e ottenere la distribuzione per regione delle aziende in controllo, della produzione e dei capi sotto controllo funzionale, così da avere una fotografia esatta delle zone di maggiore concentrazione dell'attività.

Il lavoro iniziale sull'insieme dei dati ha invece riguardato il controllo dei dati produttivi per verificare la presenza di eventuali errori o incongruenze. L'editing dei dati ha portato all'eliminazione di tutti quei controlli che non rispondevano ai seguenti requisiti:

- Record con dati anomali o dati mancanti;
- Razze con pochi dati produttivi complessivi;
- Allevamento-razza con un solo controllo nel periodo analizzato.

Il dataset ottenuto alla fine di questa prima fase di editing era dunque costituito da:

- 135.834 record;
- 18.642 allevamenti;

- 9 razze: Bruna Italiana (B), Frisona Italiana (FI), Grigio Alpina (GA), Jersey (J), Meticcina (ME), Pezzata Rossa d'Oropa (OP), Pezzata Rossa Italiana (PR), Rendena (RD), Valdostana Pezzata Rossa (VPR);
- 8 anni di rilievi aziendali (epoca 2004-2011).

Tale dataset è stato poi sottoposto ad una analisi di cluster (Cluster procedure, SAS 2009) volta a raggruppare tra loro le razze in funzione della similarità fenotipica riscontrata per ognuno dei caratteri oggetto di indagine. L'analisi è stata condotta considerando per ogni carattere le medie fenotipiche e le relative deviazioni standard entro razza, cosiccome la frequenza con cui i dati di ogni razza risultavano presenti all'interno del dataset. A seguito di un confronto preliminare tra le tipologie di albero ottenute applicando metodi aggregativi differenti (11 metodi diversi), si è scelto di utilizzare per tutti i caratteri il metodo di Lance e William (Flexible method; SAS 2009), capace di riassumere alcuni degli altri metodi (metodi del centroide, del legame singolo, del legame completo, di McQuitty e di Ward; SAS, 2009) in un'unica formula parametrica di distanza tra l'entità oggetto di analisi (la razza o il gruppo di razze) e il gruppo ricondotto al medesimo nodo.

Le successive analisi statistiche sono state invece condotte su un gruppo di dataset di dimensioni ridotte, data l'impossibilità di conseguire dei risultati di analisi della varianza secondo un modello misto per l'intero dataset (eccessivo numero di livelli del fattore azienda). Conseguentemente, sono stati creati 10 campioni casuali di dimensioni ridotte ma rappresentativi della struttura dei dati originaria relativa a 135.834 record (campionamento di aziende entro razza in base all'incidenza sul totale delle aziende di ciascuna razza) e su di essi è stata condotta un'analisi preliminare di identificazione della migliore struttura di (co)varianza tra dati ripetuti nel tempo (effetto anno). Le strutture di (co)varianza scelte per l'analisi (Mixed procedure, repeated statement; SAS 2009), sono state le seguenti: variance components (VC), compound symmetry (CS), Huynh-Feldt (HF), autoregressive (AR) ed heterogeneous auto regressive (ARH), toeplitz (TOEP) ed heterogeneous toeplitz (TOEPH). L'analisi preliminare ha consentito di scegliere, sulla base del minor valore assoluto tra i 10 campioni di dati del parametro AIC (Akaike Information Criterion, Akaike, 1974) le strutture di varianza e covarianza che meglio si adattavano ad interpretare il legame tra le serie temporali delle singole variabili.

Infine, per le successive analisi dei trend fenotipici entro razza è stato scelto, tra i dieci, il campione che meglio riassumeva la struttura dei dati, ovvero il campione per

il quale la struttura di (co)varianza migliore per le singole variabili era anche quella più frequentemente riscontrata nell'insieme dei dieci campioni.

I dati inerenti lo studio delle relazioni tra serie temporali (10 campioni di dati) e i trend fenotipici (un solo campione finale) sono stati elaborati utilizzando il seguente modello gerarchico misto per dati ripetuti impiegando la procedura MIXED del SAS (SAS, 2009):

$$y_{ijkl} = \mu + \text{Razza}_i + \text{Allevamento}(\text{Razza})_{j:i} + \text{Anno}_k + \text{Razza} * \text{Anno}_{ik} + e_{ijkl}$$

dove:

y_{ijkl} = variabile produttiva o riproduttiva aziendale relativa alla Razza i , dell'Allevamento j entro Razza i e all'Anno k ;

μ = media generale;

Razza_i = effetto fisso dell' i -esima razza ($i=1-9$);

$\text{Allevamento}_{j:i}$ = effetto casuale della j -esimo allevamento entro razza, con distribuzione $N\sim(0, \sigma_a^2)$;

Anno_k = effetto fisso del k -esimo anno di osservazione per la singolo Allevamento entro Razza ($k=2004-2011$);

$\text{Razza} * \text{Anno}_{ik}$ = effetto dell'iterazione tra i fattori Razza e Anno;

e_{ijkl} = effetto casuale dell'errore $N\sim(0, \sigma_e^2)$.

Le medie corrette (least square means) dell'iterazione Razza*Anno sono state infine utilizzate per determinare, nelle diverse razze, il trend di variazione fenotipica dei caratteri oggetto di analisi negli anni 2004-2011. I gradi di libertà dell'effetto Razza*Anno sono stati infine composti in contrasti lineari allo scopo di determinare se le unità (razze o gruppi di razze) presenti ai diversi nodi del dendrogramma ottenuto per ogni carattere (cluster analysis), presentavano differenze statisticamente significative.

2.4 RISULTATI E DISCUSSIONE

Un primo risultato che è stato possibile prendere in esame sui dati generali dei controlli funzionali condotti sulle bovine da latte diffuse nell'intero territorio nazionale è riportato nelle figure 3, 4 e 5, dove sono stati geo-referenziati su base regionale gli allevamenti controllati, il numero dei capi controllati e, sulla base di una estrapolazione tra produzione media aziendale e vacche in controllo, la produzione complessiva di latte.

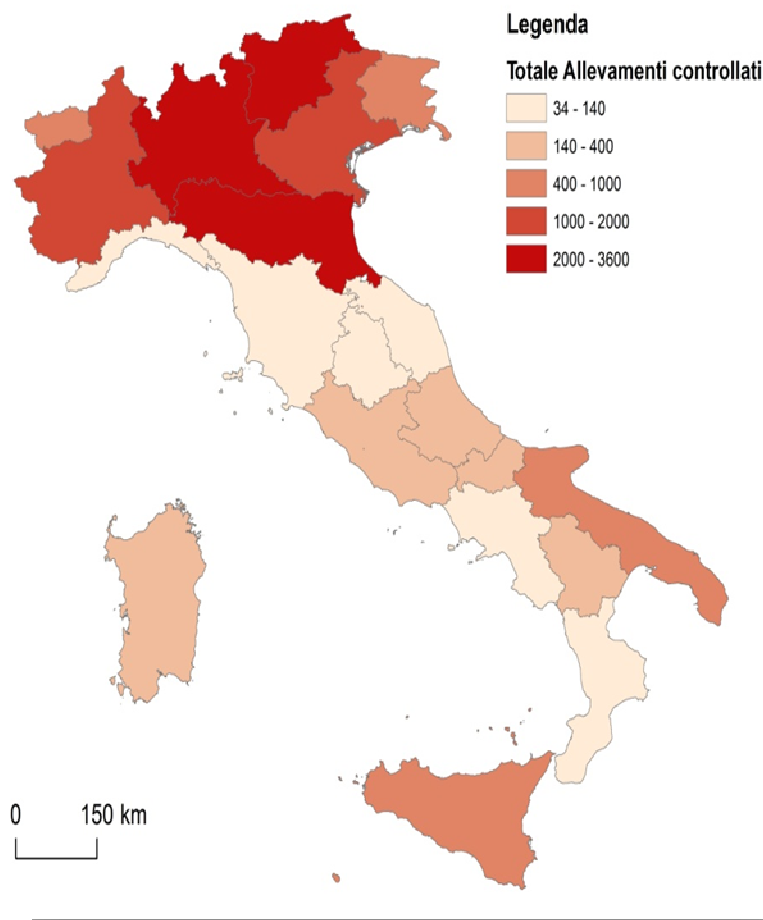


Figura 3. Distribuzione su base regionale degli allevamenti sotto controllo funzionale per il latte nel 2011

Guardando alla distribuzione delle aziende sotto controllo funzionale, si nota come la più grossa fetta sia collocata nel nord Italia, dove il numero di allevamenti oscilla tra i 494 del Friuli e i 3.556 della Lombardia. Mediamente nel territorio del nord Italia (Emilia Romagna, Veneto, Friuli, Trentino, Lombardia, Piemonte e Valle d'Aosta e Liguria) sono insediate il 79% delle aziende dell'intero paese sottoposte a controllo funzionale, con una concentrazione territoriale pari ad una azienda ogni ca. 990 Ha di superficie (circa 10 km²). Spostandoci verso il Sud e le Isole cala notevolmente sia il numero che la densità di aziende, con un'incidenza di allevamenti sotto controllo pari al 18% e una concentrazione sul territorio pari ad una azienda ogni 4,500 Ha di superficie. Il centro, infine, conta solamente il 3% degli allevamenti iscritti, con una concentrazione pari ad una azienda ogni 11,500 Ha di superficie totale. Con l'esclusione del solo Lazio, infatti, il centro Italia si caratterizza per un numero di aziende, su base regionale, compreso tra 34 e 140. La distribuzione territoriale delle

vacche controllate ricalca sostanzialmente quella del numero di allevamenti sotto controllo, come evidenziato in figura 2. Il nord Italia conta infatti quasi 1.100.000 capi sotto controllo, contro i 147.000 circa presenti nel mezzogiorno (Sud ed isole) e i 49.000 capi da latte presenti nel centro Italia. In definitiva, guardando ai capi controllati, circa l'85% è collocato nelle regioni del nord Italia, e solamente il 4% si trova nelle regioni comprese tra Toscana, Marche, Lazio, ed Umbria.

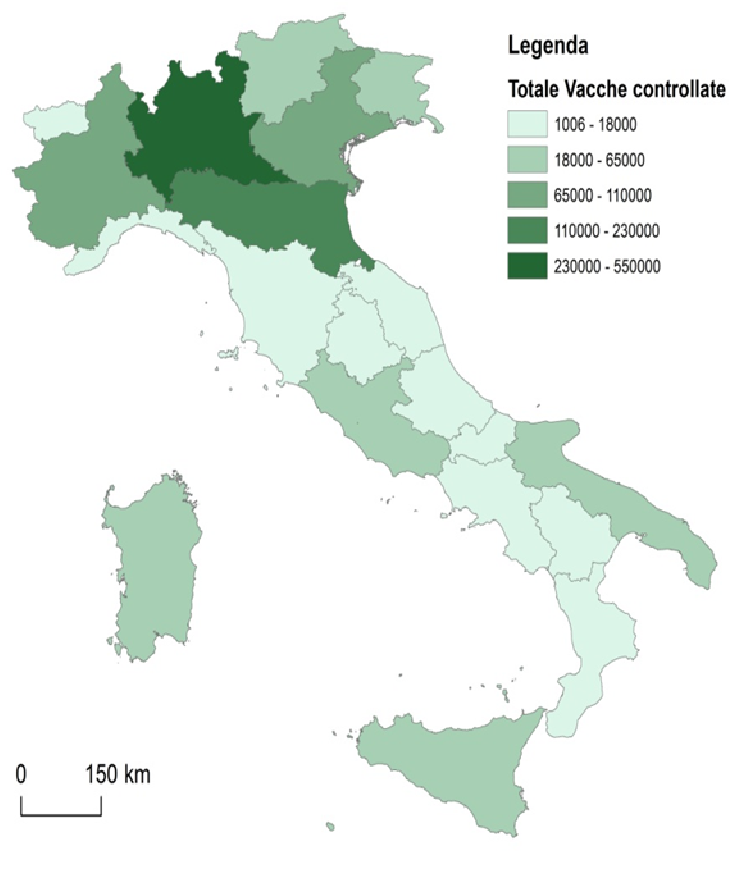


Figura 4. Distribuzione su base regionale del numero di capi controllati in controllo funzionale per il latte nel 2011

In qualche modo, anche la distribuzione della quantità di latte prodotta, stimata sulla base del prodotto del numero di bovine sotto controllo per quantità media di latte prodotto, ricalca l'andamento delle bovine sotto controllo, con le quote produttive maggiori (86% del totale pari a circa 9.840.000 tonnellate) collocate nel nord del paese, ed il complemento a cento quasi equamente distribuito (6% pari a 525.000 tonnellate ciascuno) tra centro, sud e isole. Di fatto, dunque, la quasi totalità del latte bovino è prodotto nel nord del Paese, dove spiccano soprattutto le quote produttive

della Lombardia (circa 5.175.000 tonnellate), dell'Emilia Romagna (circa 1.970.000 tonnellate), del Veneto (circa 969.000 tonnellate) e del Piemonte (900.000 tonnellate circa), distretto che da solo vale il 79% del latte prodotto su scala nazionale. Da rilevare, come le stime effettuate conducano a calcolare, seppure in modo approssimativo, una quota produttiva complessiva derivante dai controlli funzionali di circa 11.412.000 tonnellate di latte, alle quali si deve aggiungere quello che viene prodotto fuori dal sistema dei controlli e, seppure in scarsa misura complessiva, quello direttamente venduto dai produttori sia come prodotto fresco che trasformato.

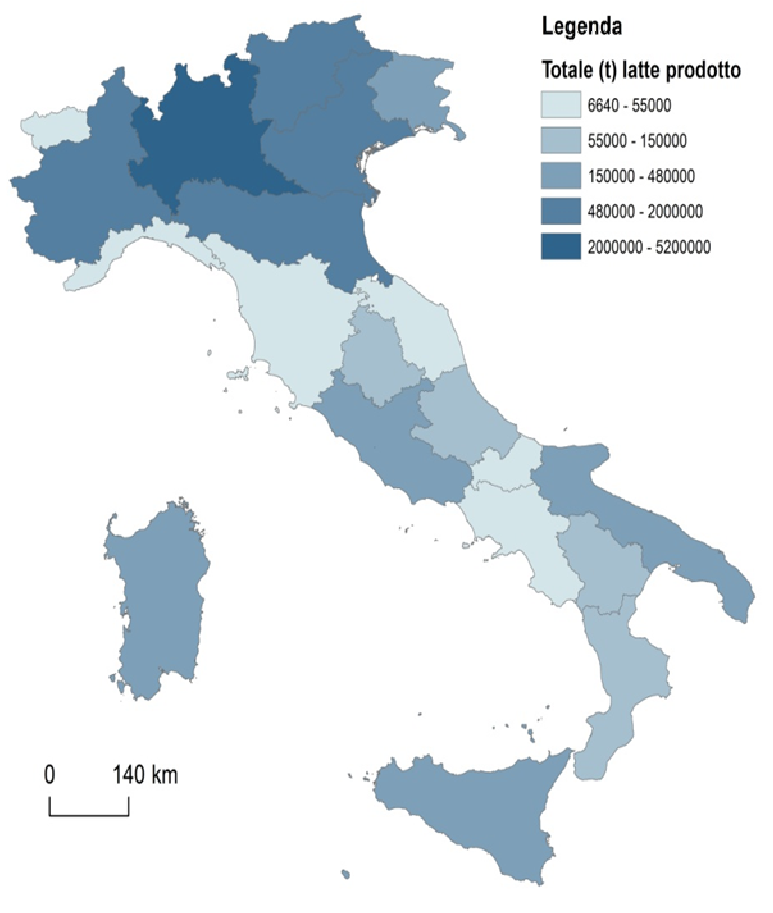


Figura 5. Distribuzione su base regionale della produzione di latte totale (prod. Media aziendale per capi controllati) dal controllo funzionale per il latte del 2011

In definitiva, da questa analisi emerge il quadro di un paese che avrebbe abbondantemente sfiorato la quota produttiva di 10.231.668 tonnellate assegnata all'Italia dall'Unione Europea (Coltelli, 2010), anche se questo dato andrebbe opportunamente commisurato, ai fini del conteggio della quota, al quantitativo di grasso contenuto nel latte. Inoltre si deve tenere conto che si tratta sempre di una

sima produttiva molto approssimativa, date le modalità con cui è stata ottenuta, ovvero il criterio della media produttiva delle vacche in controllo in ciascuna regione Italiana. Questo dato risulta infatti ben al disopra dell'intero quantitativo di latte consegnato da tutti i produttori nazionali (corretto per il contenuto di grasso) di 10.492.000 tonnellate conseguito nell'annata 2009/2010 (Coltelli, 2010), segno evidente dunque di un importante livello di sovrastima delle produzioni per effetto delle modalità di calcolo messe in atto nel presente lavoro.

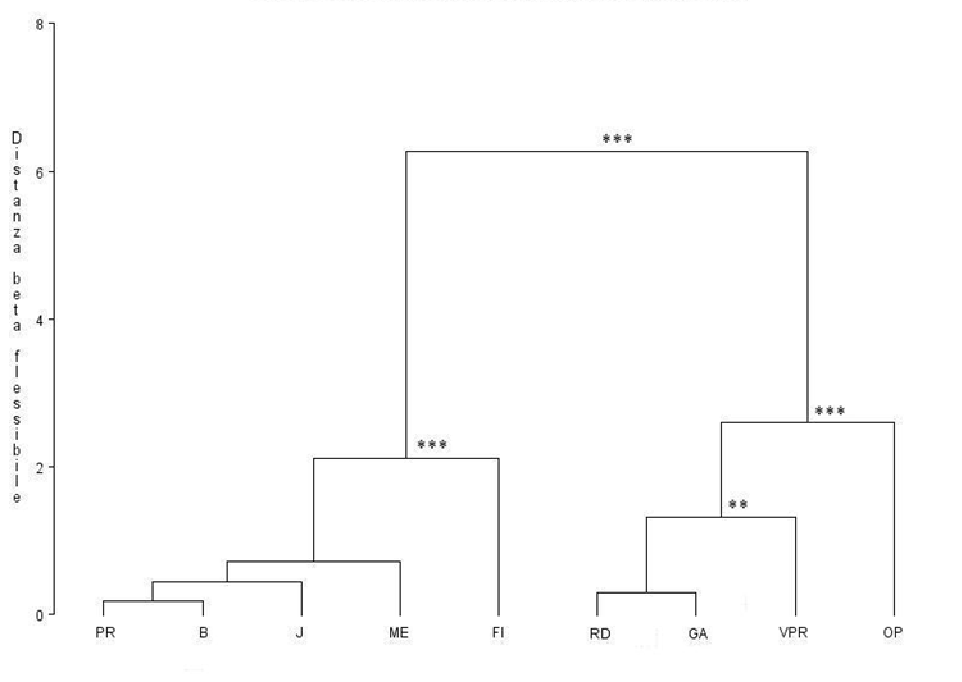


Figura 6. Cluster analysis sui dati di produzione media aziendale di latte per capo relativamente a 9 razze in controlli funzionale nel periodo 2004-2011

La figura 6 rappresenta le modalità di accorpamento delle diverse razze sottoposte a controllo funzionale in relazione alla produzione media per capo riscontrata nei controlli svolti per l'intero arco di tempo studiato (8 anni). Come si può osservare l'analisi dei cluster ha differenziato in primo luogo due grossi cluster, quello delle razze più specializzate da latte (anche se la Pezzata Rossa Italiana rientra in questo gruppo) e quello delle razze autoctone dell'arco alpino (Rendena, Grigio Alpina, Valdostana Pezzata Rossa e Pezzata Rossa d'Oropa). Entro questo ultimo cluster Rendena e Grigia non si differenziano significativamente tra loro, ma entrambe si distanziano dalla Valdostana Pezzata Rossa e, soprattutto, dalla Pezzata Rossa

d'Oropa. Entro l'altro cluster invece, la razza Frisona spicca nettamente rispetto alle altre, che rimangono accomunate entro un unico gruppo, dove le maggiori somiglianze per gli aspetti produttivi inerenti le produzioni medie aziendali, si riscontrano tra la Pezzata Rossa e la Bruna. Jersey e il tipo genetico definito come Meticcio, sembrano tuttavia assomigliare molto a queste ultime due razze, segno probabilmente di un orientamento sempre spiccato da parte degli allevatori di combinare in incrocio soprattutto queste razze tra loro e/o con la razza Frisona.

Anche l'analisi cluster inerente la percentuale media di grasso nel latte (Figura 7) ha fatto emergere tendenze abbastanza chiare di differenziazione tra i 9 tipi genetici a confronto. Come ovvio attendersi, la razza Jersey si è differenziata da tutte le altre per le caratteristiche di contenuto di grasso nel latte (Bittante et al., 1997).

Tutte le altre razze hanno però evidenziato caratteristiche piuttosto differenti tra loro, sia a gruppi che singolarmente. Infatti le uniche somiglianze si sono riscontrate tra Rendena e Valdostana Pezzata Rossa che, a dispetto delle loro ottime caratteristiche in termini di caseificabilità loro riconosciute (De Marchi et al., 2007), sono accomunate da un contenuto di grasso molto simile. Contenuti di grasso equiparabili sono emersi anche tra Grigio Alpina e Meticcio, mentre piuttosto differenziate tra loro sono risultate Pezzata Rossa e Bruna Italiana, che pur restano in uno stesso cluster si differenziano significativamente. Del resto un numero piuttosto elevato di autori ha rimarcato le differenze esistenti tra razze bovine in merito alla qualità del latte (Bittante et al., 1997; Malacarne et al., 2006; Mariani et al., 2002; Soyeurt et al., 2006; Maurice-Van Eijndhoven et al., 2011).

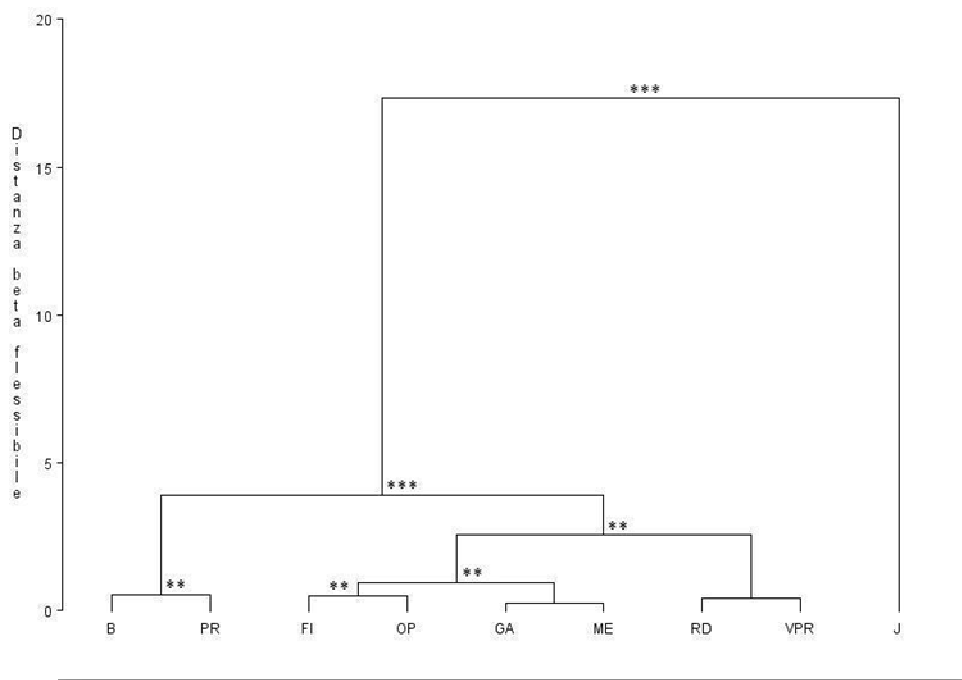


Figura 7. Cluster analysis sui dati di percentuale media aziendale di grasso nel latte relativamente a 9 razze in controlli funzionale nel periodo 2004-2011

La figura 8, che riporta i risultati della cluster analysis condotta sul tenore di proteina del latte mostra ancora una volta la forte diversificazione della razza Jersey rispetto alle altre razze, aspetto del resto ben noto anche su questo parametro qualitativo e riportato ormai da moltissimi anni nella bibliografia mondiale (Specht et al., 1956). A parte la Jersey, per le rimanenti razze a confronto si conferma la somiglianza per caratteristiche qualitative del latte tra razze Rendena e Valdostana Pezzata Rossa, mentre si differenzia rispetto a tutte le altre la razza Bruna che, notoriamente, ha da tempo avviato un processo selettivo finalizzato al miglioramento del tenore proteico del latte e all'aumento di incidenza della variante B della k caseina, correlata positivamente con un maggiore quantitativo di proteina nel latte (Aleandri et al., 1989; Samorè et al., 2007, 2008; Rossoni et al. 2008). Da rimarcare infine la differenziazione abbastanza netta tra Pezzata Rossa Italiana rispetto a Frisona e Grigio Alpina, tutte tre nettamente differenziate tra loro per le caratteristiche proteiche del latte.

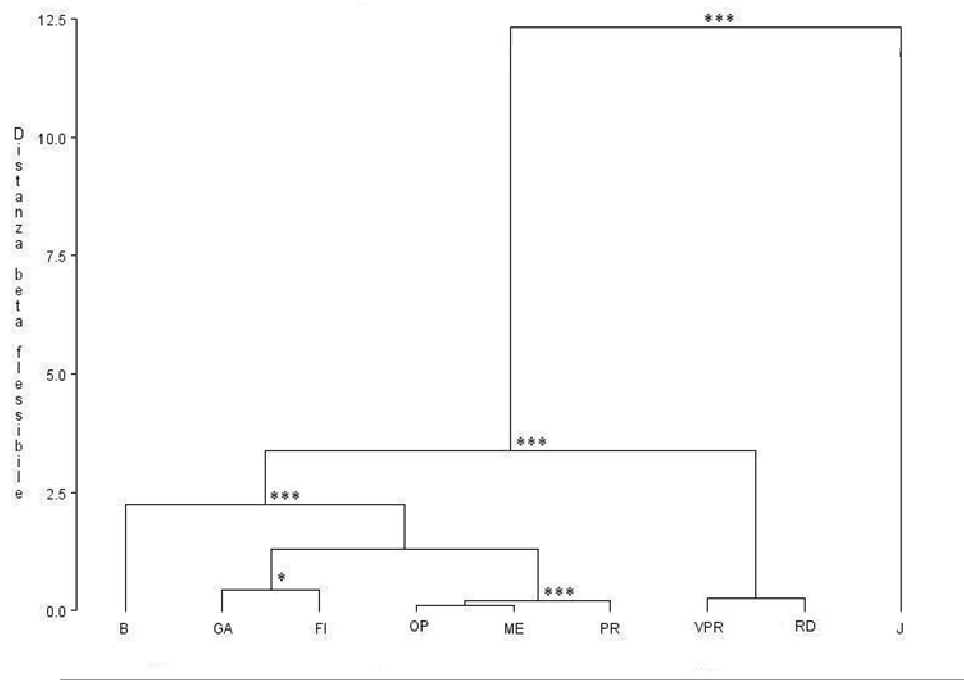


Figura 8. Cluster analysis sui dati di percentuale media aziendale di proteina nel latte relativamente a 9 razze in controlli funzionale nel periodo 2004-2011

Relativamente ai caratteri “vitali” studiati, invece, l’età media aziendale al primo parto ha messo in luce una differenziazione piuttosto netta tra le due razze “montane” Valdostana Pezzata Rossa e Pezzata Rossa d’Oropa rispetto alle altre 7 razze considerate, probabilmente per una più spiccata tendenza alla stagionalità dei parti per effetto dell’alpeggio nel periodo estivo (Figura 9). Tale fattore condiziona infatti pesantemente i ritmi lavorativi e sposta spesso avanti nel tempo la prima fecondazione, sia perché lo sviluppo del giovane bestiame, fondato sempre sul pascolo estivo, risulta più contenuto che nelle razze stalline, sia perché la prima stagione di pascolo dopo il parto spinge a volte a posticipare di un intero anno l’epoca di prima fecondazione delle giovani manze (Bittante et al., 1997).

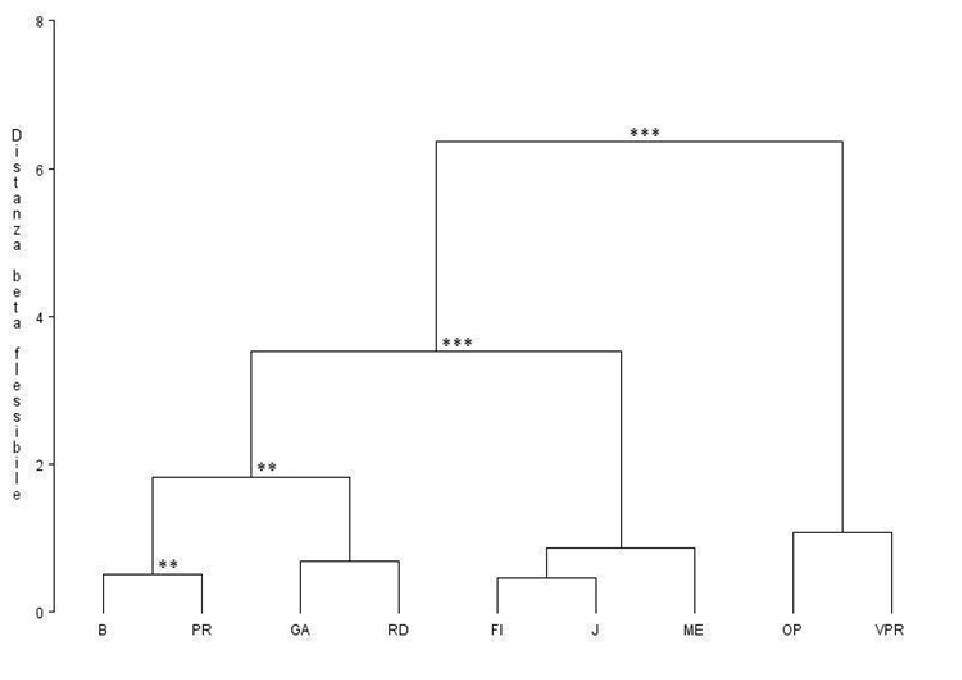


Figura 9. Cluster analysis sui dati di età media aziendale al primo parto relativamente a 9 razze in controlli funzionale nel periodo 2004-2011

Ulteriori diversificazioni tra razze sono emerse tra Frisona, Jersey e Meticce con Bruna, Pezzata Rossa, Grigio Alpina e Rendena. Le prime sono infatti probabilmente più orientate verso un precoce inizio della carriera riproduttiva, mentre le rimanenti 4 razze, anch'esse ancora legate a pascolo montano estivo, tendono a differenziarsi probabilmente per una maggiore età al primo parto. Entro questo cluster, tuttavia, Grigio Alpina e Rendena risultano indifferenziate, mentre maggiori differenze si identificano tra Bruna e Pezzata Rossa, forse per una crescente minor diffusione delle attività di alpeggio estivo per la razza Bruna rispetto alla razza a duplice attitudine. Questo rilievo sembra infatti confermato dalla maggiore somiglianza che la razza Bruna presenta con la Frisona riguardo all'intervallo parto-concepimento (Figura 10), anche se entro il cluster che le accomuna le due razze si diversificano significativamente ($P < 0.01$).

Molto simili in termini di lunghezza parto-concepimento sono risultate anche le due razze autoctone dell'arco alpino Grigia Alpina e Valdostana Pezzata Rossa, dalle quali si stacca la terza razza autoctona delle alpi, la Rendena, che presenta caratteristiche più simili alla Pezzata Rossa piuttosto che a Grigia o Valdostana. Del resto ben due terzi di bovine di razza Rendena sono collocate attualmente in pianura

e in questi casi, molte delle attività di alpeggio estivo sono limitate al giovane bestiame. Al contrario, la pratica dell'alpeggio per le bovine è più diffusa in percentuale nelle razze Grigio Alpina e Valdostana Pezzata Rossa.

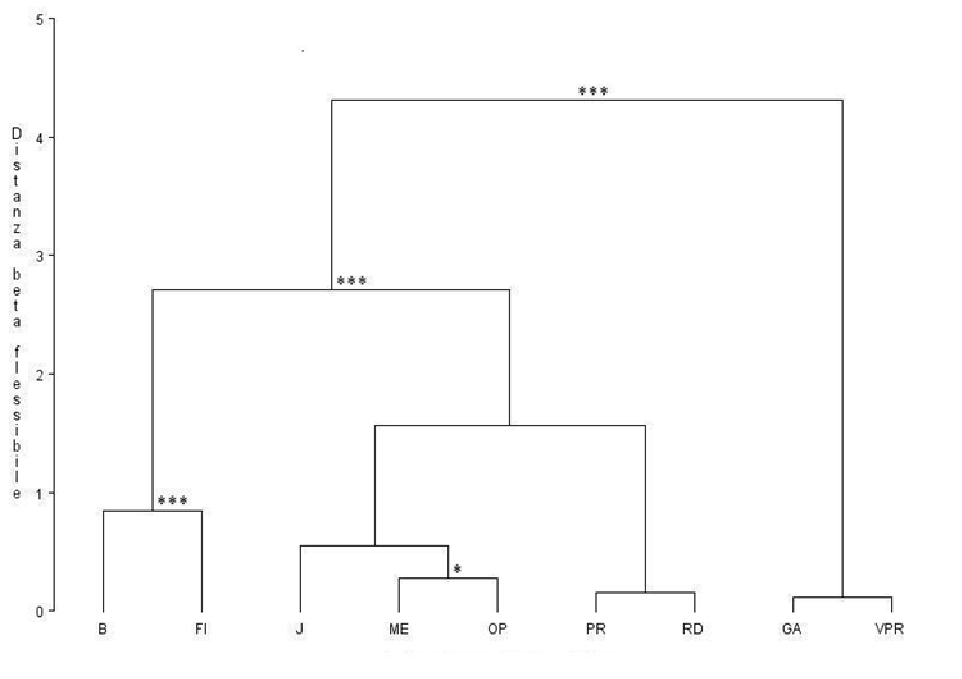


Figura 10. Cluster analysis sull'intervallo parto-concepimento medio aziendale relativamente a 9 razze in controlli funzionale nel periodo 2004-2011

Infine, guardando all'analisi cluster per il numero medio di inseminazioni (figura 11), tre razze si distinguono nettamente rispetto alle altre, ovvero Pezzata Rossa d'Oropa, Valdostana Pezzata Rossa e Grigio Alpina, che presentano dati di fertilità nettamente diversi dalle altre razze e tra loro molto simili. Nel cluster rimanente è invece la razza Frisona a distinguersi da tutte le altre. Le prossimità evidenziano poi come la razza che maggiormente si avvicina alla Frisona sia la Bruna, quindi Rendena e Pezzata Rossa e, infine, Jersey e Meticcina. Si tratta probabilmente di una classifica legata alla capacità produttiva che, come ben noto, influenza negativamente la fertilità nella fase immediatamente successiva al parto. (Abdallah & McDaniel, 2000; Buckley et al., 2003; Madouasse et al., 2010).

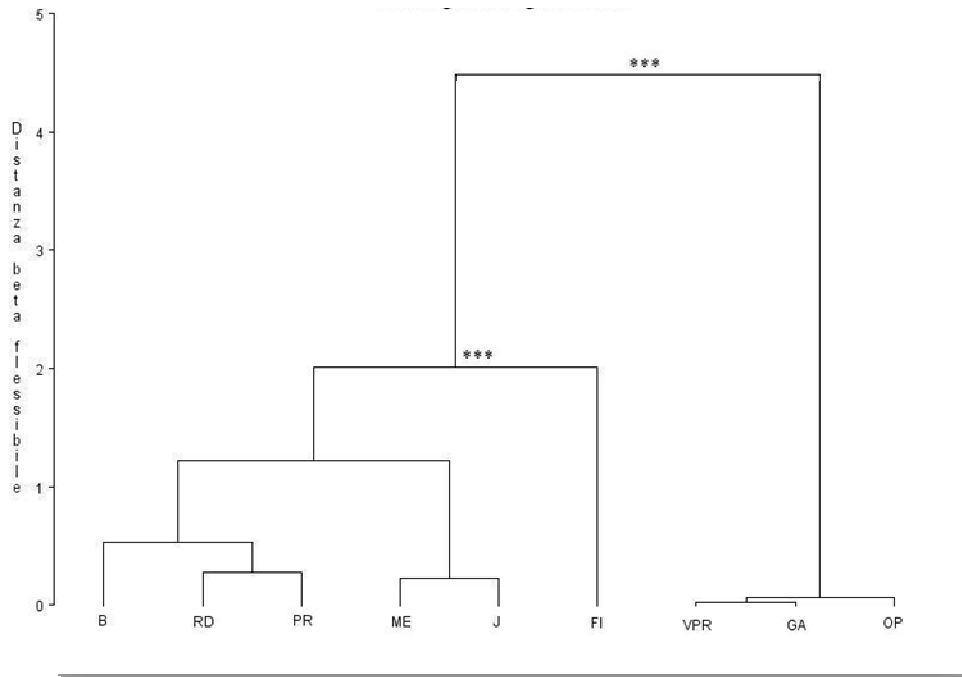


Figura 11. Cluster analysis sul numero medio aziendale di inseminazioni per concepimento a capo relativamente a 9 razze in controlli funzionale nel periodo 2004-2011

In un successivo momento, come precedentemente descritto, il presente contributo sperimentale si è concentrato sulla struttura di (co)varianza tra variabili ripetute nel tempo, allo scopo di depurare da eventuali effetti di correlazione tra elementi temporali, l'analisi dei trend fenotipici. Su 10 diversi campioni di aziende estratti con il criterio della rappresentatività aziendale entro razza nell'intero dataset, sono state dunque condotte le analisi della varianza secondo un modello misto allo scopo di identificare la miglior struttura di (co)varianza per i dati annuali dei controlli funzionali (Littell et al., 1998). I risultati di queste analisi sono riportati in Tabella 29. Tale tabella riporta per le 7 diverse tipologie di struttura di (co)varianza e per ciascuna variabile analizzata il numero di volte (su 10) in cui il programma ha raggiunto convergenza e l'AIC minimo (Akaike, 1974) registrato nelle convergenze ottenute. Infine, tra le diverse possibili strutture di (co)varianza, la tabella 29 riporta quella che ha fornito l'AIC, minimo, ovvero il migliore criterio di convergenza con la contemporanea riduzione della variabilità residua per effetto della interpretazione della variabilità dovuta alle ripetizioni alla luce di una particolare struttura di (co)varianza.

Guardando dunque nello specifico ai risultati di queste analisi, la variance components (VC), ovvero struttura che ignora relazioni (dunque correlazioni) tra anni

successivi, ha spesso presentato un numero limitato di convergenze, ad indicare come nei campioni utilizzati sia presente una relazione tra le variabili ripetute nel tempo. Le strutture di (co)varianza che hanno prodotto convergenza nella maggior parte dei casi sono state la compound symmetry (CS) e Huynh-Feldt (HF), con rispettivamente 6.5 e 6.3 convergenze in media sui 10 campioni. Le due varianti autoregressive (AR) ed heterogeneous auto regressive (ARH) sono nel complesso risultate convergere 4.3 volte su 10, mentre le varianti toeplitz (TOEP) ed heterogeneous toeplitz (TOEPH) 4.8 volte su 10. Ciononostante, queste ultime due tipologie di struttura di (co)varianza, hanno esibito i valori di AIC inferiori, risultando l'una o l'altra, di volta in volta a seconda della variabile considerata, le migliori strutture di (co)varianza da adottare per questa tipologia di serie ripetute nel tempo (Littell et al., 1998).

	STRUTTURA (CO)VARIANZA							
Variabile	VC	CS	HF	AR	ARH	TOEP	TOEPH	Miglior
Latte/capo, Kg								
Convergenze, n.	0	6	7	4	0	7	0	
AIC Minimo	NV	122.007	121.985	122.280	NV	121.297	NV	TOEP
Grasso %								
Convergenze, n.	2	7	6	5	5	6	7	
AIC Minimo	2.400	-3.305	-3.302	-4.308	-4.383	-4.549	-4.550	TOEPH
Proteine %								
Convergenze, n.	1	7	8	6	5	4	5	
AIC Minimo	-8.027	-13.777	-13.805	-13.883	-13.884	-14.310	-14.373	TOEPH
Età Primo parto, Mesi								
Convergenze, n.	3	6	6	3	6	4	3	
AIC Minimo	37.846	33.917	33.611	32.928	31.078	32.790	31.072	TOEPH
Parto-Concepimento, Giorni								
Convergenze, n.	2	6	6	7	4	3	6	
AIC Minimo	78.470	75.438	75.167	75.335	75.078	75.066	74.797	TOEPH
Insem./Concep., n.								
Convergenze, n.	3	7	5	5	2	7	6	
AIC Minimo	51.745	44.794	44.366	44.149	44.450	43.634	43.760	TOEP

Tabella 29. Risultati dell'analisi preliminare di struttura di (Co)varianza per serie annue ripetute sulle variabili analizzate (10 campioni di dati).

In sostanza, questo risultato indica che le analisi della varianza di serie ripetute condotte con modello misto possono di volta in volta essere corrette per le differenti strutture di (co)varianza che meglio interpretano la variabilità complessiva alla luce anche della correlazione tra serie di misure. Queste strutture sono: la struttura di toeplitz per la produzione media annua aziendale di latte e il numero medio annuo

aziendale di inseminazioni per ottenere concepimento, e la heterogeneous toeplitz per le rimanenti variabili. Di fatto, questo dice che per variabili equamente separate spazialmente (come nel caso presente dove la distanza è sempre costante e pari all'anno solare), le variabili adiacenti hanno la stessa correlazione, che però cambia con il passare del tempo (Chen et al., 2006; SAS, 2009), così come esemplificato in figura 12. Nel caso dell'heterogeneous toeplitz il principio della stessa correlazione tra variabili adiacenti nel tempo viene mantenuto, anche se in questo caso può cambiare il valore della (co)varianza tra le variabili adiacenti.

$$\begin{array}{l}
 \text{TOEP} \\
 \text{TOEPH}
 \end{array}
 \left[\begin{array}{cccc}
 \sigma_1^2 & \rho_1 & \rho_2 & \rho_3 \\
 \rho_1 & \sigma_2^2 & \rho_1 & \rho_2 \\
 \rho_2 & \rho_1 & \sigma_3^2 & \rho_1 \\
 \rho_3 & \rho_2 & \rho_1 & \sigma_4^2 \\
 \sigma_1^2 & \sigma_1\sigma_2\rho_1 & \sigma_1\sigma_3\rho_2 & \sigma_1\sigma_4\rho_3 \\
 \sigma_2\sigma_1\rho_1 & \sigma_2^2 & \sigma_2\sigma_3\rho_1 & \sigma_2\sigma_4\rho_2 \\
 \sigma_3\sigma_1\rho_2 & \sigma_3\sigma_2\rho_1 & \sigma_3^2 & \sigma_3\sigma_4\rho_1 \\
 \sigma_4\sigma_1\rho_3 & \sigma_4\sigma_2\rho_1 & \sigma_4\sigma_3\rho_1 & \sigma_4^2
 \end{array} \right]$$

Figura 12. Rappresentazione schematica della struttura di una matrice di varianze e (co)varianze di tipo Toeplitz (TOEP) ed Heterogeneous Toeplitz (TOEPH)

Sulla base delle risultanze della precedente indagine di struttura di (co)varianze per ciascuna variabile, si è dunque proceduto all'analisi della varianza secondo un modello misto per tutte le variabili considerate, attribuendo a ciascuna la struttura di (co)varianza migliore. La Tabella 30 riporta i risultati di questa analisi. Come si può osservare il fattore largamente più importante nell'ANOVA, ovvero quello che ha assorbito la maggior quota di variabilità è risultato il fattore razza, risultato sempre altamente significativo. Meno importanti sono risultati invece gli effetti anno e l'interazione Razza*Anno, risultate significative per i parametri di qualità del latte, l'età al parto e, solamente per l'interazione, anche nel parametro numero di inseminazioni medie per concepimento. Nonostante questi andamenti, successivamente vengono presentati i trend fenotipici entro razza nel corso degli 8 anni di controllo funzionale (ovvero le least squares means dell'interazione), che

meglio si prestano a individuare l'andamento delle singole variabili per ciascun tipo genetico nel corso del tempo.

	FATTORI FISSI			STRUTTURA (CO)VARIANZA	AIC
	RAZZA	ANNO	RAZZA*ANNO		
Latte/capo, Kg	81.73***	1.98	1.29	TOEP	121826.0
Grasso %	84.01***	5.55***	2.24***	TOEPH	-4550.2
Proteine %	106.04***	1.31	2.26***	TOEPH	-14373.0
Eta Primo parto, (m)	59.42***	14.11***	2.46***	TOEPH	31072.4
Parto-Concepim., d	47.13***	1.31	1.21	TOEPH	75228.4
Insem./Concep., n.	36.72***	1.84	1.43*	TOEP	44045.3

Tabella 30. Risultati dell'analisi finale della varianza sul campione scelto come maggiormente rappresentativo dei 10 estratti.

Passando all'analisi dei trend fenotipici del latte mediamente prodotto in ciascuna azienda per anno solare (Grafico 2), si nota soprattutto la supremazia produttiva della razza Frisona seguita dalle bovine classificate come meticce. Seguono nell'ordine, Bruna e Pezzata Rossa, che denotano solo limitate differenze produttive in senso assoluto, la razza Jersey, che gradualmente si avvicina alle ultime due razze, esibendo il trend fenotipico proporzionalmente più elevato tra le 9 razze considerate, quindi Grigio Alpina e Rendena, che negli ultimi anni raggiungono produzioni tra loro molto simili, e infine Valdostana Pezzata Rossa e Pezzata Rossa d'Oropa. Quest'ultima con un distacco produttivo abbastanza sensibile rispetto alle altre razze (produzione media per vacca/anno di circa 18 quintali di latte), oltre ad un trend fenotipico leggermente negativo. In definitiva, le razze cosmopolite prevalgono su quelle autoctone locali in termini di produzione media annua di latte, anche se la più accentuata specializzazione produttiva verso la duplice attitudine fa sì che le autoctone locali siano di per se meno produttive relativamente al carattere latte (Bittante et al., 1997).

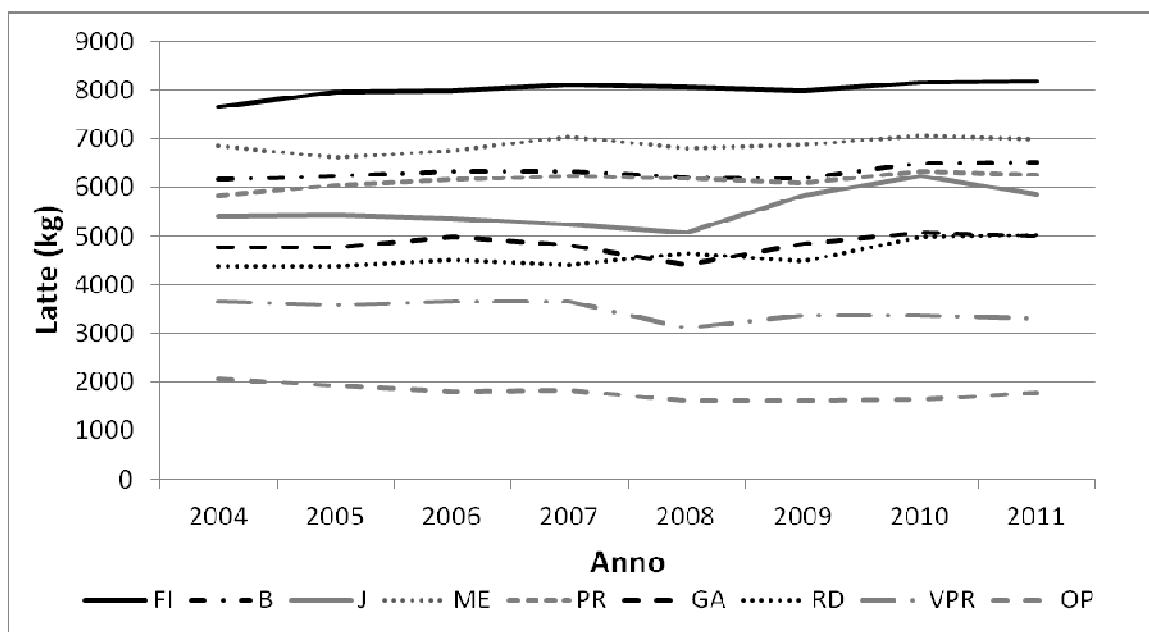


Grafico 2. Trend fenotipico della produzione di latte media/capo nel periodo di controlli funzionali 2004-2011

Nel complesso quasi tutte le razze confrontate hanno presentato trend fenotipico positivo, con i migliori risultati espressi da Jersey e Rendena su base annua. In particolare va segnalata la posizione di tutto rispetto che hanno fatto segnare le vacche meticce che, pur non essendo attribuibili ad un unico tipo di incrocio, sembrano poter essere comunque inquadrare in gran parte, dato il livello medio produttivo raggiunto, tra i derivati della Frisone. Un ulteriore rilievo di una certa importanza deriva inoltre dal fatto che considerando i trend fenotipici, anche le bovine meticce esibiscono un certo livello di crescita media annua (+39 kg latte/anno). Nonostante dunque non siano sottoposte ad un processo di selezione come avviene per la maggior parte delle razze bovine studiate (Bittante et al., 1997), anche le meticce denotano un trend fenotipico che potrebbe essere attribuibile ad una progressiva maggiore incidenza dell'incrocio anche nel nostro paese per quel che riguarda soprattutto le razze da latte. È noto infatti che il crossbreeding è una pratica largamente diffusa in molti paesi del nord Europa o anglosassoni come Stati Uniti, Australia, Nuova Zelanda (Swan & Kinghorn, 1992; Lopez-Villalobos et al., 2000; Weigel et al., 2003; Sørensen et al., 2008) e che la stessa si è diffusa in queste zone a causa di un certo deterioramento nella razza Frisone dei caratteri riproduttivi (fertilità, facilità di parto, stato di salute e longevità) per effetto della correlazione genetica negativa con la produzione di latte, verso cui la selezione è

stata particolarmente accentuata in questa razza (Mark, 2004; Miglior et al., 2005). La necessità di superare questo tipo di problematica sembra dunque aver preso progressivamente piede anche nel territorio Italiano e, molto probabilmente, in formato di derivati dalla razza Frisona a giudicare dalle produzioni medie, sebbene, ancora oggi, non sia prevista la definizione del tipo di incrocio sui soggetti sotto controllo funzionale in Italia.

Guardando alle caratteristiche qualitative del latte (Grafico 3 e 4), spiccano in entrambi i casi, così come osservato nella precedente analisi dei cluster, i dati della razza Jersey, che si stacca nettamente dalle altre per tenore di grasso e proteine del latte, fatto questo che, pur noto da molto tempo, è stato confermato anche in recenti studi di confronto razziale (Jensen et al., 2012).

Di rincalzo alla razza Jersey, le razze Bruna e Pezzata Rossa sono quelle che esibiscono i più alti livelli qualitativi di grasso e proteine del latte, con differenze tra questi due tipi genetici più marcate soprattutto per le proteine (Grafico 4) piuttosto che per il grasso (Grafico 3). Bovine di razza Frisona, Grigio Alpina o meticce si collocano invece in una fascia di tenore di grasso e proteine leggermente inferiore rispetto alla due precedenti razze, ma esibiscono dati qualitativi migliori sia per grasso (Grafico 3) che per proteine (Grafico 4) rispetto alle autoctone Rendena e Valdostana Pezzata Rossa e, almeno per quanto riguarda il grasso, anche Pezzata Rossa d'Oropa. Va inoltre sottolineato comunque in questo contesto come non sempre il minor tenore di grasso e proteina sia da associare a caratteristiche negative inerenti la caseificabilità del latte (De Marchi et al., 2007). In generale, infine, va considerato che tutte le razze, chi più chi meno, hanno esibito una situazione a diminuire del tenore di grasso nel latte (-2% medio l'anno in 10 anni per l'insieme delle 9 razze; grafico 3), mentre piuttosto piatto (+0.2% l'anno per i 10 anni considerati nell'insieme delle 9 razze; grafico 4) è risultato il trend fenotipico per il tenore proteico del latte, probabilmente riconducibili entrambi all'aumento del prezzo dei cereali e dei mangimi iniziati a partire dal 2008.

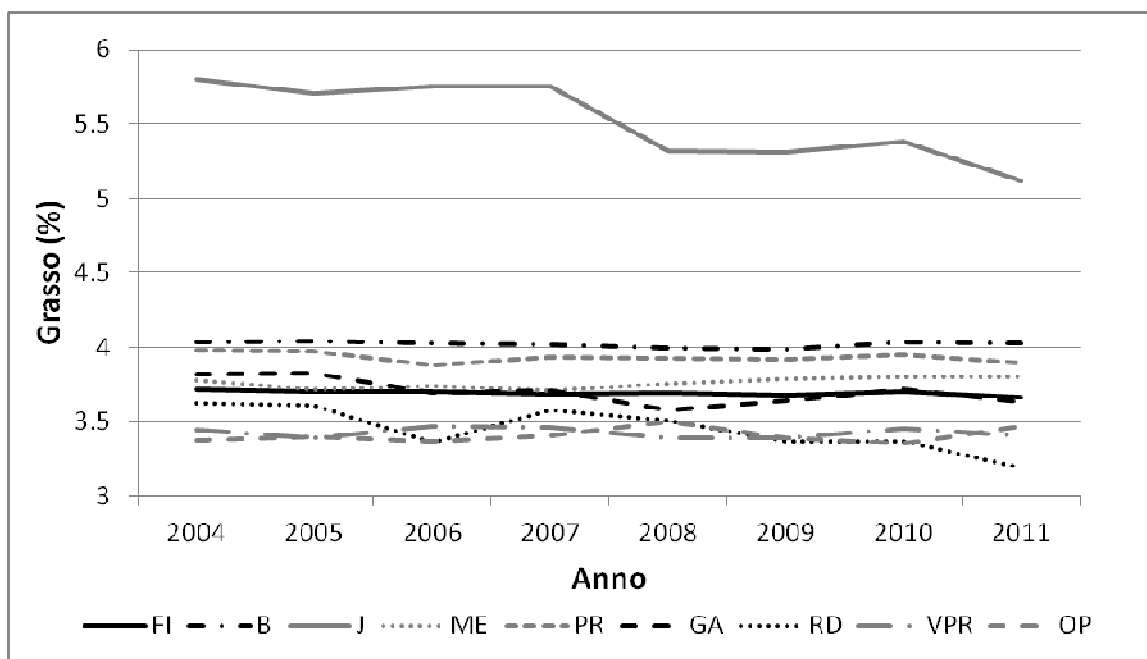


Grafico 3. Trend fenotipico della percentuale media di grasso nel latte nel periodo di controlli funzionali 2004-2011

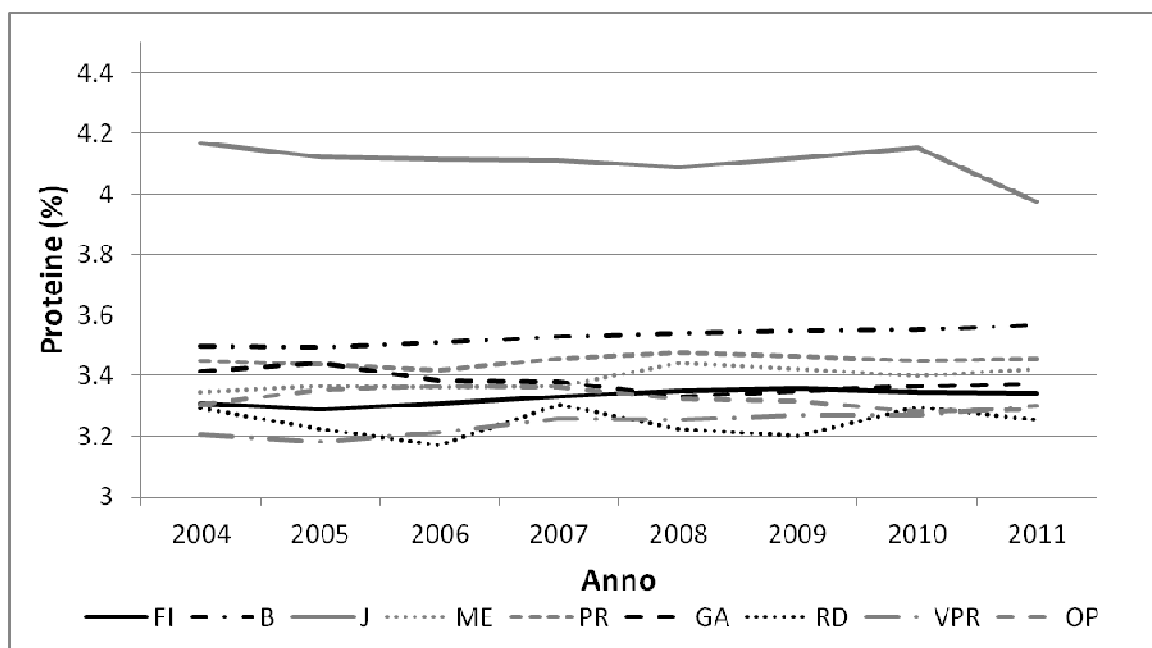


Grafico 4. Trend fenotipico della percentuale media di proteine nel latte nel periodo di controlli funzionali 2004-2011

Il Grafico 5 illustra gli andamenti nel tempo delle età al primo parto medie aziendali. L'aspetto peculiare che si coglie dai trend è che sostanzialmente le diverse razze a confronto mantengono una certa stazionarietà nell'età media al parto delle primipare fino all'anno 2008, momento da cui inizia un significativo aumento per tutte le razze

autoctone locali, la Bruna e, soprattutto, la Pezzata Rossa Italiana. Con la sola eccezione di Frisona, Jersey e, in minor misura delle bovine meticce, che pressappoco mantengono costante l'età al primo parto, in tutti gli altri casi si nota un forte aumento, che potrebbe essere riconducibile ai premi per le bovine che vanno in alpeggio sostenuti da diverse regioni del nord Italia attraverso i piani di sviluppo rurale e, in definitiva, con l'aiuto dell'Unione Europea. Questo ha infatti riportato molti allevatori verso l'alpeggio estivo, elemento questo che tende a stagionalizzare (quindi spostare in avanti) le fecondazioni, in primo luogo delle giovani manze. La stagionalizzazione delle fecondazioni nei periodi invernali, permette infatti di concentrare i parti verso l'autunno e, in definitiva, le code di lattazione delle bovine nel periodo di alpeggio estivo. La stagionalizzazione a favore dell'alpeggio può dunque essere sicuramente causa di aumento dell'età al primo parto in molte realtà, in particolar modo nelle razze maggiormente diffuse nel territorio del Trentino Alto Adige (Pezzata Rossa, Grigio Alpina, Bruna e Rendena) e del Veneto (Rendena), regioni dove si è maggiormente diffuso tale sostegno all'economia aziendale.

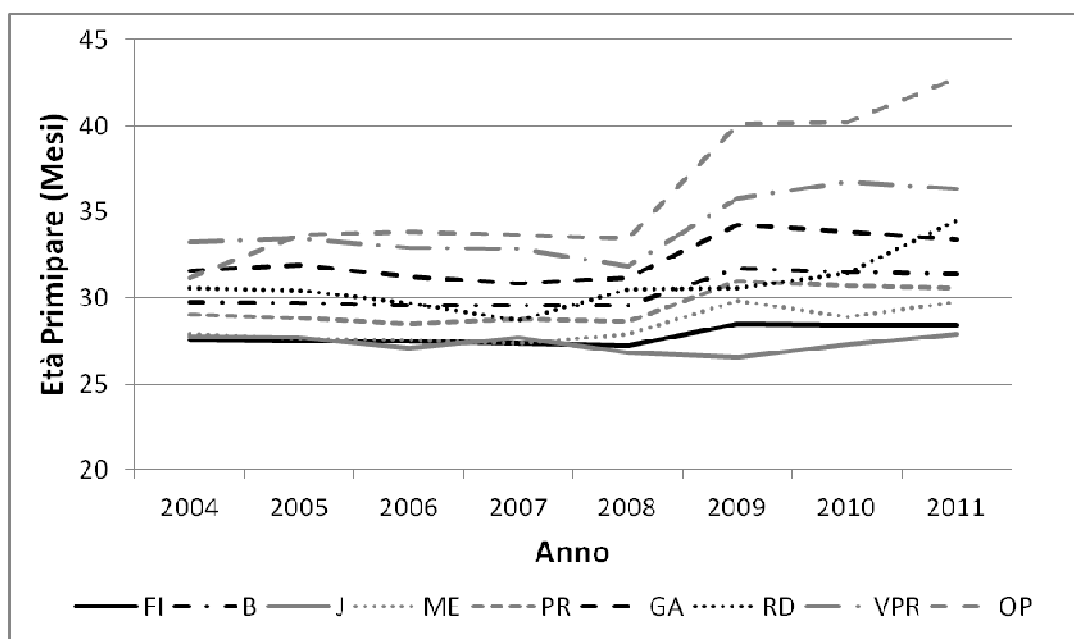


Grafico 5. Trend fenotipico della età media al parto delle primipare nel periodo di controlli funzionali 2004-2011

Guardando alla restante parte di dati ottenuti attraverso il sistema dei controlli funzionali, appare abbastanza netto, soprattutto per il periodo parto-concepimento, il superiore e non positivo andamento che manifesta la razza Frisona. Questa razza prevale infatti su tutte le altre, con un valore medio decennale di circa 175 giorni (quasi 6 mesi) di parto-concepimento, valore ben al di sopra dell'ottimale riscontrato in letteratura (Bittante et al., 1997). Del resto i tradizionali 12 mesi di interparto con 60 giorni di asciutta sono stati abbondantemente superati in questa razza, dove si assiste ad un aumento costante di lattazioni estese (16-18 mesi) che coinvolgono un numero sempre più crescente di bovine in diverse parti del mondo (Vargas et al. 2000; Gallo et al. 2008). Riguardo all'intervallo parto-concepimento va inoltre segnalato il trend incrementale negativo fatto osservare dalla razza Bruna, che è cresciuta fenotipicamente più delle altre razze a confronto, avvicinandosi sempre più alla razza Frisona, sebbene nella media presenti ancora circa 20 giorni in meno di quest'ultima per la lunghezza del parto-concepimento (155 giorni in media; Grafico 6).

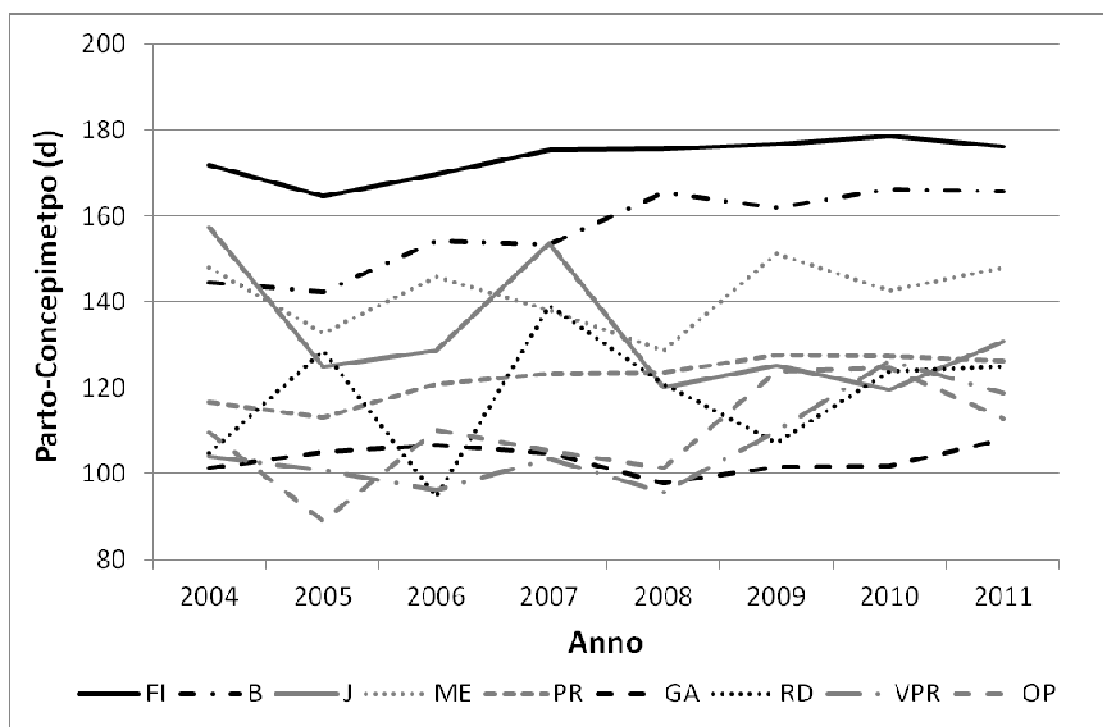


Grafico 6. Trend fenotipico dell'intervallo medio Parto-Concepimento nel periodo di controlli funzionali 2004-2011

Tra le altre razze è da segnalare l'andamento fortemente altalenante riscontrato negli anni per le bovine di razza Jersey, Rendena e per le meticce, che presentano rispettivamente intervalli parto-concepimento medi decennali di 132 giorni, 117 giorni e 142 giorni. Nel complesso, le razze con le migliori performance risultano le pezzate rosse (Valdostana Pezzata Rossa e Pezzata Rossa d'Oropa) e la Grigia Alpina, che presentano parto-concepimento appena superiore ai 100 giorni, mentre intermedia risulta la posizione della Pezzata Rossa, che ha presentato un parto-concepimento medio di 122 giorni.

Infine, guardando ai trend del numero di inseminazioni per concepimento (Grafico 7), anche in questo caso spiccano i dati particolarmente negativi per le razze maggiormente specializzate da latte e fenotipicamente più produttive, Frisona, meticcica, Jersey e Bruna in particolar modo, che si collocano anche in questo caso nelle prime 4 posizioni, anche se in ordine leggermente diverso rispetto al parto-concepimento. La razza Frisona prevale sempre sugli altri tipi genetici, con 2.2 interventi inseminativi per ottenere gravidanza, seguita dalla razza Jersey, con 1.9 interventi per gravidanza, dalle bovine meticce (1.9 interventi/gravidanza) e dalla razza Bruna (1.7 interventi/gravidanza). A seguire le razze Pezzata Rossa e Rendena (1.5 interventi/gravidanza) e poi le altre razze, tra cui spicca ancora la Grigia Alpina che, oltre ad avere il più basso intervallo parto-concepimento, si caratterizza anche per il minore numero di interventi fecondativi/gravidanza, ovvero 1.2 come media aziendale decennale. Da sottolineare, ancora una volta, il trend di crescita fenotipica fatto osservare dalla razza Bruna (+0.5 interventi in 10 anni), seconda solo alla razza Valdostana (+1 intervento in 10 anni). In generale, nonostante spesso si faccia riferimento ai dati riproduttivi (parto-concepimento e numero di inseminazioni utili) come ai dati maggiormente sensibili di incertezza nell'ambito del sistema dei controlli funzionali, quanto osservato, soprattutto in termini di trend fenotipico, sembra riflettere abbastanza linearmente il concetto da più parti espresso di correlazione negativa tra produzioni di latte e fertilità delle bovine (Rauw et al., 1998; Mark, 2004; Miglior et al., 2005).

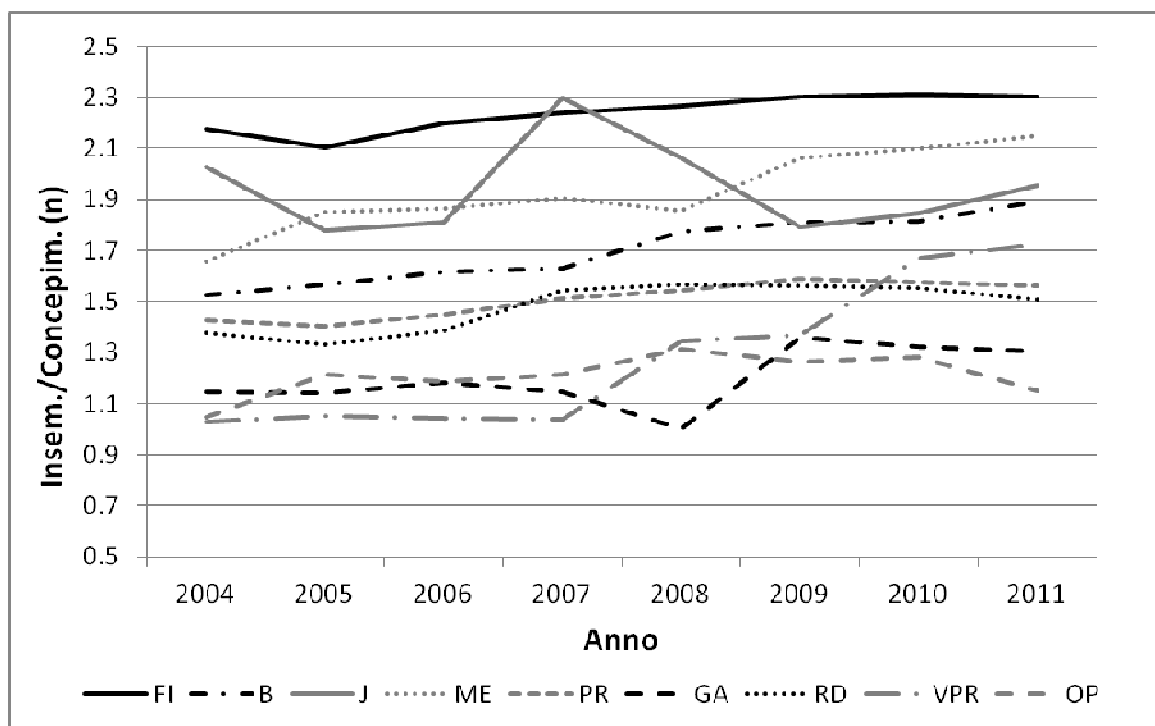


Grafico 7. Trend fenotipico del numero medio di inseminazioni per concepimento nel periodo di controlli funzionali 2004-2011

3. INDAGINE SULLA VARIABILITA' GENETICA DELLE RAZZE BOVINE AUTOCTONE ITALIANE ISCRITTE AL REGISTRO ANAGRAFICO (R.A.B.).

3.1 RAZZE E POPOLAZIONI IN ITALIA.

In Italia, nel 2008 il Ministero delle Politiche Agricole, Alimentari e Forestali (MIPAAF) ha ufficialmente riconosciuto 35 razze e popolazioni bovine. Di queste, 19 sono dotate di Libro Genealogico mentre le restanti 16 razze sono iscritte al registro anagrafico delle razze bovine autoctone a limitata diffusione (Decreto Ministeriale del 13.01.2009 n.70).

La maggior parte delle razze iscritte al Libro Genealogico sono organizzate in Associazioni di Allevatori (istituite a partire dagli anni '60-'70) mentre per le altre razze l'istituzione del registro anagrafico, affidato all'Associazione Italiana Allevatori, risale al 1985. L'obiettivo del registro è quello di salvaguardare e tutelare le razze bovine autoctone non sottoposte ad un piano nazionale di selezione attualmente a forte rischio di estinzione. In particolare Il registro delle razze autoctone conserva le informazioni genealogiche dei soggetti iscritti al fine della conservazione delle popolazioni, con particolare attenzione al mantenimento della loro variabilità genetica promuovendone al contempo la valorizzazione economica. Le razze a registro sono infatti depositarie di caratteristiche uniche, spesso perse nelle razze cosmopolite, e riconducibili a rusticità, resistenza ai cambiamenti climatici, longevità, resistenza alle patologie, elevata fertilità e produzioni a basso costo. Tali razze sono inoltre legate a produzioni tipiche con caratteristiche organolettiche uniche che le rendono strettamente legate al territorio di origine. L'Ufficio Centrale del registro persegue l'obiettivo del mantenimento della variabilità genetica controllando quindi, tramite la predisposizione dei piani di accoppiamento, il livello di consanguineità di ogni singola razza.

3.2 APPROCCI PER LA VALUTAZIONE DELLA CONSANGUINEITÀ E DELLA DIVERSITÀ GENETICA NELLE POPOLAZIONI.

La consanguineità, definita come la probabilità che due alleli in un qualsiasi locus siano identici per discendenza (Wright, 1922), è il processo di accoppiamento non casuale tra parenti, che comporta un aumento dell'omozigosi (Jacquard, 1975) ed una conseguente riduzione delle capacità di adattamento e delle performance

produttive e riproduttive, nota con il termine di “depressione da inbreeding” (Dickerson, 1973; Charlesworth and Charlesworth, 1987). La depressione è dovuta alla manifestazione fenotipica di combinazioni alleliche omozigoti sfavorevoli (ipotesi dominanza; East 1908)) o ad uno svantaggio selettivo in ambienti che favoriscono l'eterozigosi (ipotesi di sovra dominanza; Davenport 1908).

Le conseguenze della depressione da consanguineità negli animali sono state rilevate in natura, in laboratorio e sugli animali domestici (e.g., Keller, 1998; Slate et al., 2000). I coefficienti di consanguineità individuali sono stati calcolati attraverso diversi algoritmi nella maggior parte basati sul metodo tabellare di Emik e Terrill (1949). Tradizionalmente questi metodi assegnano livelli di consanguineità differente da zero ad individui con entrambi i genitori conosciuti (“Regular inbreeding algorithms” or RA; e.g., Quaas, 1976; Tier, 1990; Meuwissen and Luo, 1992; Colleau, 2002; Sargolzaei et al., 2005). Tuttavia, se il numero di genitori sconosciuti è considerevole, i coefficienti di consanguineità potrebbero essere gravemente sottostimati (Boichard et al., 1997; Lutaaya et al., 1999). Nel corso degli anni sono stati proposti diversi indicatori per riconoscere la diversità genetica delle popolazioni anche in presenza di alberi genealogici incompleti. Lacy (1989) introdusse il concetto di “fondatori equivalenti” come il numero di fondatori con uguale contributo (ad esempio gli antenati con genitori sconosciuti) che ci si aspetta producano la stessa diversità genetica della reale popolazione oggetto di studio. Boichard et al. (1997) proposero di tener conto dei potenziali colli di bottiglia negli alberi genealogici considerando il “numero effettivo di antenati” necessario per spiegare la completa diversità genetica della popolazione. La valutazione della dimensione effettiva di popolazione (N_e) (Wright, 1931) ha permesso di stimare la dimensione di una “popolazione ideale” (cioè, in equilibrio Hardy-Weinberg) che subisca gli effetti della consanguineità o della deriva genetica allo stesso grado della popolazione reale. Inoltre, il “coefficiente di parentela media” individuale definito come due volte la probabilità che due alleli casuali, uno derivato dall'animale l'altro dalla popolazione, siano identici per discendenza (Dunner, 1998), ha permesso di rilevare situazioni di accoppiamento non casuale all'interno delle sottopopolazioni ed di determinare l'influenza di ciascun fondatore nella popolazione.

Il problema delle genealogie incomplete può essere risolto attribuendo agli individui con ascendenti ignoti il livello di consanguineità medio presente nei coetanei della stessa popolazione, come proposto da Van Raden (1992). L'algoritmo di Van Raden

è stato successivamente sviluppato da Wiggans et al. (1995), mentre Croquet et al. (2006), Aguilar e Misztal (2008) hanno implementato l'approccio per l'attribuzione della consanguineità di Van Raden su algoritmi differenti. Gli algoritmi che considerano gli alberi genealogici incompleti ("Incomplete Pedigree Algorithms", o IPA) si sono dimostrati molto utili nella conservazione della diversità genetica e nella gestione di piccole popolazioni autoctone, spesso caratterizzate da una dimensione ridotta e quindi da un alto livello di consanguineità, così come da una mancanza di informazioni genealogiche complete (De Rochambeau et al., 2002). Usando algoritmi IPA piuttosto che RA Lutaaya et al. (1999) e Stachowicz et al. (2011) hanno ottenuto livelli di consanguineità più alti, nonché valori più vicini alla reale consanguineità della popolazione. Tuttavia, Lutaaya et al. (1999) e Cassell et al. (2003a) hanno notato che anche usando algoritmi IPA potrebbe esserci ancora una sottostima del reale livello di consanguineità in funzione della completezza dell'albero genealogico (MacCluer et al., 1983) e della distribuzione di linee con genealogia incompleta nel corso degli anni.

Nel corso degli anni sono stati proposti diversi indicatori per riconoscere la diversità genetica delle popolazioni anche in presenza di alberi genealogici incompleti. Lacy (1989) ha introdotto il concetto di "fondatori equivalenti" come il numero di fondatori ("founders"; antenati con genitori sconosciuti) con uguale contributo genetico che ci si aspetta producano la stessa diversità genetica della reale popolazione oggetto di studio. Boichard et al. (1997) proposero di tener conto dei potenziali colli di bottiglia negli alberi genealogici considerando il "numero effettivo di antenati" ("ancestors") necessario per spiegare la completa diversità genetica della popolazione. La valutazione della dimensione effettiva di popolazione (N_e) (Wright, 1931) ha permesso di stimare la dimensione di una "popolazione ideale" (cioè, in equilibrio Hardy-Weinberg) che subisca gli effetti della consanguineità o della deriva genetica allo stesso livello della popolazione reale. Un ulteriore indicatore, il "coefficiente di parentela media" individuale, definito come il doppio della probabilità che due alleli casuali, uno derivato dall'animale l'altro dalla popolazione, siano identici per discendenza (Dunner, 1998), ha permesso inoltre di rilevare situazioni di accoppiamento non casuale all'interno delle sottopopolazioni ed di determinare l'influenza di ciascun fondatore nella popolazione, risultando quindi un buon indicatore di consanguineità dell'intera popolazione (Gutierrez e Goyache, 2005). Le recenti tecnologie di biologia molecolare hanno permesso infine di affiancare agli

studi di pedigree misure di diversità genetica fornite dall'analisi di marcatori molecolari (Caballero e Toro, 2002), che consentono di quantificare la variabilità genetica di una popolazione e di esprimerla attraverso indicatori quali le statistiche F di Wright (1931), l'“Allelic richness” (Petit et al, 1998), la “Private allelic richness” (Kalinowski, 2004) e il “Polymorphism information content” (PIC; Botstein et al., 1980). Analiticamente più onerosi, gli approcci molecolari si dimostrano particolarmente efficaci in popolazioni in cui la genealogia non è nota o è stata rilevata in maniera estremamente parziale. Ai fini di caratterizzare in maniera appropriata la struttura genetica di una popolazione l'approccio migliore risulta probabilmente considerare simultaneamente più indicatori di diversità, dal livello di consanguineità e parentela media, alla numerosità effettiva della popolazione e dei suoi ascendenti, alle informazioni molecolari (de Rochambeau et al., 2000).

3.3 STATO DELL'ARTE SULLO STUDIO DELLA DIVERSITA' GENETICA NELLE RAZZE BOVINE AUTOCTONE ITALIANE

La sopravvivenza nel tempo di una popolazione dipende dal mantenimento di una sufficiente variabilità genetica per la fitness individuale e per l'adattamento della popolazione stessa (Bozzi *et al.*, 2006). La diversità genetica delle razze autoctone italiane è stata studiata mediante analisi di pedigree, caratterizzazione molecolare, o utilizzando entrambi gli approcci. La prima esperienza sull'analisi dei pedigree risale allo studio condotto da Bozzi *et al.*, (2003) nelle razze italiane da carne Chianina, Marchigiana, Romagnola e Maremmana, ripreso ed integrato da Bozzi et al. (2006) che sulle stesse razze hanno stimato la numerosità effettiva di popolazione (N_e). Sempre in ambito di razze da carne, Moioli *et al.*, (2004) hanno studiato la variabilità nelle razze Piemontese, Maremmana e Podolica, evidenziandone anche la distanza genetica, che riflette le differenti origini filogenetiche. Un approccio molecolare è stato utilizzato per lo studio delle razze autoctone dell'arco alpino Burlina, Grigio Alpina, Pezzata Rossa d'Oropa, Rendena, Valdostana Castana, Valdostana Pezzata Nera e Valdostana Pezzata Rossa (Del Bo et al., 2001), per le quale sono stati rilevati i principali parametri di diversità genetica e sono state calcolate le distanze genetiche tra le razze. La razza Burlina è stata inoltre analizzata sia mediante analisi di pedigree (Battagin et al., 2010) che tramite l'utilizzo di marcatori molecolari (Dalvit et al., 2008), valutando anche le relazioni con le razze cosmopolite del nord-est Italia. Oltre a Burlina e a Pezzata Rossa d'Oropa (Del Bo et al., 2001), le razze di Registro

Anagrafico oggetto di studi di diversità genetica sono l'Agelorese (Sartore et al., 2005), la Calvana (Ciampolini et al., 2007), la Cinisara (Pintus, 2012), la Garfagnina (Ciampolini et al., 2007), la Modicana (Pintus, 2012), la Pontremolese (Ciampolini et al., 2007), la Pustertaler, (Edwards et al., 2000), e la Sardo-Modicana (Pintus, 2012), sottoposte ad analisi di marcatori. Un'analisi di pedigree, oltre che in Burlina, è stata condotta solo sulla Mucca Pisana (Perez Torrecillas et al., 2002). Questo, nonostante i dati di registro anagrafico siano una preziosa fonte di informazioni sulla storia e sulla struttura di una popolazione, importanti in realtà locali in cui i problemi di consanguineità ed erosione delle risorse genetiche sono particolarmente accentuati.

3.4 OBIETTIVI DEL LAVORO

Lo scopo del presente lavoro è quello di indagare la variabilità genetica delle razze bovine autoctone iscritte a Registro Anagrafico (R.A.B.; Figura 13). Lo studio, riguardante sedici razze bovine italiane ha come scopo: **i)** studiare la diversità genetica di popolazione attraverso la valutazione di indicatori come il numero effettivo di fondatori e di antenati, la dimensione effettiva della popolazione e la parentela media dei singoli individui **ii)** analizzare l'andamento dell'inbreeding di ciascuna razza utilizzando una suddivisione in classi predefinite di largo utilizzo in letteratura e **iii)** confrontare stime di consanguineità in termini di valori assoluti e trends così da tener conto della completezza dell'albero genealogico, per meglio comprendere quali sono i modi migliori per valutare la consanguineità e la diversità genetica entro popolazione.



Figura 13: Distribuzione delle razze autoctone sul territorio nazionale.

3.5 MATERIALI E METODI

3.5.1 LE RAZZE OGGETTO DI STUDIO

- AGEROLESE

La razza Agerolese è originaria della zona dei monti Lattari e della Penisola Sorrentina, ed il primo nucleo di allevamento risalirebbe addirittura alla deportazione dei Piceni ribelli verso l'*Agro Picentino* ad opera dei Romani nel III sec. a.C.

La popolazione locale si è certamente molto modificata da allora ed ha subito successivi meticciamenti con le più diverse razze (Podolica, Bretone, Bruna Alpina, Jersey, Pezzata Nera). Da questa storia e da questi incroci è stata fissata la razza che dal 1952 prende il nome di Agerolese (Bigi., 2005).

Si tratta di una razza di taglia media, resa unica da secoli di selezione in un ambiente avverso, privo di pascoli, e per lo più tenuta in ricoveri di fortuna. Questi fattori hanno permesso alla razza di acquisire doti di rusticità e resistenza tali da sopperire alla scarsa disponibilità alimentare, producendo una discreta quantità di latte dalle eccellenti qualità organolettiche (Ciotola et al., 2005).

Razza a duplice attitudine oggi viene utilizzata quasi esclusivamente per la produzione del latte il cui impiego è rivolto alla caseificazione ed in particolare alla produzione del formaggio “Provolone del Monaco D.O.P”, caciocavallo, burro e fiordilatte.

- **BURLINA**

L’etimologia del nome risulta incerta, alcuni ritengono che provenga dal Cimbrico con significato di “corpulenta”, altri invece che abbia origine dialettale, e sia perciò definita vacca della “burla” ossia vacca che muggisce con veemenza. Conosciuta con diversi nomi sia in funzione dell’area di allevamento (Pezzata degli Altipiani, Bassanese) sia delle caratteristiche di razza (Boccarda, Balzana, Sboccalona, Vacca della Sengiarola) ha un’origine piuttosto dubbia: si ipotizza derivi dalla razza Friburghese (Svizzera) ma l’ipotesi più plausibile è che derivi dalle razze del Nord Europa (Olanda, Danimarca, Frisia Orientale), molto simili per conformazione morfologica. Un’altra ipotesi oggetto di studio è che essa possa avere origine Asiatica ed essere giunta in Veneto intorno al XVII secolo.

Razza ad attitudine produttiva latte e di taglia medio-piccola, viene allevata in stabulazione fissa durante il periodo invernale ed in alpeggio durante l’estate (Cozzi et al., 2001). Riveste particolare importanza per la produzione di prodotti tipici quali il formaggio Morlacco (Veneto Agricoltura., 2007).

- **CABANNINA**

Originaria della Val d’Aveto in provincia di Genova è una razza particolarmente rustica di massa ridotta che si adatta al pascolo in condizioni climatiche difficili caratterizzati da ambienti impervi, ricchi di arbusti e con scarsa disponibilità foraggera. Per queste sue caratteristiche viene allevata allo stato brado- semibrado con una ridotta integrazione alimentare nel solo periodo invernale.

La razza sembra derivare da una popolazione meticcia (iberico-podolica) incrociata con tori di razza Bruna Alpina importati allo scopo di migliorare la produzione del bestiame locale (C.N.R., 1983).

Il latte prodotto, di ottima qualità e con caratteristiche organolettiche riconducibili alle risorse foraggere delle aree di allevamento, viene impiegato per la produzione del formaggio di razza Cabannina (U Cabanin) considerato “prodotto di nicchia” rappresentativo della Liguria.

- **CALVANA**

Razza autoctona toscana originaria dei Monti della Calvana (Prato) è strettamente imparentata con la razza Chianina dalla quale sostanzialmente si differenzia per la mole inferiore che la rende più adatta alle zone montane.

Testimonianze storiche riconducono le somiglianze tra la Calvana e la Chianina all'incrocio di tori Chianini con bovini locali di ceppo Podolico, allo scopo di produrre individui con caratteri di robustezza e attitudine al lavoro. Considerata sin dalle sue origini a duplice attitudine carne/lavoro, in passato è stata impiegata per il lavoro, mentre oggi è allevata principalmente per la produzione della carne, presentando rese al macello dell'ordine del 65% (Moretti., 2001).

Tradizionalmente allevata con sistema semi-brado in aziende medio-piccole di montagna, attualmente trova diffusione anche in allevamenti medio-grandi di alta collina.

- **CINISARA**

Popolazione bovina sviluppatasi nell'ambiente specifico dell'area montana costiera nord-occidentale della provincia di Palermo, la razza Cinisara prende il nome da uno dei comuni storici per la produzione del formaggio Palermitano: Cinisi. Alcuni allevamenti sono presenti anche nelle province di Trapani, Messina ed Enna.

Pur avendo origine incerta, le caratteristiche del mantello risultano compatibili con quelle di soggetti di origine spagnola simili alla razza *Berrenda negra* introdotti con la dominazione spagnola (Marchi et al., 1925). A partire dal 1860 furono inoltre introdotti numerosi bovini Podolici dalle Calabrie (come testimoniano anche recenti studi di genetica molecolare) per far fronte ad una vasta epizoozia che aveva ridotto drasticamente il numero di capi allevati.

Razza di taglia medio-piccola dotata di buona rusticità ed ottima pascolatrice; a duplice attitudine produttiva, con prevalenza per quella lattifera, rinomata per la produzione del tradizionale formaggio Palermitano.

- **GARFAGNINA**

Razza di taglia media a duplice attitudine produttiva con prevalenza per il latte è originaria dell'area della Garfagnana (provincia di Lucca) anche se, storicamente, era diffusa nelle province di Reggio Emilia e Modena con denominazioni diverse (Nostrana, Grigia dell'Appennino Reggiano, Modenese di Monte). Diretta discendente della Podolica primitiva, nei primi anni del '900 è stata sostituita gradualmente con tori e torelli di altre razze (Bruna Alpina, Frisona e Reggiana) ritenuti più adatti a migliorare le produzioni lattifere (Marchi et al., 1925). Allevata principalmente allo stato semibrado è dotata di una buona attitudine al pascolo che le consente nel periodo estivo di essere condotta in alpeggio dove rimane fino agli inizi di ottobre. La produzione di carne è apprezzabile soprattutto nei vitelli macellati precocemente, per il colore chiaro e l'eccellente sapore.

- **MODENESE**

Denominata nel XIX secolo "Modenese di pianura" o "Carpigiana", essendo Carpi il suo principale centro di allevamento, la razza venne ufficialmente denominata "Modenese" nell'Inchiesta Agraria del 1880.

La Modenese si originò da incroci e da successivi meticcamenti avvenuti in tempi piuttosto remoti, e le influenze podoliche e le sfumature rossastre del mantello si conservarono a lungo. Solo verso la fine del 1800 gli allevatori optarono per la selezione del mantello bianco che, secondo gli zootecnici di allora, meglio predisponesse alla triplice attitudine (Reggiani., 1914).

La Modenese (conosciuta anche come Bianca Val Padana) è una razza a duplice attitudine allevata sia stabulata che allo stato semibrado, in montagna come in pianura. In particolare il latte viene impiegato per la produzione del Parmigiano Reggiano "di Bianca" mentre le carni sono di ottima qualità, saporite e ben mazzate di grasso.

- **MODICANA**

La sua zona di origine è l'ex Contea di Modica e, pur essendo la razza locale più diffusa in Sicilia, negli ultimi anni ha visto contrarre il numero di capi allevati.

I dubbi sulle sue origini sono ancora irrisolti; alcuni studiosi ritengono che derivi dal ceppo iberico, mentre altri che provenga dall'Europa Continentale. In passato era distinta in tre diverse varietà: Modicana propriamente detta allevata principalmente

nelle province di Ragusa e Siracusa, Mezzalina diffusa nelle zone collinari e Montanina o Bufalina tipica degli ambienti montani più difficili (Marchi., 1925; Bigi et al., 2008). Razza rustica e particolarmente adatta alle zone caratterizzate da estati calde ed aride, si alimenta prevalentemente al pascolo con foraggi scarsi e grossolani. Considerata originariamente tra le migliori razze a triplice attitudine, ad oggi fornisce latte destinato alla produzione dei più pregiati formaggi siciliani quali il ragusano, il palermitano, il canestrato e le provole. Si tratta di una razza di taglia media che riveste particolare interesse per la sua capacità di mantenere significative produzioni di latte anche negli ambienti più difficili del territorio siciliano.

- **MUCCA PISANA**

Originaria della bassa Valle del Serchio in provincia di Pisa la Mucca Pisana o “Mucco” deriva da una serie di incroci, avvenuti anche recentemente, che nel tempo ne hanno modificato le caratteristiche morfologiche e le attitudini produttive. Le prime testimonianze risalgono agli inizi del 1800 e l'ipotesi più probabile è che derivi dagli incroci tra Bruna Alpina svizzera (Svitto, Schwyz) e popolazioni locali di Chianina di pianura (animali dalla grande mole adatti al lavoro ed alla produzione di carne) anche se altre correnti di pensiero la associano all'introduzione della razza Luganese a mantello nero. Negli anni si sono susseguiti incroci con altre razze come ad esempio con la Frisona Olandese allo scopo di migliorare l'attitudine lattiera (C.N.R., 1983; Bigi et al., 2008). Oggi tuttavia risulta particolarmente evidente l'incrocio con tori chianini, vista la residua attitudine della razza alla produzione della carne. Allevata principalmente a stabulazione fissa, si presta per la sua grande adattabilità e rusticità anche all'allevamento semibrado. Le carni risultano particolarmente apprezzate viste la grana fine, le limitate infiltrazioni di grasso, il ridotto contenuto di grassi e il buon tenore in ferro.

- **PEZZATA ROSSA D'OROPA**

Allevata originariamente nelle valli del biellese ha successivamente “colonizzato” gli areali adiacenti (Valsezia) sfruttando le ottime doti di rusticità e frugalità che la rendono ottima pascolo latrice (Lucchesi et al., 2008) Le opinioni sulle sue origini sono ancora discordanti, tuttavia alcuni Autori la ritengono discendente dalla Valdostana Pezzata Rossa, dalla quale si sarebbe poi distinta in seguito ad incroci con tori

Simmenthal avvenuti all'inizio del secolo e, più recentemente, agli inizi degli anni '60. Tuttavia studi più recenti evidenziano caratteri genetici più vicini all'antica Pezzata Rossa Friulana piuttosto che alla Pezzata Rossa Valdostana. Altri Autori la ritengono una derivazione diretta dalla Simmenthal oppure da incroci delle razze Piemontese e Valdostana, con evidenze deducibili da caratteri morfologici e da alcune varianti del mantello. Razza a duplice attitudine, è allevata in alpeggio durante l'estate e riveste grande importanza per la produzione del formaggio "Toma Biellese" (Battaglini et al., 2005). La produzione di carne non è affatto trascurabile e meriterebbe una maggiore valorizzazione.

- **PONTREMOLESE**

Le origini di questa razza risultano piuttosto incerte; alcuni autori dell'800 la considerano derivata dalla razza Parmigiana, varietà della razza Reggiana allevata in collina in cui erano evidenti i caratteri delle razze Alpina e Giurassica. Molti studiosi invece tendono a ricondurre le sue origini ad una popolazione di tipo Iberico (riconducibile alla moderna razza Asturiana) dalla quale sarebbero derivati altri gruppi etnici dell'Emilia Romagna affini alla Pontremolese quali il Bardigiano della Valle del Ceno, il Valtarese dell'Alta Valle di Taro, il Cornigliese dell'Alta Valle del Parma, l'Ottoneese ed il Tortonese (Giulioti et al., 2002).

Originaria delle province di Massa Carrara, La Spezia e Parma, in passato era allevata anche nelle province di Pavia e Piacenza dove era conosciuta con il nome di "Bettolese". Impiegata principalmente per il lavoro viste le ottime doti di robustezza e rusticità (trasporto dei marmi da Carrara al porto) e per la produzione di latte, ha visto contrarre la propria consistenza sia per la diffusione delle macchine, sia per la competizione della più produttiva Bruna Alpina (Zanon., 2005).

- **PUSTERTALER SPRINZEN**

Razza molto apprezzata dai "malgari" (allevatori che accompagnano le vacche in alpeggio e producono formaggio nelle malghe) per le sue ottime capacità pascolative riconducibili ad una spiccata rusticità, ebbe origine in Val Pusteria (Valli di Tures), Val Badia e bassa Val Isarco (l'attuale provincia di Bolzano) nel lontano 1700 probabilmente dall'incrocio della razza Pinzgau con bovini locali pezzati neri e rossi. Tuttavia molti studiosi attribuiscono le sue origini all'incrocio di una razza alpina di

origine celtica con mantello rosso con un'altra razza grigia delle steppe incrociata a sua volta con razze locali (Bigi et al., 2008). Di sicuro le sue caratteristiche morfologiche e produttive vennero fissate nei secoli successivi (1800-1900) rendendola addirittura una delle razze più importanti durante la seconda guerra mondiale per la sua duplice attitudine produttiva.

Recenti studi genetici hanno confermato la similitudine di questa razza con la popolazione piemontese della Val di Susa denominata "Barà", tanto da giustificare l'unificazione delle due popolazioni altoatesina e piemontese nel registro Anagrafico dei bovini autoctoni (Battaglini et al 2005). Si distingue sia per la produzione di latte (impiegato per produzioni tipiche come la Toma) sia per la qualità delle carni dotate di buona infiltrazione di grasso di marezzatura.

- **SARDA**

La razza Sarda, fino alla metà dello scorso secolo, era costituita da una popolazione con caratteristiche morfologiche, riproduttive e produttive di estrema variabilità dovute alla presenza di 2-3 subpopolazioni (di pianura e di montagna) che, pur essendo geneticamente simili, presentavano caratteristiche fenotipiche ben distinte riconducibili alle diverse condizioni ambientali delle aree di allevamento (L'allevatore Sardo, 2003).

Diretta discendente del ceppo Iberico, fu dalle origini a prevalente attitudine latte, consolidata a partire dal 1880 mediante rinsanguamento con la razza Bruna Alpina. Con il mutare delle condizioni economiche e l'enorme specializzazione delle moderne razze da latte, oggi l'attitudine residua della razza Sarda è la produzione della carne, peraltro di ottima qualità (Annali Univ. Sassari, 1983). Razza autoctona e di taglia piccola, grazie alle ottime doti di rusticità e frugalità, ha mantenuto nelle aree più sfavorevoli le proprie caratteristiche originali. Ad oggi è presente sull'isola con popolazioni frammentate che assumono denominazioni diverse (Istringata, Pettiatza, Bertigazza, Sorgolina, Planaria o Montagnola) sulla base del colore del mantello e della statura

- **SARDO BRUNA**

Le sue origini sono da ricondurre all'incrocio e al successivo meticciamento delle popolazioni autoctone della Sardegna centro-settentrionale (buone produttrici di latte) con tori di razza Bruna Alpina a partire dal XIX secolo (C.N.R., 1983). Per cercare di migliorare l'attitudine al lavoro si tentarono anche incroci con altre razze (Marchigiana, Chianina, Maremmana, Romagnola, Piemontese, Simmenthal e Shorthorn) senza però ottenere risultati utili. Le buone doti di rusticità e produttività consentirono la diffusione di questa razza in zone particolarmente svantaggiate quali l'Africa settentrionale, la Corsica e la Maremma (Bigi et al., 2008).

Attualmente la razza Sardo-Bruna risulta di taglia media ed è relegata nelle aree collinari e montane dove tende a divenire un'attività sempre più complementare all'allevamento ovino.

- **SARDO MODICANA**

La razza Sardo Modicana deriva dall'incrocio fra tori di razza Modicana, la cui importazione dalla Sicilia ebbe inizio sul finire del 1800, e le vacche Sarde della Sardegna Centro-Meridionale allo scopo di migliorare l'attitudine al lavoro di queste ultime. Questi incroci si protrassero fino al 1950, trasformando la razza Sarda già allevata in pianura e sulle montagne dell'area Sud - Occidentale in una nuova popolazione, molto simile per caratteristiche alla razza Modicana, chiamata Sardo-Modicana (Annali Univ. Sassari, 1983). La meccanizzazione agricola ha determinato una rapida contrazione numerica della razza ed ha fatto sì che le vacche Sardo-Modicane subissero una conversione verso la produzione della carne, con conseguente riduzione della taglia e l'aumento dei diametri trasversi. Nonostante ciò la razza, insieme alle Sardo-Bruna, garantisce una discreta produzione di latte destinato al consumo alimentare o alla caseificazione ("Casizolu", "Fresa", "Trizza").

- **VARZESE - OTTONESE - TORTONESE.**

La razza è originaria delle zone appenniniche al confine tra le regioni Lombardia, Emilia Romagna, Toscana, Liguria e Piemonte e di conseguenza assume denominazioni locali diverse quali rispettivamente Varzese (a Pavia), Ottonese (a Piacenza), Pontremolese (in Toscana), Cabellotta o Rossa Montanina (a Genova) e Tortonese (ad Alessandria). Le origini della razza sono incerte anche se la tesi più

accreditata è che essa derivi dal ceppo Iberico a mantello fromentino, mentre altri zootecnici ritengono addirittura che essa rappresenti una varietà della Piemontese (Bigi et al., 2008). Altre testimonianze confermano l'intenso incrocio avvenuto in passato con la razza Reggiana .

Allevata principalmente in montagna, viste le sue buone capacità di adattamento e di utilizzazione dei foraggi di scarsa qualità, riveste particolare importanza economica per la sua duplice attitudine produttiva latte e carne. In particolare il latte viene utilizzato per la produzione di formaggi tipici locali quali il Monteborè, la "Formaggella di Menconico" e il "Nisso".

Nella Tabella 31 sono riportate le consistenze per singola razza e categoria calcolate al 31 dicembre 2011. Da essa si evidenzia una situazione estremamente eterogenea, caratterizzata da razze a forte rischio di estinzione (ad esempio la Pontremolese) ed altre a maggiore numerosità come la Sarda, la Sardo Bruna e la Modicana. Per queste razze nel corso degli ultimi anni si è assistito ad un forte incremento del numero di soggetti iscritti in seguito all'istituzione dei premi comunitari PAC o PSR Regionali mentre un discorso a parte merita la razza Modicana che ha goduto di un Libro Genealogico Regionale fino al 2008 per poi essere ammessa al Registro Anagrafico.

L'immagine seguente (Figura 14) illustra tutte le razze ammesse al Registro Anagrafico delle razze bovine autoctone a limitata diffusione (D.M. del 13.01.2009 n.770).

RAZZE	PROVINCE DI ALLEVAMENTO	TOTALE	CATEGORIA			
			VACCHE	MANZE, VITELLE	TORI, VITELLI	ANNO DI ISCRIZIONE
			N.	N.	N.	
Agerolese	NA,AQ	388	234	145	9	1985
Burlina	TV, VI, RO, PR, AQ, PD	700	366	329	5	1985
Cabannina	PV, PR,AQ, GE,VA,MS	272	186	79	7	1985
Calvana	SI, PT, FI, LU	418	297	96	25	1985
Cinisara	EN, ME,PA,TP,AG	5.274	3.592	1.313	369	1985
Garfagnina	LU, AR, AQ, PV	154	101	46	7	1985
Modenese	MO, RE, MN, PR, BS, PV	1.092	506	570	16	1985
Modicana	EN, ME,PA,TP,AG	4.891	3.578	1.216	97	1985
Mucca Pisana	PI,SI	486	245	2.333	8	1985
Pezzata Rossa Oropa	BI, VC, TO,GE, CN, PV	5.804	3.867	1.882	55	1985
Pontremolese	LU,AQ	47	22	21	4	1985
Pustertaler	BZ, CN, TO,UD,VC,PV	503	2.827	2.086	117	1985
Sarda	CA,NU,SS,OR	16.018	13.375	2.119	524	1985
Sardo Bruna	CA,NU,OR,SS	22.111	1.852	3.212	379	1996
Sardo Modicana	CA,NU,OR,SS	301	1.916	1.027	67	1991
Varzese	AL,MI,PV,GE,PC	233	103	118	12	1985
TOTALE		65.928	49.735	14.492	1.701	

Tabella 31: Consistenze delle razze bovine autoctone iscritte al Registro Anagrafico al 31.12.2011

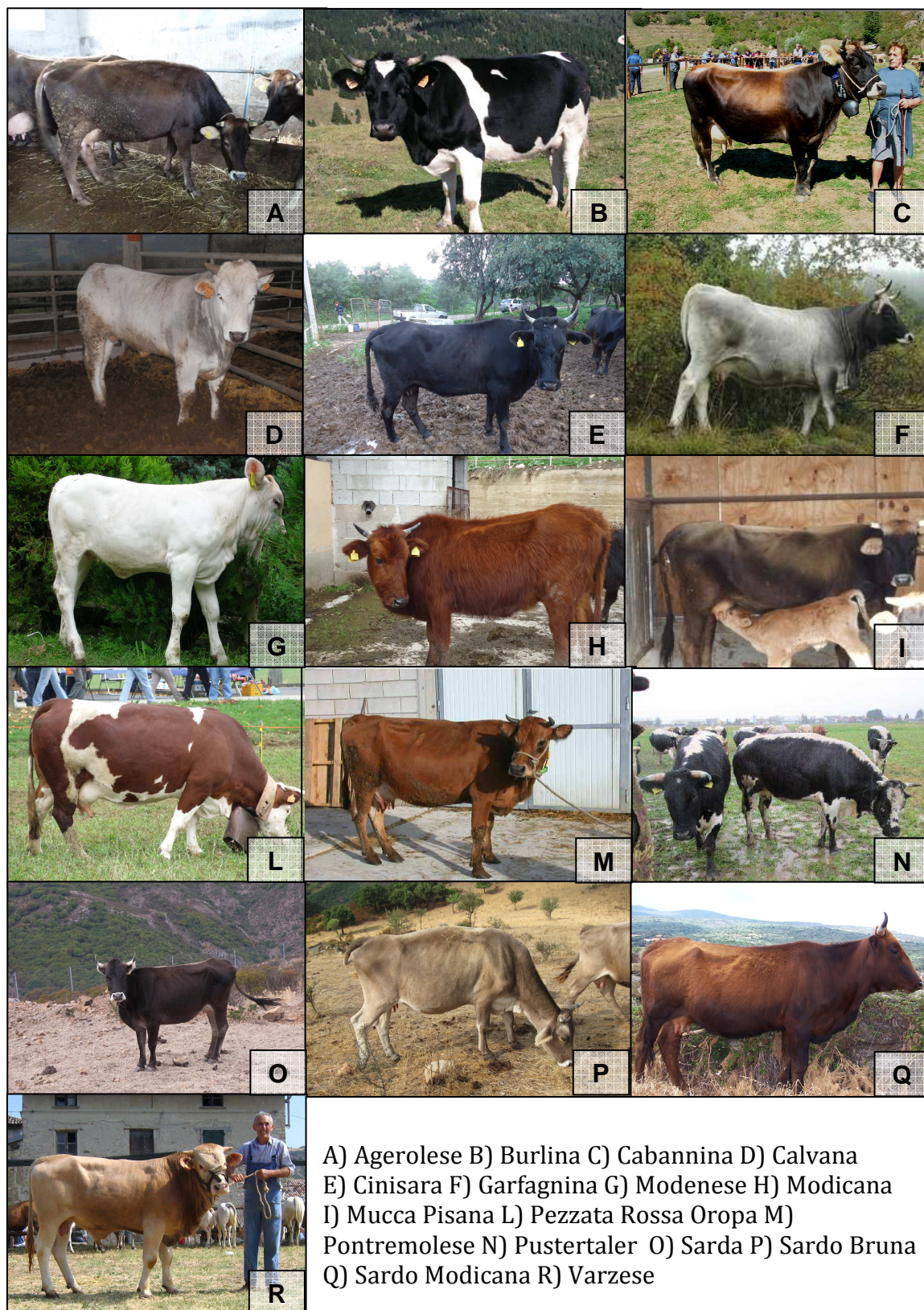


Figura 14: Esempi di razze bovine autoctone iscritte al Registro Anagrafico

3.5.2 RACCOLTA E PREPARAZIONE DEI DATI

Il dataset grezzo su cui si è lavorato era costituito da 287.080 anagrafiche rilevate nell'ambito dei controlli funzionali svolti dai controllori zootecnici delle Associazioni Provinciali Allevatori ed estratte dalla banca dati Siall dell'Associazione Italiana Allevatori. Si è provveduto inizialmente ad una analisi dei dati disponibili al fine di eliminare dati errati e incongruenti. In particolare si è provveduto ad eliminare dal dataset i soggetti meticci mentre sono stati considerati nell'analisi oltre ai soggetti iscritti al registro anche quelli in attesa di iscrizione per la mancanza parziale o completa delle informazioni genealogiche.

Da tale operazione di editing si è giunti ad un file finale utilizzato per l'analisi costituito da 259.419 record distinto per razza nella seguente Tabella 32:

RAZZA	DATA SET INIZIALE	DATA SET FINALE
Modenese	4.899	5.287
Modicana	48.284	55.192
Pezzata Rossa Oropa	27.549	28.502
Calvana	1.736	1.824
Burlina	2.640	2.927
Garfagnina	1.190	1.319
Pontremolese	183	211
Sarda	69.528	70.883
Cabannina	2.328	2.444
Agerolese	993	1.070
Pisana	2.324	2.411
Varzese	677	738
Sardo Modicana	20.908	21.249
Sardo Bruna	30.919	32.599
Pustertaler-Sprinzen	11.274	11.700
Cinisara	19.797	21.063
TOTALE	245.229	259.419

Tabella 32: Dataset per l'analisi distinto per razza

Dall'analisi di tale tabella emerge, per alcune razze, un data set iniziale inferiore a quello finale. Ciò è da ricondurre al fatto che ai soggetti più vecchi, nati al momento dell'istituzione del registro anagrafico, erano spesso attribuiti genitori non risultanti in anagrafica pur essendo appartenenti alla razza considerata. Per tali soggetti si è

provveduto a ricostruire la data di nascita, sottraendo alla data di nascita del figlio più vecchio settecento trenta giorni (due anni), e il sesso. Di conseguenza al dataset dei soggetti con le anagrafiche complete sono stati aggiunti i soggetti “recuperati” con il risultato che il data set finale è risultato essere più grande di quello iniziale.

Inoltre, in considerazione della stagionalità riproduttiva che contraddistingue alcune razze, si è provveduto a trasformare l’anno di nascita in “annata di nascita” considerando le nascite avvenute fino a giugno come annata uguale all’anno di nascita e le nascite successive come avvenute nell’annata pari all’anno di nascita aumentato di uno.

3.5.3 ANALISI DEI PEDIGREE

La struttura delle singole razze è stata studiata utilizzando il software Endog (Gutiérrez & Goyache, 2005) sviluppato per l’analisi di piccole popolazioni e, calcolando, tra gli altri i seguenti parametri:

- **Reference Population:** definisce il numero di animali presenti nel pedigree con entrambi i genitori conosciuti (Gutierrez & Goyache, 2005).
- **Pedigree completeness:** rappresenta la quantità di informazione conosciuta presente in un pedigree. Nel presente studio questo parametro è stato espresso come rapporto tra la dimensione della *Reference Population* e il totale del pedigree (Gutierrez et al., 2003). Un ulteriore indicatore di completezza del pedigree è rappresentato dal numero di generazioni equivalenti.
- **Number of Equivalent Generations (numero di generazioni equivalenti):** fornisce un’indicazione sul numero medio di generazioni che separano un individuo dai propri antenati (Boichard et al., 1996), calcolato come somma di tutte le $(1/2)^n$ vie che possono essere tracciate lungo l’albero genealogico considerando tutti i genitori noti (Goyache, 2003)
- **Number of Founders:** rappresenta il numero di individui nel pedigree con entrambi i genitori sconosciuti (Lacy, 1996).
- **Effective Number of Founders (f_e):** definisce il numero di fondatori che hanno contribuito equamente a determinare la diversità genetica attuale della

razza oggetto di studio (Lacy, 1996). Considerando il contributo genetico atteso p di un fondatore j , f_e può essere espresso come:

$$f_e = 1 / \sum_{k=1}^j p_j^2$$

- **Effective Number of Ancestors (f_a):** descrive il numero minimo di antenati, non necessariamente fondatori (e quindi non necessariamente con entrambi i genitori sconosciuti) che spiegano completamente la diversità genetica della razza (Boichard et al., 1997). Dato il contributo marginale q di un antenato i , fa risulta:

$$f_a = 1 / \sum_{k=1}^f q_k^2$$

- **Founders/Ancestors Ratio:** l'incidenza dei potenziali colli di bottiglia avvenuti nella popolazione nel corso del tempo, indicati da un numero effettivo di antenati inferiore a quello dei fondatori (Boichard et al., 1997), può essere espressa dal rapporto tra il numero effettivo di antenati e quello dei fondatori (Pedrosa et al., 2010). Minore è il rapporto, maggiori sono i potenziali eventi di deriva genetica avvenuti nella popolazione.
- **Average Relatedness:** indica la parentela media di un individuo con il resto dei soggetti appartenenti alla stessa razza (Dunner et al., 1998). Questo parametro può essere visto come la rappresentazione di un individuo nell'intero pedigree (Gutierrez & Goyache, 2005).

3.5.4 CALCOLO DELL'INBREEDING

Un livello di consanguineità (*inbreeding*) individuale e di popolazione è stato calcolato per tutte le sedici razze oggetto di interesse sia mediante un algoritmo di tipo tradizionale ("Regular inbreeding algorithms" o RA), che tramite un algoritmo in grado di considerare nella stima la presenza di genealogie incomplete ("Incomplete Pedigree Algorithms", o IPA). Si è quindi scelto di utilizzare il software ENDOG per il calcolo dell'inbreeding mediante il metodo di Meuwissen e Luo (1992), che avvalendosi di un algoritmo di tipo tradizionale, consente di stimare valori di inbreeding individuali attribuendo ai soggetti a genealogia ignota un valore di consanguineità pari a 0. I valori di inbreeding calcolati sono stati quindi ripartiti in sei classi di ampiezza 6.25, come di seguito riportato:

Classe 1	Classe 2	Classe 3	Classe 4	Classe 5	Classe 6
0	0-6.25	6.25-12.50	12.50-18.75	18.75-25.00	>25.00

I valori di inbreeding così definiti sono stati inoltre confrontati con le corrispondenti stime calcolate mediante l'algoritmo di Misztal & Aguilar (2008) utilizzato dal software INBUPGF90 e sviluppato in funzione dell'algoritmo di Van Raden (1992). Tale approccio, che utilizza un "Incomplete Pedigree Algorithm", permette, a differenza del metodo di Meuwissen e Luo (1992), di considerare i soggetti con genealogia ignota (e con data di nascita conosciuta), attribuendo ad essi il valore di consanguineità medio dei soggetti nati nell'anno e rendendo perciò le stime più attendibili.

Le suddette stime sono state riportate su un unico grafico distinto per razza nel quale sono inoltre evidenziate i valori di average relatedness (AR) e la completezza dei pedigree.

3.6 RISULTATI

3.6.1 DATI DEMOGRAFICI E CONSISTENZA DEI PEDIGREE

La tabella 31, già presentata nei "Materiali e Metodi", riporta le consistenze attuali di popolazione per le 16 razze italiane attualmente iscritte al Registro Anagrafico. Il numero complessivo di bovini presenti nel R.A.B. al 31 dicembre 2011, è pari a 65.928 individui. Le numerosità delle diverse razze, risultano tra loro molto eterogenee, variando dai 47 esemplari (di cui solo 4, fra tori e vitelli) della Pontremolese, agli oltre 22.000 della Sardo Bruna. Delle 16 razze, soltanto 6 (Cinisara, Pezzata Rossa d'Oropa, Pustertaler, e le tre razze sarde) hanno una popolazione attuale superiore ai 5000 capi e sono considerate "non a rischio" sulla base delle indicazioni della FAO (FAO, 1998). All'opposto, 5 razze, tra cui la Pontremolese, hanno una popolazione inferiore alle 1000 unità, e la loro situazione risulta quindi critica. Le restanti 5 razze, di dimensione di popolazione intermedia, sono infine considerate minacciate. L'anno di iscrizione al registro, anch'esso riportato in Tabella 31, coincide con il momento in cui è iniziato il rilievo dei dati di popolazione per tutte le razze eccezion fatta per la Modicana, iscritta fino al 2008 ad un Libro Genealogico Regionale. I dati di registro anagrafico utilizzati nelle analisi di

pedigree sono riportati in tabella 32, già presentata nei “Materiali e Metodi” e comprendente solo gli animali di razza pura appartenenti alle rispettive di popolazioni. Osservando la tabella è possibile constatare come i *pedigree* abbiano una numerosità molto diversa, che varia dai 211 esemplari della Pontremolese agli oltre 70.000 della Sarda, e riflettono nella maggior parte dei casi le consistenze attuali di popolazione riportate nella tabella 31.

3.6.2 REFERENCE POPULATION E PEDIGREE COMPLETENESS

La qualità dell'informazione riportata nel pedigree può essere ricavata a partire dalla dimensione della “*reference population*”, comprendente tutti gli individui con entrambi i genitori noti (Gutierrez e Goyache, 2005) e riportata, assieme ad altri indicatori di diversità genetica, nella tabella 3.3. La dimensione della popolazione di riferimento varia dai 103 e 130 individui di Agerolese e Pontremolese, rispettivamente, ai 30.010 e 33.620 di Modicana e Sarda. Trattandosi del totale di esemplari dotati di pedigree informativo, è stato possibile utilizzare questo parametro come indicatore della completezza del pedigree, qui considerata come percentuale di animali con entrambi i parenti noti sul totale, e quindi come rapporto tra la “*reference population*” e il numero totale di individui presenti nel pedigree. Un approccio simile per il calcolo della completezza del pedigree è stato proposto da Gutierrez et al., (2003) nell'ambito dell'analisi delle razze bovine spagnole da carne, e usato da Stachowicz et al. (2011) per studiare la popolazione di Frisona Canadese. I pedigree delle diverse razze presentano un livello di completezza piuttosto differente, variando dal 10% e 19% di Agerolese e Sardo Bruna, al 94% e 95% di Calvana e Pisana, e presentando un valore medio di $62\pm 24\%$, vicino a quello delle razze Modicana e Varzese (Tabella 33).

3.6.3 NUMBER OF EQUIVALENT GENERATIONS

Analizzando congiuntamente i risultati ottenuti per ciascuna razza studiata (Tabella 33) si osserva che i valori del numero di generazioni equivalenti (“*number of equivalent generations*”, Boichard et al., 1996), misura anch'essa del grado di completezza dei pedigree, risultano estremamente bassi per alcune razze come l'Agerolese ($n.=0,5$), la Sarda ($n.=0,9$) e la Sardo Bruna ($n.=32$), dove le informazioni genealogiche risultano piuttosto limitate. Situazione migliore è quella delle razze

toscane (Calvana, Pisana, Pontremolese e Garfagnina) e della Burlina che hanno pedigree più completi ($n. \text{ medio}=2.28\pm0.63$) e di conseguenza maggiormente attendibili in ottica di predisposizione dei piani di accoppiamento. Pur avendo un pedigree più profondo la razza Modicana presenta un numero di generazioni equivalenti vicino al valore medio calcolato su tutte le razze ($n=1.55\pm0.73$), dovuto ad un livello di completezza del pedigree non elevato e vicino al valore medio delle razze riportato nel precedente paragrafo.

3.6.4 FOUNDERS E ANCESTORS

Il numero di fondatori presente nelle razze oggetto di studio (Tabella 33) risulta estremamente variabile e in linea con la dimensione del pedigree. E' possibile riscontrare un numero di fondatori superiore alle 10.000 unità nelle razze Modicana (10.490) e Sarda (12.646), caratterizzate anche dalle numerosità più elevate di pedigree e popolazione di riferimento, come riportato nei precedenti paragrafi. Analogamente, il numero più esiguo di fondatori si trova nelle razze Agerolese e Pontremolese, con valori pari alle 98 e 41 unità, rispettivamente. E' possibile riscontrare valori di numerosità ancora più esigui osservando il numero minimo di fondatori f_e in grado di spiegare la diversità genetica della popolazione a cui appartengono ("Effective number of founders"; Lacy, 1996). Le razze Agerolese e Pontremolese sono caratterizzate da valori di f_e tra i più bassi ritrovati nelle razze oggetto di studio, e con numerosità, rispettivamente, di 27 e 15 individui. E' interessante osservare valori di f_e altrettanto ridotti in razze, quali la Calvana e la Pisana, che possiedono numerosità più elevate sia in termini di numero totale di fondatori che di dimensione del pedigree. A fronte di 1824 animali nel pedigree (Tabella 32) e 154 fondatori, la razza Calvana possiede una diversità genetica che può essere spiegata da soli 24 individui (Tabella 33). Analogamente, la Mucca Pisana annovera nel proprio dataset 2411 esemplari di cui 150 fondatori e soltanto 17 "fondatori effettivi" della popolazione. Considerando il dato in relazione al numero totale dei fondatori, il valore di f_e risulta estremamente basso (meno del 10% sul totale dei fondatori) in Modicana, Modenese e Sardo Modicana. Nella maggior parte delle razze il numero effettivo dei fondatori si avvicina al numero minimo di individui, fondatori e non, capace di spiegare la variabilità della popolazione ("Effective number of ancestors", o f_a ; Boichard et al., 1997). Il rapporto antenati/fondatori effettivi non è

mai inferiore al 70% (valore minimo nella razza Modicana, $f_a/f_e=0,72$), e supera il 90% nelle razze Agerolese, Calvana, Modenese, Pontremolese e Sarda, per raggiungere il 100%, in cui i due parametri coincidono, in Garfagnina e Pisana.

3.6.5 AVERAGE RELATEDNESS

I valori di imparentamento medio di un individuo con il resto della popolazione, descritti dall'*average relatedness* o AR (Dunner, 1998), sono anch'essi riportati in Tabella 33 e appaiono molto più elevati nelle razze toscane Calvana, Pisana e Pontremolese (AR=5,54%, 7,75% e 6,41%, rispettivamente), che, come già accennato, riportano anche il maggior numero di generazioni equivalenti. Il dato di parentela presenta una certa differenza nelle altre popolazioni analizzate (AR medio= $1.85\pm 2.49\%$), dove la mancanza di genealogie può influenzare l'accuratezza della determinazione della parentela media di un individuo con il resto della popolazione. Valori di AR vicini allo zero, propri di realtà in cui lo scambio di materiale genetico all'interno della popolazione è estremamente ridotto, sono stati riscontrati nelle razze Sarda e Sardo-Bruna, mentre in Cinisara e Pezzata Rossa d'Oropa l'imparentamento medio risulta di entità inferiore al 10%. Pur essendo anch'esso una misura di parentela, il parametro AR può presentare in questi casi valori nettamente discordanti da quelli rilevati mediante stima dell'*inbreeding*.

3.6.6 INBREEDING

Analizzando la tabella 34 relativa alla suddivisione delle popolazioni in classi di inbreeding (calcolato con metodo tradizionale, Meuwissen e Luo, 1992) entro razza, si evidenzia come per tutte le razze la classe ad inbreeding "zero" risulti la più rappresentata. Tuttavia mentre in alcune di esse, come ad esempio la razza Agerolese, tale classe risulta anche essere l'unica presente, a dimostrazione di informazioni genealogiche incomplete, in altre razze risultano ben rappresentate anche le altre classi di inbreeding a testimonianza di pedigree più completi che evidenziano gli eventuali incroci tra consanguinei avvenuti nel tempo. I valori di consanguineità più elevati si riscontrano in Pontremolese, che è anche la razza con la dimensione di pedigree inferiore, e in Pisana e Calvana, che possiedono un numero ridotto di fondatori effettivi (f_e). Pontremolese risulta la razza più rappresentata (rispetto alla dimensione di popolazione) in situazione di inbreeding

superiore a 18.75, mentre Pisana e Calvana sono le razze maggiormente presenti a valori di inbreeding compresi tra 6.25 e 18.75.

La figura 15 mostra l'andamento del coefficiente di inbreeding (calcolato con i due software ENDOG e INBUPGF90, riportati nei Materiali e Metodi; Gutierrez e Goyache, 2005, e Aguilar e Misztal, 2008) e del parametro AR per singola razza. I grafici presenti in figura riportano la variazione nel tempo dei parametri di parentela dall'anno in cui è stato possibile osservare i primi individui inbred, fino all'anno 2012. Oltre ad essere le razze con il minor numero di generazioni equivalenti, Agerolese e Sardo-Bruna sono anche, coerentemente, quelle in cui la registrazione di animali inbred è iniziata in tempi piuttosto recenti, quali rispettivamente gli anni 2003 e 2005. I trend di inbreeding calcolati sono quindi riferiti, in questi casi, a intervalli temporali di 9 e 7 anni. Mentre la maggior parte delle razze osserva i primi animali con inbreeding nel corso degli anni '90, Modicana e Pezzata Rossa d'Oropa presentano individui inbred a partire rispettivamente dal 1978 e dal 1982.

Le figure consentono di osservare come la stima dell'inbreeding, realizzata con i due algoritmi, presenti valori assoluti diversi (maggiori con il metodo di Aguilar e Misztal, 2008), ma presenti andamenti nel tempo analoghi. Soltanto nel caso in cui il numero di individui considerati sia estremamente ridotto, come nel caso delle razze Agerolese, Cabannina, Garfagnina, Pontremolese e Varzese, anche il trend subisce delle considerevoli variazioni in base al metodo usato. Il numero di individui annualmente iscritti al registro, riportato anch'esso in figura 15, oltre a fornire un'indicazione su come vari la dimensione della popolazione nel tempo, aiuta a spiegare la variazione nei livelli di inbreeding riscontrata negli anni. Le razze con i numeri inferiori di individui registrati all'anno (mai più di 100 individui), precedentemente elencate, sono quelle che presentano i valori assoluti di inbreeding più elevati, nonché gli andamenti della consanguineità meno uniformi. Nelle razze Cinisara e Garfagnina l'inbreeding medio di popolazione, calcolato tenendo conto delle genealogie ignote, supera il 10% negli anni 2009 e 2011, rispettivamente. Se calcolato in maniera tradizionale, però, l'inbreeding cala a valori attorno al 2% nella razza Cinisara, e 6% nella Garfagnina. Le razze che presentano gli andamenti di inbreeding più uniformi, con entrambi i metodi, sono Pezzata Rossa d'Oropa, Pustertaler e Sardo Bruna. Nel dettaglio, è possibile osservare inoltre che, a differenza delle altre razze caratterizzate da un aumento nelle dimensioni di

popolazione lento ma costante, il numero di individui iscritti a registro cala drasticamente a fine anni '90 sia in Modicana che nella razza Sarda.

Interessante è inoltre l'andamento di AR, in linea con quanto riportato in Tabella 33. Per quanto riguarda razze come l'Agerolese, la Cinisara, la Pezzata Rossa d'Oropa e le razze Sarde, l'andamento di AR molto basso è riconducibile alla mancanza di informazioni genealogiche che rendono i pedigree incompleti e quindi il calcolo delle parentele risulta sottostimato, oltre che alla possibile presenza di sottopopolazioni distinte che tra loro non scambiano materiale genetico.

Nelle altre razze valori di AR più attendibili mostrano, ad esempio per la Calvana, la necessità e l'importanza di attuare interventi di monitoraggio dell'inbreeding mediante la corretta predisposizione dei piani di accoppiamento. Situazione del tutto particolare è quella della razza Pontremolese dove gli elevati valori di F (quasi del 25% nel 2008) e AR (in alcuni anni superiore al 10%) risentono della limitata numerosità della popolazione studiata (annualmente non entrano più di 10-15 individui a far parte del registro). Di conseguenza, anche piccole variazioni delle consistenze determinano variazioni sensibili dei singoli parametri studiati.

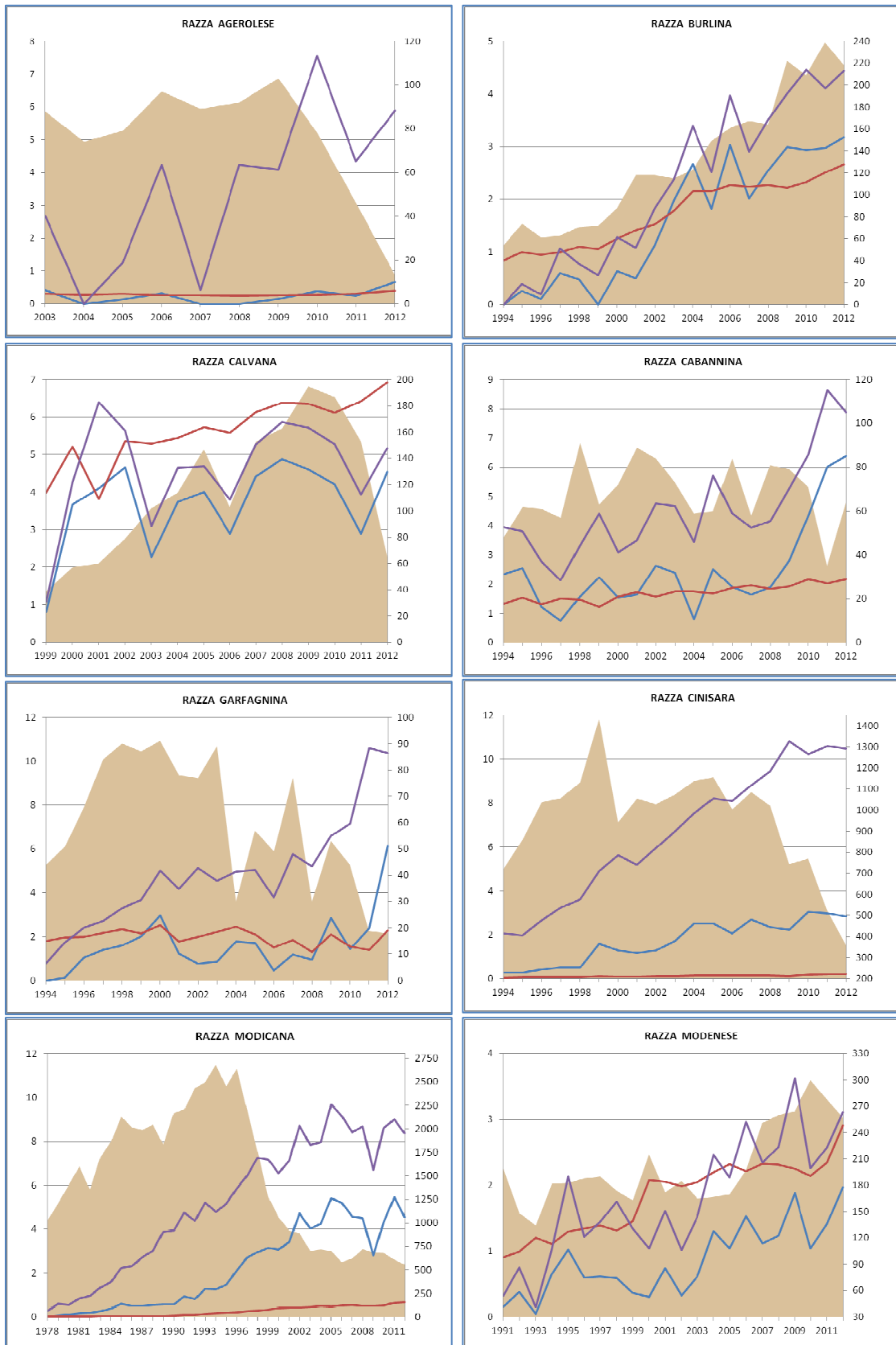
RAZZA	N° Eq. Gen.	Pedigree complet.	Reference population	Number of founders	Effective number of founders	Effective number of ancestors	Founders / Ancestors	Average related. (%)
Agerolese	0,5	0,10	103	98	27	26	0,96	0,28
Burlina	2,44	0,83	2.194	406	76	60	0,79	1,74
Cabannina	1,89	0,70	1.632	367	93	71	0,76	1,17
Calvana	2,44	0,94	1.629	154	24	22	0,92	5,54
Cinisara	0,96	0,46	9.177	3.567	421	356	0,85	0,09
Garfagnina	1,62	0,82	970	182	44	44	1,00	1,95
Modenese	1,6	0,66	3.254	801	41	37	0,90	1,67
Modicana	1,54	0,62	30.010	10.490	455	327	0,72	0,17
Oropa P.R.	1,59	0,69	19.079	5.218	686	595	0,87	0,12
Pisana	3,18	0,95	2.201	150	17	17	1,00	7,75
Pontremolese	1,72	0,71	130	41	15	14	0,93	6,41
Pustertaler	1,1	0,49	5.518	2.480	282	209	0,74	0,21
Sarda	0,9	0,48	33.620	12.646	1.283	1.152	0,90	0,03
Sardo Bruna	0,32	0,19	5.743	4.554	587	500	0,85	0,01
Sardo Modicana	1,61	0,69	14.515	2.943	240	211	0,88	0,34
Varzese	1,39	0,63	429	126	37	29	0,78	2,16

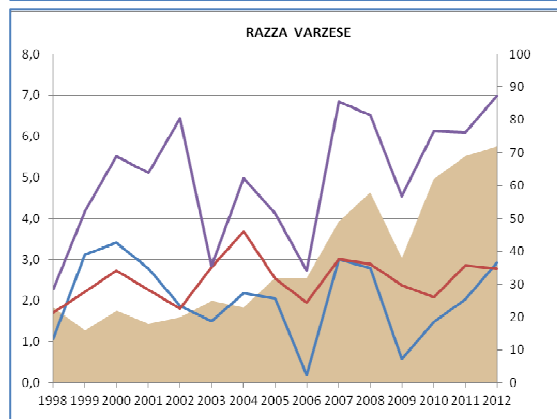
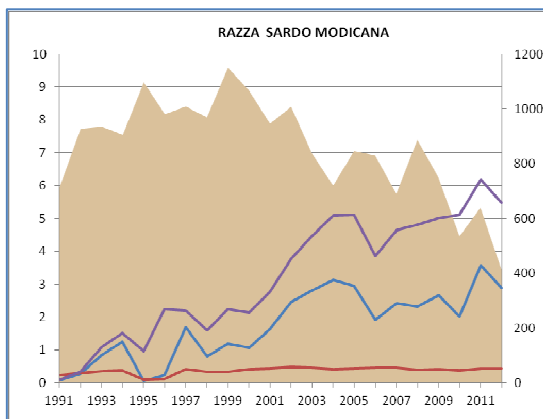
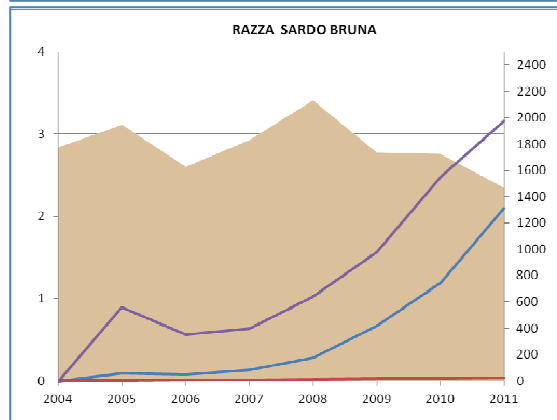
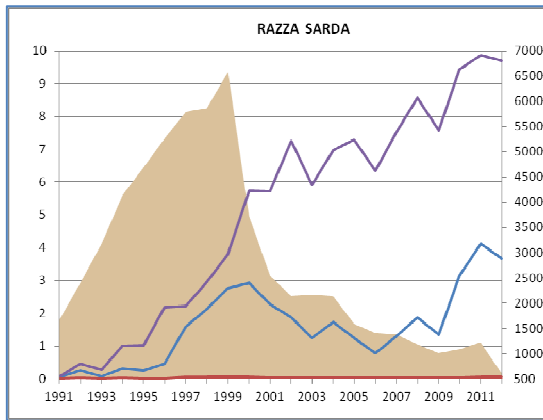
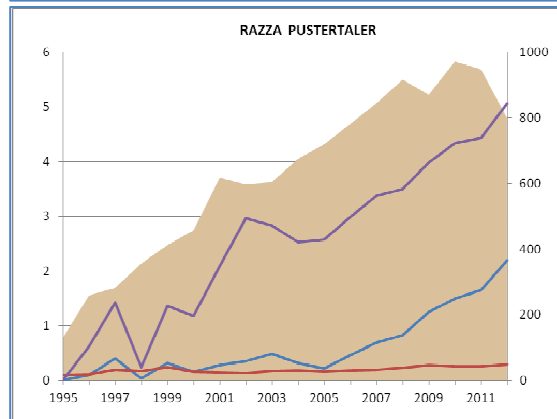
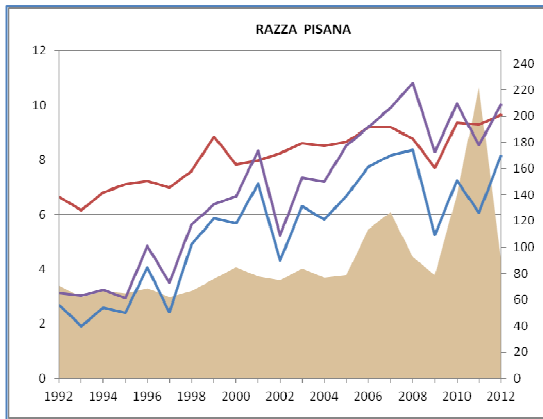
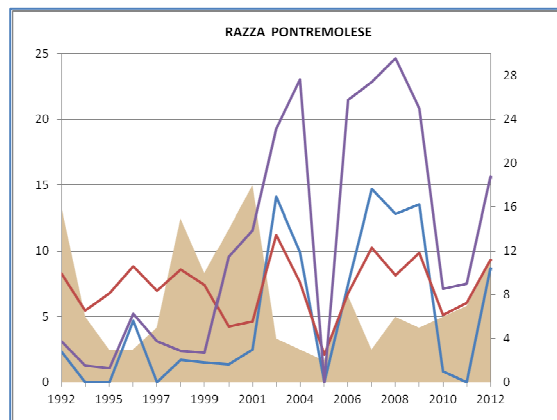
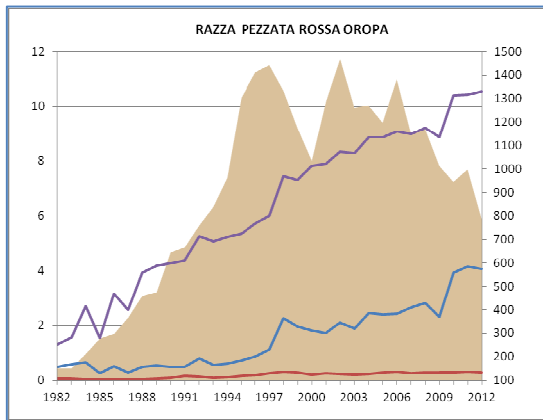
Tabella 33: Indicatori per lo studio della variabilità genetica entro razza

CLASSI DI INBREEDING	0		0-6.25		6.25-12.50		12.50-18.75		18.75-25.00		> 25.00	
	M	F	M	F	M	F	M	F	M	F	M	F
Agerolese	14,46	82,33	0,40	0,80	0,80	1,20	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Burlina	2,35	38,87	2,35	38,71	0,63	8,31	0,00	6,90	0,00	0,63	0,16	1,10
Cabannina	3,42	45,63	5,32	27,00	0,38	8,37	0,76	4,94	0,76	0,76	0,76	1,90
Calvana	7,41	39,68	9,42	22,24	2,61	10,22	0,80	2,81	0,00	2,81	0,20	1,80
Cinisara	12,43	65,67	1,79	5,70	2,11	6,03	0,83	2,89	0,26	1,51	0,16	0,62
Garfagnina	14,06	69,27	3,65	4,69	1,04	1,04	0,00	2,08	1,56	2,08	0,00	0,52
Modenese	12,31	53,61	7,32	21,26	0,81	3,05	0,31	0,71	0,00	0,20	0,10	0,31
Modicana	33,77	37,95	3,87	11,62	2,45	3,41	0,80	1,93	1,25	1,26	0,54	1,16
Mucca Pisana	3,65	63,24	1,50	15,20	0,79	8,13	0,47	3,85	0,18	2,31	0,14	0,54
Pezz. Rossa Oropa	10,17	14,42	13,05	30,80	5,31	10,17	1,67	6,07	0,76	0,91	1,37	5,31
Pontremolese	10,53	44,74	5,26	5,26	2,63	2,63	5,26	2,63	2,63	5,26	5,26	7,89
Pustertaler	5,85	81,97	0,90	4,93	0,33	4,44	0,07	0,66	0,09	0,71	0,02	0,02
Sarda	5,60	86,03	0,28	1,58	0,28	2,22	0,17	0,89	0,41	1,85	0,09	0,60
Sardo Bruna	4,41	94,07	0,01	0,04	0,14	0,25	0,00	0,02	0,31	0,71	0,00	0,04
Sardo Modicana	10,63	69,41	1,90	6,76	0,79	2,83	0,72	1,65	0,39	3,58	0,25	1,11
Varzese	15,67	59,91	5,07	8,29	0,92	3,23	0,46	2,30	0,92	1,84	0,46	0,92

Tabella 34: Classi di inbreeding entro razza

Figura 15 (segue). Numero annuale di iscritti al registro (area colorata), variazioni annuali di *average relatedness*, in rosso, *inbreeding* medio, misurato con metodo Meuwissen e Luo (1992), in azzurro, e Aguilar e Misztal (2008), in viola.





3.7 DISCUSSIONE

I risultati del presente lavoro sottolineano l'impatto degli attuali sistemi di accoppiamento e programmi di conservazione, sulla diversità genetica delle popolazioni oggetto di studio. La gestione di realtà locali a ridotta numerosità, quali le razze autoctone di registro anagrafico, deve innanzitutto attenersi alle linee guida della FAO (1998) per la gestione delle piccole popolazioni. Secondo quanto riportato nel documento della FAO (1998) e in un lavoro di Bijma (2000), una raccomandazione generale nell'allevamento animale è che la dimensione di popolazione effettiva sia almeno di 50 individui, e il trend di incremento della consanguineità non superi il valore dell'1% annuo. Le informazioni contenute nei pedigree, tra cui il livello di inbreeding e la dimensione della popolazione, consentono di quantificare l'informazione relativa alla razza di interesse e a programmare, in maniera efficace, eventuali piani d'intervento. Il contemporaneo rilievo di diverse misure di diversità genetica, ciascuna con un limitato e definito potere predittivo, consente di quantificare aspetti diversi della struttura di una popolazione (Sorensen et al., 2005).

La conoscenza della consistenza del pedigree, della sua profondità e del livello di completezza che possiede, fornisce una prima informazione riguardo alla realtà della razza oggetto di studio. Un pedigree incompleto contiene un'informazione parziale del livello effettivo di consanguineità di una popolazione, e questo porta a sottostimare l'incidenza effettiva dell'inbreeding nella popolazione, nonché a sovrastimare la dimensione effettiva di popolazione (Boichard et al., 1997). Le razze autoctone di registro anagrafico, oggetto di studio, sono caratterizzate da pedigree di dimensione piuttosto variabile (dai 211 esemplari della Pontremolese ai 70.883 della razza Sarda), in grado di riflettere sia la dimensione attuale di popolazione che la profondità, in termini temporali, dell'informazione raccolta. La Pontremolese risulta oggi la razza con la numerosità di popolazione più bassa (47 esemplari), definita "critica" dalla FAO (1998), e bisognosa di specifici programmi di intervento. La dimensione attuale di popolazione è il riflesso di un processo, avvenuto nel corso dello scorso secolo, di abbandono della forza lavoro animale in agricoltura e di incrocio con la più produttiva Bruna Italiana (Forabosco e Mantovani, *unpublished*). Ridotta nel 1983 a soli 13 individui, la popolazione di Pontremolese è stata sottoposta ad un piano di conservazione che ha portato ad un lento incremento della

popolazione. Il numero effettivo di antenati, risultato dalle analisi pari a 14 esemplari, è un riflesso della storia recente della razza. La profondità del pedigree della razza Modicana, nettamente superiore rispetto a quello di razze di dimensione analoga, come Cinisara e Pezzata Rossa d'Oropa (Tabelle 31 e 32), suggerisce invece che la raccolta delle informazioni anagrafiche in questa razza sia iniziata prima, dato confermato dal fatto che la razza sia stata gestita fino al 2008 a Libro genealogico. La variazione del numero annuale di iscritti presentata in figura 15, mostra poi come la razza abbia subito, a fine degli anni '90, una notevole contrazione, probabilmente dovuta alle politiche di *crossbreeding* promosse. Nella seconda metà del secolo scorso la razza è stata infatti incrociata con realtà più produttive sia da latte (Frisona e Bruna) che da carne (Charolais), ma senza ottenere successi apprezzabili e riducendo la dimensione della popolazione pura tanto da sancire, con l'ingresso nel registro, la necessità di conservazione della razza (Forabosco e Mantovani, *unpublished*).

L'istituzione del registro anagrafico nel 1985 ha fatto sì che al momento dell'istituzione gli iscritti avessero genealogia sconosciuta, e che quindi per i primi anni gli individui nati avessero un valore di consanguineità pari a zero, con effetto di sottostima della reale entità dell'inbreeding.

L'utilizzo di algoritmi in grado di considerare le genealogie incomplete nel calcolo, come quello di Aguilar e Misztal (2008) usato nel presente lavoro, consente di avvicinare la stima dell'inbreeding ai livelli realmente presenti nella popolazione, come osservato da Stachowitz et al, (2011) nel calcolare l'inbreeding nella razza Frisona Canadese. Come nel presente lavoro, anche in Frisona è stato possibile osservare come l'inclusione dei pedigree mancanti abbia portato a stime di inbreeding più elevate. La differenza nel livello stimato dai due approcci usati tende ad aumentare col passare del tempo, arrivando a valori dell'ordine del 4-6% in Cinisara, Pezzata Rossa d'Oropa e Sarda (Figura 15). L'osservazione dei grafici consente di notare come, sebbene la presenza di individui *inbred* nella popolazione sia emersa solo di recente, il livello medio di inbreeding si sia rapidamente portato a valori superiori al 10% in quasi tutte le razze. Questi valori risultano nettamente superiori a quelli calcolati seguendo il medesimo approccio (Van Raden et al., 1992) nelle razze a larga diffusione, da latte come Jersey ($F=4.16\%$; Cassel et al., 2003), e Frisona statunitense ($F=2.7\%$; Lutaaya et al., 1999), o da carne come Hereford ($F=3.1\%$; Lutaaya et al., 1999). Questo dato indica come la consanguineità abbia

un'incidenza maggiore nelle razze di dimensioni modeste, quali quelle iscritte al registro anagrafico. Per contro, una quantità troppo elevata di informazioni mancanti nel pedigree può comportare comunque una sottostima del livello di inbreeding (Lutaaya et al., 1999), e l'utilizzo degli indicatori di diversità genetica derivati dalla probabilità dell'origine dei geni (Boichard et al., 1997) resta preferibile nel caso di informazione eccessivamente parziale. Il livello di completezza del pedigree (PC), calcolato come rapporto tra la numerosità della *Reference Population* e quella del pedigree totale, è risultata nelle razze oggetto di studio estremamente eterogenea (Tabella 33), rivelandosi molto soddisfacente in realtà come Calvana (PC=94%) e Pisana (PC=95%), ed estremamente lacunoso in Agerolese (PC=10%) e Sardo Bruna (PC=19%). Il motivo di tali disparità è da ricondursi alla storia delle singole razze. Nel caso della Sardo Bruna, a titolo di esempio, la razza si è originata da incroci iniziati nella metà del 1800 e terminati intorno al 1975 tra le razze Sarda e Bruna, allo scopo di aumentare la produzione di latte (Forabosco e Mantovani, *unpublished*). Lo scarso successo dell'operazione ha portato a valorizzare l'attitudine alla carne attraverso incroci con tori Limousine ancora oggi praticati. Avendo questi tori genealogia spesso sconosciuta, l'incrocio si traduce in termini di aumento delle linee incomplete.

La razza Sardo Bruna presenta anche il valore minimo di generazioni equivalenti ($n_e=0.32$), misura affine alla completezza del pedigree (i due parametri presentano una correlazione calcolata del 92%), e in grado di fornire la stessa informazione (Gutierrez et al., 2003).

Il modo più appropriato per descrivere la struttura di una popolazione in presenza di genealogie incomplete e dopo un ridotto numero di generazioni, come nel caso delle razze italiane iscritte a Registro Anagrafico, è dato dal calcolo dei parametri derivati dalla probabilità dell'origine dei geni, quali il numero effettivo di fondatori o di antenati (Boichard et al., 1997). Come spiegato da Mc Parland et al. (2007), questi parametri sono meno sensibili alla mancanza di informazioni nei pedigree rispetto a indicatori come l'inbreeding e la dimensione effettiva di popolazione, utili per monitorare la variabilità genetica in lassi temporali lunghi. Il rapporto f_a/f_e tra il numero effettivo di antenati e di fondatori risulta probabilmente il più indicativo ai fini di identificare eventi di deriva genetica recenti, come un potenziale collo di bottiglia derivato dall'uso di riproduttori scelti (Mc Parland et al., 2007). La presenza di colli di bottiglia nel pedigree, indica come certi individui possano essere stati scelti in numero eccessivo

per gli accoppiamenti, e questo abbia portato ad una riduzione nello stock genetico (Pedrosa, 2010). Il rapporto fa/fe presente nelle razze oggetto di studio è molto elevato (presenta un valore medio di 0.87 ± 0.09) rispetto a quello riscontrato generalmente nelle razze da carne e da latte cosmopolite, che possedendo un pedigree più profondo sono state nel tempo maggiormente esposte a potenziali eventi di deriva genetica, enfatizzati dalle pratiche di selezione di individui scelti dovute al miglioramento genetico. In uno studio sulle razze da carne Italiane Chianina, Marchigiana e Romagnola, Bozzi et al. (2006) hanno riportato i valori di fe, fa e fa/fe rilevati in precedenti studi su 20 razze bovine cosmopolite o di ampia diffusione. I valori di fa/fe, minimi nella razza spagnola Asturiana (fa/fe =0.19; Gutierrez et al., 2003) e massimi nella conterranea Carinthia (fa/fe =0.96; Gutierrez et al., 2003) mostrano un valore medio di 0.49 ± 0.22). Una panoramica analoga è stata fornita anche da Carolino e Gama (2008) su 21 razze da carne e 13 da latte. Il rapporto fa/fe risulta simile a quello ritrovato da Bozzi (2006) e pari a 0.47 ± 0.25 , con valori più elevati nelle razze da carne (fa/fe= 0.51 ± 0.27), e inferiori nelle razze da latte (fa/fe= 0.40 ± 0.22). La differenza può essere dovuta ai diversi programmi di selezione presenti nei due tipi di razze. E' interessante osservare che questo studio riporta anche un rapporto fa/fe pari a uno presente nella Mucca Pisana, ricavato a partire da uno studio su alcune razze da carne italiane (Perez Torrecillas et al., 2003) e confermato in questo studio. E' interessante osservare come nel presente lavoro i rapporti più elevati fa/fe siano stati riscontrati nelle razze con il pedigree di dimensione più ridotta, quali Agerolese, Calvana, Garfagnina, Pisana e Pontremolese (Tabella 33). L'unica eccezione si riscontra nella razza Varzese, con un fa/fe = 0.78 e una dimensione di pedigree pari a 738. La cosa è dovuta probabilmente ai pesanti eventi di deriva genetica che la popolazione ha subito in tempi recenti. Dopo decenni di incroci con la più produttiva razza Reggiana, a seguito della legge 126 del 1936, la razza presentava infatti nel 1998 una numerosità totale di 62 individui di cui solo 3 tori, e ancora oggi la sua situazione è considerata critica (FAO, 2013; Forabosco e Mantovani, unpublished).

La razza, inoltre, che possiede il rapporto fa/fe più basso, e pari a 0.72, è la Modicana, che, non a caso, possiede il pedigree più profondo e quindi potenzialmente più suscettibile a passati eventi di deriva genetica.

Informazioni interessanti sulla struttura delle popolazioni di registro anagrafico oggetto di analisi possono essere inoltre fornite dall'“imparentamento medio” di un

individuo all'interno di una popolazione, o *Average Relatedness*, o AR (Dunner, 1998). Questo parametro tende ad essere elevato quando gli animali sono fortemente imparentati tra loro, e vi sono poche chance che si verifichino incroci tra individui non parenti o scarsamente imparentati (Gutierrez et al., 2003). Situazione, questa, che si verifica principalmente in situazioni di accoppiamenti entro-azienda o entro un numero limitato di aziende, come spesso avviene in zone montuose o territori marginali (Gutierrez et al., 2003). Queste condizioni si realizzano generalmente in presenza di pratiche di fecondazione naturale che vedono l'utilizzo ripetuto di pochi "tori aziendali" senza scambio di individui o materiale seminale tra aziende poste ad una certa distanza. In questi casi, il livello di inbreeding nella popolazione risulta elevato, così come l'AR entro azienda, mentre il valore generale di popolazione del parametro risulta basso, spesso vicino a zero. Bassi valori di AR si verificano inoltre in presenza di razze che derivano dalla fusione recente di altre razze già esistenti, come riportato da Santana et al. (2012) per la razza brasiliana Bonsmara (AR=0.81%). E' interessante osservare come, in metà delle razze di Registro Anagrafico oggetto di studio, la parentela media risulti vicina a zero (Figura 3.3), registrando un minimo di 0.01% in Sardo Bruna, e un massimo di 0.34% in Sardo Modicana. In queste, come anche nella capostipite razza Sarda, nella Agerolese, nella Cinisara, nella Modicana, nella Pezzata Rossa d'Oropa e nella Pustertaler, (Figura 15), il livello di parentela media è mantenuto basso a causa della presenza quasi esclusiva di fecondazione naturale. Molte di queste razze, inoltre, sono allevati in territori impervi che scoraggiano lo scambio tra le aziende, come nelle zone montuose (Cinisara, Pustertaler e Pezzata Rossa d'Oropa) e negli ambienti poveri e marginali (razze sarde). Osservando la figura 15 è inoltre possibile osservare che, eccezion fatta per la razza Modicana, che presenta però un pedigree più profondo, il livello di AR tende a rimanere nel tempo costante e vicino allo zero. Nelle restanti razze, i valori di imparentamento medio (AR medio=3.59%) rispecchiano i valori comunemente riscontrati in razze di maggiori dimensioni e con pratica di selezione artificiale (es: Marchigiana Brasiliana, AR=4.04%, Santana et al, 2012; Pirenaica, AR=1.58%; Gutierrez et al., 2003).

Nel corso degli ultimi 20 anni, grazie all'apporto fornito dai progressi nell'ambito degli algoritmi per il calcolo dell'inbreeding, o dei parametri per spiegare la variabilità genetica all'interno di una popolazione, un numero sempre maggiore di studi di pedigree si è andato delineando, sia in ambito bovino (es: Sorensen et al., 2005;

Sewalem et al, 2006; Melka et al., 2013), che in altre specie, quali, ad esempio, pecore o cavalli (es: Goyache et al., 2005; Hamann and Distl, 2008; Pedrosa et al., 2010). Considerando i bovini, un'attenzione maggiore è stata dedicata alle razze cosmopolite, sia da latte che da carne, come Frisona (Kearney et al., 2004; Stachowicz et al., 2011) e Angus (Mc Parland, 2007; Marquez et al., 2010), ma anche le razze autoctone di medie dimensioni (es: Bonsmara; Santana et al, 2012) o di dimensioni critiche (es: Alentejana; Carolino and Gama, 2008).

La prima esperienza italiana sull'analisi dei pedigree utilizzando il metodo della probabilità di origine genica risale allo studio condotto da Bozzi *et al.*, (2003) nelle razze da carne Chianina, Marchigiana, Romagnola e Maremmana. Questo lavoro ha evidenziato una profondità dei pedigree ridotta con un numero di antenati conosciuti che, all'ottava generazione, è risultato essere inferiore al 3%. Nel complesso sono emersi valori relativi al numero effettivo di fondatori (f_e), numero effettivo di antenati (f_a) e di genomi fondatori (N_g) in linea con quello di altre razze da carne, e confermando una discreta dimensione delle razze studiate dal punto di vista della variabilità genetica.

Successivamente, Bozzi *et al.*, (2006) condussero uno studio per calcolare la diversità genetica nelle razze Chianina, Marchigiana e Romagnola calcolando il numero di generazioni equivalenti tracciate, la numerosità effettiva (N_e) di popolazione, i parametri f_a , f_e e derivati, ed il trend di inbreeding a partire dall'anno di istituzione del libro genealogico. Lo studio evidenzia una numerosità effettiva (N_e) delle tre razze in linea con quella presente in alcune razze europee da latte o da carne. L'incremento di inbreeding e di Average Relatedness all'interno della popolazione è stato inoltre studiato in Valdostana Pezzata Nera e Castana (Sartori e Mantovani, 2012), allo scopo di individuare possibili conseguenze da *inbreeding depression* sulla capacità combattiva delle bovine.

Soltanto Burlina e Mucca Pisana, tra le razze iscritte a registro anagrafico, sono state oggetto di studi di diversità genetica a partire dai dati di *pedigree*. Mucca Pisana (Perez Torrecillas et al., 2003), è stata posta a confronto con Maremmana e Chianina, rispetto alle quali presenta una dimensione di popolazione considerevolmente inferiore, nonché livelli di inbreeding e trend (calcolati con metodo tradizionale, Mewuissen and Luo, 1992) più elevati ($F=0.0706$ contro valori di $F=0.0361$ e $F=0.0676$, rispettivamente di Chianina e Maremmana). Confrontando il lavoro con il presente studio, è possibile osservare che da una dimensione di animali

nel pedigree pari a 1231, di cui 149 appartenenti alla popolazione di riferimento (PC=12%) si è passati nel lavoro attuale ad una numerosità raddoppiata di 2411, di cui 2201 nella popolazione di riferimento (PC=95%; Tabella 33). La differenza è probabilmente dovuta ad una maggior accuratezza nella registrazione delle genealogie avvenuta negli ultimi 10 anni, oltre ad un naturale aumento nel livello di inbreeding.

Il numero di generazioni equivalenti tracciate è quindi passato da 2.88 a 3.18, mentre il numero di fondatori è attualmente triplicato, passando da 51 a 150 individui. Effective number of ancestor e effective number of founder sono aumentati negli anni ma, in proporzione, in misura inferiore che negli altri parametri, passando da valori di 12 e 12 a valori di 17 e 17. Il rapporto f_a/f_e , pari a 1, si è quindi mantenuto inalterato, e questo sta ad indicare che la gestione della popolazione è rimasta sostanzialmente invariata nel corso degli ultimi dieci anni. La Mucca Pisana, incrociata in passato con Chianina e espansasi nei primi decenni del 1900 fino a raggiungere una dimensione di popolazione di 20000 animali, ha conosciuto un declino a seguito della seconda guerra mondiale e dell'avvento della meccanizzazione in agricoltura, che hanno portato la razza a ridursi, nel 1978, a 60 individui, per poi iniziare, lentamente a crescere (Forabosco e Mantovani, *unpublished*). Il numero ridotto di fondatori e antenati riportati in entrambi i lavori testimoniano, probabilmente, la presenza di questo notevole collo di bottiglia avvenuto nel corso della storia della popolazione. Perez Torrecillas et al., (2003) evidenziano come infatti nella razza sia presente una diversità genetica inferiore rispetto a quella riscontrabile in Chianina e Maremmana, e l'obiettivo principale per la razza sia il suo mantenimento. Carolino e Gama (2008) riportano i valori di N_e , f_e , f_a , e trend di inbreeding in una serie di razze tra cui la Pisana, evidenziando come questa razza presenti i valori inferiori di f_a e f_e .

Battagin et al., (2010) hanno invece condotto un'analisi dei pedigree della razza Burlina allevata esclusivamente sul territorio della Provincia di Treviso. L'analisi, pur essendo svolta su un pedigree parziale vista la diffusione della razza su altri territori della Regione Veneto e della regione Campania, ha evidenziato come la relazione genetica additiva (f) sia aumentata nel corso degli anni raggiungendo il picco di 1.95 nel 2004 per poi ridursi lentamente, mentre il coefficiente di consanguineità (F) mostra un andamento contrario con un picco del 4,81% raggiunto nel 2009 e calcolato con metodo tradizionale (Mewuissen e Luo, 1992). Da tale indagine emerge perciò l'importanza dei piani di accoppiamento al fine di mantenere sotto

controllo la consanguineità media della popolazione. Facendo un confronto con il presente lavoro, è possibile osservare come il presente studio abbia riportato un valore di inbreeding inferiore per l'anno di riferimento, il 2009 ($F=4\%$, Figura 15). La ragione è forse dovuta al numero superiore di individui registrati in quell'anno riscontrata nel presente lavoro (220 contro 71, Figura 15), probabilmente causato dal fatto che l'analisi di Battagin et al. (2010) ha considerato soltanto la popolazione di Burlina registrata in provincia di Treviso, mentre il presente studio considera tutta la popolazione presente in Italia. Burlina è una razza tipica delle province di Treviso e Vicenza, che detengono copia dei dati di registro nelle rispettive APA. La razza ha conosciuto un declino a partire dal 1963 a causa di un piano di incroci forzati con la più produttiva Holstein dettato dalla legge 126 del 1936. Gli incroci non diedero i risultati produttivi sperati, a causa della rusticità della razza e a partire dagli anni '80 dello scorso secolo è quindi iniziata un'opera di salvaguardia della razza, giunta ad una dimensione critica nel 1983 di 207 animali (Battagin et al., 2010; Forabosco e Mantovani, *unpublished*). In entrambi gli studi incentrati sulla razza è stata riscontrata una prima presenza di individui *inbred* nel 1994, poi aumentata. Entrambi gli studi hanno inoltre riportato percentuali simili di completezza del pedigree, rispettivamente uguale al 79% e all'83% .

L'analisi, nel suo insieme, è stata volta a fornire una panoramica sulla composita realtà delle razze italiane iscritte a Registro Anagrafico, dotate ciascuna di una propria storia e di peculiari attitudini produttive (Figura 14), spesso legate alla produzione di prodotti di qualità, come i formaggi Provolone del Monaco (Agerolese), Morlacco (Burlina), e Toma Biellese (Pezzata Rossa d'Oropa, Forabosco e Mantovani, *unpublished*).

Nonostante le dimensioni di popolazione e la struttura del pedigree variabili, tutte queste razze sono accomunate dall'aver subito una drastica riduzione di numerosità nel tempo e dal presentare, oggi, livelli di inbreeding che possono avvicinarsi ai valori soglia critici della FAO (1998). La conservazione di queste razze, patrimonio unico per il paese, deve essere di primaria importanza e deve sottostare a scelte manageriali ben precise e attente allo status della popolazione.

4. SVILUPPO DI UN TEST-DAY MODEL APPLICABILE ALLE PICCOLE RAZZE AUTOCTONE: CASO STUDIO DELLA RAZZA VALDOSTANA PEZZATA ROSSA.

4.1 L'ATTUALE METODO DI VALUTAZIONE GENETICA

La valutazione corrente per l'attitudine lattifera della razza Valdostana si basa sull'analisi dei dati produttivi (latte, grasso e proteine) provenienti da lattazioni di durata standardizzata di 305 giorni rilevati su bovine primipare e riconducibili ad un modello di analisi classificato come modello a lattazione (Moioli, 1988).

Le produzioni lattifere sono disponibili grazie all'attività svolta dai controllori delle Associazioni Provinciali Allevatori (A.P.A.) che nell'ambito delle loro visite aziendali di controllo funzionale, rilevano con cadenza mensile i dati degli eventi vitali e riproduttivi dei singoli soggetti nonché le produzioni giornaliere (Test Day) e le caratteristiche qualitative del latte (contenuto in grasso, proteine e cellule somatiche) con le modalità stabilite dall'International Committee an Animal Recording (ICAR).

Il calcolo della produzione effettiva delle lattazioni con lunghezza standard sono eseguite adottando le seguenti regole (Schaeffer et al, 1976):

- La produzione tra due controlli successivi è data dalla media della produzione per il numero di giorni intercorsi tra di essi;
- La produzione tra 5° giorno dal parto e primo controllo è pari a quella del primo controllo per il numero di giorni intercorsi;
- La produzione tra l'ultimo controllo e la data di asciutta è data dalla produzione al giorno dell'ultimo controllo moltiplicata per 14 giorni.

Le produzioni così cumulate vengono corrette per una serie di fattori ambientali e poi elaborate per il calcolo degli indici genetici con metodologia BLUP Animal Model (Moioli, 1988).

I fattori ambientali causa di alterazioni non genetiche delle produzioni di latte sono riconducibili a cause diverse classificabili in temporanei (se interessano le bovine presenti in un determinato momento in allevamento e perciò collegati con gli andamenti stagionali) e permanenti (se causa di variabilità entro allevamento come ad esempio la tipologia di stalla, il sistema di alimentazione ecc.).

I principali fattori ambientali temporanei individuali considerati nei modelli di valutazione genetica sono (Bittante et al, 1990):

- Durata della lattazione;
- Età della bovina al parto;
- Stagione del parto;
- Intervallo parto-concepimento;
- Numero di mungiture.

La lattazione effettiva viene corretta per il numero di giorni di lattazione con un metodo riconosciuto a livello internazionale che stabilisce la durata convenzionale pari a 305 giorni. Se la durata è inferiore o uguale a 305 giorni la lattazione convenzionale è uguale all'effettiva altrimenti la produzione eccedente viene eliminata, in tal modo la durata della lattazione effettiva è superiore a quella della lattazione convenzionale.

Questa procedura, pur essendo molto diffusa, presenta dei limiti (Ptak e Schaeffer, 1993) in quanto non considera i fattori ambientali temporanei presenti il giorno del controllo, necessita del calcolo di un dato produttivo cumulato ad una lattazione di durata standard e spesso viene applicato solo nelle bovine in prima lattazione.

4.1.1 FATTORI AMBIENTALI CAUSA DI VARIAZIONE DEI DATI TEST DAY.

Le valutazioni genetiche si basano sulla comparazione delle prestazioni produttive di bovine diverse a parità di condizioni ambientali (management e ambientali in senso lato).

Nell'analisi delle produzioni di latte, tale confronto è reso possibile dalla creazione del cosiddetto "gruppo di contemporanee" che consente di tenere conto delle condizioni ambientali che agiscono su animali che producono nelle medesime condizioni.

Generalmente nei modelli a lattazione l'effetto "allevamento" viene considerato in interazione con altri effetti ambientali quali l'anno e la stagione di parto. L'analisi dei dati produttivi giornalieri permette invece di definire il gruppo di contemporanee come combinazione "allevamento- data del controllo" (HTD acronimo inglese Herd – Test – Date) con la possibilità di eliminare fattori di variabilità ambientale che si manifestano il giorno del controllo o nei giorni precedenti. La possibilità di poter definire il gruppo di contemporanee in termini di "azienda-data di controllo" rispetto alla definizione classica "allevamento-anno-stagione di parto" permette di riscontrare dei vantaggi in

termini di riduzione della varianza residua ed incremento dell'ereditabilità delle produzioni di latte giornaliera (Ptak e Schaeffer, 1993; Reents et al, 1995a; Rekaya et al, 1995; Rekaya et al, 1999). Gli effetti negativi di tale associazione sono riscontrabili nel caso dello studio di razze caratterizzate da aziende con numerosità media ridotta, in quanto il numero di animali da poter utilizzare come parametro di confronto è limitato e, di conseguenza, la stima degli effetti ambientali comuni risulta meno attendibile (Swalve, 1995b; Emmerling et al, 1999; Dal Zotto, 2000). Tale effetto aumenta ulteriormente se si considera l'interazione "azienda-data di controllo" e "ordine di parto".

La produzione giornaliera di latte e dei suoi costituenti risentono dello stadio di lattazione della bovina (Swalve et al, 1995a) la quale è a sua volta influenzata da fattori ambientali e genetici (Schaeffer e Dekken, 1994). Esistono diverse funzioni che vengono utilizzate per descrivere l'andamento della curva di lattazione tra le quali ricordiamo quelle di Wood, Wilmink, Ali e Schaeffer e i polinomi di Legendre (Jamrozik et al, 1997b). In bibliografia esistono degli studi che evidenziano la possibilità di scindere gli effetti ambientali da quelli genetici con la possibilità di effettuare una valutazione genetica della curva di lattazione considerando la "persistenza" come suo elemento descrittivo.

Poiché la persistenza è un parametro produttivo fondamentale che influenza la quantità totale di latte prodotta da ciascuna bovina questo parametro potrebbe essere preso in considerazione nei piani di selezione in quanto curve di lattazione "piatte" (prive di picchi evidenti) sono preferibili in quanto comportano una migliore gestione alimentare e manageriale della mandria.

Altri fattori ambientali che agiscono sulla produzione giornaliera sono l'ordine di parto, (Dannel nel 1990 evidenzia come dal primo al terzo ordine di parto la produzione aumenti per poi diminuire nelle lattazioni successive) e la stagione di parto. Potenziali parametri ambientali quali lo stato di gravidanza, lo stato sanitario e la suddivisione in gruppi della mandria in azienda potrebbero essere considerati nei programmi di selezione tuttavia la loro applicazione pratica è limitata in quanto strettamente dipendente dei dati raccolti nell'ambito dei controlli funzionali.

4.2 I PRINCIPALI MODELLI TEST DAY.

In bibliografia sono disponibili numerosi lavori sui modelli Test Day. In generale si distinguono due diversi approcci nell'utilizzo dei dati produttivi giornalieri (Swalve, 2000):

- ❖ Two Step Test Day model;
- ❖ Repeatability Test Day model.

I primi, implementati in Australia e America ma non di ampio utilizzo, vengono così definiti perché prevedono una pre-correzione dei dati produttivi prima che gli stessi vengano utilizzati per la valutazione genetica. I secondi, definiti da Dal Zotto (2000) come più semplici e di più facile applicazione, considerano l'esistenza di una correlazione pari all'unità tra i dati produttivi rilevati nel giorno del controllo e in lattazioni diverse di conseguenza assumono che variabilità genetica e ambientale perciò ereditabilità e ripetibilità siano costanti nel tempo. Un primo esempio di tale modello è quello descritto per l'analisi delle produzioni giornaliera di latte osservate in prima lattazione (Ptaek e Schaeffer, 1993) nel quale i coefficienti di regressione vengono considerati come fattori fissi (Fixed Regression Test day Model) mentre l'effetto genetico additivo e quello permanente ambientale vengono considerati come componenti casuali. Nel 1995 Swalve utilizza tale modello per la stima dei parametri genetici relativi alla produzioni giornaliera di bovine di razza Frisona in Germania. Nel caso di modelli con più lattazioni, Carvalheira et al. (1998) considerarono nel modello di valutazione genetica sia una componente ambientale di breve termine, in grado di tenere conto degli effetti ambientali che agiscono sulle bovine durante una specifica lattazione, sia una componente di lungo termine che tiene conto degli effetti ambientali che interessano l'intera carriera produttiva di una bovina.

Altra tipologia è rappresentata dai modelli *Random Regression* (RR-TDm) che rappresentano un'evoluzione del modello proposto da Ptaek e Schaeffer nel 1993 dal quale si differenziano per il fatto che la componente genetica non influenza la produzione di latte solo dal punto di vista quantitativo ma anche in termini di dinamica e di picco di lattazione. Tali modelli permettono infatti di descrivere una curva di lattazione specifica per ciascuna bovina scindendo la componente genetica da quella ambientale (Jamrozik et al, 1997a) e trovano applicazione non solo nell'analisi delle produzioni di latte ma anche per caratteri come il Body Condition Score (BCS), la longevità, l'accrescimento e la capacità d'ingestione (Schaeffer, 2004).

In generale la curva di lattazione della bovina può essere descritta utilizzando due diverse funzioni: la prima, i cui coefficienti di regressione sono fissi “Fixed Regression” permettono di definire l’andamento generico della curva di lattazione, la seconda, i cui coefficienti sono invece fattori casuali “Random Regression” permettono di modificare l’andamento della curva della bovina rispetto all’andamento di quella del gruppo di appartenenza sia in termini di fattori permanenti che di quelli genetici (Jamrozik et al, 1997b; Schaeffer and Dekkers, 1994). La scelta del tipo di funzione da applicare deve rappresentare un compromesso tra precisione e complessità della funzione stessa considerando che essa influenzerà i valori di ereditabilità stimati e il loro andamento nell’arco della lattazione (Olori et al., 1999; Kettunen et al., 2000). Un lavoro preliminare sulla stima dei parametri genetici per le produzioni di latte, grasso e proteine fu eseguito da Jamrozik and Schaeffer (1997a) sulla razza Frisona canadese con valori di ereditabilità piuttosto elevati (0,40-0,59) soprattutto ad inizio e fine lattazione. Solo la successiva introduzione nel modello di valutazione di un’altra funzione che descriveva la componente permanente ambientale individuale (Jamrozik et al., 1997d) ha permesso di ottenere valori di ereditabilità più bassi (0,38-0,40) con una riduzione della variabilità genetica tra inizio e fine lattazione. Diversi autori (Olori et al., 1999; Kettunen et al., 2000; Pool et al., 2000a; Pool et al., 2000b) evidenziano come nei modelli Random Regression i polinomi di Legendre siano particolarmente indicati nel descrivere l’andamento della curva individuale. Ciò è riconducibile al fatto che, a differenza delle funzioni classiche, essi descrivono la variabile dipendente in funzione di un “tempo standardizzato” e le soluzioni individuali dei coefficienti risultano poco correlate tra loro (Schaeffer, 2004). Altri lavori disponibili in bibliografia evidenziano come, per razze che si contraddistinguono per dimensioni aziendali medio-grandi, sia possibile descrivere la curva di lattazione entro azienda-anno di parto con una riduzione della variabilità genetica ed ambientale ad inizio e fine lattazione (De Ross et al., 2002). In bibliografia sono disponibili anche modelli chiamati *Multiple Trait Test Day Model* che considerano come caratteri diversi le osservazioni misurate entro lattazione e tra lattazioni diverse con ovvie conseguenze sulla variabilità genetica additiva, sulla variabilità ambientale nonché sui parametri ereditabilità e ripetibilità (Swalve, 1995a; Reents et al., 1995b).

4.3 TEST DAY MODEL: VANTAGGI E SVANTAGGI DELLA LORO APPLICAZIONE.

I modelli Test Day presentano una serie di vantaggi rispetto ai classici modelli di valutazione genetica a lattazione riconducibili complessivamente ad una maggiore accuratezza della stima. Nel dettaglio tali modelli presentano una maggiore adattabilità a schemi di controllo diversi, in particolare a schemi di controllo che prevedono una minore frequenza di ingresso in azienda (parametro da non sottovalutare nell'ottica attuale di contenimento dei costi). Inoltre tali modelli, considerando l'analisi del dato produttivo giornaliero, consentono la determinazione dell'accuratezza reale del valore riproduttivo in funzione del numero effettivo di osservazioni. L'analisi del dato produttivo giornaliero evita di dover estendere i dati produttivi ad una lattazione di durata standard di 305 giorni eliminando perciò un possibile fonte di errore nella stima dei valori riproduttivi (errore che risulta essere tanto più grande quanto minore è il numero di osservazioni e maggiore è la loro distanza nel tempo).

Nell'ambito di tali modelli, che permettono di considerare i fattori ambientali come trattamenti preferenziali (divisione entro allevamento in gruppi in funzione del livello produttivo), i Random Regression consentono di effettuare la valutazione genetica non solo per la quantità di latte prodotta ma anche per parametri ad essa collegati (ad esempio la persistenza) o per la dinamica di produzione.

Accanto a tali vantaggi si annoverano alcuni svantaggi riconducibili alla difficoltà di archiviazione, gestione ed elaborazione dei dati nonché alla complessità di tali metodi di valutazione genetica e a tempi di calcolo più lunghi.

4.4 DIFFUSIONE DEI TEST DAY MODEL NEL MONDO.

A livello mondiale i vantaggi dei Test Day Model hanno permesso una notevole diffusione ed applicazione degli stessi in sostituzione dei classici modelli a lattazione. Nel dettaglio sono oggi utilizzati modelli Random Regression in Canada per la razza Frisona (Schaeffer et al., 2000), in Svezia per la razza Ayrshire, in Germania ed Austria rispettivamente per la razza Simmenthal e per la razza Brown Swiss per le quali i due Paesi adottano una valutazione genetica congiunta in quanto gli obiettivi di selezione ed i contesti produttivi risultano simili (Emmerling et al., 2002).

In Italia il modello di valutazione genetica basato sull'analisi del dato produttivo giornaliero è adottato dalla razza Frisona, per la quale viene impiegato un RR-TDm sulla falsariga del modello canadese, dalla razza Bruna, dalla Pezzata Rossa e dalla

razza Rendena che adottano invece un modello a Ripetibilità in quanto le prove eseguite per l'adozione di modelli di valutazione genetica più complessi hanno evidenziato che questi ultimi non si adattano bene a razze caratterizzate da basse dimensioni aziendali (Dal Zotto, 2000) infatti il loro utilizzo determinerebbe la perdita di informazioni per i piccoli allevamenti con un conseguente peggioramento sull'intervallo di generazione (Degano, 2005). In generale i modelli a ripetibilità si dimostrano equivalenti ai modelli random regression in termini di stima dei valori riproduttivi per i riproduttori con almeno 60 figlie e coefficienti di correlazione mediamente pari a 99% (Lidauer et al., 2003). Tali coefficienti di correlazione assumono valori inferiori nel caso di tori con un numero limitato di osservazioni (Swalve, 1995a; Schaeffer et al., 2000; Emmerling et al., 2002). In conclusione il passaggio da modelli a lattazione ai modelli test day determina un cambiamento delle graduatorie dei tori da ricondurre sia al carattere analizzato (dato giornaliero rispetto alla produzione cumulata a 305 giorni) sia alla maggiore accuratezza della stima grazie ad una migliore definizione del gruppo delle contemporanee (Schaeffer et al., 2000).

4.5 OBIETTIVI DEL LAVORO

L'obiettivo del seguente lavoro è quello di valutare la possibilità di messa a punto ed utilizzo di un modello test day nelle valutazioni genetiche per latte, grasso, proteine e cellule somatiche (SCS) nelle razze autoctone a limitata diffusione dotate di libro genealogico. Nel caso oggetto di studio si è concentrata l'attenzione sulla razza Valdostana Pezzata Rossa con l'intento di rivedere l'attuale metodo di valutazione a lattazione con un metodo più sofisticato ed accurato in grado di cogliere alcune situazioni di evidente svantaggio per le aziende come ad esempio situazioni di eterogeneità della varianza che penalizzano le aziende con medie produttive piuttosto elevate.

Nel presente lavoro è stato affrontato il problema dell'applicazione pratica di due diversi modelli test day, dei quali uno è stato sviluppato con l'Università di Padova mentre l'altro con l'Ufficio Studi dell'Associazione Italiana Allevatori (A.I.A). Nel dettaglio per entrambi gli approcci sono stati messi a confronto due diverse tipologie di TDm-Ripetibilità e due diversi tipologie di TDm-Random Regression con l'intento di valutare quale modello e quale tipologia rispondesse meglio alle caratteristiche della razza e, di conseguenza, potesse essere proposto per l'utilizzo all'Associazione

Nazionale Allevatori competente (A.Na.Bo.Ra.Va.). Questi livelli di confronto sono stati analizzati in termini di stima delle componenti di varianza e covarianza, dell'ereditabilità per i caratteri quantità di latte, % grasso, % proteine e conteggio delle cellule somatiche (SCS) ed in termini di correlazione degli indici genetici ottenuti con i diversi modelli studiati (Rank Correlation).

4.6 MATERIALI E METODI

4.6.1 PREPARAZIONE DEI DATI E MODELLI A CONFRONTO

Il dataset grezzo su cui si è lavorato era costituito da 1.679.178 test day relativi a 267.949 lattazioni appartenenti a 80.660 bovine registrate nel Libro Genealogico della razza bovina Valdostana (A.Na.Bo.Ra.Va) e forniti dall'Associazione Italiana Allevatori (A.I.A.).

Inizialmente si è provveduto ad un primo controllo dei dati disponibili al fine di eliminare dati errati o incongruenti. Per questo motivo è stato eseguito un lavoro di editing del dataset che ha portato all'eliminazione delle seguenti informazioni:

- ❖ Test Day di soggetti privi della data di nascita;
- ❖ Test Day incompleti (privi di informazioni per quanto riguarda la quantità di latte, % grasso, % proteine e contenuto di cellule somatiche);
- ❖ Test Day appartenenti a bovine con ordine di parto superiore al terzo;
- ❖ Test Day rilevati nei primi 5 giorni successivi alla data di parto o registrati dopo i 305 giorni di lattazione;
- ❖ Test Day appartenenti a bovine con età al parto al di fuori del range previsto per ciascun ordine di parto;
- ❖ Test Day appartenenti a celle HTDNL (allevamento-data controllo-numero di lattazione) con una sola osservazione fenotipica disponibile;
- ❖ Controlli con dati produttivi superiori o inferiori al range dato da $\mu \pm 4\sigma$ calcolati entro anno di parto, numero di lattazione e per periodi di 15 giorni da 5 a 305 giorni di lattazione;
- ❖ Test Day appartenenti a lattazioni con il primo controllo eseguito dopo 45 giorni dal parto;

Sul dataset rimanente si è provveduto a calcolare per ciascuna bovina l'intervallo parto-concepimento eliminando i Test Day con durata di tale intervallo inferiore a 20 giorni o superiore a 271 giorni. L'effetto dell'intervallo parto-concepimento è stato espresso in classi, in funzione dei giorni di gravidanza, cosicché anche la gravidanza è stata considerata nel modello in modo dinamico con l'avanzare della lattazione. In particolare per le vacche con più parti disponibili tale intervallo è stato calcolato come differenza tra date di parto successive (interparto) considerando una la lunghezza media di gestazione di 282 giorni. Per tutte le primipare, onde evitare l'eliminazione di molti record appartenenti ad eventi recenti, si è utilizzata la data dell'ultima fecondazione utile disponibile.

Nonostante l'eliminazione di molti record non utilizzabili ai fini analitici, il dataset ottenuto è risultato essere ancora piuttosto grande ed essendo consapevoli che i tempi di elaborazione si sarebbero allungati all'aumentare della complessità del modello si è deciso di condurre l'analisi su un campione di aziende rappresentative del dataset "ripulito". In questo modo è stato ottenuto un dataset per l'analisi costituito da 18.820 test day riconducibili a 12.353 lattazioni appartenenti a 6.479 bovine. Utilizzando questa base dati ed applicando il programma REML-F90 (Misztal, 2002) sono state eseguite analisi sui singoli caratteri (single-trait) utilizzando sia la tipologia a Ripetibilità sia quella Random Regression sui caratteri latte, grasso, proteine e cellule somatiche (trasformate come punteggio).

Relativamente alla modellizzazione utilizzata il primo modello (*Modello A*) definito con l'Università di Padova nelle due varianti Ripetibilità e Random Regression può essere così sintetizzato:

1. RIPETIBILITA' (RP):

$$y_{ijklmno} = \text{HTD} - \text{LN}_i + \text{PREG}_j + \sum_{p=1}^4 \text{leg}_p * \text{LN}_k + \sum_{p=1}^4 \text{leg}_p * \text{AGE}(\text{LN})_l + \\ + \sum_{p=1}^4 \text{leg}_p * \text{MP}(\text{LN})_m + \text{PE}_n + a_o + e_{ijklmno}$$

2. RANDOM REGRESSION (RR)

$$y_{ijklmno} = \text{HTD} - \text{LN}_i + \text{PREG}_j + \sum_{p=1}^4 \text{leg}_p * \text{LN}_k + \sum_{p=1}^4 \text{leg}_p * \text{AGE}(\text{LN})_l + \\ + \sum_{p=1}^4 \text{leg}_p * \text{MP}(\text{LN})_m + \sum_{p=1}^4 \text{leg}_p * \text{PE}_n + \sum_{p=1}^4 \text{leg}_p * a_o + e_{ijklmno}$$

In entrambi i modelli sono stati considerati come fattori fissi l'Allevamento-Data controllo entro ordine di parto (HTD-NL) e la classe di gravidanza (PREG, 18 classi in funzione dei giorni di gravidanza). I Fattori random considerati sono: la classe di età al parto entro ordine di parto (AGE*LN, 42 classi totali) ed il mese di parto entro ordine di parto (MP*LN, considerando per ognuna delle 3 lattazioni 12 classi corrispondenti ai mesi dell'anno solare). Nei modelli sono considerati anche gli effetti ambientali permanenti (PE) (che nel modello a ripetibilità sono una componente fissa mentre nel Random Regression una componente casuale) e la componente genetica additiva (a_o , $a=6.481$ animali totali di cui 2 ascendenti sconosciuti). I coefficienti che descrivono la curva di lattazione sono quelli del polinomio di 4° grado di Legendre (Strabel and Mistzal, 1999, Gengler et al, 1999) che si contraddistingue per il fatto che le soluzioni individuali dei coefficienti sono poco correlate (Schaeffer, 2004).

Il secondo modello (*Modello B*), sviluppato con l'Ufficio Studi dell'Associazione Italiana Allevatori, può essere così schematizzato:

1. RIPETIBILITA' (RP):

$$y_{ijklmno} = \text{HTD}_i + \text{LN}_j + \sum_{q=1}^4 \text{af}_q * \text{LN}_j + b_1 * \text{DPREG}_{n:j} + b_2 * \text{DPREG}_{n:j}^2 + b_3 * \text{DPREG}_{n:j}^3 + \\ + b_4 * \text{DAGE}_{n:j} + b_5 * \text{DAGE}_{n:j}^2 + \text{PE}_n + a_o + e_{ijklmno}$$

2. RANDOM REGRESSION (RR)

$$y_{ijklmno} = \text{HTD}_i + \text{LN}_j + \sum_{q=1}^4 \text{af}_q * \text{LN}_j + b_1 * \text{DPREG}_{n:j} + b_2 * \text{DPREG}_{n:j}^2 + b_3 * \text{DPREG}_{n:j}^3 + \\ + b_4 * \text{DAGE}_{n:j} + b_5 * \text{DAGE}_{n:j}^2 + \sum_{q=1}^4 \text{af}_q * \text{PE}_n + \sum_{q=1}^4 \text{af}_q * a_o + e_{ijklmno}$$

In questo secondo modello vengono studiati come fattori fissi l'allevamento-data di controllo (HTD) e l'ordine di parto (LN) mentre i fattori casuali considerati sono: i giorni di gravidanza entro ordine di parto come effetto lineare, quadratico e cubico (DPREG, DPREG² e DPREG³) e l'età al parto entro ordine di lattazione come effetto lineare e quadratico (DAGE e DAGE²). Anche in questi modelli vengono analizzati gli effetti permanenti ambientali (PE, come componente fissa nel RP e random nel RR) e la componente genetica additiva (a). A differenza di quanto sviluppato nel primo modello in entrambe le tipologie del secondo, l'andamento della curva di lattazione è descritto dai coefficienti di Ali Schaeffer a quattro componenti (Ali & Schaeffer, 1987). Le principali differenze esistenti tra i due approcci relativamente ai fattori fissi considerati nei modelli sono riassunti nella Tabella 35:

EFFETTO	MODEL A	MODEL B
HTD	HTD entro classi di ordine di parto	HTD com'è
Ordine di parto	Covariate del polinomio di Legendre di 4° grado	Com'è + covariate di Ali&Schaffer di 4° grado
Giorni di gravidanza	Classi di gestazione	Covariate lineari, quadratiche e cubiche come giorni di gravidanza entro ordine di parto
Mese di parto	Covariate del polinomio di Legendre di 4° grado su 12 classi di mese di parto	nessuna
Età al parto	Covariate del polinomio di Legendre di 4° grado su 36 classi di età al parto (entro ordine di parto)	Covariate lineari e quadratiche per età al parto (giorni) entro ordine di parto

Tabella 35: Indicatori per lo studio della variabilità genetica entro razza

4.7 RISULTATI E DISCUSSIONI

Nelle tabelle 36 e 37 sono riportate le stime delle componenti di varianza e dell'ereditabilità dei caratteri latte, grasso, proteina e cellule somatiche ottenute impiegando i modelli a ripetibilità precedentemente descritti.

VARIANZE	LATTE	GRASSO	PROTEINA	SCS
V_a	1.548	0.045	0.022	0.331
V_{PE}	3.159	0.015	0.009	0.756
$V_{residuo}$	2.683	0.179	0.030	2.125
$V_{fenotipico}$	7.390	0.238	0.061	3.212
h^2	0.210	0.188	0.363	0.103

Tabella 36: Stime delle componenti di varianza ed ereditabilità dei caratteri (Modello A)

VARIANZE	LATTE	GRASSO	PROTEINA	SCS
V_a	1.381	0.044	0.023	0.395
V_{PE}	3.576	0.016	0.076	0.751
$V_{residuo}$	2.816	0.181	0.037	2.160
$V_{fenotipico}$	7.773	0.242	0.068	3.306
h^2	0.177	0.182	0.337	0.119

Tabella 37: Stime delle componenti di varianza ed ereditabilità dei caratteri (Modello B)

Le oscillazioni che si osservano in termini di varianze tra i due modelli di analisi utilizzati sono piuttosto contenute, maggiormente apprezzabili per il carattere latte e proteine.

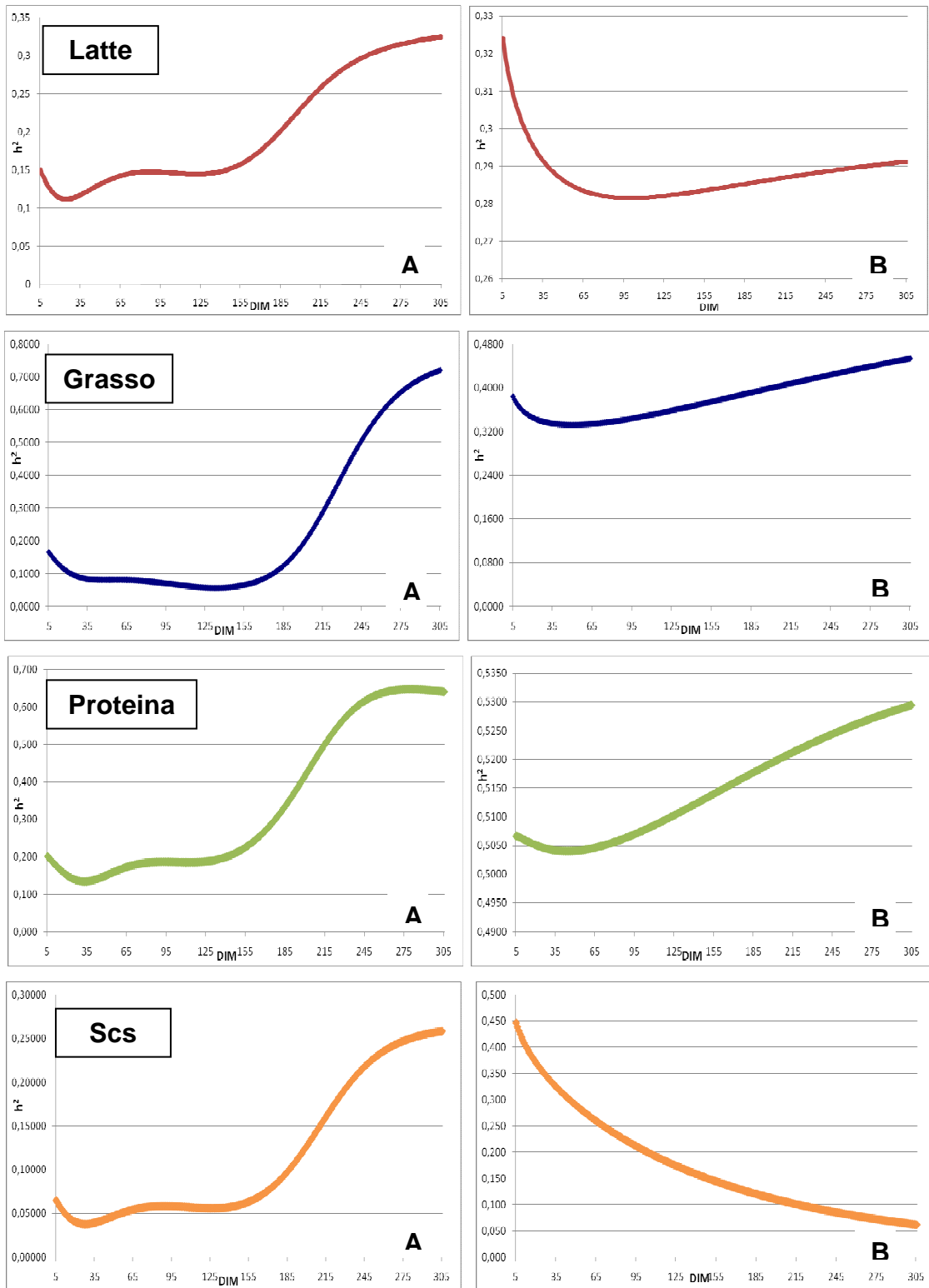
I risultati in termini di ereditabilità dei caratteri evidenziano delle differenze più marcate per i caratteri latte, proteine e cellule somatiche. In particolare il modello A mostra livelli di ereditabilità leggermente più elevati per i caratteri latte e proteine, il modello B valori leggermente più elevati per il carattere SCS mentre i modelli si equivalgono per il carattere grasso.

I valori di h^2 ottenuti sono inoltre in linea con quelli riportati per il carattere latte nella razza Pezzata Rossa (18%; Degano, 2005) ma piuttosto diversi dai valori segnalati per la razza Bruna Italiana (31%; Dal Zotto, 2000) e per la razza Frisona Italiana (30-33%; Muir et al., 2007). Complessivamente questi valori sono risultati vicini anche a

quelli ottenuti, sempre con modelli a ripetibilità per la razza Rendena (Guzzo et al., 2009). I valori di ereditabilità stimati sono infine risultati in linea con il principio generale che vede una riduzione del valore di h^2 rispetto al modello a lattazione attualmente utilizzato per questa razza (Jensen et al., 2005).

Anche con i modelli random regression, sono state stimate le ereditabilità dei caratteri latte, grasso, proteine e cellule somatiche (scs) ma in tal caso i risultati ottenuti hanno permesso di identificare valori per ogni giorno di lattazione proponendo una dinamica temporale dell'ereditabilità nel corso della lattazione.

In Figura 16 sono riportati gli andamenti dell'ereditabilità per i caratteri quantità di latte, % grasso, % proteine e conteggio di cellule somatiche (scs) per entrambi i modelli studiati. I modelli mostrano comportamenti molto diversi soprattutto nei primi 100 giorni di lattazione, in particolare il modello B evidenzia in questo periodo valori elevati di ereditabilità da ricondurre principalmente al fatto che per la costruzione del trend della curva di lattazione si utilizzano i coefficienti del polinomio di Ali-Schaeffer che presentano il limite di sovrastimare l'ereditabilità dei caratteri nella prima fase di lattazione, anche a causa del più ridotto numero di test day disponibili in questa fase. Nelle fasi successive i due modelli evidenziano una crescita del valore dell' h^2 che, nel modello A, assume valori molto elevati superati i 200 gg di lattazione a causa probabilmente della scarsità di controlli presenti in questa fase per la razza Valdostana, da ricondurre alla forte stagionalità e, soprattutto, all'alpeggio nel periodo estivo. Il forte incremento dell'ereditabilità dei caratteri evidenziati nel modello A è da ricondurre all'utilizzo dei coefficienti del polinomio di Legendre che tendono a sovrastimare questi caratteri nell'ultima parte di lattazione, soprattutto in presenza di pochi controlli. Situazione del tutto particolare è quella delle cellule somatiche che nel modello A mantengono un andamento speculare alle curve degli altri caratteri mentre nel modello B mostrano un andamento decrescente ed eccessivamente alto per questo tipo di carattere nella prima fase della lattazione.



**Figura 16 : Andamento dell'ereditabilità nei quattro caratteri oggetto di studio
Modello A vs Modello B**

Anche i lavori disponibili in bibliografia mostrano risultati piuttosto contrastanti. In particolare per il parametro quantità di latte Druet et al. (2003) e Hammami et al. (2008) descrivono valori di ereditabilità più bassi ad inizio e fine lattazione, mentre invece Strabel et al., (1999) e Muir et al. (2007) delineano valori di ereditabilità più alti ad inizio e fine lattazione. Sul carattere grasso e proteine Strabel et al., (1999), Muir et al. (2007) evidenziano andamenti dell'ereditabilità più alti alle estremità (cioè inizio e fine lattazione) mentre Hammami et al. (2008), pur confermando i risultati ottenuti da questo lavoro sul grasso, mostrano un andamento opposto sull'andamento dell'ereditabilità della proteina.

In considerazione delle marcate differenze evidenziate per i valori di ereditabilità ottenuti con i due modelli random regression e soprattutto in relazione ai alti valori di ereditabilità riscontrati con l'uno o l'altro modello, si può concludere che forse la razza Valdostana presenta una scarsa adattabilità, per struttura dei dati, a valutazioni genetiche test day secondo un modello random regression. Per questa ragione si è deciso di non eseguire la stima degli indici genetici con questi due approcci concentrando l'attenzione ed il confronto sui modelli a ripetibilità.

Per questi ultimi come ulteriore parametro elemento di confronto sono state stimate le correlazioni degli indici genetici calcolate su ciascun carattere e sull'indice resa casearia (IRC) utilizzato attualmente per la valutazione genetica della razza Valdostana. In particolare le rank correlation sono state eseguite sui tori e sulle vacche ritenute più attendibili, prendendo in considerazione per ciascuna categoria circa 415 400 soggetti. Nel dettaglio, i tori presi in esame hanno avuto un numero minimo di due figlie e medio di 12 figlie, mentre le vacche considerate hanno avuto almeno due figlie con indice genetico e una lattazione controllata un numero minimo di due controlli (con dato fenotipico) o da tre e più di tre controlli figlie indicizzate (con o senza proprio dato fenotipico). I Grafici 7, 8, 9 e 10 mostrano le correlazioni tra rank stimate sui tori, dai quali si evidenzia per gli indici relativi ai caratteri grasso e proteina e, di conseguenza anche per l'indice IRC calcolato pesando l'indice genetico per il grasso con l'indice genetico per la proteina, l'esistenza di una buona correlazione tra gli indici ottenuti con i due modelli. L'analisi della correlazione tra rank per il carattere latte mostra invece un valore di $r=0,82$, il che sta ad indicare una certa differenza tra i due modelli che deve essere ulteriormente approfondita ed analizzata.

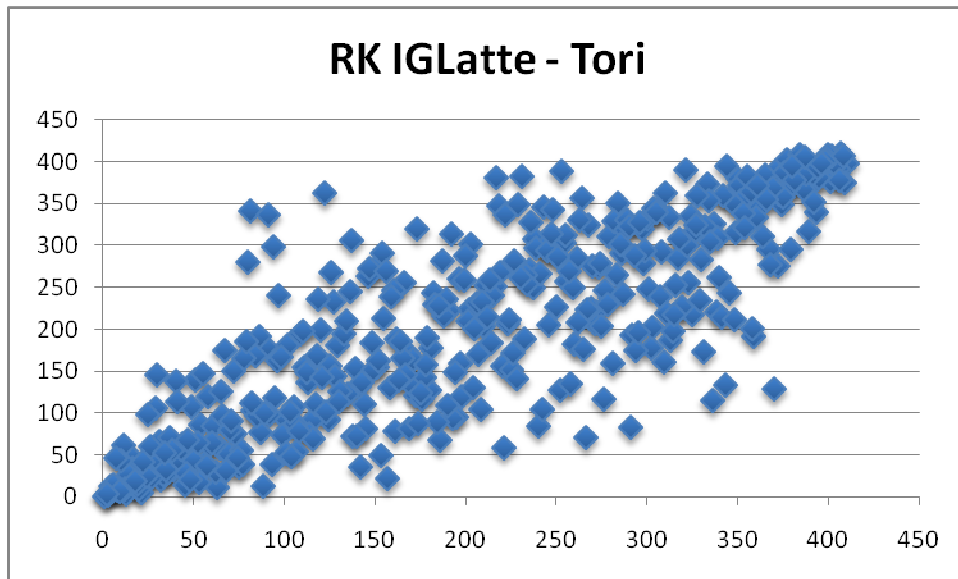


Grafico 7 : Correlazione Indice Genetico Latte Modello A vs Modello B

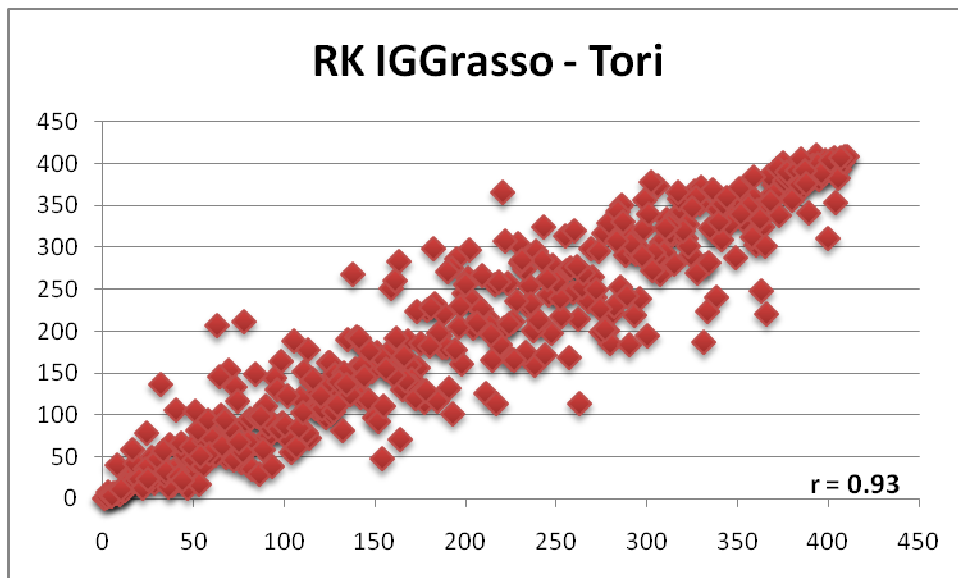


Grafico 8 : Correlazione Indice Genetico Grasso Modello A vs Modello B

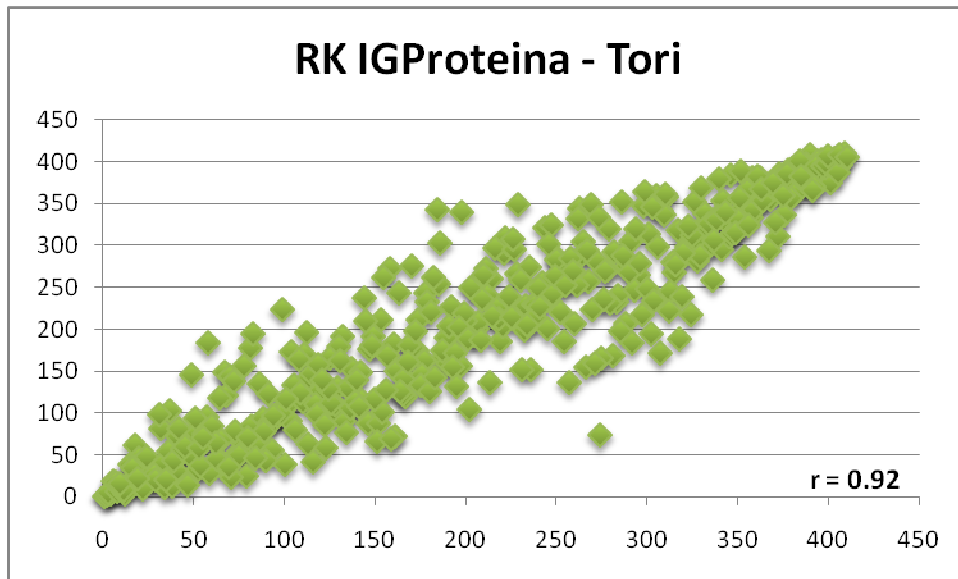


Grafico 9: Correlazione Indice Genetico Proteina Modello A vs Modello B

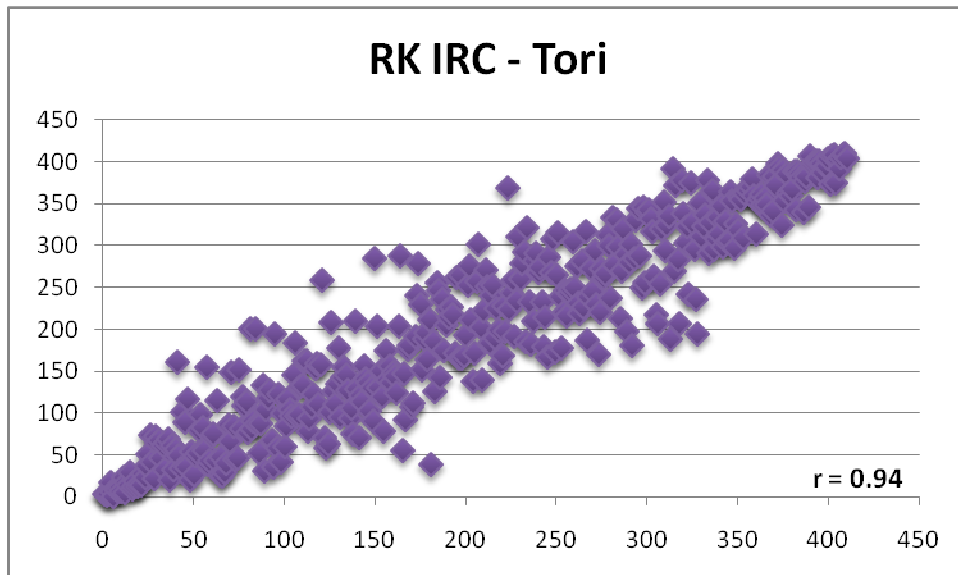


Grafico10: Correlazione Indice Resa Casaria Modello A vs Modello B (tori)

Come era lecito attendersi i grafici 11, 12, 13 e 14 relativi alle correlazioni tra rank stimate sulle vacche mostrano per tutti gli indici genetici dei caratteri studiati valori di correlazione più bassi rispetto a quelli dei tori. Ad ogni modo anche in questa circostanza le correlazioni tra rank mostrano buone corrispondenze per i caratteri grasso, proteine e per l'indice complessivo IRC, mentre per gli indici latte le correlazioni mostrano differenze più marcate tra i modelli che confermano la necessità di dover approfondire lo studio di entrambi i modelli.

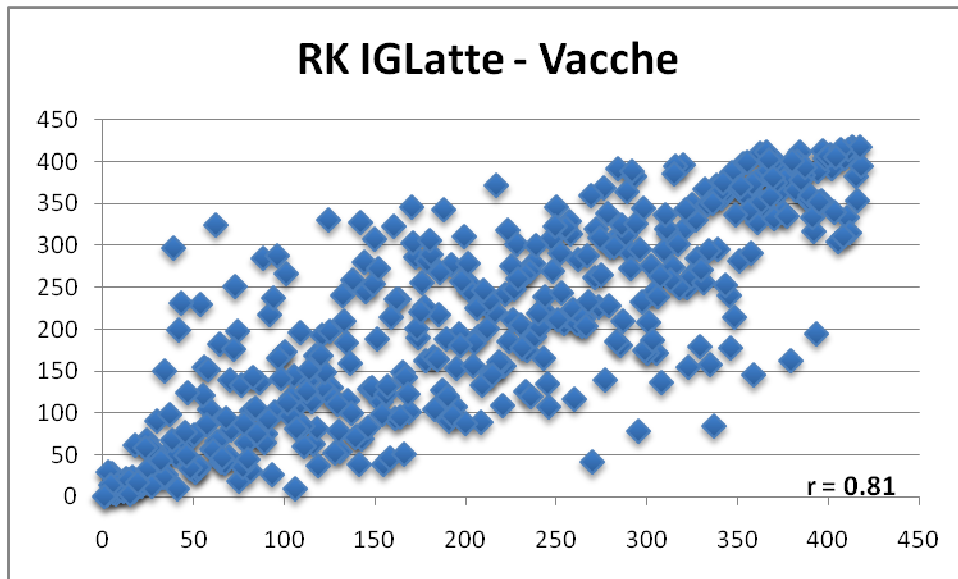


Grafico 11: Correlazione Indice Genetico Latte Modello A vs Modello B

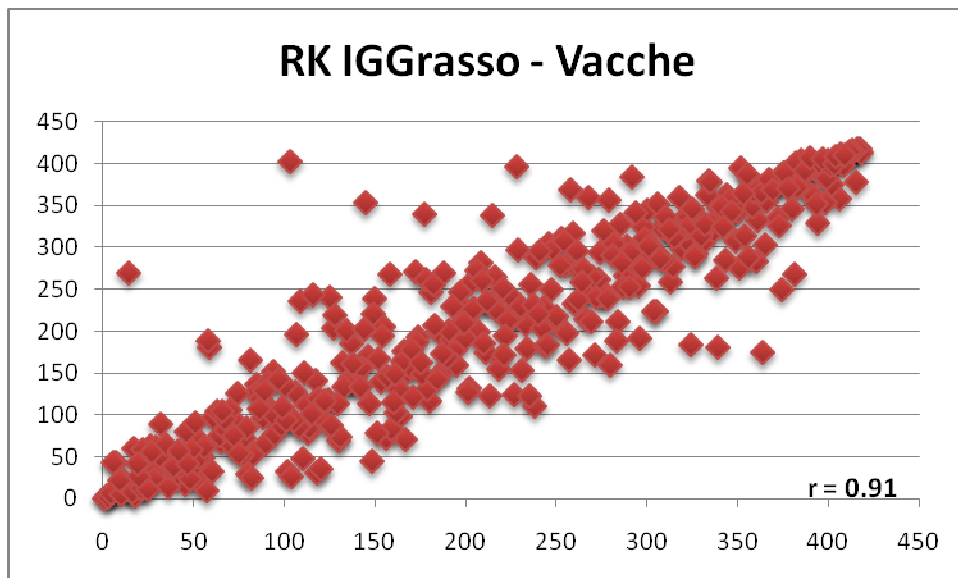


Grafico 12: Correlazione Indice Genetico Grasso Modello A vs Modello B

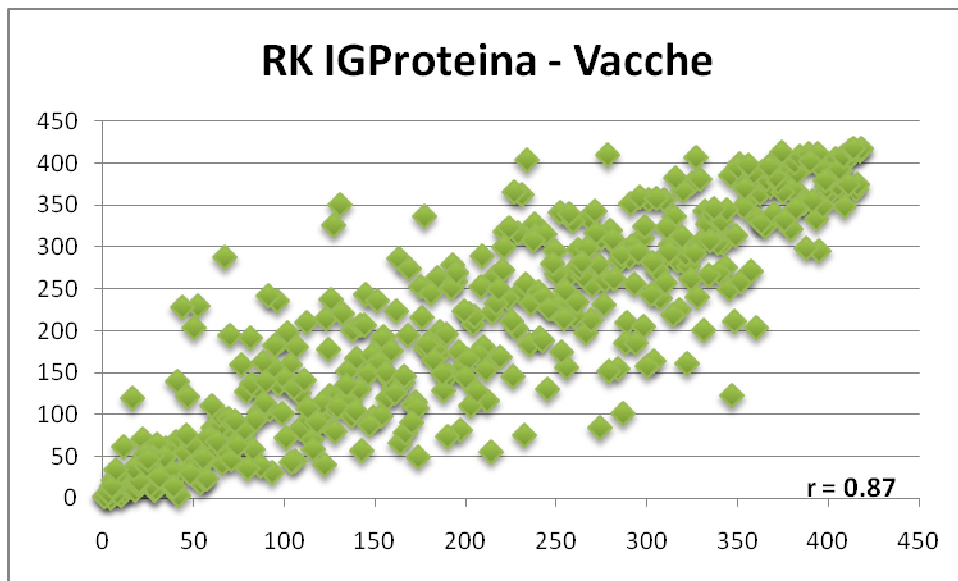


Grafico 13: Correlazione Indice Genetico Proteina Modello A vs Modello B

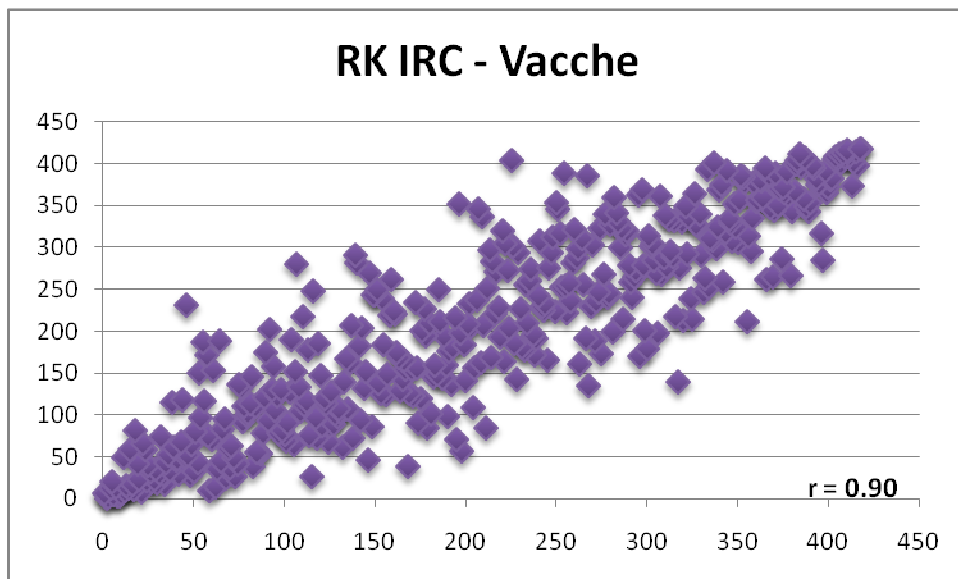


Grafico 14: Correlazione Indice Resa Casearia Modello A vs Modello B

5 CONCLUSIONI

Il lavoro di questa tesi ha riguardato diversi aspetti del settore zootecnico italiano analizzando in primo luogo le attività dei controlli funzionali latte svolti sul territorio nazionale e soffermando poi l'attenzione da un lato sulle attività messe in campo per la conservazione della variabilità genetica del patrimonio bovino autoctono iscritto al registro anagrafico e dall'altro sul miglioramento genetico della razza autoctona Valdostana iscritta al Libro genealogico.

Il primo contributo sperimentale ha da un lato permesso di valutare accuratamente attraverso georeferenziazione la distribuzione del sistema dei controlli funzionali in Italia, dall'altro ha permesso di identificare relazioni tra le razze a controllo per quanto riguarda gli aspetti produttivi e riproduttivi e, infine, oltre a identificare la migliore struttura delle relazioni tra variabili ripetute a distanza costante nel tempo, ha messo in luce i trend fenotipici produttivi e riproduttivi di 9 delle razze a controllo funzionale maggiormente presenti sul territorio nazionale. Questa ultima parte ha consentito di avvalorare molte delle considerazioni emerse al momento dell'analisi dei cluster sulle stesse variabili per le razze considerate. Dal lavoro è emerso in specifico come gran parte delle aziende in controllo così come le bovine controllate e la produzione stimata di latte provengano dalle regioni del nord Italia, dove sono collocate mediamente il 79% delle aziende, l'85% delle bovine e l'86% del latte prodotto nell'ambito del sistema dei controlli funzionali. Tra le razze esaminate si distinguono in modo spiccato sulle altre per l'aspetto produttivo, le razze specializzate da latte, in particolare la razza Frisona, cui si avvicinano la Bruna, Jersey e meticce, segno di una probabile di una forte presenza del tipo genetico Frisona in queste ultime. Per l'aspetto qualitativo del latte invece la razza che si stacca nettamente dalle altre, rilievo questo confermato anche nell'analisi dei trend fenotipici, è la razza Jersey. Interessanti a riguardo le caratteristiche qualitative sono spesso risultate la Bruna, la Pezzata Rosa e, tra le razze alpine autoctone, la Grigia Alpina. Spesso altre razze Autoctone sono invece risultate inferiori, per qualità del latte, alla stessa Frisona o a bovine meticce. Le analisi sulla struttura di (co)varianza per le variabili prese in esame hanno evidenziato come la tipologia di legame costante tra serie temporali prossimali sia presente e vada opportunamente considerato nell'analisi della varianza di variabili produttive e riproduttive dei controlli funzionali. Infine, le analisi dei trend fenotipici hanno messo in mostra, al di là delle cose maggiormente note dalla bibliografia, la tendenza ad un lieve peggioramento

progressivo della qualità del latte a scapito della quantità (anche se in modo non lineare tra tutte le razze e condizionato probabilmente anche dall'aumento dei prezzi dei mangimi), un aumento dell'età al primo parto per effetto di specifici contributi tesi a premiare gli allevatori che portano gli animali in alpeggio e una tendenza di parallelismo tra aumento della produzione del latte e peggioramento della fertilità delle bovine (anche se di entità diversa tra le razze confrontate), nonostante da sempre il rilievo dei parametri di fertilità sia considerato poco attendibile nell'ambito dei controlli funzionali per il latte.

Il secondo contributo ha permesso di indagare la variabilità genetica delle razze bovine autoctone iscritte al registro anagrafico (R.A.B.) non sottoposte ad un piano nazionale di selezione. In particolare dallo studio di indicatori della variabilità genetica entro popolazione si evidenziano situazioni estremamente diversificate in funzione della razza considerata.

Il livello di completezza dei pedigree è risultato buono nelle razze toscane (Calvana, Mucca Pisana, Pontremolese, Garfagnina), nella Burlina e nella Varzese ma piuttosto basso in razza come l'Agerolese, la Sarda e la Sardo Bruna . Allo stesso tempo i valori dell'average relatedness (% AR) appaiono più elevati nelle razze toscane a differenza delle altre popolazioni dove la mancanza di genealogie influenza l'accuratezza della determinazione della parentela media di ciascuna popolazione. Dall'analisi delle classi di inbreeding entro razza è emersa una forte rappresentatività della classe ad inbreeding zero che, in alcune razze come l'Agerolese, risulta anche essere la più rappresentata a dimostrazione di un'elevata percentuale di pedigree incompleti. Un'ulteriore indagine ha riguardato il calcolo del coefficiente da inbreeding (F) con il software ENDOG che adotta il metodo di Meuwissen e Luo (1992) e con il software INBUPGF90 che adotta l'algoritmo di Misztal & Aguilar (2008) nonché il calcolo della parentela media di popolazione (%AR). I risultati ottenuti evidenziano per le razze Sarde (Sardo, Sardo Bruna e Sardo Modicana) ed in generale per le razze a maggiore numerosità che utilizzano esclusivamente la fecondazione naturale un elevato grado di parentela medio entro azienda ma bassa valore di AR medio entro popolazione. Ciò è da ricondurre alla scarsa propensione degli allevatori alla compravendita di riproduttori che determina come conseguenza l'utilizzo delle stesse linee di sangue entro singola azienda limitando perciò la variabilità genetica della razza. In queste realtà è auspicabile nel prossimo futuro l'adozione della fecondazione artificiale allo scopo di ridurre l'elevato

grado di parentela media esistente all'interno dei singoli allevamenti. Allo stesso tempo non deve essere sottovalutata la situazione delle razze autoctone a numerosità limitata come ad esempio le razze toscane, nelle quali si hanno valori di inbreeding e di parentela media più elevati anche a causa dell'eccessivo ricorso alla fecondazione artificiale che, per alcune di esse, rappresenta attualmente l'unica tecnica riproduttiva adottata.

Dal presente studio emerge perciò l'importanza dell'attività svolta dall'Associazione Italiana Allevatori nel mantenimento della variabilità genetica di queste razze grazie anche alla predisposizione annuale dei piani di accoppiamento come strumento di assistenza tecnica agli allevatori.

Il lavoro del terzo contributo ha evidenziato come i modelli random regression possano a fatica adattarsi alla realtà della razza Valdostana, caratterizzata da un elevato livello di stagionalità e dalla presenza dell'alpeggio estivo, che pone in problema dei pochi controlli sulle code di lattazione. Pur adottando modelli diversi di interpretazione della curva di lattazione, entrambi hanno palesato difficoltà di stima agli estremi. Il modello Ali-Shaaffer infatti ha prodotto una forte sovrastima all'inizio della lattazione per tutti i caratteri, mentre il modello basato sul polinomio di Legendre verso la fine delle lattazioni. Al contrario i modelli a ripetibilità hanno permesso di ottenere stime compatibili tra loro e con quelle riportate in bibliografia per latte (18-21% di h^2), grasso percentuale (18%), proteine percentuale (34-36%) e scs (10-12%). Le correlazioni tra i rank dei tori o delle vacche con maggiore accuratezza dell'indice sono risultate piuttosto buone per grasso, proteine e indice selettivo (IRC), basato sui precedenti due indici (87-94%), un po' più deboli per l'indice genetico latte (81-82%), richiedendo una più accurata e approfondita analisi di confronto per questo tipo di indice.

6. Bibliografia

Abdallah, J. M., B. T. McDaniel. 2000. Genetic parameters and trends of milk, fat, days open, and body weight after calving in North Carolina experimental herds. *J. Dairy Sci.* 83: 1364-1370.

Aleandri R., J. C. Schneider, L. G. Buttazzoni. 1989. Evaluation of milk for cheese production based on milk characteristics and Formagraph measures. *J. Dairy Sci.* 72: 1967-1975.

Aguilar I., I. Mistzal. 2008. Technical note: recursive algorithm for inbreeding coefficients assuming nonzero inbreeding of unknown parents. [*J. Dairy Sci.* 91\(4\):1669-72.](#)

Alderson, L. 2010. Breeds at risk. Criteria and classification. Report from a seminar, 16-17 February, London <http://lawrencealderson.com/index.htm>.

Ali T. E., L. R. Schaeffer, 1987. Accounting for covariances among test day milk yields in dairy cows. *Can. J. Anim. Sci.* Ottawa 67: 637-644.

Akaike H., 1974. A new look at the statistical model identification. *IEEE Trans. Automat. Contr.* 19: 716-723.

Annali della Facoltà di Agraria dell'Università di Sassari. 1983. La razza Bovina Sarda, Sassari.

Associazione Italiana Allevatori (A.I.A.), 2012. Controlli della produttività del latte in Italia. Statistiche Ufficiali. Ed. AIA, Roma, Italy.

Battagin M, M. Penasa, D. Pretto, M. Cassandro, 2010. Pedigree analysis of Burlina cattle population. *Acta Agraria Kaposváriensis* 14:161-165.

Battaglini, L., A. Ighina, A. Minosi, M. Bianchi. 2005. Caratteristiche produttive della razza Barà-Pustertaler allevata in Piemonte. *Quaderni So.Zoo.Alp.*, 2:171-176.

Bijma P., J.A. Van Arendonk, J.A. Woolliams. 2000. A general procedure for predicting rates of inbreeding in populations undergoing mass selection. *Genetics*. 154:1865–1877.

Botstein, D., R.L. White, M. Skolnick, R.W. Davis. 1980. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *Am. J. Hum. Genet.* 32:314–331.

Bigi D. 2005. Razze zootecniche in Pericolo di Estinzione: Il Bovino Agerolese. *Vita in Campagna*, 11:47.

Bigi, D., A. Zanon, 2008. Atlante delle razze autoctone. Bovini, Equini, Ovicapri, Suini allevati in Italia. *Edagricole*, Milano.

Bittante G., I. Andrighetto, M. Ramanzin. 1990. Fondamenti di zootecnia. *Ed Liviana*.

Bittante G., I. Andrighetto, M. Ramanzin. 1997. Tecniche di produzione animale. V edizione. *Petrini Ed.*, Torino.

Boichard D., L. Maignel, and E. Verrier .1996. Analyse généalogique des races bovines laitières françaises. *INRA Prod. Anim.* 9:323-335.

Boichard D, L. Maignel, and E. Verrier 1997. The value of using probabilities of gene origin to measure genetics variability in a population. *Genet. Sel. Evol.* 29:5-23.

Boswenger, B. H. G., T. J. Lawlor, Jr., and F. R. Allaire. 1994. Expected sire progeny production gain by balancing inbreeding depression and selection. *J. Dairy Sci.* 77(Suppl. 1):201. (Abstr.).

Bozzi, R., F. Sirtori, F. Forabosco, O. Franci, 2003. Pedigree analysis of Italian beef cattle breeds. *Ital. J. Anim. Sci.*, vol. 2, 2003, p. 121-123.

Bozzi, R., O. Franci, F. Forabosco, C. Pugliese, A. Crovetto, and F. Filippini. 2006. Genetic variability in 3 Italian beef cattle breeds derived from pedigree information. *Ital. J. Anim. Sci.* 5:129–137.

Boichard D., Maignel L., Verrier E. 1996. Analyse généalogique des races bovines laitières françaises. *INRA Prod. Anim.* 9:323-335.

Brisbane J.R., J.P. Gibson 1995. Balancing selection response and rate of inbreeding by including genetic relationships in selection decisions. *Theor. Appl. Gen.* 91, 421-431.

Buckley, F., K. O'Sullivan, J. F. Mee, R. D. Evans, P. Dillon. 2003. Relationships among milk yield, body condition, cow weight, and reproduction in spring-calved Holstein-Friesians. *J. Dairy Sci.* 86: 2308-2319.

Caballero, A., M. Toro. 2002. Analysis of genetic diversity for the management of conserved subdivided populations. *Conserv. Genet.* 3: 289-299.

Carolino, N., L.T. Gama. 2008. Inbreeding depression on beef cattle traits: estimates, linearity of effects and heterogeneity among sire-families. *Genet. Sel. Evol.* 40:511–527.

Carvalho J.V.C., R.W. Blake., E.J. Pollak, R.L. Quaas and C.V. Duran-Castro. 1998. Application of an autoregressive process to estimate genetic parameters and

breeding values for daily milk yield in a tropical herd of Lucerna cattle and in United States Holstein herds. *J. Dairy Sci.* 81:2738-2751.

Cassell B.G., V. Adamec, R.E. Pearson, 2003a. Effect of incomplete pedigrees on estimates of inbreeding and inbreeding depression for days to first service and summit milk yield in Holsteins and Jerseys. *J. Dairy Sci.*, 86, 2967–2976.

Cassell B.G., V. Adamec, R.E. Pearson, 2003b. Paternal and maternal inbreeding depression for 70-day nonreturn and calving rate in Holsteins and Jerseys. *J. Dairy Sci.*, 86, 2977–2983.

Charlesworth, D., and B. Charlesworth. 1987. Inbreeding depression and its evolutionary consequences. *Annual Review of Ecology and Systematics* 18: 237–268.

Chen W. W., C. M. Hurvich, Y. Lu. 2006. On the correlation matrix of the discrete Fourier transform and the fast solution of large Toeplitz systems for long-memory time series. *J. Amer. Stat. Ass.* 101: 812-822.

Ciampolini R., F. Cecchi, E. Ciani, E. Mazzanti, M. Tancredi, B. Matteoli, S. Presciuttini, D. Cianci. 2007. Genetic variability of three local cattle breeds (Calvana, Pontremolese, Garfagnina) by STR analysis. *ASPA 17th Congress*, pp.81-81, Alghero.

Ciotola F., V. Peretti, 2005. Razze zootecniche in pericolo di estinzione: il bovino Agerolese. *Vita in Campagna*, 6:45,

C.N.R., 1983. Atlante Etnografico Delle Popolazioni Bovine Allevate in Italia. Roma, Italia.

Colleau J.J., 2002. An indirect approach to the extensive calculation of relationship coefficients, *Genet. Sel. Evol.* 34, 409-421.

Coltelli A. 2010. La produzione italiana di latte è inferiore alla quota assegnata. <http://www.agriok.it/magazine/>: accesso Gennaio 2013.

Commissione UE, 2001. Biodiversity Action Plans in the areas of Conservation of Natural Resources, Agriculture, Fisheries, and Development and Economic Co-operation. COM(2001) 162 final.Vol I, II e III. Brussels.

Cozzi G., S. F. Preciso, F. Gottardo, I. Andrighetto. 2001. L'allevamento biologico come alternativa ai sistemi intensivi di produzione della carne bovina. *L'Informatore agrario*, 42: 101-107.

Croquet, C., P. Mayeres, A. Gillon, S. Vanderick, and N. Gengler. 2006. Inbreeding depression for global and partial economic indexes, production, type and functional traits. *J. Dairy Sci.* 89:2257–2267.

Dalvit, C., M. De Marchi, R. Dal Zotto, E. Zanetti, T. Meuwissen, M. Cassandro. 2008. Genetic characterization of the Burlina cattle breed using microsatellite molecular markers. *J. Anim. Breed. Genet.*, 125, 137–144.

Dal Zotto R. 2000. Comparison of different Test Day Models for genetic of Italian Brown dairy cattle. Proc. of the 2000 *Interbull Meeting* in Bled, Slovenia. Bulletin n°25, 2000.

Dannel B. 1990. Genetic aspects of different parts of lactation. Proc. of the 4th. *WCGALP*, Edinburgh. United Kingdom.

- Davenport, C.B., 1908. Degeneration, albinism and inbreeding. *Science* 28:454-455
- Degano L. 2005. Il nuovo modello TDM per il calcolo degli indici genetici. 15 (3): 7.
- De Marchi M, R. Dal Zotto, M. Cassandro, G. Bittante. 2007. Milk Coagulation Ability of Five Dairy Cattle Breeds. *J. Dairy Sci.* 90:3986–3992.
- De Rochambeau, H., F. Fournet-Hanocq, and J. Vu Tieng Khang. 2002. Measuring and managing genetic variability in small populations. *Ann. Zootech.* 49:77–93.
- De Ross A.P.W., A.G.F. Harbers and G. De Jong. 2002. Herd specific regression curves in a test-day model for protein yield in dairy cattle. Proc. of the 7th WCGALP, Montpellier, France.
- Del Bo, L., M. Polli, M. Longeri, G. Ceriotti, C. Looft, A. Barre-Dirie, G. Dolf, M. Zanotti. 2001. Genetic diversity among some cattle breeds in the Alpine area. *J. Anim. Breed. Genet.* 118:317-325.
- Dickerson G,E. 1973. Inbreeding and heterosis in animals. In Proceedings of the Animal Breeding and Genetics Symposium in honour of dr. Jay L. Lush. Champaign, Illinois, *America Society of Animal Science* 54:77.
- Dobzhansky, T. 1937. Genetics and the origin of Species, *Columbia University Press*, New York, ed. Riv. 1951.
- Dunner, D.L. 1998. Lithium carbonate: Maintenance studies and consequences of withdrawal. *Journal of Clinical Psychiatry*, 59, 48-58.

Edwards C.J., G. Dolf, C. Looft, R.T. Loftus, D.G. Bradley 2000. Relationships between the endangered Pustertaler-Sprinzen and three related European cattle breeds as analysed with 20 microsatellite loci. *Anim. Genet.* 31:329–332.

Emik L. O., C. E. Terrill, 1949. Systematic procedures for calculating inbreeding coefficients. *J. Hered.* 40: 51-55.

Emmerling R., K.U. Götz, G. Thaller, L. Dempfle. 1999. Optimisation of test day Models for genetic evaluation with small herd sizes. Proc. of the 1999 *Interbull Meeting* in Zurich, Switzerland. Bulletin n°22, 1999.

Emmerling R., M. Lidauer, E.A. Mäntysaary. 2002. Multiple lactation random regression test-day model for Simmental and Brown Swiss in Germany and Austria. Proc. of the 2002 *Interbull Meeting* in Interlaken, Switzerland. Bulletin n°29, 2002.

Falconer D.S. and T.F.C. Mackay, 1996. Introduction to quantitative genetics, 4th edition. Longman, Harlow, UK.

FAO. 1992. Expert consultation on utilization and conservation of aquatic genetic resources. Food and Agriculture Organization of the United Nations Technical Paper No. 491.

Food and Agriculture Organization (FAO). 1998. Secondary guidelines for development of national farm animal genetic resources management plans. Management of small populations at risk. J.A. Woolliams, G.P. Gwaze, T.H.E. Meuwissen, D. Planchenault, J.P. Renard, M. Thibier, H. Wagner. ed. Food and Agriculture Organization of the United Nations. Available online: <http://www.fao.org/ag/againfo/programmes/es/lead/toolbox/Indust/sml-popn.pdf>. Accessed Jan. 27, 2013.

FAO, 2003. Community-based management of animal genetic resources. Proc. Workshop, 7-11 May 2001, Mbabane, Swaziland. FAO, Rome.

FAO, 2005. The role of biotechnology for the characterisation and conservation of crop, forestry, animal and fishery genetic resources. Proceedings of a workshop, FAO, EAAP, ASPA, ECONOGENE. Turin, Italy, 5-7 March 2005.

FAO, 2007. Global Plan of action for Animal Genetic Resources and the Interlaken Declaration. Available at <http://www.fao.org/docrep/010/a1404/a1404e00.htm>.

FAO, 2007. The state of the world's animal genetic resources for food and agriculture. Commission on genetic resources for food and agriculture. FAO, Rome.

FAO, 2009. Country responses to the food security crisis: nature and preliminary implications of the policies pursued, by M. Demeke, G. Pangrazio & M. Maetz. FAO Initiative on Soaring Food Prices. Rome.

Forabosco e Mantovani, 2011. European and Indigenous Cattle Breeds In Italy. *First published by Schiel&Denver Publishing Limited. Houston, Texas, USA. Unpublished.*

Gallo L., B. Contiero, M. De Marchi, P. Carnier, M. Cassandro, and G. Bittante. 2008. Retrospective analysis of dry period length in Italian Holstein cows. *Ital. J. Anim. Sci.* 7: 65-76.

Gandini G.C., and E. Villa, 2003. Analysis of the cultural value of livestock breeds: a methodology, *Journal of Animal Breeding and Genetics*, vol. 120, n. 1.

Gandini, G., L. Ollivier, B. Danell, O. Distl, A. Georgoudis, E. Groeneveld, E. Marttyniuk, J.A.M. Van Aredonk, and J.A. Wooliams, 2004. Criteria to assess the

degree of endangerment of livestock breeds in Europe. *Livestock Production Science*, 91(1-2):173-182.

Gibson, J., S. Gamage, O. Hanotte, L. Iniguez, J.C. Maillard, B. Rischkowsky, D. Semambo, and J. Toll, 2006. Options and strategies for conservation of farm animal genetic resources. *Report of. Int. Workshop*, 7-10 November, Agropolis, Montpellier, France.

Gengler N., A. Tijani, G. R. Wiggans, and I. Mistzal. 1999. Estimation of (co)variance function coefficients for test day yield with a expectation-maximization restricted maximum likelihood algorithm. *J. Dairy Sci.*

Giulioti L., I. Facdouelle, J. Goracci, and N. Benvenuti. 2002. Historical Analysis of Pontremolese Bovine Breed. *Annali Fac. Med. Vet.*, LVIII.

Goddard, M. G., and C. Smith. 1990. Optimum number of bull sires in dairy cattle breeding. *J. Dairy Sci.* 73:1113–1122.

Goyache, F., J. P. Gutiérrez, I. Fernández, E. Gómez, I. Álvarez, J. Díez, L. J. Royo. 2003. Using pedigree information to monitor genetic variability of endangered populations: The Xalda sheep breed of Asturias as an example. *J. Anim. Breed. Genet.* 120:95–105.

Grundy A.C., K. Phelps, R.J. Reader, and Burston S. 2000. Modelling the germination of *Stellaria media* using the concept of hydrothermal time. *New Phytologist* 148, 433–444.

Gutiérrez, J.P., J. Altarriba, C. Díaz, R. Quintanilla, J. Cañón, J. Piedrafita. 2003. Pedigree analysis of eight Spanish beef cattle breeds. *Genet. Sel. Evol.* 35:43–63.

Gutiérrez J.P., and F. Goyache, 2005. A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information. *J. Anim. Breed. Genet.* 122:172–176.

Guzzo N., C. Sartori, R. Mantovani. 2009. Test day-milk yields variance component estimation using repeatability or random regression models in the Rendena breed. *Ital. J. Anim.Sci.* 8 (Suppl. 3): 71-73.

Hall, S.J.G., J. Ruane, 1993. Livestock breeds and their conservation: a global overview. *Conservation Biology*, 7:815-825.

Hamann H, O. Distl. 2008. Genetic variability in Hanoverian warmblood horses using pedigree analysis. *J Anim Sci.* 86:1503-13.

Hammond, K., H.W. Leitch, 1996. The FAO global program for the management of farm animal genetic resources. In Proceedings of the Beltsville Symposia in Agriculture Research: XX. Biotechnology's Role in the Genetic Improvement of Farm Animals. Edited by R.H. Miller, V.G. Purcel, and H.D. Norman. *American Society of Animal Science*, Savoy, Ill. pp. 24–42.

Heywood V.H., I. Baste 1995. Introduction. In: Global biodiversity assessment, exec. Ed. VH Heywood, pp 1-19. Published for the United Nations Environment Programme, *Cambridge University Press*, New York.

Jacquard A., 1975. La consanguinité: Un mot pour plusieurs concepts. Association anthropologique internationale de langage française. Multigraphié.

Jamrozik J., and L.R. Schaeffer, 1997a. Estimates of genetics parameters for Test Day Model with Random Regression for yields of first lactation Holsteins. *J. Dairy Sci.* 80:1217-1226.

Jamrozik J., L.R. Schaeffer, and J.C.M Dekkers, 1997b. Genetic evaluation of dairy cattle using test day yields and Random Regression Model. *J. Dairy Sci.* 80:1217-1226.

Jamrozik J., L.R. Schaeffer, G.J Kistemaker, and J.C.M Dekkers. 1997c. Comparison of possible covariates for use in a Random Regression Model for analyses of test day yields. *J. Dairy Sci.* 80:2550-2556.

Jamrozik J. L.R. Schaeffer, Z.Liu, and G. Jansen. 1997d. Multiple trait random regression test day model for production traits. Proc of the 1997 *Interbull Meeting* in Vienna, Austria. Bulletin n°16, 1997.

Jensen J. 2001. Genetic Evaluation of Dairy Cattle Using Test-Day Models. *J. Dairy Sci.* 84: 2803-2812.

Jensen H. B., N. A. Poulsen, K. K. Andersen, M. Hammershøj, H. D. Poulsen, L. B. Larsen. 2012. Distinct composition of bovine milk from Jersey and Holstein-Friesian cows with good, poor, or noncoagulation properties as reflected in protein genetic variants and isoforms. *J. Dairy Sci.* 95: 6905-6917.

Kalinowski, S.T. 2005. HP-RARE 1.0: a computer program for performing rarefaction on measures of allelic richness. *Mol. Ecol. Notes* 5: 187-189.

Kearney, J. F., E. Wall, B. Villanueva, and M. P. Coffey. 2004. Inbreeding trends and application of optimized selection in the UK Holstein population. *J. Dairy Sci.* 87:3503–3509.

Keller, K.L. 1998. Strategic Brand Management: Building, Measuring, and Managing Brand Equity. Prentice-Hall International, Hemel Hempstead.

Kettunen A., E.A. Mäntysaary, and J. Pösö. 2000. Estimation of genetic parameters for daily milk yield of primiparous Ayrshire cows by random regression test day models. *Livest. Prod. Sci.* 66:251-261.

Klieve, H. M., B. P. Kinghorn, and S. A. Barwick, 1994. The joint regulation of genetic gain and inbreeding under mate selection. *J. Anim. Breed. Genet.*, 111: 81–88.

IUCN/UNEP/WWF/FAO/UNESCO, 1980. World Conservation Strategy. Living resource conservation for sustainable development.

Lacy, R.C. 1989. Analysis of founder representation in pedigrees: Founder equivalents and founder genome equivalents. *Zoo Biology* 8:111-124.

L'Allevatore Sardo, 2003. Bimestrale di informazione Zootecnica. Associazione Regionale Allevatori della Sardegna, n.11.

Lidauer M., E.A Mäntysaary, and J. Pösö. 2003. Comparison of test-day models for genetic evaluation of production traits in dairy cattle. *Livest. Prod. Sci.* 79:73-86.

Littell R. C., P. R. Henry, C. B. Ammerman. 1998. Statistical analysis of repeated measures data using SAS procedures. *J. Anim. Sci.* 76: 1216-1231.

Lopez-Villalobos N., D. J. Garrick, C. W. Holmes, H. T. Blair, R. J. Spelman. 2000. Profitabilities of some mating systems for dairy herds in New Zealand. *J. Dairy Sci.* 83: 144-153.

Lucchesi V., S. Mattiello, 2008. Indagine sul benessere dei bovini di razza Pezzata Rossa d'Oropa nel Biellese. *Quaderni So.Zoo.Alp.*, 5:143-153.

Lutaaya, E., I. Misztal, J. K. Bertrand, and J. W. Mabry. 1999. Inbreeding in populations with incomplete pedigree. *J. Anim. Breed. Genet.* 116:475–480.

MacCluer, J. W., A. J. Boyce, B. Dyke, L. R. Weitkamp, D. W. Pfennig, and C. J. Parsons. 1983. Inbreeding and pedigree structure in Standardbred horses. *J. Hered.* 74:394–399.

Madouasse A., J. N. Huxley , W. J. Browne, A. J. Bradley, I. L. Dryden, M. J. Green. 2010. Use of individual cow milk recording data at the start of lactation to predict the calving to conception interval. *J. Dairy Sci.* 93: 4677-4690.

Malacarne M., A. Summer, E. Fossa, P. Formaggioni, P. Franceschi, M. Pecorari, and P. Mariani. 2006. Composition, coagulation properties and Parmigiano-Reggiano cheese yield of Italian Brown and Italian Friesian herd milks. *J. Dairy Res.* 73:171–177.

Marchi E., E. Mascheroni, 1925. *Zootecnia Speciale I. Bovini ed Equini*. Unione Tipografica Editrice Torinese, Torino. 929-938.

Mark T. 2004. Applied genetic evaluations for production and functional traits in dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 87: 2641-2652.

Mariani, P., A. Summer, P. Formaggioni, and M. Malacarne. 2002. La qualità casearia del latte di differenti razze bovine. *La Razza Bruna Italiana* 1:7–13.

Márquez G.C., S.E. Speidel, R.M. Enns, D.J. Garrick. 2010. Genetic diversity and population structure of American Red Angus cattle. *J. Anim. Sci.* 88:59–68.

Massa R., and V. Ingegnoli 1999. Biodiversità, estinzione e conservazione. *UTET*, Torino.

Matassino, D. Alcune considerazioni sulla utilizzazione del bovino Podolico nelle aree interne del Mezzogiorno. In 'Razze popolazioni di bestiame autoctono per il recupero produttivo zootecnico dell'Appennino'. *ISEA*, Bologna, 173, 1989.

Matassino, D. L'animale autoctono quale bene culturale. Atti Tav. rot. su: 'Biodiversità genetiche autoctone quali risorse economiche del territorio', ASPA. Pisa, 25 giugno, 43, 1997.

Matassino D. Le bellezze della biodiversità. Appendice al volume "Biotecnologie, Biodiversità e Alimentazione", a cura di Nardone C., Edizione *Il bene comune*, 73-129, 2010.

Maurice-Van Eijndhoven M. H. T., S. J. Hiemstra, M. P. L. Calus. 2011. Milk fat composition of 4 cattle breeds in the Netherlands. *J. Dairy Sci.* 94 :1021–1025.

Mc Parland S., J.F. Kearney, M. Rath, D. P. Berry. 2007. Inbreeding effects on milk production, calving performance, fertility and conformation in Irish Holstein-Friesians. *J. Dairy Sci.* 90:4411-4419.

Melka M.G., M. Sargolzaei, F. Miglior, F. Schenkel. 2013. Genetic diversity of Guernsey population using pedigree data and gene-dropping simulations. *Animal* 7:192-201.

Meuwissen, T. H. E., and Z. Luo. 1992. Computing inbreeding coefficients in large populations. *Genetics Selection and Evolution* 24:305-313.

Meuwissen, T. H. E., and M. E. Goddard. 1997. Selection of farm animals for non-linear traits and profit. *J. Anim. Sci.* 65:1-8.

Meuwissen, T.H.E. 1997. Maximizing the response of selection with a predefined rate of inbreeding. *J. Anim. Sci.* 75:934-940.

Miglior F., B. L. Muir, B. J. Van Doormaal. 2005. Selection indices in Holstein cattle of various countries. *J. Dairy Sci.* 88:1255–1263.

Misztal I., S. Tsurura, T. Strabel, B. Auvray, T. Druet, and D.H. Lee. 2002. BLUPF90 and related programs (BGF90). Proc 7th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod., Montpellier, France.

Moioli B. 1988. Valutazione genetica dei riproduttori di razza Rendena. Atti sulle giornate di studio sui problemi delle razze bovine autoctone dell'arco alpino. S. Michele all'Adige, TN, 27-29 maggio 1988:47-57.

Moioli, B., F. Napolitano, G. Catillo, 2004. Genetic diversity between Piedmontese, Maremmana, and Podolica cattle breeds. *J. Hered.* 95:250-256.

Moretti, M. 2001. Analisi della biodiversità della razza bovina Calvana con il metodo di indagine molecolare AFLP.

Odum, E. 1989. Ecology and our endangered life-support systems. *Sinauer*.

OECD, 1999c. Sustainable Economic Growth: Natural Resources and the Environment in Norway. Economic Department Working Papers No.218, General Distribution Paper [ECO/WKP(99)10], Paris France.

Olori V.E., W.G. Hill, B.J. McGuirk, and S. Brotherstone. 1999. Estimating variance components for test day milk records by restricted maximum likelihood with a random regression animal model. *Livest. Prod. Sci.* 61:53-63.

Pedrosa, V. B., M. L. Santana Jr., P. S. Oliveira, J. P. Eler, J. B. S. Ferraz. 2010. Population structure and inbreeding effects on growth traits of Santa Inês sheep in Brazil. *Small Rumin. Res.* 93:135–139.

Perez-Enciso, M., M.A. Toro, 1991. A note on prediction of response to artificial selection with indices of unequal information. *Livest. Prod. Sci.*, 29(4):335-340.

Peréz Torrecillas, C., R. Bozzi, R. Negrini, F. Filippini. A. Giorgiotti. 2002. Genetic variability of three Italian cattle breeds determined by parameters based on probabilities of gene origin. *J. Anim. Breed. Genet.* 119:274-279.

Petit R.J., A. El Mousadik, O. Pons. 1998. Identifying populations for conservation on the basis of genetic markers. *Conserv. Biol.* 12:844-855.

Pintus, E. 2012. Approaches for the analysis of genetic diversity in cattle breeds farmed in Italy. *Tesi di dottorato, Università di Sassari. Sottomissione: 31/01/2012.*

Pool M.H., L.L.G. Janss, and T.H.E. Meuwissen, 2000a. Genetic parameters of Legendre Polynomials for first parity lactation curves. *J. Dairy Sci.* 83:2640-2649.

Pool M.H., T.H.E. Meuwissen, 2000b. Reduction of the number of parameters for a polynomial random regression test day model. *Livest. Prod. Sci.* 64:133-145.

Ptak E., and L.R. Schaeffer. 1993. Use for test day yields for genetic evaluation of dairy sires and cow. *Livest. Prod. Sci.* 34:23-24.

Quaas R.L., 1976. Computing the diagonal elements and inverse of a large numerator relationship matrix. *Biometrics* 32: 949-953.

Quinton, M., C. Smith, and M. E. Goddard. 1992. Comparison of selection methods at the same level of inbreeding. *J. Anim. Sci.* 70:1060.

Rauw W. M., E. Kanis, E. N. Noordhuizen, F. J. Grommers. 1998. Undesirable side effects of selection for high production efficiency in farm animals: A review. *Livest. Prod. Sci.* 56: 13-33.

Reents R., J. Jamrozik, J.C.M. Dekkers, and L.R. Schaeffer. 1995a. Estimation of genetic parameters for test day records of Somatic Cell Score. *J. Dairy Sci.* 78:2847-2857.

Reents E., J.C.M. Dekkers, and L.R. Schaeffer. 1995b. Genetic evaluation for Somatic Cell Score with a Test Day Model for multiple lactation. *J. Dairy Sci.* 78:-2858-2870.

Rege, J.E.O., J.P. Gibson, 2003. Animal genetic resources and economic development: issues in relation to economic valuation. *Ecological Economics*, 45:319-330.

Reggiani E. 1914. I bovini Modenesi di pianura. Società tipografica modenese. Antica tipografia Soliani Modena.

Rekaja R., F. Béjar, M.J. Carabano, and R. Alenda. 1995. Genetic parameters of test day measurements in Spanish Holstein Friesian. Proc. of the 1995 *Interbull Meeting* in Prague, Rep. Ceka. Bulletin n°8, 1995.

Rekaja R., M.J. Carabano, and M.A. Toro. 1999. Use of test day yields for genetic evaluation of production traits in Holstein-Friesian cattle. *Livest. Prod. Sci.* 57:203-217.

Rossoni A., O. Bonetti, C. Nicoletti, A. B. Samoré, A. Bagnato. 2008. Genetic evaluation for casein contents in Italian Brown Swiss: preliminary results. *Interbull Meeting*, Niagara Falls, USA. Interbull Bulletin no. 38: 52-54.

Samoré A. B., C. Romani, A. Rossoni, E. Frigo, O. Pedron, A. Bagnato. 2007. Genetic parameters for casein and urea content in the Italian Brown Swiss dairy cattle. *Ital. J. Anim. Sci.* 6(Suppl.1): 201-203.

Samoré A. B., F. Schiavini, F. Canavesi, A. Rossoni, A. Bagnato. 2008. Più caseine nel latte per migliorare la resa. *Informatore Zootecnico*, 9: 64-68.

Santana, M.L. Jr., P.S. Oliveira, J.P. Eler, J.P. Gutiérrez, J.B. Ferraz. 2012. Pedigree analysis and inbreeding depression on growth traits in Brazilian Marchigiana and Bonsmara breeds. *J. Anim. Sci.* 90:99-108.

Sargolzaei, M., H. Iwaisaki, and J.J. Colleau, 2005. A fast algorithm for computing inbreeding coefficients in large populations. *J. Anim. Breed. Genet.*, 122(5):325-331.

Sartore S., V. Barbieri, R. Rasero, P. Sacchi, L. Di Stasio, G. Sartore 2005. Analysis of genetic variation in Agerolese cattle breed. *Biochem. Genet.* 43:485-90.

Sartori, C., R. Mantovani. 2012. Effects of inbreeding on fighting ability measured in Aosta Chestnut and Aosta Black Pied cattle. *J. Anim. Sci.* 90:2907-2915.

SAS Institute 2009. SAS/STAT 9.2, User's guide, 2nd edition. SAS Institute Inc., Cary, NC.

Schaeffer L.R., J.C.M. Dekkers. 1994. Random regressions in animal models for test day production in dairy cattle. Proc. of the 5th WCGALP, Guelph, Canada.

Schaeffer L.R., J. Jamrozik, G.J. Kistemaker, and B. Van Doormaal. 2000. Experience with a Test Day Model. *J. Dairy Sci.* 83:1135-1144.

Schaeffer L.R. 2004. Application of Random Regression Models in animal breeding. *J. Dairy Sci.* 86:35-45.

Sewalem, A., G.J. Kistemaker, F. Miglior, B.J. Van Doormaal. 2006. Analysis of inbreeding and its relationships with functional longevity in Canadian dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 89:2210-2216.

Slate J, T. Marshall, J. Pemberton, 2000. A retrospective assessment of the accuracy of the paternity inference program cervus. *Molecular Ecology*, 9, 801–208.

Smith C., and Quinton V.M. 1993. The effect of selection in sublines and crossing on genetic response and inbreeding. *J. Anim. Sci.*, 71:-2638, 1993.

Smith L.A., B.G. Cassell, R.E. Pearson, 1998. The effects of inbreeding on the lifetime performance of dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 81, 2729-2737.

Sørensen, A.C., M.K. Sørensen, P. Berg. 2005. Inbreeding in Danish dairy cattle breeds. *J. Dairy Sci.* 88:1865–1872.

Sørensen M. K., E. Norberg, J. Pedersen, L. G. Christensen. 2008. Crossbreeding in Dairy Cattle: A Danish Perspective. *J. Dairy Sci.* 91: 4116-4128.

Soyeurt H., P. Dardenne, A. Gillon, C. Croquet, S. Vanderick, P. Mayeres, C. Bertozzi, N. Gengler. 2006. Variation in Fatty Acid Contents of Milk and Milk Fat Within and Across Breeds. *J. Dairy Sci.* 89:4858–4865.

Specht L.W., J.R Brunner., D.E. Madden, N.P. Ralston. 1956. The Influence of Several factors on the Protein and Solids-Not-Fat Content in the Milk of Jersey Cows. *J. Dairy Sci.* 39: 1337-1341.

Stachowicz, K, M. Sargolzaei, F. Miglior, and F. S. Schenkel. 2011. Rates of Inbreeding and Genetic Diversity in Canadian Holstein and Jersey Cattle. Submitted to *J. Dairy Sci.* 94(10):5160-75.

Strabel T., and I. Mistzal. 1999. Genetic parameters for first and second lactation milk yields of Polish Black and White cattle with random regression test-day models. *J. Dairy Sci.* 82:2805-2810.

Swalve H.H. 1995a. Test Day Models in the analysis of dairy production data a review. *Arch. Anim. Breed.* 38:591-612.

Swalve H.H. 1995b. The effect of Test Day Models on the estimation of genetic parameters and breeding values for dairy yields traits. *J. Dairy Sci.* 78:929-938.

Swalve H.H. 2000. Theoretical basis and computational methods for different Test day genetic evaluation methods. *J Dairy Sci.* 83:1115-1124.

Swan A. A., B. P. Kinghorn. 1992. Symposium: Dairy crossbreeding: Evaluation and exploitation of crossbreeding in dairy cattle. *J. Dairy Sci.* 75: 624-639.

Terawaki, Y., M. Suzuki, and Y. Fukui. 1998. Genetic response and inbreeding in subpopulation mating system for dairy cattle. Vol. 25, pages 471–474 in Proc. 6th *World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod.*, Armidale, Australia. Univ. New England, Armidale, Australia.

Thompson J.R., R.W. Everett, C.W. Wolfe, 2000a. Effects of inbreeding on production and survival in Jerseys. *J. Dairy Sci.* 83, 2131-2138.

Thompson J.R., R.W. Everett, N.L. Hammerschmidt, 2000b. Effects of inbreeding on production and survival in Holsteins. *J. Dairy Sci.* 83, 1856-1864.

Tier B., 1990. Computing inbreeding coefficients quickly. *Genet Sel Evol.* 22, 419-430.

Tisdell, C., 2003. Socioeconomic causes of loss of animal genetic diversity: analysis and assessment. *Ecological Economics*, 45:365-376

UNEP, 2002. World Conservation Monitoring Centre www.unep-wcmc.org.

UNEP, 2005. Facts on biodiversity. A summary of the Millenium Ecosystem Assessment Biodiversity Synthesis.

Van Raden, P.M. 1992. Accounting for inbreeding and crossbreeding in genetic evaluation of large populations. *J. Dairy Sci.* 75, 3136–3144.

Vargas B., W. J. Koops, M. Herrero, J. A. M. Van Arendonk. 2000. Modelling extended lactations of dairy cows. *J. Dairy Sci.* 83: 1371-1380.

Veneto Agricoltura, 2007. Azienda Regionale per i settori Agricolo, Forestale e Agro-

Alimentare. Progetto Conservazione e Valorizzazione della razza Burlina.

Wall, D.P., H.B. Fraser, and A.E. Hirsh, 2003. Detecting putative orthologs. *Bioinformatics*, 19:1710-1.

Weigel, K.A. 2001. Controlling Inbreeding in Modern Breeding Programs. [*J. Dairy Sci.*](#) 84: 177–184.

Weigel K.A., K.A. Barless. 2003. Results of a producer survey regarding crossbreeding on US dairy farms. *J. Dairy Sci.* 86: 4148-4154.

Weigel, K.A. and S.W. Lin. 2000. Use of computerized mate selection programs to control inbreeding of Holstein and Jersey cattle in the next generation. *J. Dairy Sci.* 83: 822-828.

Wiggans, G.R., P. M. VanRaden, and J. Zuurbier, 1995. Calculation and use of inbreeding coefficients for genetic evaluation of United States dairy cattle. *J. Dairy Sci* 78(7):1584-1590.

Woolliams, J.A., and T.H.E. Meuwissen, 1993. Decision rules and variance response in breeding schemes. *Anim. Prod.* 56 179–186.

Woolliams, J.A., P. Bijma and B. Villanueva, 1999. The expected development of pedigree and its impact on genetic gain. *Genetics* 153: 1009–1020.

Woolliams, J.A. 2004. Managing populations at risk. In: Farm Animal Genetic Resources. Edited by Simm, G., Villanueva, B. Sinclair, K.D. and Townsend, S. Nottingham: *Nottingham University Press*, pp 85-106.

Wray N.R., and M. E. Goddard, 1994. Increasing long-term response to selection. *Genet. Sel. Evol.* 26:431-451.

Wright S., 1922. Coefficients of inbreeding and relationship. *The American naturalist* 56:330-338.

Wright, S., 1931. Evolution in Mendelian population. *Genetics* 16:97-159.

Wright, S., 1969. Evolution and the Genetics of Populations, Vol. II. *The Theory of Gene Frequencies*. University of Chicago Press, Chicago.

Zanon A., 2005. Razze Zootecniche in pericolo di estinzione: il bovino Pontremolese. *Vita in Campagna*, 2:51.