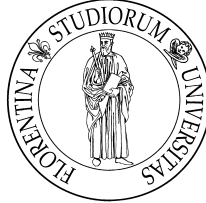


Università degli Studi di Firenze
Facoltà di Agraria
Dipartimento di Biotecnologie Agrarie
Sezione Scienze Zootecniche



Scuola di Dottorato in
*“Produzioni animali e vegetali di qualità per la valorizzazione del
territorio e salvaguardia dell'ambiente”*

XXIII Ciclo di Dottorato di ricerca in
“Produzione di Animali Acquatici e Terrestri e Qualità dei Prodotti”

Settore disciplinare AGR/20 zoocolture

Tesi di dottorato:

**Caratterizzazione zootecnica, morfometrica e genetica di ceppi
di trota iridea (*O. mykiss*) utilizzati in acquacoltura**

Candidato: Dr. Filippo Faccenda

Tutor: Prof. Oreste Franci

Co-Tutor: Prof. Emilio Tibaldi

Coordinatore: Prof.ssa Bianca Maria Poli

Alla mia famiglia

*Oh beati quelli pochi che siedono a quella mensa dove lo pane de li angeli si manuca!
e miseri quelli che con le pecore hanno comune cibo! ...
E io adunque, che non seggio a la beata mensa, ma, fuggito de la pastura del vulgo,
a' piedi di coloro che siedono ricolgo di quello che da loro cade...*

Convivio di Dante Alighieri, Trattato Primo, Capitolo I.

ABBREVIAZIONI	iv
1. INTRODUZIONE.....	1
1.1. Cenni storici sull'allevamento	1
1.1.1. <i>Il concetto di "razza" e le razze</i>	3
1.1.2. <i>La selezione</i>	3
1.2. Cenni storici sull'acquacoltura.....	4
2. LA PRODUZIONE IN ACQUACOLTURA	8
2.1. La produzione mondiale.....	8
2.2. La produzione italiana.....	10
2.3. La produzione locale trentina.....	12
2.3.1. <i>L'Associazione dei trotilcoltori trentini</i>	13
2.3.2. <i>La trota iridea in acquacoltura</i>	14
3. STRUMENTI E METODOLOGIE DI INDAGINE	16
3.1. Il test di performance zootecnica	16
3.2. Parti eduli del pesce e loro qualità	19
3.2.1. <i>Breeding e rapporti morfologici</i>	20
3.2.2. <i>L'influenza del sesso e della riproduzione</i>	22
3.2.3. <i>Alimento ed alimentazione</i>	23
3.2.4. <i>Le tecniche di gestione</i>	26
3.2.5. <i>Fattori ambientali</i>	28
3.2.6. <i>Fattori legati alle tecniche di macellazione e di lavorazione</i>	29
3.3. Morfometria tradizionale e morfometria geometrica.....	30
3.3.1. <i>La morfometria tradizionale</i>	31
3.3.2. <i>La rivoluzione morfometrica: la morfometria geometrica</i>	32
3.3.3. <i>La morfometria in acquacoltura</i>	33
3.4. Il miglioramento genetico e tecniche applicative	44
3.4.1. <i>Selezione dei tratti ed incrocio programmato in acquacoltura</i>	44
3.4.2. <i>L'inbreeding</i>	48
3.4.3. <i>Interazioni genotipo-ambiente</i>	49
3.4.4. <i>La tecnologia dei microsatelliti applicata all'acquacoltura</i>	51
4. SCOPO DELLA TESI	58
5. MATERIALI E METODI.....	59
5.1. Introduzione	59
5.2. Raccolta dei dati.....	60
5.2.1. <i>Schede tecniche descrittive delle piscicoltura</i>	60
5.2.2. <i>Schede informative sul materiale allevato</i>	60
5.3. Indagini preliminari sulla produzione locale	61
5.3.1. <i>Macellazioni</i>	61
5.3.2. <i>Biometrie pre-lavorazione</i>	62
5.3.3. <i>Biometrie in lavorazione</i>	62
5.3.4. <i>Biometrie post-lavorazione</i>	63
5.3.5. <i>Biometrie sul trancio e visceri</i>	63
5.3.6. <i>Rilievi biometrici postumi, calcolo di indici e fattori biosomatici</i>	64
5.4. Prove zootecniche	65
5.4.1. <i>Acquisizione e schiusa delle uova</i>	66
5.4.2. <i>Svezzamento delle larve</i>	67
5.4.3. <i>Accrescimento dei giovanili</i>	68
5.4.4. <i>La selezione e composizione dei lotti per i test di performance zootecnica</i>	68
5.4.5. <i>Test di performance zootecnica. Gli impianti coinvolti</i>	69
5.4.6. <i>Monitoraggio dei parametri ambientali</i>	71
5.4.7. <i>Metodologia di campionamento</i>	71

5.4.8.	<i>Mangimi e piani di razionamento</i>	72
5.4.9.	<i>Macellazione dei campioni</i>	73
5.5.	Morfometria geometrica	74
5.5.1.	<i>Acquisizione delle immagini</i>	74
5.5.2.	<i>Digitalizzazione dei Landmark</i>	74
5.5.3.	<i>Processo di unbending</i>	76
5.6.	Analisi genetiche	78
5.6.1.	<i>Estrazione e quantificazione del DNA</i>	78
5.6.2.	<i>Amplificazione e separazione delle regioni microsatellite</i>	79
5.7.	Analisi statistiche dei dati	82
5.7.1.	<i>Analisi dei dati zootecnici</i>	82
5.7.2.	<i>Analisi dei dati morfometrici</i>	82
5.7.3.	<i>Analisi dei dati genetici</i>	85
6.	RISULTATI	87
6.1.	Lo stato attuale della troscicoltura trentina	87
6.2.	Le rese alla macellazione degli allevatori locali	90
6.2.1.	<i>Analisi delle rese</i>	97
6.3.	Le prove zootecniche	102
6.3.1.	<i>La schiusa e lo svezzamento larvale</i>	102
6.3.2.	<i>L'accrescimento dei giovanili</i>	103
6.3.3.	<i>La selezione e composizione dei lotti per i test</i>	105
6.3.4.	<i>Esecuzione dei test di performance zootecnica</i>	105
6.3.5.	<i>Macellazione dei lotti sperimentali: valutazione della carcassa e delle rese</i>	114
6.3.6.	<i>Macellazione dei lotti sperimentali: valutazione del trancio</i>	117
6.4.	L'analisi morfometrica dei lotti	121
6.4.1.	<i>Analisi dell'errore di digitalizzazione</i>	121
6.4.2.	<i>Analisi delle componenti principali (PCA)</i>	122
6.4.3.	<i>Analisi delle variabili canoniche (CVA)</i>	125
6.5.	L'analisi genetica dei lotti	131
6.5.1.	<i>Cluster Analysis</i>	131
6.5.2.	<i>Molecular Coancestry</i>	140
7.	DISCUSSIONE	143
7.1.	La troscicoltura locale	143
7.2.	I risultati delle prove zootecniche	144
7.3.	Biometrie e rese commerciali post-macellazione	146
7.4.	Le morfometrie	148
7.5.	La genetica	150
8.	CONCLUSIONI	152
9.	BIBLIOGRAFIA	154
10.	WEBLIOGRAFIA	170
11.	ALLEGATI	171

ABBREVIAZIONI

AF: Altezza del Filetto

AM: Altezza Massima

ANOVA: Analisi della Varianza

API: Associazioni Piscicoltori Italiani

AS.TRO.: Associazione dei Trotilcoltori Trentini

CVA: Analisi Canonica della Varianza

CVs: Variabili canoniche

DA: Analisi Discriminante

DFA: Analisi della Funzione Discriminante

DFs: Funzioni Discriminanti

DxA: interazione dieta per ambiente

F.A.O.: Food and Agriculture Organization of the United Nations

F.E.M.: Fondazione Edmund Mach

FEAP: Federazione Europea dei Produttori d'Acquacoltura

GDO: Grande Distribuzione Organizzata

GLM: Modelli Lineari Generalizzati

GLS: Minimi Quadrati Generalizzati

GPA: Analisi Procastica Generalizzata

GxD: Interazione genotipo per dieta

GxE: Interazione genotipo per ambiente

ICA: Indice di conversione alimentare

IE: Indice Epato-somatico

IG: Indice Gonado-somatico

IGr: Indice di Adiposità viscerale

ISMEA: Istituto di Servizi per il Mercato Agricolo Alimentare

ISTAT: Istituto Nazionale di Statistica

IV: Indice Viscero-somatico

LT: Lunghezza Totale

MANCOVA: Analisi Multivariata della Covarianza

MANOVA: Analisi Multivariata della Varianza

MCMC: Markov chain Monte Carlo

MGPCA: Analisi dei Componenti Principali per Gruppi

NEI: Necrosi Ematopoietica Infettiva
P.M.U.: Peso Medio Unitario
PC: Peso del Capo
PCA: Analisi dei Componenti Principali
PCR: Polymerase Chain Reaction
PCs: Componenti Principali
PeV: Peso della carcassa eviscerata
PF: Peso del Filetto
PFr: Peso del Filetto rifilato
PL: Peso della Lisca
PLV: Produzione Lorda Vendibile
PT: Peso Totale
SEV: Setticemia Emorragica Virale
SF: Spessore del Filetto
SGR: specific growth rate
SM: Spessore Massimo
SMt: Spessore Massimo del Trancio
SV: Spessore Ventrale
Tps: Thin-plate spline
USD: Dollari Americani

1. INTRODUZIONE

1.1. Cenni storici sull'allevamento

L'origine di quest'attività è remotissima, probabilmente precedente all'agricoltura, e comunque da taluni indicata come una razionale evoluzione, organizzata ed in qualche misura programmata, dell'attività di caccia, mediante la quale si nutrivano i nostri antenati. Il rapporto uomo-animale ha attraversato nei tempi tre fasi: fase della caccia, fase della domesticazione e fase dell'allevamento. Un passaggio graduale da un rapporto conflittuale ad un rapporto reciprocamente vantaggioso per entrambe le parti, con il vantaggio per l'animale di ottenere difesa dai predatori ed il mantenimento, e per l'uomo la fornitura di prodotti utili al proprio sostentamento. In questo modo l'uomo ha imparato ad assicurarsi riserve di cibo per il futuro, *in primis* tenendo in vita gli animali catturati sino al momento di nutrirsi, ed in seguito cercando di lasciarne indenni una parte onde consentirne la perpetuità attraverso la riproduzione. L'addomesticamento dei più importanti animali domestici è avvenuto molto prima di qualsiasi documentazione scritta, ma molto dopo che l'uomo ha imparato ad utilizzare e costruire utensili di considerevole livello. I primi riscontri concreti sull'attività di allevamento, risalenti a migliaia di anni prima di Cristo, si hanno grazie ai reperti ritrovati ed appartenuti alle popolazioni egiziana e sumera.

Il problema dell'origine degli animali domestici è stato affrontato da numerosi studiosi ma non è stato ancora risolto compiutamente. Ogni specie ha subito nel tempo graduali modificazioni partendo da forme più semplici delle attuali, e molto spesso diverse tra loro, per cui è difficile ricostruire i vari passaggi e ancor di più definire lo stadio iniziale (Balasini, 2000).

Negli anni '30 J.L. Lush scriveva: *E' interessante notare come ci siano probabilmente milioni di specie animali nel mondo, ma eccettuati le api ed i bachi da seta, tutti gli animali addomesticati dall'uomo appartengano a poche specie riconducibili a mammiferi od uccelli* (Lush, 1937). Difatti l'uomo nel tempo ha selezionato animali di facile gestione ed ha appreso a ricavarne, oltre alle carni, anche prodotti secondari come per esempio il latte, le uova e la seta. L'addomesticamento in molti casi ha prodotto cambiamenti piuttosto grandi nel comportamento dell'animale. Alcuni di questi sono stati condizionati da circostanze ambientali, entro le quali l'animale è stato allevato, ma molti altri sono ereditari e presumibilmente sono stati causati durante il processo di addomesticamento, attraverso la selezione di quegli individui o famiglie più mansuete, più cooperative con l'uomo, e così via.

Sempre Lush ipotizzava nel 1937: *possiamo avere un'idea di come sia stata effettuata l'addomesticazione dei principali animali domestici osservando ciò che sta avvenendo per gli animali da laboratorio, nelle piscicoltura e negli allevamenti da pelliccia; qui si osservano sovente animali che si possono considerare appena oltre lo stadio selvatico.*

Nonostante ciò, le leggi fondamentali dell'ereditarietà, i meccanismi e la fisiologia della riproduzione sono uguali sia per gli animali domestici sia per i loro parenti selvatici. Il cambiamento dallo stato selvatico a quello addomesticato non altera queste leggi né crea nuove eredità. I principali cambiamenti che l'addomesticamento ha causato nel corso del tempo sono stati: un incremento dell'inbreeding (o consanguineità) e dell'outbreeding (incrocio tra razze o ceppi fenotipicamente e geneticamente diversi), degli accoppiamenti casuali, e l'aggiunta della selezione artificiale alle forze di selezione naturale.

L'incremento dell'inbreeding è stato favorito dal ristretto luogo dedicato all'allevamento, ovvero dall'introduzione di barriere artificiali (quali recinti, ecc.) oltre a quelle già presenti in natura, e dalla riproduzione sempre limitata alla stessa regione di nascita. Questo fenomeno, i cui effetti erano conosciuti già in epoche lontane, era tenuto sotto controllo evitando incroci tra parenti stretti e favorendo gli scambi tra villaggi vicini. Questa gestione ha consentito la fissazione di determinati caratteri e reso uniformi stock allevati, e conseguentemente ha permesso l'evoluzione di razze diverse tra le specie di animali domestici.

L'incremento dell'outbreeding è un fenomeno da addebitare all'azione dell'uomo, che con il nomadismo prima e con il commercio poi, non dimenticando tuttavia guerre ed invasioni, ha reso possibile agli animali domestici la copertura di enormi distanze, più di quelle fisicamente possibili per un animale selvatico; superando in questo modo anche quelle barriere naturali insormontabili per gli animali, quali possono essere mari, oceani e catene montuose. Questi spostamenti hanno reso possibile l'incrocio tra razze che altrimenti non sarebbero mai venute a contatto tra loro. Il primo esempio documentato di queste "contaminazioni" è stato l'importazione di stalloni arabi dalla penisola arabica verso l'Europa da parte dei Crociati di ritorno dalla guerra in Terra Santa. In tempi successivi esistono altri esempi, come: l'introduzione di bovini dall'Olanda all'Inghilterra, delle capre Angora dalla Turchia al Nord America ed al Sud Africa, della razza ovina "Shorthorn" dall'Inghilterra all'Argentina ed all'Australia, della trota iridea dagli Stati Uniti all'Europa. Questo fenomeno è esploso negli ultimi sei secoli, con le grandi esplorazioni e con la capillare diffusione del commercio, ma solo recentemente per le principali specie ittiche, a cuasa di un deficit tecnologico e di conoscenze che ne favorisse la diffusione.

1.1.1. Il concetto di “razza” e le razze

Se la storia dell'allevamento e delle sue razze non è ben definita, si può rimarcare come pure lo stesso concetto di razza è fonte di numerose controversie. A tale proposito potrebbe essere esplicativo l'articolo di Matassino *“Alcune riflessioni sul significato di razza”* (Matassino, 2009). Si potrebbe disquisire all'infinito se il concetto di razza abbia un valore tassonomico o meno, e se le razze si possano distinguere per meri caratteri fenotipici o per la variabilità delle frequenze alleliche. Nonostante l'incertezza del significato e dell'importanza che si può attribuire al concetto di razza, il termine in sé risulta utile per effettuare un distinguo tra l'animale “selvatico” e quello “domestico”, passando attraverso il suo processo di addomesticamento descritto poc'anzi. Ai giorni d'oggi si è persa gran parte dell'informazione relativa alla specie ancestrale, e si possono ricostruire degli step evolutivi entro specie solo grazie alla paleontologia e all'analisi genetica delle razze “domestiche” sopravvissute sino ad oggi. Le stesse razze domestiche sono in continua evoluzione, non a caso Dobzhansky (1951) le considera degli stadi di un processo evolutivo. Nel caso dei principali pesci di interesse commerciale, e tra questi la trota, il discorso cambia, in quanto la domesticazione è ancora in atto, e soggetti selvatici sono ancora presenti negli areali di origine. Dopo un secolo di propagazioni, immissioni, incroci e selezioni possiamo individuare le prime “razze” domestiche di trota iridea.

1.1.2. La selezione

“Selezione” significa sostanzialmente una differenza nel tasso riproduttivo all'interno di una popolazione. In quest'ultima, animali con determinate caratteristiche tendono ad avere una prole più numerosa di altri, che non hanno tali caratteristiche. In questo modo i geni degli animali favoriti possono diffondersi e prevalere all'interno della popolazione. La selezione artificiale differisce dalla selezione naturale solo per il modo e l'intensità con cui determinate caratteristiche vengono favorite, sempre Lush sentenziava: *la selezione effettuata dall'uomo può differire da quella naturale sia per “intensità” sia per “direzione”*. Comunque, anche con l'addomesticamento degli animali, la selezione naturale non cessa completamente. Gli animali deboli e/o malati sono destinati comunque a soccombere prima di raggiungere l'età riproduttiva a favore di quegli individui più forti. La storia dell'allevamento mostra che i principi della selezione sono stati applicati per migliaia di anni, molto prima che le basi teoriche fossero sviluppate con un considerevole successo. Non sappiamo quando la selezione artificiale abbia iniziato a giocare un ruolo nell'addomesticamento degli animali allevati, ma crediamo che la selezione naturale e un'involontaria selezione artificiale giocarono un ruolo combinato per lungo tempo. Da questo punto di vista i caratteri comportamentali in particolar modo furono fortemente selezionati durante le prime fasi dell'addomesticamento (Gjedrem, 2005).

Già al tempo dei Romani, Autori quali Varrone, Columella, Tacito e Virgilio nelle loro opere di divulgazione delle tecniche agricole e zootecniche parlano di animali “selezionati” (primo secolo a.C.). Si allevavano bovini da latte e da lavoro (e si distinguevano per il manto fulvo o scuro), e la stessa cosa avveniva per i cavalli, con un distinguo tra quelli da guerra (*bellator*), da viaggio (*itinerarium*), da tiro (*carrucarius*), da corsa (*cruciatur*) e da caccia (*venedius*). Di notevole importanza era anche il suino, per questo animale si faceva un distinguo prettamente geografico-ambientale: nelle regioni fredde erano consigliati i soggetti neri e setolosi ed in quelle temperate neri o bianchi (preferibilmente a mantello semplice) con poche o senza setole. Virgilio in uno dei suoi scritti precisava: “*Chi vuole allevare cavalli vigorosi per gli allori olimpici o tori forti per l’aratro, deve scegliere attentamente le femmine che saranno le loro madri*”. Ci sono documenti scritti anche più antichi (500 a.C.) provenienti dalla Cina, nei quali si parla di selezione della carpa. Tuttavia a quei tempi la selezione era fondata principalmente su credenze religiose, esperienze personali ed atteggiamenti culturali, e così proseguirà per secoli, finché le esperienze e le opere di Bakewell nel ‘700 non rivoluzioneranno l’allevamento.

1.2. Cenni storici sull’acquacoltura

In maniera del tutto simile a quanto detto per l’allevamento del bestiame, l’acquacoltura è stata praticata fin da tempi molto antichi e sul suo inizio si possono avanzare soltanto delle ipotesi. La più accreditata è che del pesce abbia occupato dei terreni inondati, ed al ritiro delle acque sia rimasto intrappolato in alcuni ristagni. Dei pesci potrebbero essere stati immediatamente pescati, mentre i rimanenti potrebbero essere sopravvissuti, generando prole ed insegnando così all’uomo i primi rudimenti di acquacoltura (Avault, 1996). L’acquacoltura è stata accertata nell’economia di differenti civiltà antiche; in un bassorilievo ritrovato in una tomba egizia (risalente al 2500 a.C.), è ritratto un uomo intento a raccogliere probabili tilapie (*O. niloticus*) da uno stagno. Secondo C.F. Hickling (1962), citando S.Y. Lin, nello stesso periodo l’allevamento della carpa era già praticato in Cina, probabilmente nelle risaie, primo esempio di una rudimentale acquacoltura integrata. E’ comunque universalmente accettato che la culla dell’acquacoltura sia stata la Cina con l’allevamento della carpa (*Cyprinus carpio*) (Rabanal, 1988). Il più antico testo sull’acquacoltura proviene anch’esso dalla Cina, è stato scritto da Fan Lai e pubblicato per la prima volta nel 475 a.C.. L’autore nell’opera che si potrebbe tradurre con un titolo simile a “Il modello cinese d’allevamento dei pesci”, descrive le tecniche usate in acquacoltura attorno al 500 a.C. e riferisce che già all’epoca gli allevatori di carpe cinesi erano soliti dire: *per avere forti esemplari noi selezioniamo riproduttori selvatici da grandi fiumi* (Gjedrem, 2005). Anche Fenici, Etruschi e Romani

s'interessarono all'allevamento dei pesci. I Romani in particolare allevavano murene e anguille in apposite vasche sulla costa laziale, sulle isole dell'arcipelago toscano (l'isola del Giglio) o sull'isola di Ponza. Esiste documentazione scritta che nel I secolo a.C. l'ingegnere Sergio Orata (Lucrino, 140 a.C. circa – 90 a.C. circa) avviò un allevamento di ostriche nella località di Baia, in Campania. In Europa divenne un fenomeno importante dal medioevo, per poi essere approfondito da Stephen Ludwig Jacobi nel 1741, il quale effettuò la prima fecondazione artificiale su delle trote di fiume. La paternità della salmonicoltura è invece attribuita a Shaw (1836), ed alle sue osservazioni effettuate in Scozia (Drumlanrig), su giovanili di salmone (Laird, 1996).

Le origini dell'acquacoltura in Italia risalgono invece alla seconda metà dell'800, grazie al prof. Filippo de Filippi (1814-1867), il quale avviò il primo allevamento nel 1859 nei pressi di Torino (Bettoni, 1895), mentre in ambito regionale, in Trentino l'acquacoltura è nata nel 1880 con l'inaugurazione dello Stabilimento di piscicoltura di Torbole grazie agli sforzi di Don Francesco Canevari, Agostino Zecchini e del conte Filippo Bossi-Fedrigotti (Canestrini, 1914).

Come dicevamo la storia dell'acquacoltura è molto recente in confronto a quella del bestiame. Ai suoi albori (fine '800) si prelevavano gameti o novellame in natura per effettuare poi l'accrescimento e l'ingrasso all'interno delle piscicoltura. Solo dalla seconda metà del XX secolo hanno avuto inizio dei programmi di selezione di ceppi o razze selvatiche, per quei tratti fenotipici rilevanti dal punto di vista economico (*razze di cultura*). I salmonidi, in testa il salmone, sono stati e sono tuttora soggetti a programmi di selezione sia a livello scientifico (utilizzando le più moderne tecniche di genetica e biologia molecolare) sia a livello produttivo, con gli allevatori direttamente impegnati in selezioni a carattere prettamente fenotipiche a carico del proprio parco riproduttori; ma in ampi settori (in testa il marino) ci si affida ancora al rinsanguamento e alla rimonta con materiale selvatico (Crosetti et al., 2001). Una ragione può essere attribuita al fatto che le specie acquatiche hanno spesso un ciclo riproduttivo complesso, il più delle volte non pienamente compreso, e quindi non si è in grado di portarlo a termine o controllarlo in cattività; un altro motivo può essere rappresentato dal rapido deterioramento degli stock, causato dall'accumulo dell'inbreeding (Gjedrem, 2005) ovvero per depressione da consanguineità.

Esistono quindi ampi margini di miglioramento degli stock allevati in acquacoltura, sfruttando le conoscenze e le tecnologie attuali, non disponibili all'epoca di Bakewell. Lo stesso si può dire per il processo di addomesticamento delle specie ittiche più comuni. Secondo Gjedrem una teoria che giustificerebbe questo ritardo temporale nell'ingentilimento delle specie d'acquacoltura potrebbe essere correlato con l'elevata fecondità di queste ultime. Secondo questa teoria soltanto un esiguo numero di riproduttori sarebbe stato necessario per avere una prole sufficiente per la successiva generazione, come risultato si sarebbe verificata rapidamente la depressione da inbreeding, e con

essa malattie e scarse performance. Per questo motivo i piscicoltori sarebbero stati costretti a recuperare del nuovo materiale, ma questo significava utilizzare riproduttori selvatici disponibili in natura, interrompendo in questo modo il ciclo di continuo miglioramento delle specie (Gjedrem, 2005).

Queste teorie mettono in evidenza la mancanza di una “tradizione” di efficienti programmi d’incrocio. I caratteri di importanza economica nei pesci e nei molluschi sembrano essere poco differenti da quelli degli animali terrestri e delle piante, e la risposta alla selezione è solitamente più elevata negli organismi acquatici rispetto agli animali terrestri (Olesen et al., 2003).

Un altro fattore limitante è rappresentato dall’elevata diversità delle specie acquatiche (circa 25000), che determina quindi un’ampia gamma di possibili candidati per l’allevamento, anche per condizioni molto diversificate, senza ricorrere a strategie selettive peculiari. Questa diversità non esiste a livello della zootecnia terrestre, che è comunque limitata ad un numero molto ristretto di specie d’origine, dalle quali sono state selezionate molte varietà e razze. In definitiva molte specie d’acquacoltura sono geneticamente più vicine al loro corrispondente selvatico di quanto lo siano importanti specie animali terrestri e specie di piante usate in agricoltura (Eknath et al., 1991).

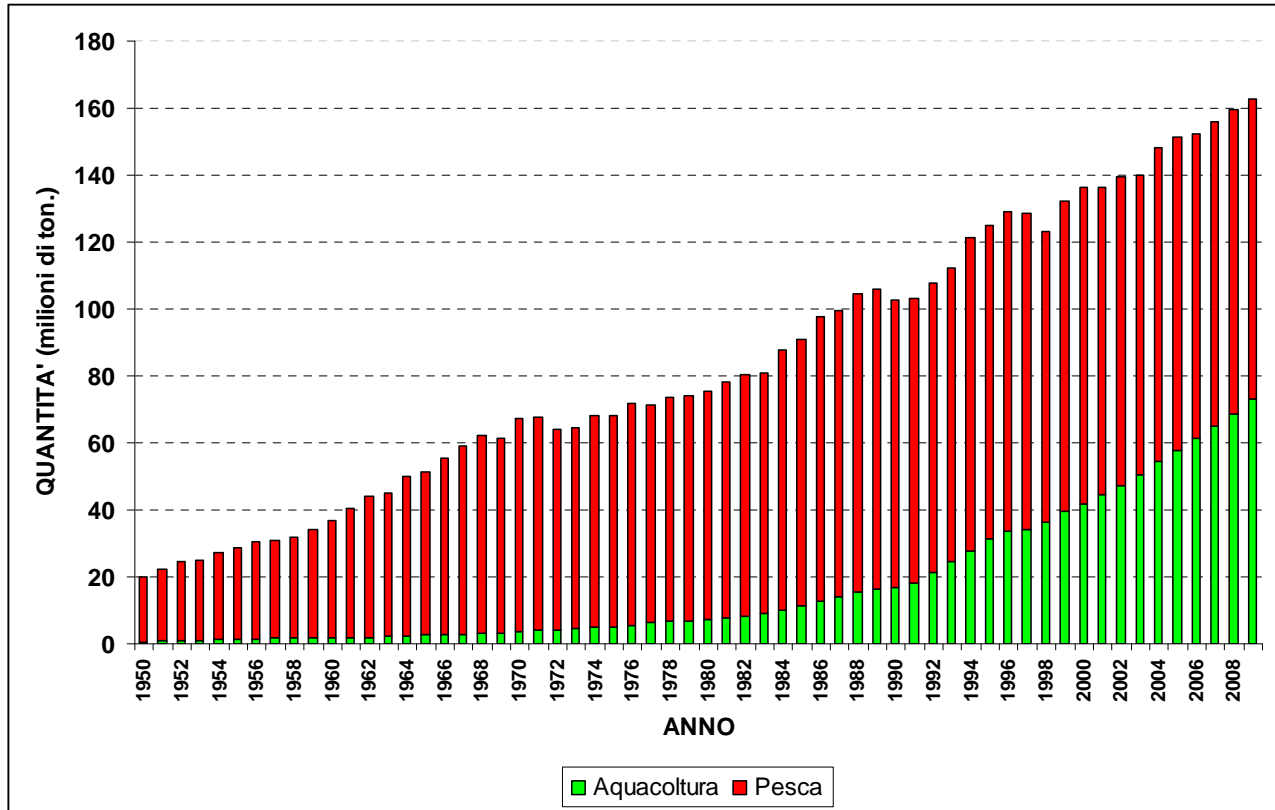
Come già anticipato l’elevata fecondità delle specie acquatiche permette consistenti guadagni genetici ottenuti attraverso selezioni ad elevata intensità. E’ perciò lecito aspettarsi favorevoli rapporti costi-benefici nei programmi d’incrocio, visto che le scienze applicate agli incroci selettivi e la genetica hanno contribuito enormemente all’incremento della produttività in numerosi settori sia dell’allevamento che dell’agricoltura.

Come già ribadito i programmi di incrocio sono scarsi nella storia dell’acquacoltura, tuttavia negli ultimi anni le prospettive per un sostanziale miglioramento genetico sono state documentate in numerose specie. Questo potenziale può essere sfruttato attraverso una programmazione a lungo termine per sviluppare ceppi più performanti per l’utilizzo in acquacoltura. La ricerca si è focalizzata sinora maggiormente sull’incremento della produttività attraverso il miglioramento delle procedure gestionali delle aziende correlate con l’ambiente di allevamento, l’alimentazione e la sua somministrazione, il controllo delle patologie, ecc. D’ora l’obiettivo dovrebbe essere quello di migliorare gli animali attraverso la selezione, in modo che questi traggano il maggior vantaggio da questi miglioramenti.

Il miglioramento dell’acquacoltura in tutti i suoi aspetti è auspicabile perché la pesca ha fornito per millenni i prodotti necessari al sostentamento umano e tutt’oggi fornisce il 62% del prodotto ittico, ma il pescato totale è tuttavia stabile da anni, e questi ritmi non essere sono più sostenibili dal punto di ambientale. Il deficit di disponibilità di prodotto in relazione alla richiesta di mercato, viene

sopperito, e lo sarà anche in futuro in misura maggiore, grazie all'acquacoltura che registra un costante tasso di crescita dal 2003, quantificabile in un 6% annuo (F.A.O., 2010b) (figura 1).

Figura 1: Produzione globale di pesce (in milioni di t).



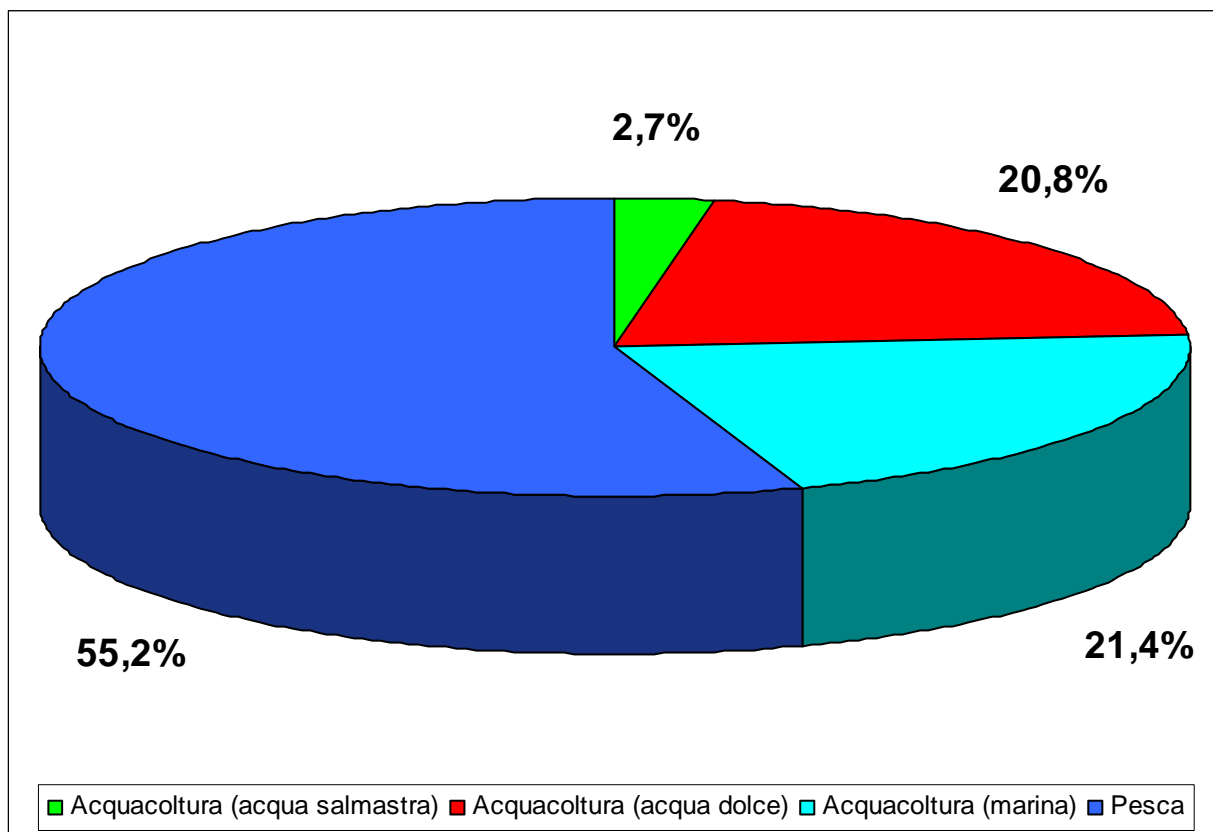
E' risaputo che le risorse naturali non sono infinite e non possono soddisfare la crescente richiesta di cibo, perciò si prospetta per l'acquacoltura un trend di crescita positivo anche per l'avvenire, soprattutto nella produzione ai fini dell'alimentazione umana.

2. LA PRODUZIONE IN ACQUACOLTURA

2.1. La produzione mondiale

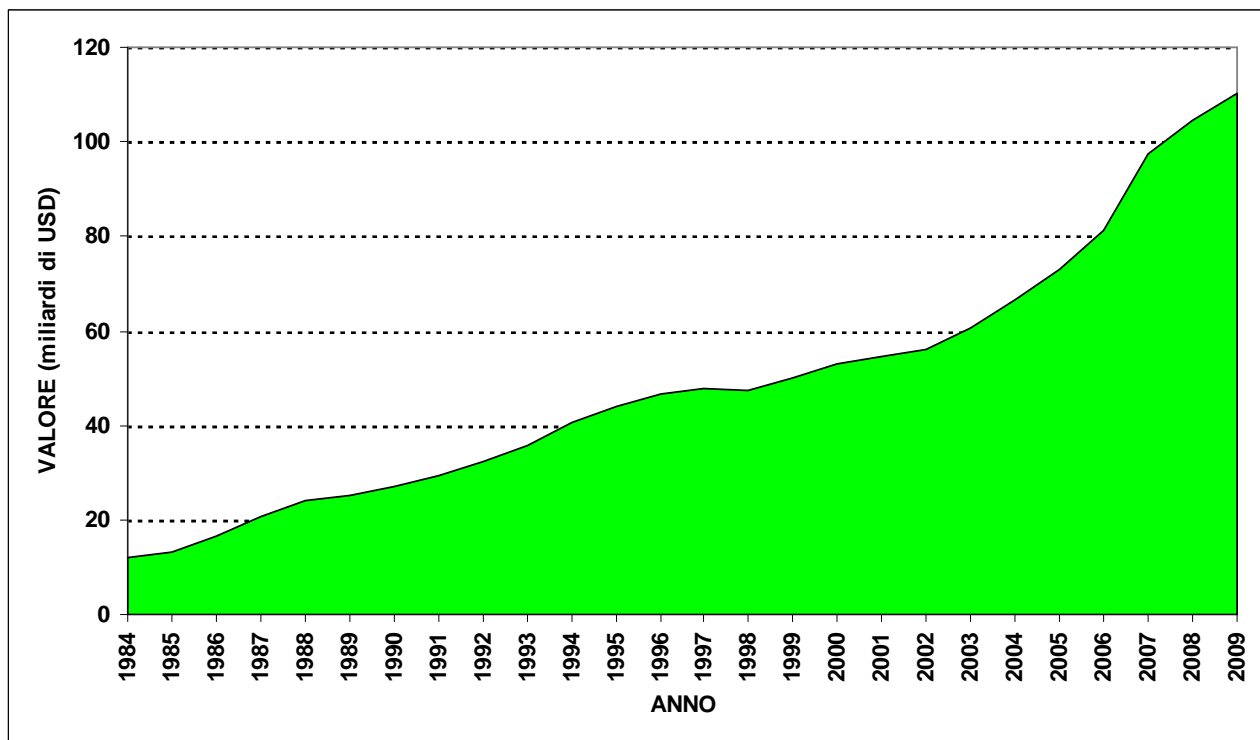
L'acquacoltura può essere considerata una delle attività di produzione alimentare a più alto tasso di crescita a livello mondiale, il suo contributo all'approvvigionamento mondiale di pesce, crostacei, molluschi ed altri organismi acquatici è cresciuto notevolmente negli ultimi decenni, innalzando la propria percentuale di produzione in peso dal 3,9% del 1970 al 36% del 2006, ed arrivando a rappresentare il 45,7 % dell'intera produzione mondiale di pesce ad uso alimentare nell'anno 2008. Viceversa, quasi ovunque, il superamento dei limiti sostenibili delle catture in mare ha reso stazionari i livelli di produzione della pesca. Secondo le ultime statistiche la produzione mondiale della pesca, stimata pari a circa 90 milioni di t, è rimasta sostanzialmente stabile negli ultimi dieci anni. Al 2009 la quota di produzione globale della pesca raggiunge il 55,2%, il rimanente è suddiviso tra l'allevamento marino (21,4%), d'acqua dolce (20,8%) e d'acqua salmastra (2,7%), come si può vedere in figura 2.

Figura 2: Quote di produzione in % per l'anno 2009 (dati F.A.O.).



Nello stesso anno l'acquacoltura ha prodotto circa 73 milioni di t di prodotto (considerando anche le piante acquatiche e le alghe) per un valore stimato di circa 110 miliardi USD (figura 3). Nello specifico sono stati prodotte quasi 580.000 t di trota iridea (*O. mykiss*), per un valore complessivo di 2,4 miliardi USD (F.A.O. 2010b).

Figura 3: Andamento del valore commerciale del prodotto d'acquacoltura dal 1984 al 2009 (in miliardi di USD).

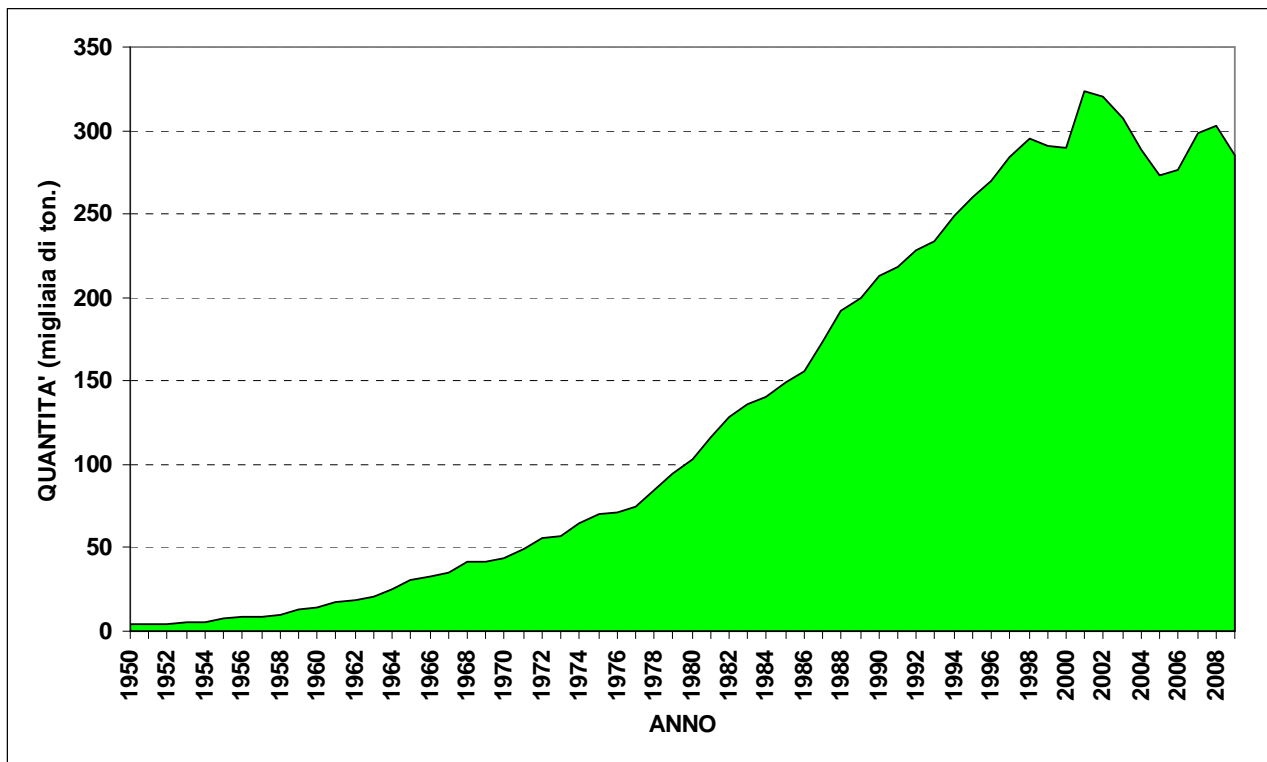


In testa alla lista dei maggiori produttori mondiali di pesce si trova la Cina, con quasi 33 milioni di t prodotte nel 2008, che rappresentano il 62% della produzione mondiale. Ampliando la visuale d'insieme è sempre l'Oriente a dominare i mercati, ed in particolare la zona Asia-Pacifico strappa un pesante 88,8% nella produzione globale. Più della metà della produzione mondiale è costituita da pesci d'acqua dolce (in totale di 30,2 milioni di t e circa 32,8 miliardi di USD di fatturato).

Secondo il rapporto F.A.O. del 2010 (F.A.O., 2010a) *“The State of World Fisheries and Aquaculture”*, la produzione europea rappresenta solo il 4,5% del totale in peso e circa il 9% in termini di fatturato a livello mondiale; conta circa 73.000 aziende e all'incirca 725.000 operatori di settore. Il confronto con il colosso cinese appare disarmante, tuttavia la produzione europea è sostanzialmente paragonabile sia per quantità che per fatturato a quella dell'intero continente americano. Entrambi i mercati hanno comunque risentito negli ultimi anni degli elevati tassi di crescita dei Paesi emergenti, registrando una costante contrazione della produzione dal 2000 ad oggi, quantificabile nella misura dell'1% annuo.

La trotticoltura europea (intesa come produzione di trota iridea) ha seguito il trend della produzione mondiale, aumentando costantemente la produzione sino al 2002, risentendo poi della contrazione del mercato europeo, e stabilizzandosi infine attorno alle 300.000 t annue (figura 4), che rappresentano all'incirca il 12-13% della quota di mercato del Vecchio Continente.

Figura 4: Andamento della produzione annua europea di *O. mykiss* dal 1950 al 2009.

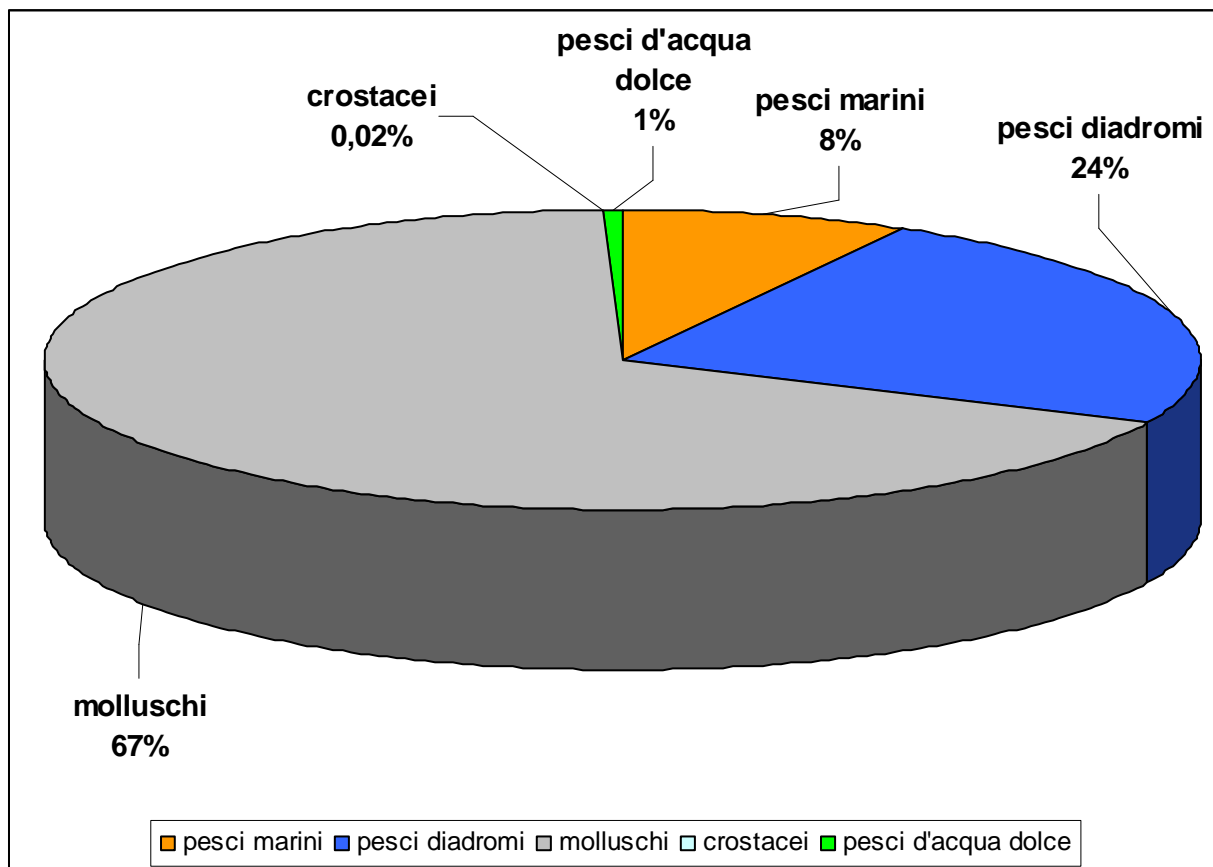


2.2. La produzione italiana

La produzione ittica italiana si attesta oggi intorno alle 416.000 t (FAO, 2009), la cui provenienza è da attribuirsi per circa il 61% all'attività di pesca e per la restante parte all'acquacoltura (circa 162.000 t). Per ciò che concerne l'attività di allevamento, l'Italia detiene un ruolo importante nel panorama europeo accanto a Norvegia, Francia, Spagna, Gran Bretagna e Grecia, e si trova al 20° posto mondiale, secondo la classifica redatta dalla F.A.O. sulla base dei quantitativi prodotti (F.A.O. 2010a), proprio dietro Spagna, Francia e Gran Bretagna ma davanti alla Grecia. In particolare l'acquacoltura italiana ha sviluppato la piscicoltura di acqua dolce e quella salmastra, dove spiccano i quantitativi prodotti dalla molluschicoltura (67% del prodotto totale nazionale) come si può vedere in figura 5. Ad oggi i siti per le produzioni di acqua dolce costituiscono il 28% circa del

totale, mentre gli impianti per le specie di acqua marina e salmastra, di molluschicoltura e crostaceicoltura, rappresentano la rimanente parte.

Figura 5: Incidenza percentuale dei vari comparti produttivi dell'acquacoltura italiana nel 2009.



La piscicoltura rappresenta il 33% della produzione totale in acquacoltura, con oltre 72000 t e oltre 350 milioni di € di P.L.V. (API, 2011). Un ruolo preponderante è sicuramente da attribuirsi alla trotticoltura, prodotto storico dell'allevamento italiano, che da solo rappresenta oltre il 60% della produzione con circa 40000 t prodotte nel 2010. La produzione ittica da allevamento si avvale della presenza sul territorio nazionale di circa 1480 impianti (ai dati dell'8° censimento generale dell'industria e dei servizi; ISTAT, 2001), il 75 % dei quali risiede nel Nord Italia, con una spiccata prevalenza del Nord-Est (circa 700 impianti). Secondo API la maggioranza delle aziende nazionali (circa 800) è dedicata totalmente o in parte alla trotticoltura, che vanta all'incirca 15000 addetti (compreso l'indotto). La localizzazione geografica delle aziende ittiche risente principalmente dell'influenza del fattore territorio, il quale assume rilevanza non solo per gli aspetti legati all'attività di impresa. Non va infatti dimenticato che una delle risorse critiche per l'acquacoltura è rappresentata dall'acqua, la cui disponibilità e qualità è in grado di incidere sulla possibilità di sviluppare e gestire l'attività di allevamento. Tale fattore ha quindi pesato, soprattutto in passato,

sulla distribuzione territoriale delle aziende ittiche di allevamento, le quali si sono stabilite in prevalenza nelle regioni settentrionali maggiormente ricche di corsi d'acqua e di bacini lagunari che hanno consentito un più facile insediamento delle attività di allevamento che, come ricordato in precedenza, all'inizio riguardavano prettamente le specie di acqua dolce. In particolare l'attività di allevamento risulta essere maggiormente concentrata in Emilia-Romagna e Veneto. È tuttavia da sottolineare che il comparto dell'acquacoltura pur essendosi accresciuto per numero di impianti, dal punto di vista dimensionale si caratterizza invece ancora per un'elevata presenza di realtà produttive di piccole dimensioni (95%), mentre le aziende di medie-grosse dimensioni (con oltre 10 addetti) sono numericamente limitate. Tale caratteristica rende maggiormente vulnerabili le imprese italiane in un mercato competitivo sempre più globalizzato, che non di rado richiede capacità imprenditoriali difficilmente riscontrabili in aziende di piccole se non di piccolissime dimensioni. Va tuttavia precisato che tale punto di debolezza è stato da tempo rilevato dai numerosi operatori del settore, e per questo motivo diverse sono le iniziative di associazionismo tra allevatori (Rosciano, 2006).

2.3. La produzione locale trentina

Il territorio della provincia di Trento e la sua orografia hanno permesso uno sviluppo precoce dell'acquacoltura (1880), che si è distinto sin dall'inizio per una spiccata predisposizione per la salmonicoltura, che dapprima ha utilizzato le sole specie autoctone (trota fario, marmorata e lacustre), poi dagli inizi del '900 è passata gradualmente all'allevamento della più redditizia trota iridea.

Oggi il settore della trocicoltura trentina, pur non avendo una dimensione molto ampia in termini di attività totale e in termini strutturali, rappresenta un significativo segmento produttivo rispetto alla P.L.V. agricola a livello provinciale. Le numerose trocicolture trentine si dedicano principalmente alla produzione di trota iridea da carne, alla produzione di materiale da riproduzione, di uova embrionate ed avannotti, e solo in misura minore alla produzione di specie autoctone, destinate prevalentemente al ripopolamento dei corsi d'acqua.

La presenza operativa è distribuita su quasi tutto il territorio provinciale, con particolare concentrazione in alcune aree. Fra queste quella a maggior concentrazione di aziende è l'area del bacino idrografico del Pò, dove sono presenti 35 impianti produttivi dei circa 60 totali e dove sussistono condizioni ambientali più favorevoli ed è più facile l'accesso alle vie di grande traffico. Le aziende sono per lo più a base familiare e contano complessivamente 450 addetti, quindi si tratta

di aziende di dimensioni piccole o medio-piccole. Secondo i dati di Confagricoltura nel 2010 sono state vendute 2600 t di trota iridea da carne prodotte in Trentino, mentre la produzione lorda totale è stata di quasi 22 milioni di euro.

2.3.1. L'Associazione dei trotilcoltori trentini

Per valorizzare la trota trentina nel 1975 è nata l'Associazione dei Trotilcoltori Trentini, inizialmente ad adesione su base volontaria. Nel dicembre del 1986, in base alle norme comunitarie e alla Legge provinciale n.18 del 28 ottobre 1985, viene trasformata in Associazione dei Produttori, denominata AS.TRO, la quale ottiene poi il riconoscimento da parte della Giunta provinciale con Delibera n. 903 del 9 dicembre 1986.

Non tutte le trotilcolture trentine sono associate in tale struttura, ma quelle associate si possono considerare un campione altamente rappresentativo della realtà provinciale.

Fra gli interventi più importanti promossi da tale struttura associativa va ricordata, senza dubbio, la creazione di un marchio di origine e l'adozione di politiche promozionali sia verso il distributore sia verso il consumatore, a sostegno della commercializzazione delle trote trentine, puntando su un'adeguata informazione relativa alle caratteristiche del prodotto e su una politica di qualità-prezzo maggiormente efficace. Per promuovere e portare a conoscenza del consumatore la qualità della trota trentina, nasce nel 1988 la cooperativa ASTRO, come stabilimento di lavorazione dei prodotti ittici conferiti dai soci. Grazie all'organizzazione del settore e alla nascita del centro di lavorazione, la produzione della trota da carne è aumentata notevolmente nel corso degli anni, come testimoniano i dati relativi alla produzione lorda vendibile, passata da un valore di 4 milioni di euro nel 1984 a oltre 20 milioni di euro negli ultimi anni. Quindi il trend di produzione negli ultimi anni è stato in crescita ed ha acquistato valenza economica sempre maggiore, grazie alla qualità dei prodotti e ad un'efficace commercializzazione, che avviene, per circa la metà del prodotto totale, tramite la stessa ASTRO. La produzione di trote da parte di ASTRO rappresenta oggi il 65% del prodotto della Provincia di Trento e il 10-11% a livello nazionale.

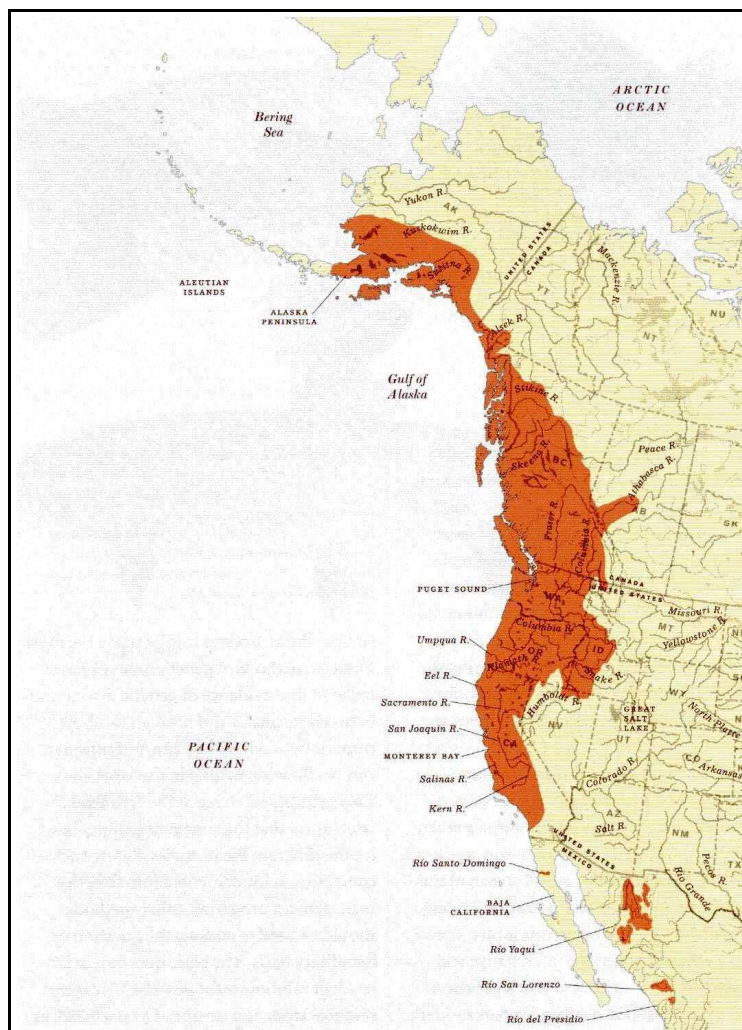
Questo tipo di struttura si riconosce in quella che viene oggi definita filiera corta, organizzazione produttiva caratterizzata dal fatto che vengono ridotti o eliminati gli interventi di soggetti esterni alla filiera stessa, grazie alla gestione, diretta o indiretta, del destino finale del prodotto. Nel caso specifico, i trotilcoltori della cooperativa Astro, attraverso una società partecipata da ASTRO, sono in grado di assicurare un'ottima e puntuale distribuzione del prodotto nel rispetto della catena del freddo. Per i grossi volumi commercializzati, che raggiungono direttamente il mercato grazie alla filiera corta, possono influire maggiormente sulle dinamiche di mercato e di prezzo del prodotto, dove molto spesso il produttore agricolo è invece attore passivo e *price taker*. Con questa struttura

organizzativa infatti, pur mantenendo molto peso nella trattativa, anche la Grande Distribuzione Organizzata (GDO) deve confrontarsi con una realtà cooperativa organizzata, fatta propria ormai da decenni dalla realtà trentina non solo nella produzione troficola, ma anche in molti altri campi dell'agricoltura. L'ultimo bilancio della cooperativa, riferito all'anno 2010 può contare su una produzione di 19000 q.li, che corrispondono all'8% del prodotto lavorato nazionale per un valore di 7,3 milioni di euro di fatturato.

2.3.2. La trota iridea in acquacoltura

La trota iridea (*Oncorhynchus mykiss*), una delle specie più importanti dal punto di vista commerciale, è originaria dei bacini sfocianti sulla costa pacifica dell'America. Il suo areale in origine si estendeva dall'Alaska fino al confine con il Messico e, oltre Oceano, nella penisola del Kamchakta (MacCrimmon, 1971) (figura 6).

Figura 6: Areale d'origine della trota iridea (*Oncorhynchus mykiss*).



Nel 1874 uno stock di individui selvatici venne prelevato e trasferito dalla costa Pacifica, e più precisamente dal fiume McCloud in California, verso la costa Atlantica, in un allevamento a Caledonia, nello stato di New York. Da qui si diffuse prima in varie zone degli Stati Uniti e del Canada, e successivamente nel Vecchio Continente, dove nella seconda metà del XIX secolo iniziò la pratica della troticoltura, con la Danimarca che divenne subito leader europeo in tale attività (Laird, 1996).

In Italia la trota iridea è stata importata a partire dagli ultimi decenni dell'800 in concomitanza con l'allestimento delle prime piscicoltura ed impianti ittiogenici, anche se non esiste una precisa documentazione a riguardo. In Trentino, invece, l'importazione della trota iridea (nel 1881) è documentata dal Canestrini, il quale scrive: “*Lo stabilimento di Torbole introdusse per primo la trota iride e ne curò con buon successo l'allevamento nei propri vivai...*” (Canestrini, 1914).

La trota iridea ha saputo quindi imporsi come salmonide più comune e diffuso negli allevamenti italiani d'acqua dolce, grazie alla sua velocità di crescita e per una maggiore tolleranza verso le condizioni termiche e di ossigenazione (Gandolfi et al., 1991).

3. STRUMENTI E METODOLOGIE DI INDAGINE

3.1. Il test di performance zootecnica

Questo tipo di test costituisce il controllo delle attitudini individuali di un soggetto (o di un gruppo di individui), cioè il metodo di stima del presunto valore riproduttivo di un animale sulla base delle caratteristiche che egli presenta e delle prestazioni (o produzioni), che egli stesso sà dare.

E' una prova sufficientemente attendibile, dato che normalmente interessa caratteri di media o alta ereditabilità, ovvero quelli per i quali si può avere la presunzione della loro trasmissibilità ai discendenti. E' il metodo più semplice e antico, che è stato rivalutato ed applicato, nelle varie specie di interesse economico, al lume dei moderni criteri della genetica di popolazione. Questa, difatti, ha evidenziato come il valore genetico di un animale può venire stimato con sufficiente precisione mediante la prova individuale solamente se esiste una buona correlazione tra fenotipo e genotipo, cioè se l'ereditabilità del carattere o dei caratteri considerati è relativamente elevata. In altre parole, tanto maggiore è l'ereditabilità di un carattere, tanto più elevata è la precisione con cui si può valutare il genotipo di un individuo conoscendo esclusivamente il suo fenotipo e la sua performance, e quindi tanto più efficace è la scelta operata in base ai risultati della prova.

Il test di performance zootecnica è caratterizzato da una sostanziale semplicità organizzativa e da costi limitati, oltreché dal fatto che richiede tempi di attuazione di gran lunga inferiori rispetto ad altri test. Il fatto, poi, che la prova si attui per gruppi di animali della stessa età e nello stesso ambiente, con uniformità di trattamento e di alimentazione, permette di limitare le variazioni dei risultati dovuti a cause paratipiche, ovvero non genetiche (Balasini, 2000).

Sylvén e Elvingson (1992) scrivevano: “prima di decidere la strategia di un programma di incrocio bisogna decidere un obiettivo da raggiungere e valutare l'idoneità dei ceppi disponibili in relazione al loro potenziale produttivo in diversi ambienti”. Per questo motivo gli Autori prepararono un test di performance zootecnica su 4 stock di trota iridea provenienti da Norvegia, Finlandia e Svezia, e li testarono in 4 piscicoltura (in acqua dolce ed in mare), a differenti latitudini. I risultati del test dimostrarono che i tratti analizzati (peso, lunghezza, fattore di condizione, maturazione sessuale, sesso) sono influenzati significativamente dall'ambiente di allevamento e dal ceppo, e l'interazione piscicoltura-ceppo era a propria volta significativa. La performance era influenzata dal ceppo allevato, si notavano differenze relative al fattore di condizione (K), al peso, alla lunghezza e all'età di maturazione sessuale. La correlazione negativa registrata tra lunghezza e fattore K portava gli Autori a considerare che il rapporto tra peso e lunghezza al cubo non fosse sempre valido (Sylvén e

Elvingson, 1992). Usyal e Albaz (2002) proposero un esperimento simile in Turchia, testando un ceppo di trota iridea commerciale ed una selvatico chiamato “*Abant*”, proveniente da una popolazione acclimatata nell’omonimo lago in Anatolia. I lotti vennero monitorati per 350 giorni di allevamento in acquacoltura. Come era ovvio attendersi il ceppo “selvatico” (o più correttamente acclimatato, perché di specie aliena si trattava) mal si era adattato alle condizioni di cattività, registrando valori inferiori in peso, lunghezza, fattore di condizione (indice K), specific growth rate (SGR) e una maggiore mortalità.

Accanto a lavori semplici ne troviamo di più complessi (Overturf et al., 2003) dove vengono analizzati ben 5 ceppi per una quantità maggiore di caratteri, a due diversi regimi di alimentazione (fisso e “*ad libitum*”). Nei test di performance zootecnica, della durata di 28 settimane vennero valutati il peso totale, la quantità di cibo assunto, la feed conversion ratio (FCR), lo specific growth rate (SGR) ed il thermal-unit growth coefficient (TGC). Inoltre, venne valutata la loro risposta immunitaria al virus della NEI (necrosi emopoietica infettiva). Alla fine della prova sperimentale le differenze in peso risultarono statisticamente significative. Tuttavia le differenze tra alimentazione fissa e “a sazietà” non furono quelle attese. Gli Autori spiegarono così i risultati ottenuti: *questi risultati illustrano le differenze in performance per la trota iridea, dove però il livello di alimentazione e il potenziale effetto del comportamento alimentare possono confondere le performance di crescita tra i vari ceppi di trota. L'alimentazione sino all'apparente sazietà permette che il potenziale di crescita del pesce venga raggiunto, anche se l'appetito non contribuisce alla crescita potenziale in un particolare ceppo di trota. L'alimentazione a livello fisso permette di determinare le potenziali differenze nelle performance degli stock, associate con l'efficienza metabolica.*

Anche nelle prove di risposta immunologia non sempre un’elevata risposta corrisponde alla minore mortalità registrata. Concludendo, Overturf et al. (2003) sottolinearono che il valore di FCR era simile sia che i pesci venissero alimentati a sazietà, sia che essi fossero alimentati con un razione fisso più basso. Tale comportamento suggeriva che l’efficienza metabolica poteva essere più importante della quantità di cibo assunto (appetito) come fattore determinante del tasso di crescita. Anche in Estonia, Paaver et al. (2004) proposero un test con tre diversi ceppi di trota iridea (danese, finlandese e “*Donaldson*”), composti da soli individui femmina, con la finalità di selezionare lo stock che meglio si adattasse alle caratteristiche degli allevamenti estoni. Oltre alle differenze genetiche tra ceppi, valutate con la tecnica degli allozimi, furono valutati caratteri classici, quale il tasso di crescita, la maturazione delle gonadi (indice GSI) e le rese alla macellazione. Le tesi più interessanti pubblicate dall’autore riguardavano la correlazione fra ceppo ed età alla maturità sessuale, ma soprattutto il fatto che i pesci immaturi avessero resa alla

macellazione (carcassa e filetto) significativamente maggiore, ed un colore delle carni più brillante rispetto ai pesci maturi. Inoltre, nei campioni analizzati, la resa alla macellazione dei pesci maturi non risultava correlata con le dimensioni del pesce, ma era strettamente correlata con il livello di maturità espresso con l'indice gonado-somatico (GSI). Non risultarono infine interazioni tra il ceppo allevato e la vasca di allevamento e le differenze in peso tra gli stock non furono significative, rispetto a quanto registrato in esperimenti precedenti. L'autore conclude: *le differenze qualitative tra ceppi dipendono solo dalla proporzione di individui immaturi all'interno del lotto ed il livello di maturazione dei pesci in ogni ceppo. I pesci a crescita più rapida tendono a maturare prima. Non si può preferire univocamente un ceppo rispetto ad un altro tra quelli studiati. La valutazione degli stock dipende dal profilo produttivo dell'allevamento* (Paaver et al., 2004).

Un altro lavoro interessante è quello di Silverstein et al. (2005) sull'efficienza metabolica in diversi ceppi di trota iridea. Gli Autori scrivevano: *l'efficiente uso del cibo per la crescita e la produzione di masse muscolari è importante per tutte le industrie di produzione animale, compresa l'acquacoltura. Il residual feed intake (RFI) è una misura alternativa dell'efficacia di alimentazione che è stata usata ampiamente in produzione animale. L'RFI offre alcuni vantaggi nel criterio di selezione per migliorare l'efficienza produttiva rispetto alle tradizionali statistiche. L'RFI è stato calcolato su lotti di pesce allevati individualmente, provenienti da 6 incroci genetici effettuati su tre ceppi di trota iridea geneticamente distinti. Sono state inoltre effettuate: l'analisi prossimale e la ritenzione di azoto nelle carni dei vari lotti. I risultati provano che le differenze registrate tra i lotti per l'RFI hanno una correlazione genetica, inoltre un RFI basso è associato con un elevato tasso di crescita ($r=-0,38$) ed un'elevata ritenzione di azoto ($r=-0,82$), e questi valori non sono influenzati dal sesso dell'individuo. Risulta inoltre evidente come l'alimentazione a razione limitata abbia una correlazione più solida con crescita ed efficienza, come era lecito attendersi. Le differenze in RFI possono essere suddivise in tre componenti: 1) metabolismo basale e attività; 2) differenze nell'efficienza digestiva o nella digeribilità dei nutrienti; 3) differenze nell'immagazzinamento dell'energia, espresse come composizione corporea* (Silverstein et al., 2005).

E' opportuno tuttavia ricordare che i progressi conseguiti sul piano della genetica, in termini di produttività, sono stati amplificati grazie alla parallela evoluzione scientifica e tecnologica nelle procedure di gestione dell'ambiente di allevamento, nella mangimistica e nelle tecniche di alimentazione e nel controllo delle malattie (Gjerde e Rye,1998).

Ovviamente tutti i "guadagni genetici" ottenuti non potevano andare a discapito della qualità pretesa dal consumatore. A tale proposito sono state quindi avviate delle ricerche indirizzate a coniugare progressi genetici in termini di prestazioni zootecniche con il mantenimento di elevati

standard relativamente alle rese commerciali e agli attributi qualitativi della porzione edule della trota (Kause et al., 2002; 2003a, b; Quillet et al., 2005; Tobin et al., 2006), che vedremo qui di seguito.

3.2. Parti eduli del pesce e loro qualità

Le rese nel pesce sono riferite alla proporzione vendibile dell'animale, questo significa che sono di particolare interesse principalmente il rapporto tra carcassa eviscerata oppure peso in filetti e pesce intero. La lavorazione primaria diminuisce la massa del materiale grezzo, quindi permette di separare le parti eduli da quelle di scarto, assicurando in questo modo una qualità ottimale delle parti che saranno utilizzate e minimizzando gli scarti. Secondo Sinnot (2001) i fattori che contribuiscono alla qualità della carcassa nel pesce sono la genetica, la dieta, la quantità di alimento assunto, lo stato di salute e lo stadio di sviluppo. Ed ancora, le rese possono variare tra popolazioni di pesce e in base alla stagione, dal momento che tendono ad essere più elevate in inverno e più basse in estate.

Numerosi fattori che interagiscono con le rese e la qualità generale del prodotto primario possono essere a loro volta influenzati da fattori che hanno esercitato il loro effetto a monte della lavorazione. Questi fattori includono l'ambiente (Iwamoto et al., 1990, Dunham, 1996; Gjedrem, 1997), dieta ed alimentazione (Sigurgisladottir et al., 1994; Hillestad et al., 1998), le condizioni di allevamento (Einen et al., 1999), manipolazione e pesca (Botta et al., 1987; Berg et al., 1997).

L'incremento dei costi di produzione del pesce implica come sia importante recuperare tutto il materiale di valore che può essere ottenuto; questo ha stimolato a porre molta attenzione al miglioramento della resa in porzione edule. Esiste la possibilità di modificare la distribuzione delle dimensioni e della *shape*, la composizione chimica, la texture e la pigmentazione dei pesci allevati prima della loro macellazione (Bencze Rørå et al., 2001).

La resa in parte edule nella trota ed in genere nei salmonidi si esprime in termini di rapporto tra massa delle porzioni commerciali post-lavorazione (carcassa eviscerata, filetti, tranci) ed il peso morto dell'animale intero pre-lavorazione. Come tali le rese dipendono tanto dalla conformazione (misure lineari) che dalla massa del pesce.

E' ben noto che i parametri biometrici si modificano sostanzialmente nel corso dello sviluppo ontogenetico della trota, come di altre specie di pesci, dove le proporzioni tra diversi organi e parti del corpo variano allometricamente in dimensioni e massa all'aumentare della mole dell'animale (Elvingson e Johansson, 1993; Shearer, 1994).

Ai fini della resa in parte edule, la conformazione del pesce ed in particolare l'incidenza delle masse muscolari assumono ovviamente un ruolo preminente. In ragione del differenziale allometrico positivo nell'accrescimento e sviluppo delle grandi masse muscolari laterali rispetto alle altre parti corporee, le rese commerciali nella trota tendono a migliorare all'aumentare della taglia dell'animale. Inoltre, poiché la massa muscolare rappresenta la gran parte di quella corporea, le stesse rese risultano altamente correlate al peso dell'animale intero. Nondimeno, le proporzioni delle parti eduli in trote dello stesso peso possono variare apprezzabilmente per effetto di molteplici fattori. Anche Secondo Shearer (1994) sono molti i fattori che influenzano la composizione prossimale del pesce; questi possono essere esogeni (dieta ed ambiente) o endogeni (genetici). Le analisi prossimali, ovvero la quantificazione di umidità, proteine, lipidi e ceneri, sono condotte abitualmente alla fine di sperimentazioni che prevedono l'allevamento del pesce. Conoscere la composizione prossimale del pesce e i fattori che la influenzano permette di determinare la salute del pesce, l'efficienza alimentare, e rende possibile modificare la composizione della carcassa in anticipo rispetto alla macellazione.

3.2.1. Breeding e rapporti morfologici

Relazioni tra misure corporee e rese alla lavorazione, soprattutto in carcassa e filetti, sono state analizzate su diverse specie, ma la letteratura rimane scarsa. Rutten et al. (2004) hanno analizzato questo rapporto in tilapia, *Oreochromis niloticus*; con una regressione lineare hanno provato a calcolare il peso e la resa in filetti utilizzando le morfometrie del pesce. Lo scopo era quello di approfondire le relazioni che intercorrono tra le misure corporee, il peso in filetti e la resa percentuale. L'esistenza di una relazione concreta potrebbe consentire di selezionare un determinato tratto all'interno di una popolazione, e di riflesso potrebbe consentire di selezionare soggetti ad elevata resa, correlata con il suddetto carattere. Nella sperimentazione sono stati testati tre ceppi di tilapia allevati, alimentati *ad libitum*, quindi macellati una volta raggiunta la taglia di mercato. Le morfometrie rilevate riguardavano la conformazione corporea, il peso e le rese alla lavorazione. I risultati ottenuti hanno confermato che esiste una stretta correlazione tra il peso dei filetti e la lunghezza dell'individuo, e in misura minore con la sua larghezza, mentre non esistono correlazioni significative tra la resa percentuale e le morfometrie del pesce. Evidenti sono risultate le differenze in resa tra i differenti ceppi testati. In conclusione gli Autori sostengono che l'allevamento di individui ad elevato peso porta di conseguenza ad un incremento della produzione di filetto, e questo al momento risulta il miglior modo per incrementare la produzione. Inoltre gli Autori affermano come sia difficile migliorare la resa in filetto attraverso risposte correlate con le misure corporee, ma non escludono la possibilità di sviluppare in futuro modelli più accurati di previsione

(Rutten et al., 2004). Tali risultati sono stati confermati anche da Pires et al. (2006) in Brasile, sempre sulla specie *Oreochromis niloticus*. Risultati simili a quelli ottenuti sia da Rutten et al. (2004) sia da Pires et al. (2006) erano stati ottenuti in precedenza da Bosworth et al. (1998) su ibridi di striped bass (*Morone saxatilis*). Lo studio ha evidenziato differenze nelle morfometrie tra diversi ibridi, nella loro composizione viscerale e nelle rese. Il modello predittivo delle rese è risultato però anche in questo caso inutilizzabile (Bosworth et al., 1998). Un lavoro successivo degli stessi Autori (Bosworth et al., 2001), ha utilizzato la tecnologia delle immagini ad ultrasuoni per raccogliere morfometrie più accurate in ibridi di pesce gatto. Le correlazioni tra rese e aree di muscolatura o misure laterali del pesce sono risultate più evidenti rispetto a quanto registrato in precedenza. Questa tecnica promette di avere maggiori possibilità di trovare correlazioni solide con le rese produttive, rispetto alle morfometrie classiche. Risultati simili sono riportati anche da Kause et al. (2002) per la trota iridea (*Oncorhynchus mykiss*) nel contesto del programma SELEC. Secondo gli Autori esiste un'elevata correlazione tra il peso del pesce intero o eviscerato ed il peso dei filetti, ma l'ereditabilità del carattere "peso dei filetti" è bassa. E' tuttavia interessante riportare che, con il dimorfismo sessuale, le rese cambiano tra maschi e femmine, dal momento che i maschi hanno filetti più pesanti, ma rese in filetto minori rispetto alle femmine, e gli individui immaturi, pur registrando il peso medio minore hanno le rese in percentuale di filetto maggiori (Kause et al., 2002). Un lavoro molto simile è stato effettuato sul salmone coho (*Oncorhynchus kisutch*) da Neira et al. (2004). Nella sperimentazione sono stati analizzati 2 ceppi di salmone e le loro relative generazioni, provenienti da un programma di selezione svolto in Cile (*Coyhaique Coho salmon breeding program*). Rispetto al lavoro precedente il dimorfismo sessuale non ha fatto registrare nette distinzioni nei tratti analizzati; significative risultano le differenze in peso corporeo e viscerale, peso delle gonadi, percentuale di grasso addominale, percentuale in filetto, larghezza del trancio e la sua area. Non si registrano differenze in peso dei filetti, grasso addominale, texture della carne e grasso muscolare. L'ereditabilità dei tratti considerati andava da scarsa a media (0,05-0,35), tra i quali vale la pena riportare peso dei visceri, peso delle gonadi, grasso addominale e resa della carcassa. Secondo gli Autori la selezione per l'incremento in peso produce cambiamenti favorevoli per peso della carcassa, resa percentuale in filetti, qualità della texture, ma sfavorevoli per resa della carcassa e contenuto di grasso nelle carni. Quindi, giudizio degli Autori una selezione per il peso corporeo in salmone produrrebbe un favorevole incremento in peso della carcassa, resa in filetto e texture delle carni, ma contemporaneamente decremento nella resa della carcassa ed in tutte le quantità di grasso (dorsale, ventrale ed intramuscolare), obbligando in questo modo ad effettuare una prima selezione degli stock per peso corporeo, ed una successiva per la riduzione del grasso e l'aumento della resa in carcassa. Successivamente Sang et al. (2009) analizzarono la specie

Pangasianodon hypophthalmus, comunemente chiamato pangasio, con l'obiettivo solito di trovare un modello predittivo per valutare la resa del pesce nei *breeding plans* senza sacrificare l'animale, ed in questo modo selezionare animali a rese in filetto elevate. Sang et al. (2009) inserirono nuove variabili nel modello, rappresentate da 4 circonferenze misurate attorno al tronco del pesce (dietro la testa, davanti alla pinna dorsale, all'inizio della pinna anale e all'inizio della pinna caudale). Ma le correlazioni e la percentuale di variazione spiegata furono tuttavia inferiori a quelle trovate nei lavori precedenti. In conclusione gli Autori affermarono che l'equazione predittiva può essere migliorata riducendo gli errori di misurazione (soprattutto nel processo di filettatura), cercando nuove variabili e raccogliendo un numero maggiore di dati.

3.2.2. L'influenza del sesso e della riproduzione

A parità di "potenziale genetico" le rese alla trasformazione della trota possono dipendere dal sesso e da altri fattori legati all'animale, quali lo stato fisiologico del pesce ed in particolare lo stadio di maturazione delle gonadi (che, ricordiamo, rappresentano uno scarto alla lavorazione).

Due importanti aspetti connessi con la maturità sessuale nei salmonidi sono l'età a cui il soggetto raggiunge la maturità riproduttiva e gli aspetti fisiologici correlati alla maturazione sessuale stessa, che condizionano rese commerciali e qualità organolettiche delle carni (Shearer, 1994; Kause et al., 2003b; Paaver et al., 2004). Nella trota, il raggiungimento della maturità sessuale è sotto controllo genetico, quindi una selezione mirata è in grado di modificare l'età fisiologica alla quale si verifica il primo sviluppo delle gonadi. E' risaputo che la maturazione sessuale nella trota coincide con un periodo di riduzione della crescita somatica. Diminuisce in primo luogo l'appetito, e l'energia ed i principi nutritivi assunti ed assimilati con l'alimento, in eccesso ai fabbisogni di mantenimento, non vengono più utilizzati per lo sviluppo di masse muscolari o per l'accumulo di grasso, ma destinati allo sviluppo e alla maturazione delle gonadi. Anche il grasso accumulato durante le fasi di intensa crescita somatica, viene utilizzato a tale scopo, comportando un'evidente riduzione di peso. Contemporaneamente avviene un deterioramento della qualità del filetto, causata da una perdita di proteine e lipidi nel tessuto muscolare (Shearer, 1994). Quindi, l'investimento economico in mangime da parte dell'allevatore, somministrato nel periodo riproduttivo, non porta ad un reale incremento di resa in carne. Per questo motivo, attraverso selezioni mirate, si sta tentando di ritardare il più possibile il momento in cui viene raggiunta la maturità sessuale nei salmonidi, in modo da permettere al pesce di prolungare la fase di crescita somatica, ottenendo così pezzature maggiori, sempre più richieste dai trasformatori. Una via alternativa per conseguire lo stesso risultato è la triploidizzazione degli animali, che risultano sterili, a seguito del mutato set cromosomico. Questa tecnica produce individui con gonadi di dimensioni estremamente ridotte,

evitando quei fenomeni controproducenti connessi con la raggiunta maturità, di cui è stato detto in precedenza (Blanc et al., 2001; Sheehan et al., 1999).

Un altro aspetto da non sottovalutare è anche quello relativo al dimorfismo tra sessi. L'accentuato dimorfismo sessuale nei salmonidi a maturità e la differenza temporale nel raggiungimento della stessa maturazione tra individui maschi e femmine influiscono a loro volta sull'omogeneità della taglia (Elvingson e Johansson, 1993) e sulle rese del prodotto destinato alla lavorazione. Inoltre l'aumentata aggressività e territorialità dei maschi nei periodi di riproduzione è causa di perdite numeriche negli stock allevati. I soggetti maschi assumono anche una livrea nuziale iper-pigmentata ed una conformazione corporea più tozza, particolarmente sgradite al consumatore.

3.2.3. *Alimento ed alimentazione*

E' ben noto che l'alimentazione gioca un ruolo determinante per raggiungere la performance di allevamento attesa, sulla base del potenziale genetico del ceppo o della popolazione ittica allevata (Hardy, 1999; Blanc, 2002). Questa voce rappresenta il secondo grande caposaldo grazie al quale l'itticoltura ha visto di recente uno straordinario sviluppo. Nel caso dell'allevamento dei salmonidi, si stima che oltre l'80% dell'incremento produttivo negli anni sia dovuto al miglioramento genetico, il rimanente 20% è attribuibile al contestuale miglioramento qualitativo dei mangimi e all'affinamento delle tecniche di alimentazione (Hardy, 1999).

La qualità del mangime, con riferimento alle sue caratteristiche nutrizionali quali contenuto energetico, livello e bilancio di macro e micro-nutrienti, tipo e qualità degli ingredienti nella formulazione, unitamente al livello di alimentazione ed alle modalità di distribuzione hanno un impatto determinante sulla performance zootecnica del pesce (Einen e Roem, 1997). Nondimeno le variabili alimentari sopra elencate sono note per indurre effetti diretti sulla composizione chimico-bromatologica e sul valore nutrizionale delle parti eduli della trota, ma ne possono influenzare più o meno direttamente anche gli attributi fisici e sensoriali (consistenza, tenerezza, sapore, odore, colore, ecc.), nonché la conformazione (*appearance*) e la resa commerciale in parte edule.

Nel corso dell'ultimo ventennio i mangimi per trota hanno subito profonde modificazioni della composizione nutrizionale, dell'apporto calorico, nella tipologia ed incidenza dei principali ingredienti che ne costituiscono la formula e, non da ultimo, nelle caratteristiche fisiche e tecnologiche. Queste trasformazioni hanno prodotto significativi miglioramenti della produttività e dell'efficienza di conversione degli alimenti, che ha raggiunto valori in certi casi inferiori all'unità (Tibaldi, *com. pers.*, 2007). Per quanto concerne l'apporto nutrizionale, a partire dai primi anni '90 l'evoluzione mangimistica è stata caratterizzata inizialmente da una moderazione del tenore proteico delle preparazioni e da un parallelo aumento del livello lipidico, a parziale discapito dei

carboidrati (amidi). Questa tendenza si è consolidata ed affinata negli attuali mangimi ad elevata concentrazione energetica in rapporto equilibrato con i livelli di macro e micro-nutrienti, che traducono in pratica le più recenti acquisizioni scientifiche in campo nutrizionale. Tale aspetto è stato accompagnato dall'innovazione tecnologica del processo di produzione dei mangimi, che è stato registrato nel medesimo arco di tempo, nonché dalla progressiva diffusione e dal perfezionamento degli impianti di estrusione e dei processi di grassatura post-estrusione. La composizione in macronutrienti del mangime (percentuale di grasso, proteina e carboidrati) può influenzare e modulare la corrispondente composizione corporea della trota.

La frazione corporea che più risponde alle variazioni composizionali del mangime è il contenuto in grasso dell'animale. Le modeste differenze nel livello proteico, quali quelle che connotano gli attuali mangimi commerciali per trota, ne influenzano poco o nulla la composizione in acqua, proteina, ceneri e grassi del corpo intero. Al contrario, variazioni in aumento del livello lipidico della dieta si traducono in un maggior accumulo di lipidi e in una parallela diminuzione del suo contenuto in acqua. In buona parte gli effetti dell'aumento del livello di oli nel mangime si confonde con quello dell'aumento della densità energetica dello stesso. E' appunto tramite la grassatura che si ottengono gli attuali mangimi ad alta densità energetica.

La tendenza ad "ingrassare" è fisiologicamente inevitabile nella trota alimentata con mangimi ad alto tenore lipidico, anche quando somministrati secondo un piano di razionamento energeticamente corretto. Nel caso della trota iridea l'eccesso lipidico-energetico del mangime si risolve in una maggior adiposità dei filetti e del fegato e in un accumulo di lipidi nel tessuto adiposo periviscerale. Un'eccessiva adiposità può influire negativamente tanto sulla qualità organolettica della porzione edule che sulle rese commerciali all'eviscerazione, che diminuiscono a causa della maggiore incidenza degli scarto cui contribuiscono fegato e visceri (Rasmussen, 2001; Quillet et al., 2005; Palti et al., 2006; Tobin et al., 2006). Quindi una formulazione equilibrata dell'alimento somministrato all'animale non solo può generare miglioramenti della conversione alimentare, che può essere di solo interesse per l'allevatore, ma si ripercuote sugli attributi qualitativi della parte edule con importanti risvolti per l'industria di lavorazione del prodotto e per il consumatore finale.

A questo proposito, accanto all'aspetto qualitativo dei mangimi, è necessario sottolineare il ruolo delle pratiche di alimentazione e in particolare quello del livello di razionamento che, oltre a modulare l'incremento ponderale e l'efficienza di conversione alimentare, può modificare significativamente i rendimenti alla trasformazione commerciale dei Salmonidi allevati, anche a prescindere dalla loro genetica (Casten et al., 1998; Overturf et al., 2003). Trote sovralimentate presentano peggiori rese alla trasformazione a causa dell'eccessiva adiposità, che si manifesta con un abnorme deposito lipidico nel tessuto adiposo periviscerale. In tale situazione lo scarto alla

lavorazione aumenta non solo per la maggiore incidenza ponderale dei visceri, ma anche a causa di un'alterata conformazione del pesce (meno slanciata e più panciuta), con ulteriore riduzione delle rese a causa di una rifilatura più spinta del filetto, necessaria per ottenere una forma più consona alla commercializzazione (Elvingson e Johansson, 1993).

Anche la frequenza giornaliera dei pasti viene considerata una variabile da valutare, che solitamente dipende dalla specie allevata, dalla sua taglia, dalla densità di allevamento e dalla temperatura dell'acqua (Avault, 1996). E' importante anche l'orario di somministrazione dei pasti, come rilevato da Johansen e Jobling (1998) ma anche da altri Autori (Alanära, 1996), secondo i quali le tre variabili razione, frequenza ed orario possano influenzare un gruppo di caratteri di valenza commerciale, quali l'incremento ponderale, l'indice di conversione alimentare, l'omogeneità di taglia, la resa commerciale alla lavorazione e la composizione degli organi e dei tessuti. In definitiva un'adeguata tecnica di distribuzione dell'alimento contribuisce in modo sostanziale a massimizzare la produzione e a ridurre i costi, attraverso l'ottimizzazione della conversione del mangime, minimizzando gli sprechi, favorendo una maggior trasformazione dell'alimento in tessuto muscolare, limitando l'adiposità degli animali e migliorando le rese alla trasformazione del pesce allevato (Morris, 2001).

Come accennato in precedenza, l'aspetto alimentare non coinvolge solamente gli aspetti quantitativi della produzione ittica (Blanc, 2002; Rasmussen e Ostefeld, 2000; Weatherup et al., 1997; Sanver, 2005) ma anche quelli qualitativi. A tale proposito vi è un crescente interesse del mondo della ricerca per studi interdisciplinari atti a comprendere le relazioni che intercorrono tra alimentazione e qualità del prodotto ittico (Chaiyapechara et al., 2003; Rasmussen, 2001). La natura interdisciplinare di questi studi si spiega con la stessa definizione di "qualità del prodotto", che racchiude un'infinità di sfaccettature interpretative. Come spiega Rasmussen nella sua Review: *la parola qualità, e come essa viene percepita, assume connotazioni diverse per l'allevatore, l'industria di trasformazione e per il consumatore finale. Mentre la crescita e la conversione dell'alimento sono di grande importanza per il primo, questi parametri non sono probabilmente di diretto interesse per i soggetti intermedi e finali della filiera, ancorché la produzione di pesci con le caratteristiche più gradite dai trasformatori e dai consumatori debba sempre più orientare le scelte e gli obiettivi produttivi degli allevatori* (Rasmussen, 2001).

Abbiamo visto come l'alimentazione rappresenti quindi un aspetto chiave nel condizionare rese produttive e commerciali in prodotto lavorato nella trota, e come gli aspetti alimentari siano in continuo divenire.

Sono state dimostrate anche interazioni tra genotipo e dieta (GxD), ma in questo caso non sembrano manifestarsi divari di performance tali da considerare il fenomeno di primaria importanza (Blanc,

2002; Kause et al., 2006). Infine abbiamo le interazioni dieta-ambiente (DxA), che sono più facili da comprendere e da dimostrare rispetto ai rapporti empirici che coinvolgono il genotipo del pesce. Abbiamo visto prima come nella dieta concorrano numerose variabili, dalla formulazione del mangime alla distribuzione dei pasti, ognuno di questi fattori si relaziona con i fattori ambientali (temperatura, ossigeno dell'acqua, ecc.) per determinare un risultato in termini di performance zootecnica. Per semplificare ed esemplificare questo argomento possiamo ricordare le ricerche condotte da Shearer (1994) relativamente al rapporto tra livello alimentare e temperatura dell'acqua. Ad alte temperature, quando la richiesta di energia per il mantenimento è elevata, razionando l'alimento distribuito il pesce non è in grado di consumare una quantità di mangime (espressa come energia) tale da consentirgli di accumulare grasso corporeo. Mentre a basse temperature, già con razionamenti alimentari minimi, vengono accumulati lipidi. Questo diverso comportamento è dovuto all'interazione tra temperatura dell'acqua e fabbisogno energetico di mantenimento del pesce, definito come la quantità di ossigeno consumata per ora necessaria a mantenere le funzioni metaboliche fondamentali dell'animale, in base alla massa del pesce (Clarke e Johnston, 1999). Data l'ectotermia dei pesci, quando si innalza la temperatura dell'acqua di allevamento aumenta parallelamente il fabbisogno energetico per il mantenimento del pesce. Ciò implica che una quota proporzionalmente maggiore dell'energia apportata dal mangime venga utilizzata per coprire il fabbisogno energetico basale del pesce a scapito di quella destinata alla crescita (Shearer, 1994). A basse temperature, al contrario, il fabbisogno energetico di mantenimento è molto basso e pertanto una quota proporzionalmente maggiore dell'energia ingerita può essere destinata dal pesce per accumulare del grasso.

3.2.4. Le tecniche di gestione

Le tecniche di allevamento non coinvolgono soltanto aspetti alimentari, ma anche l'allevamento come luogo fisico e le sue modalità di conduzione.

Lo "stress" rappresenta uno dei maggiori pericoli a questo livello, sia nelle sue forme acute sia in quelle croniche (Pottinger, 2001). Situazioni ambientali e gestionali che si discostano dall'optimum per il pesce scatenano reazioni fisiologiche che si amplificano man mano che ci si allontana dalla condizione di benessere, e tali stress possono rimanere più o meno latenti, a seconda della causa scatenante lo stato di alterazione. Questo stato fisiologico si traduce in un maggior fabbisogno energetico di mantenimento da parte del pesce e si può manifestare sotto forma di inappetenza, elevata aggressività dei pesci, in una compromissione delle difese immunitarie, spesso concausa di manifestazioni patologiche. In definitiva lo stress in condizione di allevamento intensivo può avere

degli effetti negativi sulle performance, sul benessere e sulla sopravvivenza del pesce (Heath et al., 1993).

E' ben noto che l'eccessiva densità di allevamento rappresenta una delle principali cause di stress. Numerosi Autori (Montero et al., 1999; Bebak-Williams et al., 2002) asseriscono che l'apparente efficienza dei sistemi d'acquacoltura può essere massimizzata incrementando la densità di allevamento, tuttavia nei pesci allevati ad elevata densità sono spesso osservate scarsa crescita e aumentata incidenza delle malattie. Non è ancora chiaro però se questi problemi siano direttamente legati alle alte densità di allevamento, oppure alla scarsa qualità dell'acqua spesso associata a condizioni di sovraffollamento.

Il ricambio idrico risulta quindi a sua volta fondamentale nelle forme più intensive d'itticoltura, dovendo assicurare il soddisfacimento del fabbisogno di ossigeno del pesce e allo stesso tempo allontanare le sostanze di scarto del metabolismo, ovvero mantenere una buona qualità dell'acqua. Anche l'esercizio fisico, inteso come energia spesa dal pesce per stazionare o nuotare attraverso il flusso d'acqua, è a sua volta strettamente correlato con le caratteristiche gestionali dell'impianto ittico citate sopra. Maggiori densità di allevamento inducono ad aumentare il ricambio idrico nelle vasche di allevamento, ed ovviamente un aumentato ricambio idrico implica di riflesso un aumento della velocità di flusso dell'acqua. L'esercizio, come descritto in letteratura, può esercitare una benefica influenza su importanti caratteri morfometrici, quali altezza e larghezza del corpo, fattore di condizione (K) e sul trofismo delle masse muscolari (Bugeon et al., 2003). L'esercizio non solo possiede un potenziale effetto vantaggioso sul tasso di crescita della muscolatura del pesce, che ovviamente si riflette positivamente sulle dimensioni del filetto, ma in trote sottoposte ad un moderato esercizio fisico si è inoltre constatato un aumento dei lipidi muscolari, del glicogeno e, in misura minore, del contenuto proteico; caratteristiche queste ultime da non sottovalutare sotto il profilo della resa alla trasformazione in filetto e della qualità organolettica delle carni (Rasmussen, 2001; Johnston, 2001). Infine, un altro significativo beneficio legato all'esercizio, nel pesce allevato, concerne la compattezza delle carni espressa come resistenza a stress meccanici, un carattere sensoriale apprezzabile dal consumatore ed un importante attributo per la lavorazione meccanica dei filetti (Bugeon et al., 2003). In quest'ottica un maggior accrescimento e una maggiore compattezza delle masse muscolari può sicuramente migliorare le rese commerciali alla lavorazione, ma un esercizio eccessivo dei pesci allevati nei momenti immediatamente precedenti l'uccisione, può causare accumulo di acido lattico nei tessuti muscolari, fenomeno che durante la fase successiva alla macellazione può causare un'accelerazione dei fenomeni di autolisi dei tessuti stessi, che si ripercuote negativamente sulla qualità finale del prodotto e sulla durata massima della conservazione (Schiavo, 2001).

3.2.5. Fattori ambientali

Come già detto, l'acqua è il fattore produttivo preminente in una trota coltura. Essa deve essere quantitativamente adeguata alle dimensioni dell'allevamento e qualitativamente adatta ad un ottimale sviluppo del pesce; deve essere limpida, trasparente, esente da sostanze inquinanti e ben ossigenata, in caso contrario potrebbero verificarsi fenomeni di stress come precedentemente indicato. La trota inoltre è molto sensibile alla presenza di sostanze azotate derivanti dal catabolismo proteico (quali ammoniaca, nitrati e nitriti), e particolare attenzione deve essere riposta alla quantità di gas disciolti, onde evitare la sovrassaturazione gassosa dell'acqua. L'alcalinità e la durezza sono tollerate meglio dell'acidità. Anche la temperatura svolge il suo importante ruolo in un impianto di allevamento, la crescita della trota avviene in acque con temperature comprese tra 6 e 20 °C, con un optimum tra 14 e 18 °C (Fabris, 2001). A temperature molto basse il metabolismo del pesce rallenta moltissimo e diminuisce quindi la quantità di alimento assunta e di conseguenza la velocità di crescita (Shearer, 1994), mentre all'aumentare delle temperature aumenta l'efficienza di conversione del mangime (Brauge et al., 1995), che si manifesta in rese maggiori in un periodo di tempo predefinito rispetto a temperature di allevamento più basse, ma aumenta anche l'energia necessaria per le funzioni vitali (Shearer, 1994) e l'incidenza delle patologie. Non bisogna inoltre dimenticare come temperature troppo alte o troppo basse siano fonte di stress negli animali.

Nell'allevamento della trota anche il controllo delle patologie ricopre un ruolo di primaria importanza. La diffusione delle infezioni virali e batteriche così come la diffusione delle infestazioni parassitarie viene facilitata soprattutto dalla densità dei pesci in allevamento. Esistono numerose malattie virali che possono causare perdite consistenti, soprattutto negli stadi giovanili del pesce, ed una volta conclamate può risultare difficile se non impossibile debellarle. Per questo motivo le più pericolose tra queste patologie (SEV e NEI) sono costantemente monitorate e sottoposte al regolamento di Polizia Veterinaria (Direttiva n. 91/67/CEE, del 28 gennaio 1991 e successive modifiche; delibera GP, n. 15588 del 30 dicembre 1998). Sono state inoltre istituite zone ed aziende indenni da tali patologie, e la commercializzazione della trota e delle sue uova è regolamentata allo scopo di ridurre la loro diffusione sul territorio.

Le malattie batteriche, meno invasive, non rappresentano un problema di rilevanza sanitaria della dimensione di quelle virali. Esse si possono presentare con morie a ricorrenza stagionale, sono spesso endemiche e solitamente sono contrastate con vaccini o con misure di profilassi diretta, anche se le terapie non sempre risultano efficaci. Infine, possiamo citare le numerose infestazioni parassitarie, normalmente le meno preoccupanti dal punto di vista sanitario, che si manifestano generalmente nelle zone cutaneo-branchiali. Una corretta profilassi ambientale dovrebbe essere

sufficiente ad evitare l'insorgere di queste ultime patologie, in caso contrario esistono dei presidi medico-chirurgici appositamente formulati.

La diffusione delle malattie all'interno di un allevamento può essere causata da diversi vettori che devono essere tenuti sotto stretto controllo: con l'acqua di approvvigionamento dell'impianto, con l'acquisto di uova o pesce vivo portatori della patologia, tramite uccelli predatori e le loro feci, con le vasche di trasporto e gli attrezzi utilizzati negli allevamenti. La maggior parte di questi pericoli possono comunque essere evitati tramite un'oculata gestione dell'impianto, evitando così epidemie che potrebbero, in caso contrario, annientare interi stock di pesce o, nel caso essi riescano a sopravvivere, potrebbero renderli comunque non commercializzabili per motivi di qualità del prodotto.

3.2.6. Fattori legati alle tecniche di macellazione e di lavorazione

L'ultimo gruppo di aspetti da tenere in considerazione concerne le tecniche di macellazione e la lavorazione della materia prima. I processi di trasformazione del prodotto risultano oramai quasi totalmente automatizzati, dal momento che questi metodi permettono di ottenere delle rese superiori rispetto alla lavorazione prettamente manuale, ed allo stesso tempo permettono di standardizzare il livello qualitativo del prodotto. Le caratteristiche della materia prima, necessarie per adattarsi alla lavorazione automatizzata, sono essenzialmente la compattezza delle carni e possibilmente la fornitura di taglie il più possibile omogenee nel peso e nelle dimensioni, al fine di ottenere la massima resa dal processo di trasformazione. Esistono numerosi studi che dimostrano come la procedura di macellazione del pesce influisca sulla qualità finale del prodotto (Wall, 2001; Robb, 2001). La compattezza delle carni è direttamente determinata dalle caratteristiche strutturali del muscolo, ma allo stesso tempo è fortemente influenzata dal metodo di macellazione e dalla procedura di conservazione pre-lavorazione (Neira et al., 2004; Johnston et al., 2000).

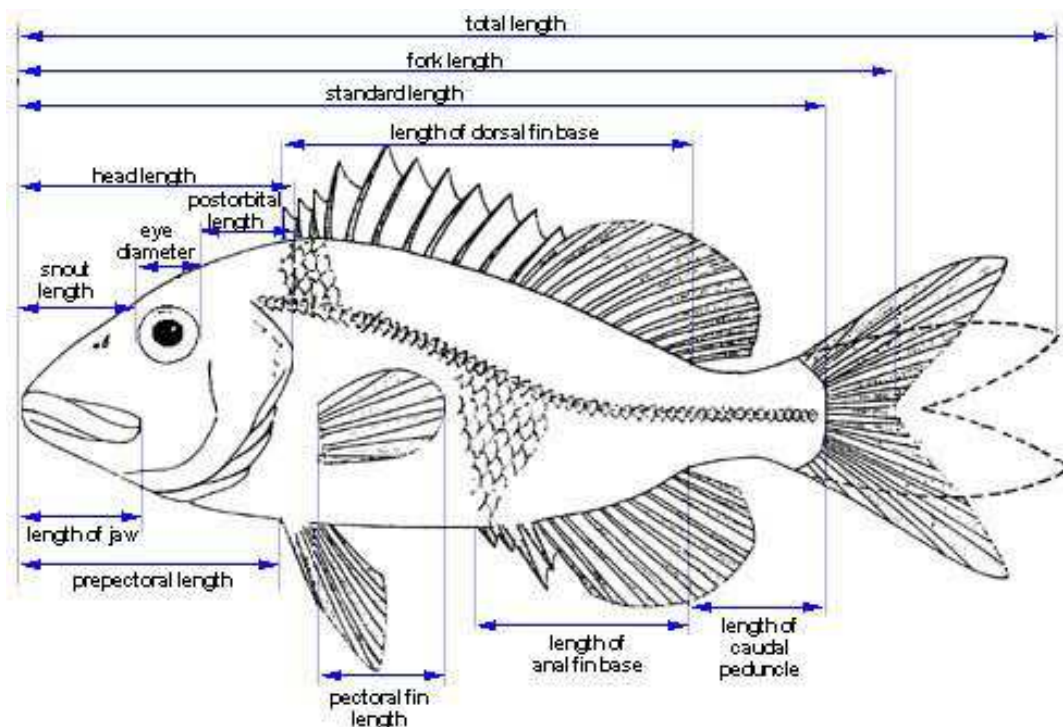
Nei pesci sottoposti a stress da cattura e manipolazione pre-macellazione si osserva la comparsa più rapida del *rigor mortis* e dei successivi fenomeni di denaturazione proteica, una volta scomparsa la rigidità cadaverica. Questo fenomeno può portare ad una perdita di compattezza delle carni e a fenomeni di rottura dei tessuti muscolari (*gaping*) durante la lavorazione (Schiavo, 2001; Torrissen et al., 2001). Si capisce quindi come il tempo intercorso tra la macellazione e la lavorazione del prodotto abbia un profondo impatto sulla consistenza delle carni (Rasmussen, 2001), e questo in interazione con la metodologia di macellazione adottata può ripercuotersi sulla qualità generale del prodotto, sul suo periodo di conservazione e sulle sue caratteristiche organolettiche. La compattezza delle carni non è una caratteristica importante solo ai fini della filettatura meccanica del pesce, ma è anche un'apprezzata caratteristica sensoriale per il consumatore (Johnston et al., 2000).

3.3. Morfometria tradizionale e morfometria geometrica

La comparazione delle caratteristiche anatomiche negli organismi è stata per secoli un elemento centrale della biologia, difatti la classificazione tassonomica degli organismi, e la comprensione delle differenze nei cicli biologici, si sono basate storicamente sulla descrizione delle forme morfologiche (Adams et al., 2004). Durante i primi anni del ventesimo secolo tuttavia la biologia iniziò la transizione dal campo descrittivo alla scienza quantitativa, e le analisi della morfologia videro una similare “rivoluzione quantitativa” (Bookstein, 1998). Gli studi morfologici inserirono dati quantitativi per uno o più caratteri misurabili, i quali erano sintetizzati come valori medi e paragonati tra gruppi (Bumpus, 1898). Lo sviluppo di nuovi metodi statistici come il coefficiente di correlazione (Pearson, 1895), l’analisi della varianza (Fisher, 1935), e l’analisi dei componenti principali (Pearson, 1901; Hotelling, 1933) fecero progredire il rigore quantitativo. Dalla metà del ventesimo secolo, la descrizione quantitativa della forma morfologica fu combinata con analisi statistiche, descrivendo modelli di variazione della *shape* all’interno e tra gruppi, e così iniziò il moderno campo della morfometria.

La morfometria è lo studio della variazione nella *shape* (forma) e della sua covariazione con altre variabili (Bookstein, 1991; Dryden e Mardia, 1998). Tradizionalmente, la morfometria era l’applicazione di analisi statistiche multivariate per registrare delle variabili quantitative quali la lunghezza, lo spessore e l’altezza (fig. 7).

Figura 7: Principali misure lineari rilevabili sul pesce.



Tra la fine degli anni ottanta e l'inizio degli anni novanta avvenne tuttavia un cambiamento nel modo in cui le strutture morfologiche venivano quantificate e come i dati venivano analizzati. Questo cambiamento enfatizzò quei metodi che catturavano la geometria delle strutture morfologiche di interesse, e preservavano tale informazione durante tutte le analisi. Nel 1993 una "review" sui progressi della morfometria diede il nome di morfometria geometrica a questo nuovo approccio, e suggerì che questo cambiamento paradigmatico fosse indicato come "rivoluzione nella morfometria" (Rohlf e Marcus, 1993). Durante gli anni che sono trascorsi dalla pubblicazione di questa review sono stati fatti molti progressi, ed il campo della morfometria geometrica ha raggiunto una fase più matura. Molto di tutto ciò è dovuto ad una maggiore comprensione dei fondamenti teorici della metodologia della morfometria geometrica (Adams et al., 2004).

3.3.1. La morfometria tradizionale

Negli anni '60 e '70, si cominciarono ad usare una vasta gamma di test di statistica multivariata per descrivere dei modelli di variazione della *shape* all'interno e tra gruppi. Questo approccio, che ora viene chiamato morfometria tradizionale (Marcus, 1990), consisteva nell'applicare delle analisi di statistica multivariata ad un set di variabili morfologiche. Solitamente venivano utilizzate misure lineari, ma potevano essere contemplati anche conteggi, proporzioni ed angoli. Con questi approcci metodologici si poteva quantificare la covariazione tra le misure morfologiche, e di conseguenza si potevano valutare dei modelli di variazione all'interno e tra campioni. Le tipiche analisi statistiche del metodo tradizionale includevano l'analisi dei componenti principali (PCA), l'analisi canonica della varianza (CVA) e l'analisi della funzione discriminante (DFA) (Jolicoeur, 1963). Anche se la morfometria tradizionale combinava la statistica multivariata e la morfologia quantitativa, rimanevano molte difficoltà da superare (Adams et al., 2004). Per esempio, furono proposti vari metodi di correzione della dimensione (*size*), ma c'era poco accordo su quale di questi metodi dovesse essere usato. Questa questione è importante perché differenti metodi di correzione della *size* abitualmente forniscono risultati abbastanza diversi. In secondo luogo, l'omologia delle distanze lineari era difficile da valutare, poiché alcune distanze (per esempio lo spessore massimo) non erano spesso definite da punti omologhi. Infine, lo stesso gruppo di misure poteva essere ottenuto da due sagome differenti, poiché nei dati raccolti non si teneva conto della posizione in cui venivano effettuate le misurazioni di ogni campione rispetto ad un altro. Adams et al. (2004) riportano un esempio calzante per descrivere questa situazione. Se noi consideriamo un'ellisse ed una goccia, e ne misuriamo la lunghezza e la larghezza massimi, entrambi gli oggetti potrebbero registrare gli stessi valori, sebbene siano chiaramente differenti nella forma. Perciò ci si aspetterebbe che la potenza statistica necessaria per distinguere le due forme sia più bassa di quello

che è realmente (Adams et al., 2004). Un'altra pecca del metodo tradizionale era l'impossibilità di effettuare rappresentazioni grafiche della forma (*shape*) partendo dalle sole distanze lineari. Queste non sono solitamente sufficienti a fissare la geometria dell'oggetto originale, le relazioni geometriche tra le variabili non venivano conservate durante le analisi perdendo così alcuni aspetti della *shape*.

3.3.2. La rivoluzione morfometrica: la morfometria geometrica

Come implica il nome i metodi di morfometria geometrica si focalizzano sulla geometria delle forme, calcolate usando la posizione relativa di punti di riferimento (*landmark*) o a volte di lineamenti, piuttosto che usando misure lineari prese tra punti.

A causa delle difficoltà citate sopra, i ricercatori esplorarono metodi alternativi per quantificare ed analizzare la *shape* morfologica. Un grosso aiuto all'evoluzione lo fornirono sia l'utilizzo delle immagini digitali sia l'avvento dei primi computer che facilitarono le analisi statistiche multivariate. I dati che raccoglievano informazioni sulla geometria delle strutture morfologiche suscitarono particolare interesse, quindi si svilupparono metodi di analisi per questa nuova tipologia di dati. Questi nuovi metodi includevano l'analisi di dati provenienti da punti di riferimento oppure da sagome degli oggetti. Contemporaneamente, David Kendall ed altri colleghi statistici svilupparono una rigorosa teoria per l'analisi della *shape* che rendeva possibile l'uso combinato di metodi di analisi statistica multivariata e metodi per la visualizzazione diretta delle forme biologiche (Adams et al., 2004).

I metodi di analisi dell'*outline* (o sagoma) furono i primi ad essere utilizzati in morfometria geometrica. L'approccio utilizzato è quello di digitalizzare dei punti lungo una sagoma, adattare i punti ad una funzione matematica e quindi comparare le curve utilizzando i coefficienti delle funzioni come variabili della *shape* in un'analisi multivariata.

L'altro metodo di analisi comunemente usato è quello basato sull'utilizzo dei *landmark* (o punti di riferimento), e prevede la raccolta delle coordinate spaziali (in 2 o 3 dimensioni) di caratteri biologici univoci. L'analisi diretta delle coordinate è però inappropriata a causa dell'effetto di variazione nella posizione, nell'orientamento e nella scala tra i campioni raccolti. Perciò le variazioni tra soggetti non riferibili alla *shape* (forma) devono essere rimosse matematicamente, prima dell'analisi delle variabili. Una volta eliminato questo "rumore di fondo" è possibile utilizzare questi dati come variabili morfometriche, le quali possono essere analizzate statisticamente per comparare campioni e generare rappresentazioni grafiche della *shape*.

Queste procedure hanno enormemente aumentato l'uso dei metodi di morfometria geometrica e li hanno aiutati ad entrare nei principali filoni della ricerca biologica (Adams et al., 2004).

Quindi, possiamo dire che la rivoluzione in morfometria proclamata da Rohlf e Marcus nel 1993 (Rohlf e Marcus, 1993) è stata guidata da un cambiamento nel modo di eseguire gli studi morfologici, e per questo motivo l'analisi delle distanze lineari ha lasciato campo all'analisi basata su coordinate di punti o sagome.

Adams nel 2004 scriveva: *nei dieci anni successivi alla rivoluzione morfometrica molti progressi sono stati fatti e il campo della morfometria geometrica è maturato enormemente...Attendiamo in futuro nuovi stimolanti sviluppi.*

Queste metodiche negli ultimi 15 anni sono state agevolate dalla disponibilità di programmi freeware per computer via via sempre più user-friendly, informazioni di supporto, review dei metodi applicativi, nonché dalla disponibilità di numerosi training workshop.

E' importante inoltre ravvisare che il metodo geometrico è soggetto ad alcuni problemi che sono comuni anche al metodo tradizionale. Per esempio: la selezione ed il numero dei *landmark* utilizzati nelle analisi sono arbitrari e possono influenzare la potenza statistica; inoltre non esistono linee guida per la pre-selezione di un numero appropriato di *landmark*, poiché esso è in funzione del tipo di ricerca e delle conoscenze sull'organismo studiato. Inoltre, il metodo geometrico richiede lo stesso set di *landmark* omologhi in tutti i campioni (non sono ammessi dei dati mancanti). Nonostante questi problemi, i proponenti del metodo geometrico hanno rivendicato significativi progressi nel risolvere numerose limitazioni che affliggevano il metodo tradizionale (Rohlf e Marcus, 1993; Adams et al., 2004).

3.3.3. La morfometria in acquacoltura

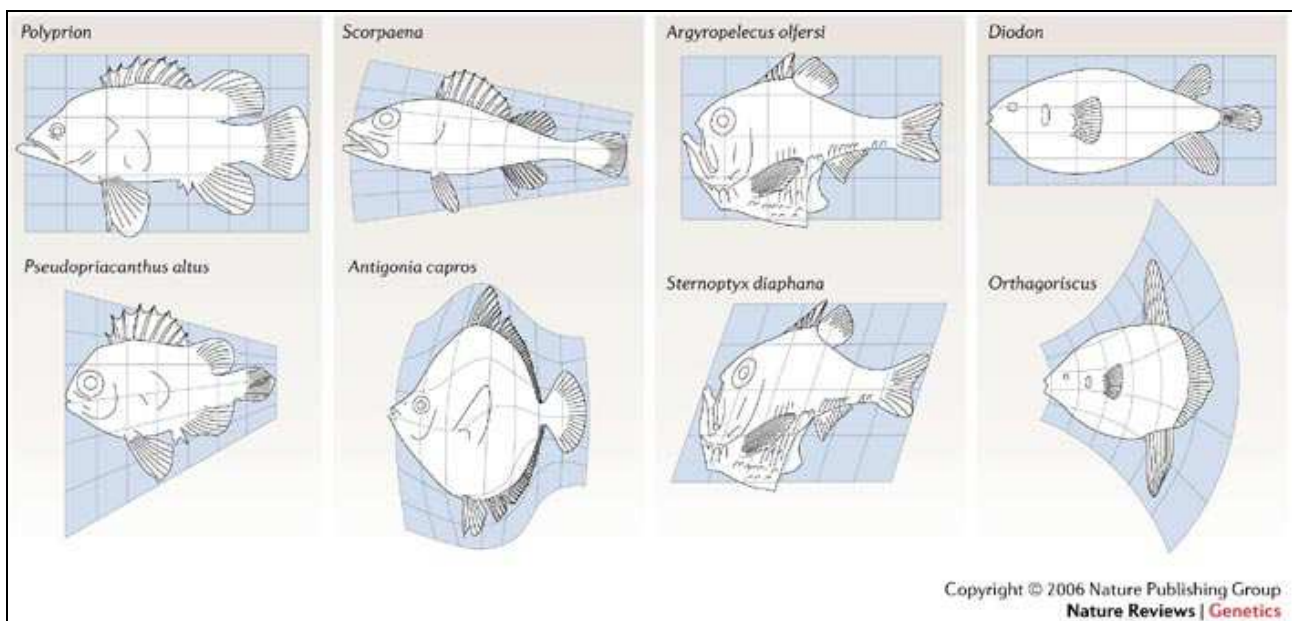
L'identificazione di differenti stock è un requisito di base nella ricerca e nell'allevamento in acquacoltura (Cushing, 1968), e ciò significa operare in un campo multidisciplinare che comprende genetica, chimica, biometria ed altre discipline (Kumpf et al., 1987; Begg et al., 1999). Una definizione generale del termine stock può essere la seguente: un gruppo di individui che si autosostiene nel tempo; ma la definizione può cambiare nelle varie discipline (Booke, 1981).

L'identificazione di diversi stock su base morfometrica riflette lo sviluppo storico dell'analisi morfometrica stessa, la quale è emersa come un complesso di discipline con applicazioni in diversi campi di studio biologici (Cadrin, 2000). La comprensione dello sviluppo storico delle tecniche morfometriche e le loro basi biologiche forniscono la direzione per un'interpretazione ontogenetica dei modelli morfometrici (Blackith e Reyment, 1971).

Tutto ebbe inizio nel 1894, quando la Royal Society of the United Kingdom istituì la "Commissione per la conduzione di indagini statistiche sui caratteri misurabili di piante e animali". Il primo obiettivo di questa Commissione fu lo studio delle forme locali dell'aringa atlantica (*Clupea*

harengus). La commissione investigò per la prima volta il campo della biometria, effettuando misurazioni di una serie di caratteri su centinaia di aringhe, e comparando la loro distribuzione statistica tra gruppi (Pearson, 1906). La comparazione univariata di dimensioni corporee e misure di squame continuò, come metodo comune, per l'identificazione di stock di pesci durante i decenni successivi (Lissner, 1934). Tuttavia le dimensioni univariate erano generalmente inefficaci nel discriminare tra gruppi, perché la distribuzione dei dati solitamente era ampiamente sovrapposta (King, 1985). Thompson (1917) illustrò come la forma corporea fosse determinata da tassi di crescita in più dimensioni, e suggerì che le variazioni morfometriche potessero essere spiegate tramite semplici trasformazioni nelle coordinate spaziali di caratteri omologhi (fig. 8). Sebbene le sue "idee geometriche" fossero accattivanti, furono difficili da quantificare o testare (Cadrin e Friedland, 1999; Cadrin, 2000). Tuttavia da questa idea, e grazie al contemporaneo sviluppo di tecniche statistiche, iniziò lo sviluppo della morfometria.

Figura 8: Deformazioni secondo la teoria di D'Arcy Thompson (Nature Reviews).



La quantificazione delle variazioni morfometriche fu inizialmente limitata alla sola crescita relativa di dimensioni lineari bivariate, chiamate allometrie, e all'utilizzo della relativa equazione allometrica:

$$Y = bX^k \text{ (Huxley, 1932).}$$

Come esempio applicativo possiamo citare sempre Huxley, il quale mostrò che la dimensione relativa di caratteri sessuali secondari nei crostacei (per esempio le chele dei maschi) potevano indicare la dimensione dell'individuo a maturità. Ispirato da questo lavoro, Templeman nel 1935 trovò delle differenze allometriche tra popolazioni geografiche di aragosta americana (*Homarus*

americanus) (Cadrin e Friedland, 1999). In zone geografiche dove le aragoste maturavano sessualmente a dimensioni più piccole, i maschi presentavano in proporzione una dimensione maggiore della chela. Successivamente, Teissier (1936) utilizzò i dati raccolti da Templeman sulle aragoste per quantificare le differenze in crescita relativa delle chele tra due popolazioni geograficamente distinte, ma i metodi delle allometrie bivariate erano inefficienti nel classificare le popolazioni, perché venivano prese in considerazione solo due dimensioni lineari (Teissier, 1936). Il problema venne discusso a lungo (Lovett e Felder, 1989; Smith, 1980) ma solo negli anni '80 si è giunti alla conclusione che non sempre il modello log-lineare (trasformazione logaritmica) dell'equazione allometrica è il più corretto, anzi spesso la regressione su dati non trasformati appare la soluzione migliore. Un altro problema è che il modello assume come omogenea la crescita all'interno di un carattere morfologico; quindi l'interpretazione allometrica può essere sensibile alle specifiche dimensioni che sono state misurate. Nonostante questi potenziali problemi, Strauss (1993) sostiene che: *l'espressione allometrica semplice di Huxley rimane la più generale e significativa espressione di crescita relativa*. Benché i modelli di variazione morfometrica possano essere studiati usando l'allometria bivariata citata in precedenza, la forma corporea è multidimensionale, e le variazioni geografiche sono un fenomeno multivariato (Gould e Johnston, 1972; Thorpe, 1976). Per questo motivo Teissier (1936) non ebbe gli esiti sperati studiando le popolazioni geografiche di aragosta americana. Già nel 1938 Teissier propose l'applicazione dell'analisi dei componenti principali (PCA) all'allometria, per spiegare la covarianza tra molteplici dimensioni morfometriche nello studio del dimorfismo sessuale dello spider crab (*Maja squinado*). In quanto la PCA è un conciso metodo statistico per studiare i *patterns* di varianza da dati multivariati, derivando pochi indici non correlati (componenti principali o PC's) da obiettive combinazioni di variabili correlate (Cadrin, 2000). Quindi Teissier fu il primo ad usare le tecniche di analisi multivariata in ricerche morfometriche, e ad interpretarne i componenti principali (PC1 e PC2), dove PC1 era un indice multivariato della *size* (dimensione), e PC2 un indice della *shape* (forma) (Reyment, 1990). Lo studioso arrivò a questa conclusione poiché quantificò con un 98% della varianza totale il componente principale della PCA (PC1), ed evidenziò una correlazione positiva con tutte le misure lineari della *size* e poi correlò questo modello con la semplice osservazione che tutte le dimensioni aumentavano durante la crescita. Jolicoeur (1960) modificò l'approccio di Teissier eseguendo una PCA sulla matrice di varianza-covarianza, piuttosto che su una matrice di correlazione, per studiare l'allometria multivariata, e utilizzò il secondo componente principale (PC2) di una PCA per derivare la componente della *shape* (Jolicoeur e Mosimann, 1960). Ancora Jolicoeur (1963) illustrò come le deviazioni dall'isometria potevano essere quantificate attraverso l'analisi dei componenti principali. La maggior parte della covarianza nei dati è

generalmente spiegata dalla crescita isometrica (individui più grandi hanno dimensioni maggiori), e la covarianza residua si basa su modelli di *shape* che sono indipendenti dalle dimensioni (Cadrin, 2000).

Da qui in poi una sequenza di tecniche statistiche multivariate sono state sviluppate ed utilizzate in morfometria, applicando delle convenzioni per l'interpretazione dei *patterns* di *size* e *shape* (Marcus, 1990). Bisogna tuttavia tener presente che l'interpretazione di *size* e *shape*, derivanti da una PCA, sono ragionevoli soltanto se i PC's (componenti principali) descrivono le più ampie porzioni della varianza morfometrica (Reyment, 1990). L'utilizzo della morfometria multivariata ha quindi permesso di identificare con successo e discriminare centinaia di popolazioni. Un metodo alternativo alla PCA è l'analisi discriminante (DA). Fisher escogitò la DA come un'estensione multivariata dell'analisi della varianza (ANOVA) per studiare variazione e covariazione tra gruppi tassonomici (Fisher, 1936). Sfortunatamente, mentre la PCA emula un'equazione allometrica multivariata, la DA non è biologicamente interpretabile (Marcus, 1990), quindi possono essere fatte solo delle interpretazioni allometriche indirette, comparando i coefficienti derivanti dalla PCA e dalla DA (Cadrin, 1995).

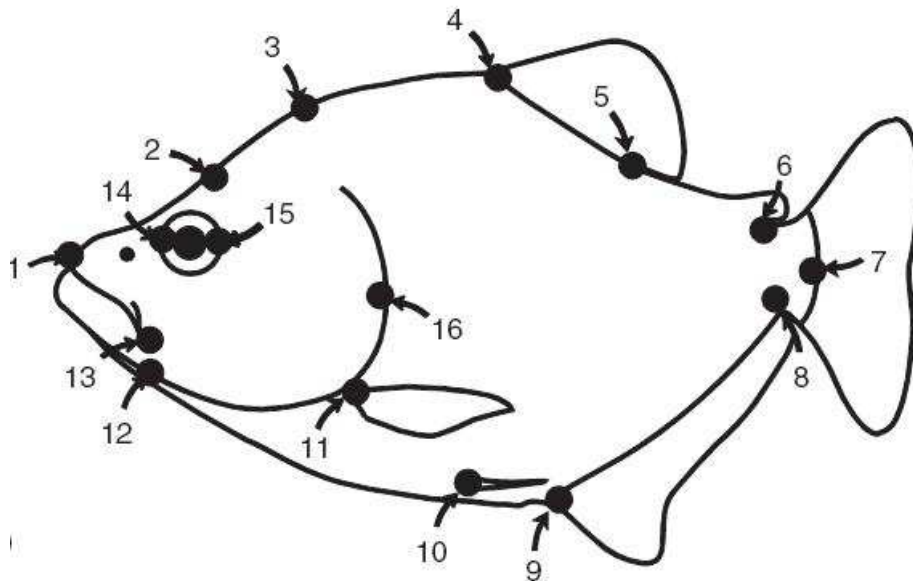
Royce (1957) introdusse i metodi multivariati per l'identificazione degli stock, e così negli anni '60 le applicazioni della morfometria multivariata fiorirono. Saila e Flowers (1969) furono tra i primi ad applicare la DA in uno studio sull'aragosta americana (Gould e Johnston, 1972; Thorpe, 1976). Da allora numerosi stock d'acquacoltura sono stati identificati usando la morfometria multivariata tradizionale (per esempio Lee, 1971; Winans, 1987; Saila e Martin, 1987).

Poi, negli anni '80, lo sviluppo delle tecniche di cattura e processamento delle immagini digitali hanno rivoluzionato la ricerca morfometrica. La morfometria multivariata tradizionale ha potuto così aumentare la sua efficacia discriminante attraverso una più accurata raccolta dei dati e descrizione della *shape*. L'utilizzo delle immagini digitali ha permesso un più rapido processamento dei campioni in vivo, eliminando in questo modo la necessità di asportare i campioni dal proprio ambiente e di sacrificarli. Come esempio si possono portare le esperienze di Douglas sul dimorfismo sessuale di *Gila cypha*, una specie in via di estinzione (Cadrin e Friedland, 1999), e una maggior precisione ed accuratezza nella raccolta delle misure morfometriche rispetto al metodo manuale (Rohlf, 1990). Ferson et al. (1985), dimostrarono che tramite l'utilizzo della fotografia digitale potevano raccogliere un set completo di morfometrie sulla *shape* delle valve di cozza (*Mitilus edulis*) in un tempo molto minore rispetto a quello impiegato con la metodologia manuale. Questo è un passaggio chiave per la stabilità delle analisi multivariate perché, nel rapporto tra il numero di osservazioni (n) e le variabili (p), n deve essere molto maggiore di p , in modo tale da

aumentare il rapporto $n : p$, ed aumentare di conseguenza la potenza analitica dei test (Cadrin e Friedland, 1999).

Il sistema di analisi delle immagini, ha spostato l'approccio di acquisizione dei dati dalla registrazione manuale delle misure di una dimensione morfometrica all'archiviazione automatica delle coordinate di punti di riferimento (fig. 9).

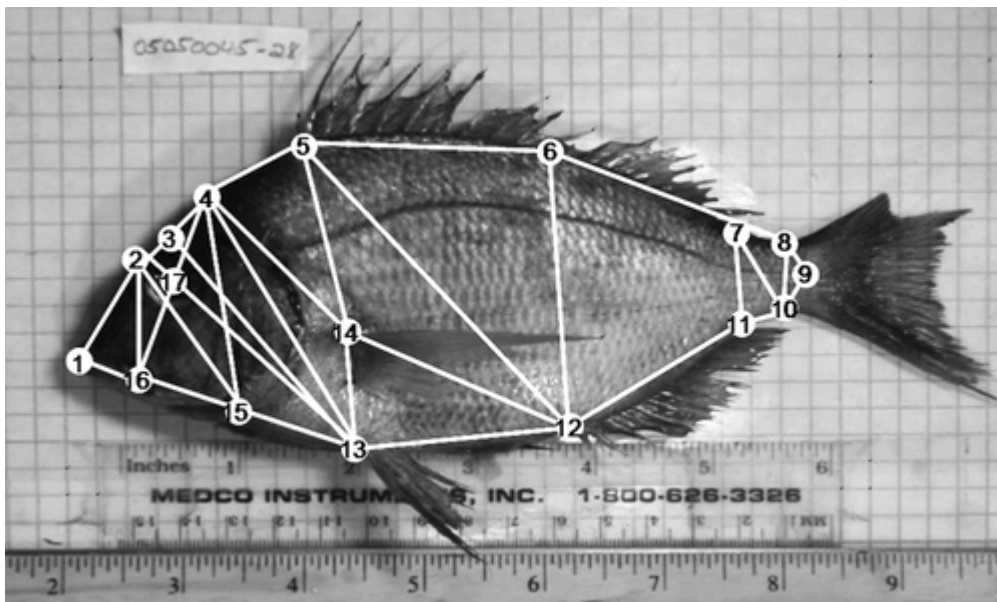
Figura 9: Principali *landmark* su di un pesce.



L'utilizzo dei *landmark* permette di effettuare misure lineari a posteriori e localizzare nuovi punti sull'immagine, senza effettuare nuovi campionamenti in campo, inoltre la scelta finale delle variabili da includere nelle analisi può essere fondata sulla potenza discriminante dei *landmark*. Tutto questo rende la selezione dei punti un processo iterativo con le immagini archiviate.

Il cambiamento nella modalità di raccolta dei dati ha richiesto anche un'innovazione nella scelta delle caratteristiche morfometriche da analizzare. Dei punti omologhi tra specie diverse (per esempio attacco della pinna dorsale, poro ano-genitale ecc.) sono più efficaci nel descrivere la *shape* rispetto ad altri scelti arbitrariamente (Bookstein, 1990). Winans (1987) osservò che la maggior parte dei caratteri morfometrici campionati nei pesci ossei dagli anni '60 agli '80 era basata su quelli selezionati da Hubbs e Lagler (1958) negli anni '40. In alternativa, Strauss e Bookstein (1982) proposero un metodo di campionamento delle distanze lineari attraverso una rete di misure tra *landmark* chiamata "*box-truss network*" (fig. 10).

Figura 10: Esempio di *box-truss network*.



L'analisi delle distanze all'interno del *box-truss* è più sensibile alle differenze di forma rispetto alle dimensioni comunemente usate, perché la *shape* è descritta più approfonditamente dall'intreccio di misure (Cadrin e Friedland, 1999). Questo metodo permette quindi la ricostruzione più fedele della sagoma al fine di individuare più facilmente le differenze tra gruppi o eventuali *outliers*.

In definitiva cinque sono le limitazioni di base del metodo tradizionale che hanno successivamente condotto alla rivoluzione morfometrica. La prima: le misure lineari sono di solito fortemente correlate in modo positivo con la dimensione corporea, e anche se differenti metodi sono disponibili per separare l'effetto della variazione di *size* da quello di *shape*, ognuno di questi conduce a risultati diversi (Bookstein et al., 1985). La seconda: le variazioni tra campioni sono più difficili da valutare quando i *landmark* omologhi non definiscono un *box-truss network*. La terza: *shape* differenti possono produrre set di misure identiche se non si specifica la posizione di rilevamento tra campioni. La quarta: l'esclusione di forme geometriche potenzialmente importanti suggerisce che ci potrebbe essere una riduzione della potenza statistica nel distinguere le differenze tra campioni. Infine la quinta: la rappresentazione quantitativa visiva della *shape* implica grafici ed istogrammi di ognuna delle numerose misure univariate o misure multivariate derivate statisticamente. Questo non è il modo corretto per ricostruire e rappresentare una completa sagoma corporea (Parsons et al., 2003). Tutti i metodi morfometrici basati su punti omologhi affrontano la sfida fondamentale di rimuovere la variazione di *size* dalla variazione in *shape*. Le morfometrie tradizionali utilizzano comunemente tre approcci differenti per tentare di isolare la *shape* dalla *size*: la proporzione, la regressione e l'analisi dei componenti (Bookstein et al., 1985). L'approccio della proporzione prende in considerazione ogni distanza del *box-truss network* e la divide per delle misure delle

dimensioni corporee, solitamente aventi la stessa scala di misura. Il secondo metodo prevede l'utilizzo della regressione per ogni distanza del *box-truss network* contro le misure delle dimensioni corporee, e stimando così i residui delle distanze. Infine, la PCA o approccio multivariato di cui abbiamo già parlato in precedenza.

A questo punto l'idea di evolvere la morfometria è matura, e numerose pubblicazioni del periodo diventeranno delle pietre miliari, e una serie di workshop favoriranno lo sviluppo dei più avanzati approcci geometrici per l'analisi delle variazioni morfometriche (Rohlf e Marcus, 1993; Marcus et al., 1996). Nasce così la morfometria geometrica.

Come detto in precedenza i metodi geometrici possono essere divisi in due gruppi: i metodi basati sulla sagoma ("*outline methods*") e quelli basati su punti di riferimento ("*landmark methods*").

Gli "*outline methods*" utilizzano funzioni empiriche per rappresentare le coordinate del contorno di una sagoma (Rohlf e Bookstein, 1990), ma differenti metodi producono risultati diversi e scegliere il metodo giusto è spesso difficile secondo Rohlf. Analizzando il nostro specifico caso, gli "*outline methods*" secondo Cadrin (2000) possono discriminare efficacemente differenti stock, ma interpretare le differenze tra i gruppi può risultare difficile.

I "*landmark methods*" si sono sviluppati più recentemente per quantificare le deformazioni di punti morfometrica in uno spazio di coordinate. Queste deformazioni e l'energia necessaria per trasformare una *shape* nell'altra sono quantificabili, e Rohlf e Marcus (1993) hanno dimostrato che su queste variabili possono essere eseguiti i convenzionali metodi di analisi multivariata (analisi dei componenti principali e analisi discriminante).

I "*landmark methods*" sono stati applicati sui pesci ossei per lo studio dei cambiamenti ontogenetici nella spigola, *Dicentrarchus labrax* (Loy et al., 1996), nel sarago, *Diplodus vulgaris* (Loy et al., 1998), e nel pesce gatto, *Callichthys* spp. (Reys Gavilan et al., 1998); e nello studio delle variazioni geografiche in cefalo, *Mugil cephalus* (Corti e Crossetti, 1996) e in spinarello, *Gasterosteus aculeatus* (Walker, 1996 e 1997).

In un interessante articolo Parsons et al. (2003) confrontarono la metodica tradizionale con la morfometria geometrica in due specie di ciclidi, *Amphilophus citrinellus* e *Amphilophus zalius*. Nella sperimentazione vennero seguite 5 strade alternative di indagine morfometrica per discriminare le due popolazioni. Le prime quattro riconducibili alla morfometria tradizionale differivano per la modalità con cui si veniva effettuata la *size correction*, ovvero l'eliminazione del rumore di fondo dettato dalle diverse dimensioni dei pesci, mentre la quinta alternativa utilizzava gli step classici di un'analisi di morfometria geometrica. Tutte e cinque le metodiche risultavano in grado di discriminare le due specie, ma i metodi differivano nella solidità della differenziazione tra forme intermedie. Il metodo geometrico forniva un maggiore potere discriminante, inoltre il

programma Tps di Rohlf generava delle griglie di deformazione che costituivano un'efficace rappresentazione visiva del cambiamento di forma tra le 2 specie di ciclidi, facilitando in questo modo l'analisi della struttura corporea. Una critica all'approccio geometrico può essere rappresentata dal fatto che l'interpretazione della morfologia funzionale dei pesci non è così facile, in quanto i cambiamenti localizzati sono più facili da quantificare attraverso la singola misurazione effettuata in un *box-truss network*. Un punto di forza della morfometria geometrica, soprattutto durante gli studi esplorativi, è che molti aspetti della variazione di *shape* sono catturati attraverso il set di *landmark*, in modo tale che specifiche variazioni anatomiche possono essere notate senza averne conoscenza a priori. Gli Autori concludono sottolineando che la morfometria geometrica acquisterà visibilità come potente mezzo per l'analisi delle forme (Parsons et al., 2003).

3.3.3.1. Le applicazioni della morfometria classica

Verranno adesso presi in esame gli articoli più interessanti che hanno considerato l'applicazione della morfometria classica su varie specie ittiche, e i principali risultati raggiunti,.

Corti et al. (1988) presero in esame 6 popolazioni di carpa comune (*Cyprinus carpio*), usando il metodo della morfometria classica, e più specificamente costruendo un *box-truss network* ed analizzando i dati con l'analisi dei componenti principali per gruppi (MGPCA) e con l'analisi della varianza canonica (CVA). In primo luogo gli Autori constatarono che non esisteva dimorfismo sessuale, in secondo luogo le tecniche utilizzate erano in grado di discriminare i sei gruppi analizzati, avendo preventivamente escluso l'effetto della *size*. La conclusione fu che l'analisi della *shape* rifletteva un modello genetico di variazione tra popolazioni, e questa variazione non sembrava fortemente influenzata da fattori ambientali derivanti dall'origine geografica (Corti et al., 1988).

In un confronto morfometrico tradizionale tra 3 popolazioni giovanili di salmone (*O. tshawytscha*) di origine selvatica, allevate in due piscicoltura differenti, Winans (1984) mise a confronto le metodiche con misure lineari contro il *box-truss network*. Secondo l'Autore, eseguendo una PCA si aveva una più netta separazione tra i gruppi (in base all'età) utilizzando il *box-truss* rispetto alle misure lineari; lo stesso si poteva dire eseguendo una DA per separare l'origine geografica dei tre ceppi. Quindi queste metodiche multivariate potevano essere applicate per analizzare la variabilità morfologica, sia essa geografica oppure ontogenetica. Inoltre, risulta interessante evidenziare come in soggetti allevati in cattività ci fosse un marcato cambiamento nel fattore di condizione, al momento della discesa primaverile verso il mare (Winans, 1984).

Swain et al. (1991) analizzarono le differenze morfologiche nel salmone coho (*O. kisutch*) mettendo a confronto una popolazione d'allevamento e una popolazione selvatica nei rispettivi ambienti e l'adattamento della popolazione selvatica alla cattività. L'obiettivo era quello di testare le

componenti genetica e ambientale che influenzano le differenze morfometriche nelle popolazioni giovanili di salmone. I test prevedevano l'utilizzo di misure lineari classiche (secondo Hubbs e Lagler) e il *box-truss network* (secondo Strauss and Bookstein). Le prime sono state analizzate come variabili univariate con ANOVA, il secondo tramite una PCA. Le differenze univariate portarono gli Autori a concludere che le differenze morfologiche osservate nei tre gruppi erano per lo più correlate con l'ambiente. Simile risultato venne ottenuto mediante l'applicazione della PCA, dove la componente principale (PC1) era riconducibile all'ambiente di crescita, mentre le altre componenti (PC2 e PC3) risultavano legate sia alla genetica sia all'ambiente. E' interessante notare come le differenze tra ceppo domestico e selvatico fossero evidenti, con il primo più longilineo ed il secondo più tozzo, mentre il ceppo selvatico cresciuto in cattività si trovava in una situazione intermedia tra gli altri due. Secondo gli Autori (Swain et al., 1991) questa condizione era dettata dalla plasticità fenotipica del genotipo "wild", mentre risultava meno plausibile l'ipotesi di una mortalità selettiva dettata dall'allevamento in cattività. L'ipotesi della plasticità fenotipica veniva supportata da altri lavori precedenti a quello di Swain et al. (1991) e rispecchiava anche la condizione che avevamo introdotto con una consistente letteratura di supporto nei paragrafi precedenti.

Beddow e Ross (1996) utilizzando la morfometria classica tentano di predire la biomassa negli allevamenti di salmone atlantico (*Salmo salar*). A tale scopo gli Autori rilevarono numerose misure lineari ed utilizzarono un *box-truss network*, in modo tale da coprire l'intero profilo laterale dei soggetti, provenienti da due ceppi distinti, uno scozzese e uno norvegese. Delle trenta dimensioni analizzate 12 risultarono correlate con il peso del pesce, e si trattava principalmente di distanze lineari del box tra *landmark* opposti (asse dorso-ventrale). La buona predittività delle distanze rilevate sul ceppo scozzese di salmone non "fittano" tuttavia sufficientemente bene per il ceppo norvegese, questo perché esistono differenze morfologiche evidenti tra i 2 ceppi, il primo più slanciato, il secondo più tozzo. A parità di lunghezza il salmone norvegese risultava sempre più pesante rispetto a quello scozzese, inficiando in questo modo il modello predittivo.

La morfometria può essere utilizzata anche per studiare differenze tra specie diverse ed avanzare delle ipotesi adattative. Pakkasmaa et al. (1998) hanno studiato il temolo (*Thymallus thymallus*), il salmone atlantico (*Salmo salar* m. *sebago*), la trota lacustre (*Salmo trutta* m. *lacustris*) e il salmerino alpino (*Salvelinus alpinus*) provenienti da una zona geografica della Finlandia, analizzando gli stadi giovanili della loro progenie. Il metodo di analisi prevedeva la raccolta di 11 morfometrie, utilizzando punti di riferimento omologhi e misure lineari, e la loro analisi con tecniche statistiche multivariate. Nel primo anno di accrescimento le 4 specie sono risultate morfologicamente molto simili, poi con l'accrescimento del secondo anno inizia il differenziamento

interspecifico. Le caratteristiche che meglio discriminano le specie sono state l'altezza del tronco, le dimensioni della testa e la lunghezza delle pinne pettorali. Il temolo e il salmerino alpino sono risultati più idrodinamici rispetto alla trota e al salmone, i quali appaiono più "robusti". Esiste una chiara relazione tra forma e funzione, la morfologia nei pesci riflette un adattamento all'habitat e alla nicchia alimentare della specie. Gli Autori concludono sostenendo che "se l'ambiente di allevamento, come suggerito in letteratura, ha un considerevole effetto sulla morfologia dell'individuo, le differenze in natura possono essere anche più evidenti di quelle trovate in questo studio" (Pakkasmaa et al., 1998). A seguito della pubblicazione di questo articolo vennero effettuati dei test sempre su salmone atlantico e su trota lacustre volti a stabilire se la velocità dell'acqua fosse un fattore ambientale fondamentale negli stadi giovanili dei salmonidi, e quindi se la sola velocità di flusso fosse sufficiente a causare differenze morfologiche in entrambe le specie. Utilizzando lo schema di acquisizione dei dati morfologici della sperimentazione precedente, vennero creati 2 ambienti con velocità di corrente alta e bassa. L'analisi multivariata della varianza rivelò in evidenza come la velocità di flusso modificasse la *shape* delle due specie di salmonidi. In un solo mese di allevamento a velocità differenti furono registrate differenze morfologiche. I salmonidi giovani sono fenotipicamente plastici ed hanno la capacità di rispondere velocemente alle variazioni ambientali. In natura la capacità di risposta è molto importante, perché le condizioni ambientali dei corsi d'acqua sono eterogenee (Pakkasmaa e Piironen, 2001).

Un lavoro simile a quello di Pakkasmaa e Piironen (2001) è quello di Lucarda et al. (2004) nel quale furono analizzate le due semispecie *Salmo trutta trutta* e *Salmo trutta marmoratus*. I dati raccolti su numerosi campioni delle due semispecie e sui loro ibridi (in quanto sono interfeconde) riguardavano principalmente misure corporee lineari e livrea. Le analisi statistiche utilizzate sono state le canoniche PCA e DA. Anche in questo caso la differenza morfologica era netta, soprattutto nella zona del capo e nella zona anteriore del tronco. Particolare è il metodo utilizzato per individuare dei *landmark* aggiuntivi sulla sagoma dei pesci, senza utilizzare il *box-truss network*, utilizzando dei raggi, che tuttavia lasciano alcune perplessità sulla riproducibilità della misurazione. Come era lecito attendersi, gli ibridi si trovano in una posizione intermedia tra le due popolazioni. Avendo analizzato popolazioni distribuite sull'intero arco alpino, gli Autori avevano notato come differenze morfologiche siano riscontrabili anche entro specie, suddividendo le popolazioni per areale geografico o per bacino (Lucarda et al., 2004).

3.3.3.2. Le applicazioni della morfometria geometrica

Il più evidente vantaggio della morfometria geometrica è che si possono visualizzare facilmente i cambiamenti nella *shape* sotto forma di disposizione dei *landmark*, e si possono ottenere dei nuovi

set di variabili che possono essere analizzati usando la statistica multivariata tradizionale (Rohlf e Marcus, 1993).

Corti, già citato per i lavori con il metodo della morfometria classica, assieme ad alcuni colleghi (1996) studia con il nuovo metodo i cambiamenti morfologici della spigola (*Dicentrarchus labrax*), dopo un'acclimatazione sperimentale in acqua dolce. In natura la spigola è apparentemente frammentata in popolazioni locali ed è possibile identificare individui che passano la maggior parte della loro vita in acqua dolce o salmastra attraverso dei marcatori genetici. L'effetto dell'acclimatazione in acqua dolce è stato valutato analizzando la forma del pesce a diverse età (tra i 7 e i 24 mesi), grazie alla morfometria geometrica. Sono stati identificati 18 *landmark* omologhi, quindi i campioni sono stati sovrapposti l'uno all'altro (*Superimposition method*) e le coordinate e/o variabili sono state analizzate con metodiche di statistica multivariata. Secondo gli Autori da questo studio emergono due aspetti principali: la crescita più rapida dei campioni in acqua dolce nelle condizioni sperimentali, ed il pronunciato incremento della loro regione dorsale. Bisogna inoltre tener conto della differente mortalità tra i due lotti (con un'elevata mortalità registrata durante e dopo l'acclimatamento all'acqua dolce), e non bisogna quindi trascurare l'effetto "selezione" e "ecofenotipismo". Esiste anche un'evidente contrazione nella crescita durante l'adattamento, e il ritardo nell'accrescimento in acqua dolce può essere una ragionevole conseguenza dello stress sopportato dagli animali durante l'acclimatamento. Gli Autori concludono sottolineando che cambiamenti nella salinità o nella temperatura (graduali o bruschi) possono produrre un effetto ecofenotipico nei caratteri del pesce di valore tassonomico. Il grado di plasticità richiede un'attenta valutazione, in modo tale da scongiurare possibili false interpretazioni sulla natura delle differenze evidenziate dal carattere (Corti et al., 1996).

Loy et al. (1999), in una pubblicazione esaustiva su pesci d'acquacoltura, presentarono una dettagliata spiegazione delle metodologie di morfometria geometrica applicata su una specie ittica. Il piano sperimentale prevedeva l'analisi delle differenze morfometriche tra due lotti di orata (*Sparus aurata*), uno francese ed uno spagnolo, allevati 15 mesi in gabbie galleggianti. Sulla sagoma dei soggetti venivano individuati 21 *landmark* omologhi, l'effetto della *size* era eliminato tramite GPA, mentre le differenze in *shape* venivano visualizzate con il programma Tps e poi analizzate con una MANOVA (analisi multivariata della varianza) ed una CVA (analisi della varianza canonica). In conclusione le differenze morfologiche tra i due campioni risultarono significative, nonostante i 15 mesi di allevamento in ambiente comune. Tale risultato evidenziava l'importanza delle condizioni di allevamento nel periodo larvale e post-larvale nel determinare la *shape* futura (Loy et al., 1999).

Nello stesso anno fu pubblicato un lavoro di morfometria su sei specie della famiglia dei Serranidi (perciformi) (Cavalcanti et al., 1999) che, essendo uno dei primi lavori di morfometria applicata alle specie ittiche, esaminò in maniera decisamente esaustiva le metodiche applicate. Le misure sono state effettuate utilizzando un *box-truss network* (secondo Strauss e Bookstein, 1982), quindi sono stati utilizzati il programma Tps e l'analisi della varianza sul "*Partial Warp Score*". La decomposizione della variazione in *shape* in componente uniforme (accrescimento isometrico) e non affine (allometrie), indica che le maggiori differenze tra specie sono correlate con entrambe le componenti. Differenze significative sono state trovate tra le specie, ed in particolare la componente uniforme risulta meno informativa rispetto alla componente non uniforme o non affine (Cavalcanti et al., 1999).

Nell'unico lavoro di morfometria geometrica sui salmonidi, risalente al 2000, gli Autori (Hard et al., 2000) analizzarono le differenze in *shape* tra individui allevati e selvatici di salmone coho (*O. kisutch*). L'analisi multivariata della variazione in *shape* attraverso le *coordinate di Procruste*, visualizzate grazie al *thin-plate spline* (Tps), indicano che gli individui di salmone adulti allevati in cattività si differenziano da quelli selvatici per un'evidente riduzione del dimorfismo sessuale, una testa più piccola ed un rostro meno accentuato, un tronco ed un peduncolo caudale più sviluppati, una pinna dorsale più piccola, e un corpo meno idrodinamico. Secondo gli Autori i risultati confermano le differenze morfologiche individuate in lavori precedenti, ma le differenze risultavano più pronunciate che in passato. L'ordine di grandezza e la tipologia delle differenze riscontrate suggerivano che almeno alcune di queste erano indotte dall'ambiente. La variazione in *shape* ha evidenziato una relazione allometrica con variazioni nelle misure corporee.

3.4. Il miglioramento genetico e tecniche applicative

3.4.1. Selezione dei tratti ed incrocio programmato in acquacoltura

La maggior parte degli aspetti legati alla conformazione dell'animale (fenotipo) sono associati al genotipo e quindi, in certa misura, trasmissibili di generazione in generazione. Il fenotipo di un qualsivoglia carattere esprime infatti quelle caratteristiche a noi evidenti, che si originano dall'interazione tra genotipo ed ambiente. Sfruttando appunto l'ereditabilità di questi caratteri, mediante la selezione genetica e gli incroci, è possibile migliorare i caratteri di interesse commerciale (dimensioni, velocità di crescita, resa in carcassa, ecc.). La selezione fenotipica, molto spesso usata dagli allevatori, è particolarmente efficace per quei caratteri produttivi che sono facilmente misurabili e che non sono troppo influenzati da fattori ambientali. Per questi caratteri si

possono ottenere elevate intensità di selezione, buona accuratezza nella stima del valore genetico degli animali, brevi intervalli di generazione e quindi un rapido progresso genetico. Altri caratteri, invece, sono espressi solamente dopo la macellazione (contenuto in grasso, caratteristiche dei filetti) o sono difficili da misurare (resistenza alle malattie).

La genetica molecolare permette di superare i problemi legati ai caratteri influenzati da fattori ambientali perché fornisce gli strumenti per analizzare la variabilità genetica quantitativa direttamente a livello di DNA (D'Agaro, 2007), ma l'applicazione della genetica in acquacoltura è relativamente recente. Infatti, sebbene si stiano sviluppando programmi di miglioramento genetico sulle più importanti specie acquatiche oggetto di allevamento, il settore dell'acquacoltura è certamente molto indietro rispetto all'agricoltura e alla zootecnia terrestre, dove sono stati oramai raggiunti livelli di selezione assai elevati. Ad eccezione di poche specie ittiche, in particolare la carpa, la trota iridea ed alcune specie di pesci tropicali, non esistono stock addomesticati. Questo ritardo è dovuto innanzitutto allo sviluppo relativamente recente dell'acquacoltura intensiva, in risposta alla necessità di produrre in ambiente acquatico proteine pregiate, dato il crescente fabbisogno di prodotti per il consumo umano diretto, non più soddisfatto pienamente dalla pesca.

I metodi più comunemente utilizzati per il miglioramento genetico a livello intraspecifico sono la selezione ed il crossbreeding (incrocio controllato tra razze o ceppi). Il *crossbreeding* (soprattutto se eseguito su ceppi geneticamente diversi e a pedigree noto) ha il vantaggio di essere un procedimento semplice e di avere spesso un impatto immediato e visibile sulla performance dell'animale. Tuttavia parliamo di una procedura statica, ovvero il progresso genetico si limita alla sola prima generazione. I programmi di selezione invece possono condurre ad elevati guadagni genetici e ad una progressione a tasso accelerato, lunga quanto lo è la varianza genetica esistente per il carattere d'interesse (Hulata, 2001).

La più comune forma di selezione applicata in acquacoltura è quella direzionale. Il suo scopo è di migliorare caratteri d'importanza economica. L'effetto della selezione direzionale per un carattere ereditabile è un cambiamento atteso nella frequenza del gene nella generazione successiva per quei loci che ne influenzano il carattere, assumendo però che contestualmente non cambino le condizioni ambientali (Gjedrem e Thodesen, 2005).

I primi caratteri ad essere stati studiati in acquacoltura, perché d'interesse nei programmi di selezione genetica per la trota iridea e nei Salmonidi in generale, sono stati quelli direttamente connessi con le dimensioni corporee, ovvero peso corporeo e fattore di condizione principalmente.

Tutto iniziò nei primi decenni del '900 con il primo esperimento di selezioni su pesci condotto da Embury e Hyford, poi pubblicato nel 1925. Gli Autori selezionarono dei salmerini di fonte (*Salvelinus fontinalis*) da una popolazione soggetta a foruncolosi endemica, incrementando in

questo modo il tasso di sopravvivenza dello stock dal 2% della popolazione iniziale al 69% dopo tre generazioni di selezione (Embry e Hyford, 1925). Un altro rapporto storico inerente un programma di selezione riguarda la produzione del ceppo di trota iridea (*Oncorhynchus mykiss*) chiamato “Donaldson” (Donaldson e Olson, 1957). Donaldson iniziò il lavoro d’incrocio con la trota iridea nel 1932 e registrò significanti incrementi nella crescita e nella fertilità. Dopo più di 35 anni di selezione diretta individuale, questo ceppo cominciò a diffondersi in tutto il mondo grazie al comune apprezzamento delle sue caratteristiche commerciali. Nel 1968 anche la Savostyanova pubblica i risultati di un programma di selezione condotto nell’ex-URSS. Il lavoro prevedeva dei test di accrescimento per 2 ceppi di trota iridea (uno proveniente dall’ex Cecoslovacchia ed una dalla Danimarca) e degli ibridi tra i 2 ceppi. La sperimentazione aveva come obiettivo la selezione di un ceppo ad accrescimento più rapido, valutando inoltre lo stato di salute degli stock con esami istopatologici (Savostyanova, 1968). Nonostante questi successi, considerati pionieristici, fino agli anni '70 le ricerche basate su incroci controllati nelle specie d’acquacoltura sono state molto esigue, poi nel 1977 Kincaid pubblicò il suo lavoro. Il piano sperimentale dell’autore prevedeva di migliorare l’accrescimento in un ceppo di trota iridea d’acquacoltura tramite selezione per famiglie. L’accrescimento era valutato a 147 giorni dalla fecondazione delle uova, usando come riferimento uno stock di controllo. Dopo 4 generazioni di selezioni le conclusioni furono: un guadagno netto per ogni generazione, con il massimo risultato al 3° anno (+6,4% in schiusa, +25% sopravvivenza avannotti e +22,3% in peso a 147 giorni) (Kincaid et al., 1977). Alla luce di questi primi progressi iniziarono i primi grandi progetti di selezione. In Norvegia ad esempio, a partire dal 1971, AKVAFORSK, uno dei più grandi centri per la ricerca in acquacoltura (oggi NOFIMA) cominciò l’attuazione di un ambizioso programma di incrocio per la trota iridea. I primi 5 anni furono investiti nella ricerca di 5 ceppi di trota iridea e alla creazione di incroci tra di essi, in modo da assicurarsi un’ampia base di variabilità genetica. Furono quindi create 200 famiglie ogni anno al fine di ottenere ceppi migliorati per i caratteri di maggior importanza economica (Gjedrem, 2000). L’obiettivo per le prime due generazioni fu aumentare il tasso di crescita (espresso in peso corporeo), dalla terza si proseguì in direzione di un posticipo dell’età alla maturità sessuale, e dalla quinta verso la resistenza alla foruncolosi (malattia batterica endemica causata nei salmonidi da *Aeromonas salmonicida*), e verso il miglioramento della qualità delle carni (quantità e distribuzione del grasso, colore del filetto) (Gjedrem, 1997). Il sistema prevedeva di accoppiare un maschio con 3-5 femmine, utilizzando un modello gerarchico, con produzione di full-sib e half-sib (famiglie di fratelli pieni e di mezzi fratelli). Le condizioni ambientali sperimentali erano le più omogenee possibili. Gjerde registrò un guadagno generazionale del 13% su trote iridea di 4 kg in sole 2 generazioni, I risultati completi del programma di miglioramento sono riportati nel volume “*Growth*

and reproduction in fish and shellfish” di Gjerde (1986). In seguito il programma sperimentale, rinominato “programma nazionale d’incrocio controllato” (National Breeding Programme), ottenne la partnership delle associazioni degli allevatori norvegesi interessati dai risvolti applicativi del lavoro scientifico. Dal 1992 il programma è gestito dalla Norsk Lakseavl AS. Questa operazione ha permesso la costituzione di un “parco riproduttori” selezionato, messo a disposizione degli allevatori norvegesi. Grazie a questo intenso lavoro scientifico, ora l’acquacoltura nazionale norvegese è in grado di garantire un elevato standard qualitativo all’industria di trasformazione e di riflesso ai consumatori. Ad oggi, circa il 65% delle trote prodotte in Norvegia derivano da pesci migliorati geneticamente, ed il rapporto costi-benefici del Programma Nazionale di Selezione norvegese è stato stimato in 1:15 (Gjedrem, 2000). Oltre alla Norvegia anche gli altri stati si sono impegnati in programmi di selezione della trota iridea per caratteri di target commerciale. In Finlandia, alla fine degli anni ‘80, iniziò il programma di riproduzione controllata denominato SELEC. I ceppi utilizzati per creare la popolazione di partenza furono quattro, non anadromi, di elevata qualità, importati dagli Stati Uniti durante gli anni ‘50 e ‘60 (Kause et al., 2002). Il programma prevedeva inizialmente l’incrocio di un maschio con tre femmine, e ogni femmina con 1-3 maschi, generando in tal modo 75 famiglie, da analizzare per i caratteri di composizione e qualità corporea dopo 3 anni di accrescimento in acqua dolce o di mare. Ancora le esperienze del SELEC mostrano come esista una disparità produttiva tra i 2 sessi e una discreta ereditarietà per i caratteri quantitativi presi in considerazione (grasso viscerale, peso dei filetti, colorazione e grasso nel filetto). Inoltre, è stata comprovata una correlazione genetica positiva tra la dimensione corporea (espressa come velocità di crescita) e la quantità di grasso viscerale, e come la correlazione tra percentuale di grasso nel filetto e grasso viscerale sia negativa (Kause et al., 2002; 2007). A un anno di distanza dalla prima pubblicazione, Kause pubblica un secondo lavoro nel quale analizza l’ereditabilità del carattere “livrea” (o *appearance*) in correlazione con le dimensioni del pesce. I risultati confermano che il colore della livrea e la quantità di spot hanno una correlazione positiva sia dal punto di vista genotipico che fenotipico, ma questi caratteri non sono correlati con la massa corporea della trota. Bisogna inoltre tenere in considerazione che la plasticità fenotipica è in relazione con determinati fattori ambientali, quindi Kause conclude asserendo che livrea e la *shape* possono essere modificati anche attraverso manipolazioni ambientali (Kause et al., 2003a; 2003b; 2004). L’autore propone quindi un ulteriore lavoro, che vuole stabilire quali siano stati i trend genetici nell’accrescimento, nell’età a maturazione e nelle deformazioni scheletriche all’interno del progetto SELEC. Bisogna qui precisare che la selezione aveva avuto un’impostazione di tipo multi-caratteriale, in quanto le popolazioni venivano testate sia in acqua dolce sia in mare, calcolando in questo modo un effetto additivo tra i due ambienti. Questo tipo di selezione ha registrato un

guadagno genetico medio in peso del 7% per ogni generazione, sia per le trote allevate in acqua dolce che per quelle allevate in mare. La manifestazione di maturità precoce nei maschi (2° anno di età) è diminuita del 10-13% a fronte di una massiccia selezione fenotipica che ha comportato l'eliminazione dell'85% dei maschi dalla popolazione. Questo a sua volta ha causato un aumento dell'8-9% nel tasso di frequenza di femmine precoci (2° anno di età) nella generazione successiva. A fronte di questi guadagni ci si sarebbe aspettato un aumento della percentuale delle deformazioni scheletriche nelle progenie, invece il trend si è dimostrato in leggero declino o stabile nelle due popolazioni valutate (0% o -1%). Anche il grado d'inbreeding si è dimostrato relativamente basso, con un incremento massimo dello 0,7% per generazione a fronte di tassi medi che raggiungevano il 2% per ogni generazione in pubblicazioni simili. Questo risultato è stato possibile grazie all'accurata selezione degli incroci, ed evitando la fecondazione tra parenti stretti (Kause et al., 2005). Bisogna inoltre evidenziare come questi miglioramenti risultino i più alti in assoluto mai ottenuti nelle specie animali di interesse zootecnico.

Le esperienze norvegese e finlandese sono due chiari esempi di collaborazione tra ricerca e produzione. L'investimento temporale ed economico in campo scientifico per lo sviluppo di un ceppo di trota adatto alle caratteristiche ambientali nazionali, il quale diventa poi un patrimonio della comunità produttiva. Un patrimonio tutelato dagli allevatori, con una ricaduta economica su tutta la collettività (dall'allevatore al consumatore, passando per l'industria di trasformazione). Un fiore all'occhiello ammirato ed esportato in nazioni non in grado di fare altrettanto dal punto di vista scientifico o programmatico.

3.4.2. L'inbreeding

Questo fenomeno riduce la variabilità genetica all'interno della popolazione, diminuendo l'eterozigotità sia attraverso un incremento della possibilità di condividere geni parentali, sia attraverso la perdita di alleli per deriva genetica casuale. L'incremento di consanguineità è spesso associato ad una riduzione del valore fenotipico medio in uno o più caratteri per quanto riguarda la fitness (comunemente chiamata depressione da consanguineità). Benché l'inbreeding si manifesti anche in natura, la maggior parte delle cause sono da addebitare ad azioni dirette ed indirette dell'attività umana. Le potenziali conseguenze della consanguineità evidenziano l'importanza di mantenere la diversità genetica (Wang et al., 2002). Spesso le potenziali azioni che generano la consanguineità in acquacoltura derivano da normali operazioni svolte in avannotteria e sul parco riproduttori (Campton, 1995; Hard e Hershberger, 1995). I più importanti fattori che possono dare luogo a consanguineità sono l'incrocio tra parenti, un insufficiente numero di riproduttori, la selezione sistematica di un particolare carattere fenotipico per più generazioni, la sopravvivenza

differenziale tra le famiglie (Wang et al., 2002). Nel 1996 Su et al. (1996) pubblicarono un articolo improntato sullo studio del tasso di consanguineità ed il suo effetto sul peso corporeo e sui caratteri riproduttivi. La sperimentazione era incentrata su tre linee di trota iridea derivate da una selezione eseguita presso l'Università di Davis in California. Durante le prove di selezione furono calcolati il coefficiente di consanguineità e l'effetto dell'inincrocio causati da selezione per caratteri della durata di 5 generazioni. Su et al. (1996) affermano che c'è la tendenza ad un aumento della depressione da inincrocio causato da selezione per il peso totale dell'individuo, e questo effetto si manifesta maggiormente con l'avanzamento dell'età. Questo fenomeno è ancora più marcato se si analizzano alcuni tratti nella popolazione di sesso femminile, quali possono essere l'età di prima riproduzione e il numero di uova deposte. Infine considerando una classifica dei tratti maggiormente colpiti dalla depressione, al primo posto troviamo la fertilità delle femmine, al secondo la percentuale di schiusa delle larve, e poi a seguire il numero totale di uova deposte, il peso corporeo di maschi e femmine alla riproduzione, il peso corporeo a 308 e 364 giorni di età ed infine la dimensione delle uova (Su et al., 1996). In un secondo lavoro sulla depressione da consanguineità (Pante et al., 2001a e 2001b) furono analizzate tre popolazioni di trota iridea sotto selezione da 6 generazioni, soffermandosi in questo caso molto approfonditamente sull'aspetto modellistico per il calcolo dell'effetto dell'inbreeding; sostanzialmente i risultati ottenuti sono molto simili a quelli presentati da Su et al. (1996) qualche anno prima, e comunque molto meno pessimistici di quelli presentati da Gjerde et al. (1983). In definitiva, da queste pubblicazioni si possono estrapolare delle informazioni interessanti per evitare il problema della depressione al momento della costituzione di un parco riproduttori e della riproduzione. Per un ulteriore approfondimento dell'aspetto si consiglia un'attenta lettura dell'articolo di Wang et al. (2002) "*Salmonid inbreeding: a review*".

3.4.3. Interazioni genotipo-ambiente

Abbiamo numerose evidenze di rapporti interattivi tra genotipo e ambiente, e di come un singolo genotipo possa mostrare numerose varianti fenotipiche in condizioni ambientali diverse. La manifestazione di queste differenti espressioni fenotipiche derivate da un singolo genotipo ed espresse attraverso diversi ambienti sono conosciute come "sensibilità ambientale" o come la "normale reazione del genotipo" (Fishback et al., 2002).

Quando si pianifica un programma di allevamento controllato è importante conoscere se sono presenti interazioni genotipo-ambiente (GxE). Se non ci sono interazioni, questo significa che il valore genetico di un animale o di un ceppo è lo stesso in differenti ambienti, e il programma di selezione può concentrarsi sul ceppo migliore o combinare gli stock migliori in una nuova

popolazione. In caso contrario, se esiste una significativa interazione GxE, la risposta alla selezione sarà ridotta e perciò potrebbe essere consigliabile sviluppare degli stock in ogni ambiente (Gjedrem, 1992). Gunnes e Gjedrem (1981) dimostrarono che, in prove half-sib su trota iridea allevate in mare, l'interazione era trascurabile sia per quanto riguardava il peso corporeo (dall'1 al 5%) sia per la lunghezza corporea (da 0,7 a 4,5%). Concludendo così che l'interazione poteva essere trascurata durante la pianificazione di un programma di allevamento controllato di questo genere (Gunnes e Gjedrem, 1981). Ayles e Baker (1983) testarono l'interazione tra ceppo e ambiente (lago), per i caratteri di crescita e sopravvivenza, registrando rispettivamente variazioni fenotipiche del 2 e del 28%. Sylvén et al. (1991) valutarono numerose full-sib in tre diversi ambienti (acqua dolce, acqua salmastra e mare) usando delle correlazioni genetiche, che si rivelarono elevate negli ambienti salmastro e marino. Anche Fishback (2002) testarono l'interazione genetica-ambiente, ma la variazione ambientale che presero in considerazione era molto limitata, poiché dipendeva solamente dall'effetto "temperatura dell'acqua", in quanto gli stock di pesce si trovavano fisicamente in vasche separate, anche se all'interno della stessa piscicoltura. L'autore concluse il lavoro senza registrare significative interazioni tra genetica e ambiente, a causa di un ambiente di allevamento molto omogeneo. Anche durante il SELEC finlandese, citato in precedenza, sono state valutate le interazioni tra genetica ed ambiente, Kause et al. (2003a; 2003b; 2004; 2005) durante la realizzazione del progetto pubblicarono tre articoli in cui venivano spiegati i caratteri selezionati durante il programma (peso corporeo, età alla maturità, livrea, *shape* e spot, ecc.), mettendo a confronto l'ambiente di allevamento marino e quello d'acqua dolce. Gli Autori conclusero rilevando la plasticità fenotipica tra i 2 ambienti, ma questa era trascurabile valutando in questo caso il guadagno ottenuto per i caratteri oggetto di studio.

Queste pubblicazioni possono aiutarci a capire perché, in che modo, e sotto quali pressioni ambientali, pesci selezionati per determinati caratteri, una volta distribuiti ed allevati in ambienti eterogenei, generino espressioni fenotipiche diverse tra loro, che possono rivelarsi a loro volta vantaggiose o svantaggiose. Allo stesso tempo la comprensione di questi fenomeni ci aiuta a selezionare quei genotipi e/o caratteri fenotipici che tendono a mantenere costanti le proprie performance indipendentemente dagli ambienti produttivi, oppure ad effettuare selezioni *ad hoc* in differenti ambienti.

3.4.4. La tecnologia dei microsatelliti applicata all'acquacoltura

La selezione fenotipica è particolarmente efficace per i caratteri produttivi che sono facilmente misurabili e che non sono troppo influenzati da fattori ambientali. Per questi caratteri si possono ottenere elevate intensità di selezione, buona accuratezza nella stima del valore genetico degli animali, brevi intervalli di generazione e quindi un rapido progresso genetico, come è stato visto nei paragrafi precedenti. Altri caratteri, invece, sono difficili da misurare o sono espressi solo dopo macellazione.

La genetica molecolare permette di superare i problemi legati ai caratteri influenzati da fattori ambientali perché permette di analizzare la variabilità genetica quantitativa direttamente a livello di DNA. A tale fine, è necessario trovare marcatori del DNA che siano associati a caratteri di interesse selettivo (D'Agaro, 2007).

I marcatori genetici sono un importante strumento di lavoro per lo studio e la caratterizzazione delle popolazioni di pesci. Essi permettono di tipizzare, cioè di caratterizzare geneticamente, una popolazione di pesci. Oltre a ciò, i marcatori trovano impiego anche nelle seguenti applicazioni: per studiare sistemi di incrocio, per determinare il flusso genico, per costruire mappe geniche, per individuare un QTL (gene che codifica per un carattere quantitativo), per identificare un animale, o dei genitori o delle famiglie. Tra questi i microsatelliti hanno consentito un notevole progresso nei metodi di analisi del genoma.

Questi marcatori sono caratterizzati da un numero variabile di ripetizioni composte da 1-5 nucleotidi e ripetute *in tandem*. La loro lunghezza è limitata a qualche centinaio di paia di basi, e solitamente sono affiancate da regioni di DNA uniche e caratteristiche, su cui è possibile creare dei *primers*. Queste sequenze sono altamente informative grazie al loro elevato polimorfismo, causato dalle variazioni alleliche nel numero di ripetizioni *in tandem*.

In genere i microsatelliti si trovano in regioni anonime o non codificanti del DNA, cioè regioni che non hanno una funzione nota. Come detto, sono regioni che presentano un elevato polimorfismo (ovvero sono molto suscettibili a mutazioni durante la replicazione del DNA). Questo fenomeno porta ad estese variazioni alleliche ed ad elevati livelli di eterozigotità (fig. 11).

Inoltre, trattandosi di marcatori codominanti (permettendo ad un eterozigote di essere identificabile) sono più informativi in studi del pedigree e di popolazione (Wright e Bentzen, 1994).

Figura 11: La variabilità delle sequenze microsatellite entro e tra individui.

Individuo A	Allele 1	...TGTATGAGGGTGA	AGAGAGAGAGAGAGA	GGAAATGTATGAATGAA...
		...ACATACTCCCACTT	TCTCTCTCTCTCTCCCTTTACATACTTACTT...	
Individuo B	Allele 1	...TGTATGAGGGTGA	AGAGAGAGAGAGAGA	GGAAATGTATGAATGAA...
		...ACATACTCCCACTT	TCTCTCTCTCTCTCCCTTTACATACTTACTT...	
Individuo C	Allele 1	...TGTATGAGGGTGA	AGAGAGAGAGAGAGA	GGAAATGTATGAATGAA...
		...ACATACTCCCACTT	TCTCTCTCTCTCTCCCTTTACATACTTACTT...	
	Allele 2	...TGTATGAGGGTGA	AGAGAGAGAGAGAGA	GGAAATGTATGAATGAA...
		...ACATACTCCCACTT	TCTCTCTCTCTCTCCCTTTACATACTTACTT...	

Tali caratteristiche permettono a questi marcatori di essere utilizzati per stimare il flusso genico tra popolazioni, la variabilità genetica all'interno e tra popolazioni, gli effetti di ibridazione, permettono inoltre di effettuare analisi sul pedigree e mappare il genoma.

La trota iridea (*Oncorhynchus mykiss*) è il salmonide più comune in acquacoltura in parecchi Paesi, ma nonostante questa enfasi produttiva, ciò non ha portato ad un gran numero di ricerche genetiche rivolte allo sviluppo di ceppi migliorati per l'acquacoltura. Esiste tuttavia un ampio database di informazioni biologiche ed un altrettanto ragionevole numero di informazioni su questa specie in merito alla genetica quantitativa. La trota iridea ha inoltre uno dei più elevati livelli di eterozigotà media (Allendorf e Utter, 1979), ciò indica un considerevole potenziale per la selezione naturale ed artificiale (Silverstein et al., 2004). La disponibilità di marcatori genetici fornisce l'opportunità di velocizzare il miglioramento di determinati tratti produttivi nella specie, che attraverso i classici programmi di selezione prevedrebbero una pianificazione a lungo termine ed elevati costi (Rexroad et al., 2002).

Numerosi lavori sono stati pubblicati sulla trota iridea negli ultimi 15 anni, con diverse finalità, e tutti hanno portato un contributo nell'individuazione di nuove regioni microsatellite. Morris e colleghi nel 1996 (Morris et al., 1996) hanno isolato i primi due marcatori molecolari per la trota iridea con la finalità di individuare dei loci polimorfici. I due marcatori presentavano rispettivamente: il primo 8 alleli, una *size* di 36 bp ed una eterozigotà di 0.78 (78%), mentre il secondo 9 alleli, 44 bp di *size* e eterozigotà di 0.72 (72%). Entrambi sono stati testati su centinaia di individui. Secondo gli Autori, i marcatori avevano un grosso potenziale di utilizzo nell'analisi di pedigree, studi di popolazione, valutazione di stock e mappaggio genomico, visto l'elevato

polimorfismo e una distribuzione multimodale degli alleli. Inoltre, il polimorfismo si manifestava anche in specie simili, permettendo un uso interspecifico su salmonidi, specialmente nei generi *Oncorhynchus* e *Salmo*. Estoup e collaboratori (Estoup et al., 1998) testarono i microsatelliti usati dal Morris e dei dinucleotidi polimorfici isolati da Sakamoto et al. (1994), per un totale di 8 marcatori, allo scopo di effettuare dei test di assegnazione di parentela. I test risultarono ancora rudimentali ma riaffermarono come nelle trota iridea esista un elevato polimorfismo, nonostante il test sia stato eseguito su una popolazione proveniente da un impianto ittico, per cui ci saremmo dovuti attendere una scarsa variabilità. Nel 2000 Beacham e collaboratori (Beacham et al., 2000) scrissero che *“la determinazione della struttura di una popolazione nelle specie sfruttate commercialmente è una componente essenziale nella gestione di una piscicoltura di successo”*. Durante la loro sperimentazione gli Autori analizzarono oltre duemila individui di trota iridea *“steelhead”* (un ceppo selvatico anadromo), di cui due erano popolazioni naturali ed una addomesticata in allevamento nella regione del British Columbia (Canada). Utilizzarono 8 marcatori microsatellite, alcuni dei quali già citati nei lavori precedenti. I risultati evidenziano come fosse possibile discriminare le due popolazioni naturali, ed eventualmente valutare la struttura della popolazione allevata; tuttavia l'elevata variabilità dei loci all'interno dei bacini di appartenenza (forse dovuta alle dimensioni delle popolazioni) richiedevano ulteriori approfondimenti (Beacham et al., 2000).

A cavallo tra la fine del secondo e l'inizio del terzo millennio i marcatori microsatellite si sviluppano rapidamente come strumento per le indagini genetiche nelle popolazioni di salmonidi, grazie alla possibilità di effettuare campionamenti non letali all'interno delle popolazioni ed all'abbondanza di loci che permettono di effettuare delle efficaci valutazioni all'interno della struttura di una popolazione. Nel biennio 2001-2002 vengono pubblicate (Rexroad et al., 2001 e 2002b), in ordine, una *“brief note”* ed una *“rapid communication”*, presentando rispettivamente 35 e 38 marcatori microsatellite polimorfici per *Oncorhynchus mykiss* (marcatori testati su diversi ceppi di trota americani e su altri salmonidi). Nonostante la sinteticità delle pubblicazioni vengono riportate tutte le informazioni riguardanti le dimensioni dei loci, il numero di alleli ed il grado di eterozigotità. Tali informazioni sono estremamente utili per chi voglia cimentarsi ad applicare questi marcatori su nuove popolazioni. Inoltre, sono riportati anche degli approfondimenti sulla metodologia utilizzata per l'amplificazione delle regioni in questione (condizioni di reazione per la PCR, concentrazione dei reagenti, ecc.) e i risultati ottenuti dai marcatori su altre specie di salmonidi. Nello stesso anno gli Autori (Rexroad et al., 2002a) presentarono una pubblicazione con 36 marcatori polimorfici, ottimizzati sul ceppo di trota iridea chiamato *Kamloops*. L'eterozigotità

media registrata si assestava attorno al 49% ed il numero di alleli variava da 2 a 22, con una media di 10 per locus.

I marcatori presentano polimorfismo anche in altri salmonidi (cross-amplificazione), un evento prevedibile, vista la relazione evolutiva tra le specie. Secondo gli Autori questi marcatori serviranno a costruire mappe comparative all'interno della famiglia dei salmonidi, in ogni caso la possibilità di avere 36 marcatori ottimizzati per un ceppo di trota iridea semplifica la strada di tutti coloro che sono interessati ad applicare questa tecnica su trota iridea.

Prendendo spunto da questa pubblicazione, furono quindi testati nove marcatori sviluppati da Rexroad e collaboratori su tre differenti popolazioni di trota iridea (Silverstein et al., 2004). Secondo gli Autori (Silverstein et al., 2004) per determinare un riproduttore al fine di un miglioramento selettivo il livello di diversità genetica è importante, poiché fornisce un'indicazione sulla possibilità di un progresso selettivo. Il test sui nove marcatori ha fatto registrare una media di 14 alleli per locus ed una eterozigosità media del 71,5%. L'analisi ha evidenziato la presenza di alleli distintivi ed una differenziazione tra ceppi, quindi ogni lotto contribuisce alla variabilità totale. Inoltre, il livello di eterozigosità manifestato è elevato, chiaro segno che le popolazioni di trota iridea d'allevamento considerate nello studio hanno mantenuto un considerevole livello di variabilità, nonostante il processo di addomesticamento. Nel 2005 venne pubblicato un altro lavoro in cui furono presentati 89 nuovi marcatori (Rexroad et al., 2005). Possiamo infine citare un altro lavoro (Taylor et al., 2007), dedicato alla conservazione della Trota iridea *Athabasca*, un probabile relitto preglaciale presente nell'omonimo bacino, situato in Alberta (Canada). Nello studio sono stati analizzati 10 loci ed è stato dimostrato come sia possibile distinguere questo ceppo di trota iridea da altri, e come esista un'elevata variabilità, anche all'interno della stessa popolazione *Athabasca*, potendo così discriminare comunità provenienti dallo stesso bacino idrogeografico ma da corsi d'acqua distinti. Secondo gli Autori questo fenomeno è da attribuire ad un effetto "fondatore".

Degni di nota sono anche due lavori europei. Il primo (Gross et al., 2007) analizza la variabilità genetica e la differenziazione di 12 ceppi di trota iridea allevati in Nord ed Est Europa, confrontandoli con due ceppi selvatici canadesi e due ceppi d'acquacoltura di origine americana (*Shasta* e *Donaldson*). Gli Autori analizzano 10 loci estremamente polimorfici, presupponendo che le popolazioni europee siano molto più simili tra loro di quanto ci si possa aspettare oltre Oceano, in quanto fondate da piccoli lotti importati dagli Stati Uniti. I risultati dimostrano come i ceppi europei abbiano conservato una buona variabilità, nonostante un secolo di addomesticamento, confermando in questo modo la corretta gestione degli stock europei di trota iridea da parte dei piscicoltori. Variabilità che risulta maggiore di quella rilevata nelle popolazioni selvatiche canadesi, isolate in

areali ben definiti e limitati (e probabilmente soggette al fenomeno dell'effetto *fondatore* come per il ceppo *Athabasca*). La distanza genetica tra popolazione canadese e stock europei è elevata. Lo stesso non si può dire per le due popolazioni americane, avvalorando quindi la teoria che gli stock europei provengano da un'unica popolazione selvatica americana (MacCrimmon, 1971). Infatti, Gross et al. (2007) sostengono che: “*la chiara separazione delle popolazioni selvatiche canadesi da tutti i ceppi addomesticati e la similarità genetica dei ceppi europei con il ceppo Shasta, forniscono supporto all'ipotesi che la maggior parte dei ceppi di trota europei abbiano avuto origine in California*”. Un altro particolare degno di nota è la differenziazione del ceppo danese dagli altri stock europei, secondo l'autore la divergenza si spiega con il maggiore isolamento del ceppo danese, dovuto al limitato ingresso di uova e pesci da altri Paesi, imposto per limitare la proliferazione di pericolose malattie virali e batteriche. L'articolo di Gross et al. (2007) ha una certa rilevanza nel caso nostro, in quanto in Italia le prime uova di trota iridea sono arrivate da altri Paesi europei, non direttamente dall'America, e la maggior parte degli stock addomesticati nel nostro Paese possono essere ricondotti originariamente a ceppi allevati nel nord Europa.

Il secondo articolo (Glover, 2008) descrive un lavoro che inizialmente si era prefissato l'obiettivo di poter discriminare stock di trota allevati da diverse aziende all'interno dello stesso fiordo norvegese, e di poter così risalire, tramite gli individui ripescati in natura, da quale azienda essi fossero fuggiti. A tale scopo l'autore utilizza 12 microsatelliti sugli individui catturati in acque libere e su altri individui provenienti da campionamenti eseguiti nelle aziende operanti all'interno del fiordo in questione. Il numero medio di alleli registrati per locus era pari a 11, mentre l'eterozigosità si assestava su un valore di 0,7 (70%). Durante le analisi vennero rilevate un significativo numero di variazioni, sia all'interno dello stesso lotto che tra lotti diversi. Questo risultato perciò non permetteva di effettuare correttamente i test di assegnazione degli individui campionati. Quindi l'autore conclude che non è attualmente possibile assegnare un individuo fuggito ad una specifica azienda o gabbia di origine; un tale risultato era immaginabile poiché le aziende operanti nel fiordo scambiano e/o condividono spesso il materiale ittico. Nonostante ciò, lo studio dimostra chiaramente il potenziale dell'assegnazione genetica per la trota iridea in acquacoltura, aprendo così la strada agli allevatori per un monitoraggio di vari aspetti produttivi e, in contrapposizione, dando alle autorità preposte al controllo ambientale la possibilità in futuro di identificare il materiale ittico fuggito dagli impianti.

Un altro aspetto tecnologico interessante relativo ai microsatelliti è la co-amplificazione di loci multipli (*multiplexing*) all'interno di una singola PCR (*polymerase chain reaction*). Nel 1999 viene pubblicato uno studio (Fishback et al., 1999) in cui sono sviluppati 2 multiplex, una composta da otto e una da sei marcatori, su trota iridea, con la finalità di analizzare il pedigree e sviluppare il

parco riproduttori di un locale impianto ittico in Ontario (Canada). Le informazioni raccolte e l'ottimizzazione metodologica saranno d'esempio per lavori successivi.

Analogamente, nel 2007 Johnson e collaboratori scrivono: “noi abbiamo sviluppato un metodo single-step di co-amplificazione di 12 microsatelliti in 2 reazioni hexaplex (multiplex con 6 marcatori) per ridurre i costi e migliorare l'efficienza” poiché “il drammatico incremento in questi anni del numero di microsatelliti disponibili per la trota iridea presenta l'opportunità per un rigoroso screening dei marcatori sinora pubblicati, la loro selezione e valutazione, in modo tale da poter operare in multiplex su questa specie”.

I marcatori selezionati derivano da lavori precedentemente pubblicati ed organizzati in 2 multiplex da 6 marcatori ognuna (tab. 1). Il criterio con cui sono stati selezionati prevede che i marcatori non presentino duplicazioni, non riconoscano alleli nulli, abbiano una eterozigosità del 50% almeno e non meno di 5 alleli per locus. Dal protocollo sono stati quindi esclusi 4 marcatori che non soddisfacevano questi requisiti ed il protocollo è stato così modificato e ottimizzato per 2 pentaplex (5 marcatori ognuna). Le conclusioni a cui si giunge sono che: il protocollo sviluppato è in grado di discriminare chiaramente tra ceppi di trota iridea addomesticati, siano essi allevati in purezza o all'interno di stock di origine mista (Johnson et al., 2007).

Tabella 1: I marcatori microsatellite utilizzati in multiplex da Johnson et al. (2007).

Table 1 Microsatellite marker information for all 12 loci used in the two multiplex systems							
Hexaplex I	GenBank accession no.	Primer sequences (5' to 3')	Dye label	Primer conc. (µM)	T _a (°C)	MgCl ₂ (mM)	PIC ^a
OMM5132 ^b	BV211863	F: CAACTCTAGTCCATGCCA R: CGAGTGCATGTCATGTA	Fam	1.67	60	1.5	0.62
OMM5047 ^b	CA349175	F: ACTTTCAGCAGCATCTGGTCA R: CCTGGTCCTCAGCGTTCAT	Fam	0.67	58	2	0.79
OMM1303 ^b	G73543	F: GGAAGGAAAGGCACCT R: TCTACACCAGGAGAGAGTAAT	Hex	2.33	54	2	0.80
OMM5007 ^b	CO805113	F: AGATGCCTGTCGAGTGTTG R: GAGGAGCATCATTTAGAGACTACA	Hex	0.33	58	2	0.75
OMM5233	BV211954	F: GGATCTCGCATAAGTTCA R: GACAGGGAATTGTTGCAT	Ned	0.33	58	2.5	0.71
OMM1008	AF346670	F: GATCCTTTGGGAGATTAACAG R: CACCACAGTTGCTACTGCC	Ned	0.67	58	2	0.67
Hexaplex II							
OMM5177	BV211903	F: GCTGTCTGCGCTAGAATC R: CAGAGCCCTATGCCAAAC	Fam	0.67	58	2.5	0.75
OMM1051	AF346695	F: CCTACAGTAGGGATTAACAGC R: CATGCCACACATTAATAC	Fam	2.00	58	2	0.84
OMM5264 ^b	BV211979	F: AAGCATCATTTGCCGTGAC R: TCTCTTCGCAGGGATTCT	Hex	1.33	58	1.5	0.71
OMM1097	AF352763	F: CTAGCCATCCGAACACTG R: AGAATAGGGTGCCTGTATCTC	Hex	1.67	58	2	0.88
OMM1088 ^b	AF352757	F: CTACAGGCCAACACTACAATC R: CTATAAAGGGAATAGGCACCT	Ned	0.67	58	2	0.79
OMM1325	G73562	F: TCTCTGCCAATGTGACATGCCT R: TAACTATCACTGCCACTCCTCGTG	Ned	1.00	58	2	0.46

^a Polymorphic information content calculations are based on genotypes from the Troutlodge, Inc. population (Palti et al., 2006).
^b See text for suggested modifications to protocol if necessary to remove any of these markers.

Quest'ultimo lavoro pone chiarezza e ordine all'invasione di marcatori microsatelliti presentati nel decennio precedente, sviluppa un protocollo che aiuta il lettore a non disperdere risorse nel testare centinaia di microsatelliti e contemporaneamente di semplificare il proprio lavoro, condensando il procedimento con la tecnica in multiplexing. Si può ritenere con un elevato grado di sicurezza che il "protocollo Johnson" sia un ottimo punto di partenza per l'applicazione della tecnologia dei microsatelliti sulla trota iridea da allevamento.

4. SCOPO DELLA TESI

La collocazione geografica, l'abbondanza e la qualità delle acque del Trentino, classificate dagli ittiologi come appartenenti alla “zona a salmonidi”, hanno favorito negli anni lo sviluppo di una troticoltura di pregio che vanta una tradizione centenaria sia per l'allevamento a fini commerciali che per il ripopolamento delle acque libere.

La troticoltura trentina, pur non raggiungendo dimensioni molto ampie in termini di numero di allevamenti e volumi di produzione rispetto a quella di altre regioni italiane, rappresenta tuttavia un significativo segmento della produzione lorda vendibile agricola provinciale, grazie alle elevate qualità di prodotto e processo che gli hanno consentito di ricavarsi una nicchia di mercato ben definita e di alta redditività.

In questo contesto si inserisce il progetto di ricerca denominato "Migliorfiletto", finanziato dalla Provincia Autonoma di Trento e finalizzato a migliorare gli aspetti produttivi e qualitativi della trota iridea destinata alla trasformazione, a supporto e vantaggio della produzione locale ed in particolar modo dell'Associazione dei Troticoltori Trentini (AS.TRO).

La presente tesi di dottorato è parte integrante del predetto progetto di ricerca. Essa si è posta come obiettivi: la descrizione della attuale situazione della troticoltura nella Provincia Autonoma di Trento; la caratterizzazione genetica di alcuni ceppi di trota iridea (*Oncorhynchus mykiss*) ed il loro confronto in base all'analisi correlativa tra profilo genetico, morfometria, prestazioni zootecniche e rese commerciali alla trasformazione. A questo proposito, una prima valutazione comparativa, di natura genetica e zootecnica, ha preso in considerazione un ampio numero di "popolazioni" di trota iridea presenti sul territorio. A questa sono seguiti dei test di *performance* su un *set* selezionato di cinque ceppi di trota, testati in tre differenti allevamenti, rappresentativi della realtà trentina.

La finalità ultima era quella di individuare il/i ceppo/i migliori dal punto di vista della performance zootecnica “*infra vitam*”, discriminandoli con metodiche non distruttive, siano esse genetiche o morfometriche, e valutando infine se ed in che misura tali caratteristiche fossero correlate alle rese commerciali “*post mortem*” nella trasformazione in parti eduli .

5. MATERIALI E METODI

5.1. Introduzione

La sperimentazione qui presentata si è svolta in tre fasi principali.

La prima fase è consistita nella ricognizione degli impianti di allevamento della provincia di Trento, con l'obiettivo di ottenere una visione d'insieme della condizione attuale della trotilcoltura provinciale. Le visite erano mirate a rilevare caratteristiche ambientali, dimensioni, livelli produttivi degli allevamenti, ad identificare i ceppi-popolazioni di trota iridea allevati in ognuno di essi, anche ai fini della scelta degli impianti più rappresentativi ove condurre le successive prove zootecniche.

La seconda fase prevedeva il campionamento di soggetti rappresentativi dei lotti-popolazioni di pesce allevati in ogni impianto per valutarne le rese alla macellazione, prelevare dei campioni di tessuto destinati alle successive analisi genetiche. Ciò ha permesso di individuare preliminarmente dei ceppi di trota iridea con una buona resa in filetti, da confrontare tra loro nella terza fase sperimentale.

Questa prevedeva l'organizzazione e l'esecuzione di prove di allevamento finalizzate a valutare la *performance* zootecnica e le caratteristiche morfometriche di 5 ceppi di trota iridea geneticamente discriminati ed allevati in 3 piscicoltura con caratteristiche ambientali e gestionali differenti. Le prove di campo, durate circa 2 anni, sono state suddivise in periodi che hanno comunque coperto tutti gli stadi di sviluppo dei pesci utilizzati nella sperimentazione, dall'uovo all'individuo adulto.

I cinque ceppi sono stati inizialmente confrontati in un ambiente comune (stesso allevamento) per le caratteristiche dimensionali dell'uovo, per la sopravvivenza delle larve alla schiusa, per l'accrescimento larvale e post-svezzamento sino all'età approssimativa di 9 mesi.

Nel periodo successivo ogni ceppo-lotto sperimentale è stato suddiviso in 3 sub-lotti distribuiti nelle tre aziende selezionate nella prima fase dove sono stati condotti i test di performance zootecnica, conclusisi all'età di 23 mesi circa. Al raggiungimento della taglia approssimativa di 700 grammi i lotti sono stati macellati per valutarne le rese commerciali di trasformazione.

Parallelamente alle prove zootecniche sono state eseguite le analisi genetiche del DNA estratto dai campioni di tessuto raccolti nella fase precedente, utilizzando la tecnica dei microsatelliti. Alla conclusione di tutte le prove sono state eseguite le analisi morfometriche, e le analisi statistiche dei dati raccolti durante i campionamenti.

5.2. Raccolta dei dati

Tramite interviste presso i singoli allevamenti della provincia autonoma di Trento degli allevatori, impiegando delle schede pre-stampate, ed utilizzando i database dell'associazione e dell'impianto di trasformazione dell'ASTRO sono state raccolte varie informazioni riguardanti:

- Le aziende afferenti all'Associazione dei troticoltori trentini;
- I ceppi di trota iridea allevati in Trentino ed utilizzati per la produzione commerciale;
- I dati storici sulle rese produttive dei conferitori disponibili presso l'impianto di macellazione della cooperativa ASTRO.

5.2.1. Schede tecniche descrittive delle piscicoltura

Le informazioni raccolte tramite intervista (vedi allegato A) riguardavano anche aspetti tecnico-ambientali dei singoli allevamenti, relativi all'approvvigionamento idrico (portata e tipologia di acqua) all'assetto impiantistico (numero, disposizione, tipologia, volumetria delle vasche, attrezzature, ecc) agli aspetti gestionali-produttivi (potenzialità dell'impianto, tipologia di produzione, specie allevate, alimentazione, manodopera, ecc.) ed agli aspetti ambientali e sanitari (qualità dell'acqua, variazioni stagionali, patologie ricorrenti, ecc.) Queste informazioni hanno permesso di definire un quadro completo delle caratteristiche generali e peculiari delle troticoltore provinciali fornendo al contempo una griglia di parametri su cui basare la scelta dei possibili impianti candidati per la seguente fase dei test di performance zootecnica.

I parametri in base ai quali si è operato lo *screening* dei candidati erano:

- Disponibilità e tipologia di vasche di allevamento;
- Ubicazione sul territorio e qualità del corpo idrico di derivazione;
- Tipologia produttiva dell'impianto;
- Stato sanitario dell'impianto.

5.2.2. Schede informative sul materiale allevato

Per ogni ceppo allevato dai troticoltori è stata compilata una scheda informativa sull'origine genetica degli animali (vedi allegato B). Innanzitutto si determinava se il lotto era autoprodotta oppure acquistata. Nel primo caso si procedeva all'acquisizione delle informazioni sull'origine dei riproduttori e dimensione della popolazione, su eventuali pratiche di incrocio tra ceppi e sulle metodiche di riproduzione. Nel secondo caso si risaliva all'impianto di origine del ceppo da cui attingere le informazioni necessarie.

Oltre ai dati puramente genetici venivano raccolte informazioni generali sui lotti, quali: età, tipologia di alimentazione, patologie pregresse o in corso e, dai dati storici conservati presso lo stabilimento di trasformazione si ottenevano dei dati medi sulle loro rese commerciali.

Le informazioni così ottenute hanno permesso di definire quanti e quali ceppi-popolazioni venivano allevati in Trentino, le loro eventuali caratteristiche peculiari e le loro rese commerciali medie "storiche".

5.3. Indagini preliminari sulla produzione locale

Partendo dalle informazioni dirette e/o documentali raccolte presso le piscicoltura e l'impianto di trasformazione della cooperativa ASTRO, sono stati individuati preliminarmente quei lotti che per origine genetica, tratti biometrici, condizioni di allevamento e rese commerciali "storiche", risultavano i più interessanti e meritevoli di approfondimento e ri-verifica alla macellazione.

I lotti prescelti venivano quindi conferiti all'impianto di trasformazione e lavorati per valutarne le rese commerciali. I dati di macellazione di ciascun lotto venivano quindi incrociati/correlati con le schede informative sull'impianto e sul ceppo genetico.

5.3.1. Macellazioni

Le macellazioni sono state sempre eseguite presso lo stabilimento di lavorazione della Cooperativa ASTRO, situato a Lavis (TN). Le trote di ciascun lotto venivano sottoposte a digiuno nei 7 giorni precedenti la macellazione. Gli animali venivano quindi sacrificati per asfissia e trasportati refrigerati allo stabilimento di lavorazione, dove venivano conservati in cella frigo a 4°C sino al momento della lavorazione, che avveniva tra le 6 e le 8 ore dalla pesca. La procedura di trasformazione prevedeva 3 fasi, 2 automatizzate per la decapitazione e la filettatura della carcassa (fig. 12), ed una manuale di rifilatura del filetto grezzo, che portavano alla produzione di filetti di trota, pronti per la commercializzazione o per la successiva trasformazione (affumicatura ecc.). La decapitazione del pesce veniva effettuata dagli operatori di macchina per mezzo di una decapitatrice, mentre l'eviscerazione e la filettatura avvenivano attraverso una sfilettatrice entrambe prodotte dalla Pisces Inc. (Pisces Fish Machinery Inc., MI, USA).

Figura 12: Linea di lavorazione del filetto, macchina decapitatrice e sfiletatrice.



5.3.2. Biometrie pre-lavorazione

Prima della macellazione per ogni lotto conferito sono state rilevate le seguenti misure biometriche individuali su un campione di 100 pesci: peso totale (PT) con bilancia digitale Kern (scala di precisione al grammo), lunghezza totale (LT) con ittiometro, altezza massima (AM) e spessore massimo (SM) del tronco anteriormente alla pinna dorsale con calibro manuale. Per ogni pesce analizzato è stata inoltre scattata una fotografia del soggetto intero adagiato sul fianco destro (per approfondimento si rimanda ai paragrafi successivi).

5.3.3. Biometrie in lavorazione

Durante la lavorazione, sul medesimo pesce, identificato mediante un numero di serie progressivo, sono stati pesati gli scarti in uscita dalla macchina decapitatrice e da quella sfiletatrice, ovvero: il peso della testa (PC) ed il peso della lisca (PL), pesati con bilancia digitale Kingship (precisione di scala di 0,5 grammi).

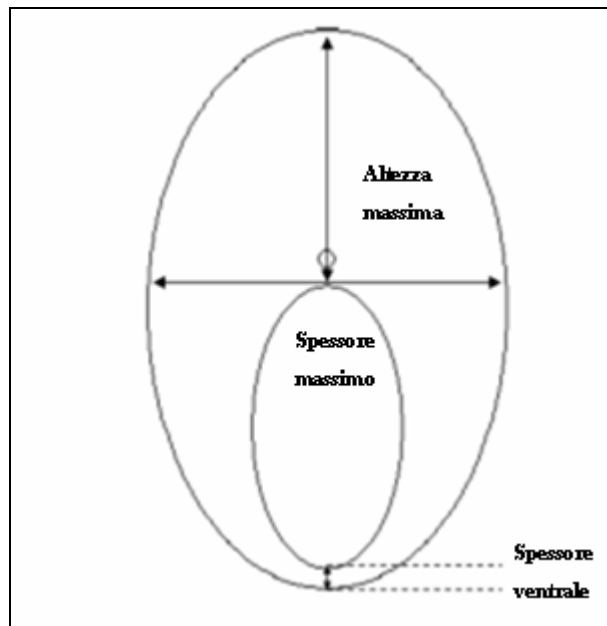
5.3.4. *Biometrie post-lavorazione*

I filetti di ciascun pesce preventivamente identificato, processati in automatico dalla macchina sfilettatrice sono stati pesati con una bilancia Sartorius con sensibilità di 0,1 grammi. Più precisamente sono stati pesati i filetti tal quali (PF) e dopo rifilatura manuale (PFr), distinguendo filetto destro e filetto sinistro. Inoltre, con un calibro per piano di riscontro, ne è stato misurato lo spessore massimo in corrispondenza della porzione centrale all'altezza dell'inserzione della pinna dorsale. Il filetto destro di ogni animale è stato fotografato prima dell'operazione di rifilatura manuale utilizzando una fotocamera digitale Olympus SP-550UZ (Olympus Corporation, Tokyo, Japan) montata su un cavalletto.

5.3.5. *Biometrie sul trancio e visceri*

Un ulteriore sub-lotto di 30 pesci, prelevato dallo stock di partenza, non è stato processato automaticamente ma destinato all'analisi biometrica del trancio. La procedura prevedeva l'acquisizione del peso totale (PT), del peso della carcassa eviscerata (PeV) con precisione di 0,1 grammi. Quindi, una volta eseguito un taglio netto del tronco anteriormente alla pinna dorsale, si eseguiva la misurazione dello spessore massimo del trancio (SMt), dell'altezza massima (AF) e dello spessore della parete ventrale (SV) utilizzando un calibro manuale dalla precisione di 1mm (fig. 13). Il pacchetto viscerale prelevato da ogni soggetto veniva conservato a 3°C per successive misure e rilievi eseguiti in laboratorio dove venivano rilevati i pesi dell'intero pacchetto viscerale, del grasso periviscerale, del fegato e delle gonadi. Le misure ponderali così rilevate, venivano poi rapportate al peso del pesce intero per calcolare i seguenti indici: indice viscerosomatico ($IV = \text{peso viscere}/PT$), indice epatosomatico ($IE = \text{peso fegato}/PT$), indice gonadosomatico ($IG = \text{peso gonadi}/PT$). L'esame esterno e la pesatura delle gonadi permetteva anche di stabilire il sesso dell'individuo, procedura altrimenti non sempre possibile prima del raggiungimento della maturità sessuale ed allo sviluppo dei caratteri sessuali secondari.

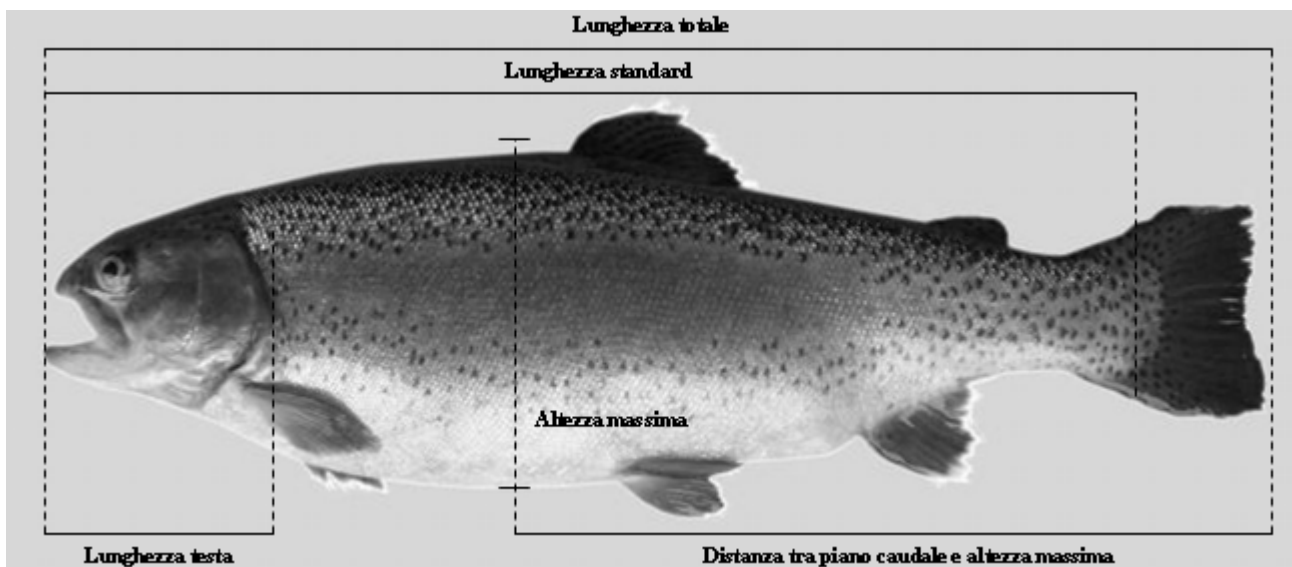
Figura 13: Principali misurazioni eseguite sul trancio.



5.3.6. Rilievi biometrici postumi, calcolo di indici e fattori biosomatici

Utilizzando l'immagine del pesce intero, scattata durante la macellazione dello stesso, è stato possibile misurare digitalmente la lunghezza standard (LS), la lunghezza della testa (LC), la distanza tra piano caudale e piano di altezza massima (CAM), e la lunghezza totale (LT), quest'ultima veniva successivamente raffrontata con quella presa in campo per valutare errori sistematici di campionamento (vedi fig. 14).

Figura 14: Misure biometriche rilevate digitalmente.



Quindi, dalle misure direttamente raccolte presso lo stabilimento di macellazione e da quelle ricavate mediante l'analisi delle immagini digitalizzate, sono stati ottenuti i seguenti indici morfometrici: fattore di condizione ($K = PT*100/LT$), profilo relativo ($PR = \text{altezza massima}/\text{lunghezza massima}$), indice craniale ($CI = LC/ LT$), indice di agilità ($AI = CAM/AM$). Per le misure non rilevabili all'atto della lavorazione e per le rese alla trasformazione, si è provveduto attraverso un calcolo postumo: peso della carcassa eviscerata ($PCeV = PT - PC - PL$), la resa % della carcassa ($(PCeV*100)/PT$), la resa % dei filetti ($(PF*100)/PT$), lo scarto di rifilatura ($SR=PF-PFr$), la % di scarto di rifilatura ($(1-(PFr/PF)*100)$).

5.4. Prove zootecniche

Partendo dai dati raccolti nella fase preliminare sono stati scelti e/o individuati 5 ceppi di trota iridea da confrontare in successivi test di *performance* zootecnica.

I parametri principali su cui è stata effettuata la scelta dei ceppi candidati per le prove erano:

- Origine genetica e/o geografica del ceppo;
- Rese alla macellazione secondo le prove preliminari;
- Status sanitario dell'azienda fornitrice del materiale (secondo normative vigenti);
- Periodo di fornitura del materiale.

Ceppi e allevamenti di provenienza sono elencati in tabella 2.

Le partite di uova sono state rinominate rispettivamente con delle lettere A,B,C,D ed E.

Tabella 2: Aziende di origini delle uova di trota utilizzate nei test.

Allevamento di origine:	ceppo
Troticoltura Valsugana (Grigno, Italia)	A
Glen Wyllin Trout Hatchery (Isle of Man, UK)	B
Frola Coop. (Sillano, Italia)	C
Pescicoltura Burrini (Vigo Rendena, Italia)	D
Troutlodge Inc. (Sumner, WA, USA)	E

Come già accennato in precedenza, le prove di *performance* hanno valutato tutte le fasi dello sviluppo biologico del pesce, partendo dall'uovo embrionato ed arrivando all'individuo adulto. Tuttavia, ai fini della presente tesi il confronto tra ceppi di trota si è articolato in due fasi principali: la prima si estendeva dal momento di schiusa delle uova fino all'accrescimento dei giovanili, la

seconda includeva le fasi di accrescimento delle trotelle, il pre-ingrasso e l'ingrasso fino alla taglia commerciale di macellazione.

Per motivi logistici la prima fase delle prove si è svolta in un solo impianto, mentre la seconda è stata eseguita in parallelo in tre diversi allevamenti. Qui di seguito sono spiegato nel dettaglio le procedure di svolgimento delle prove.

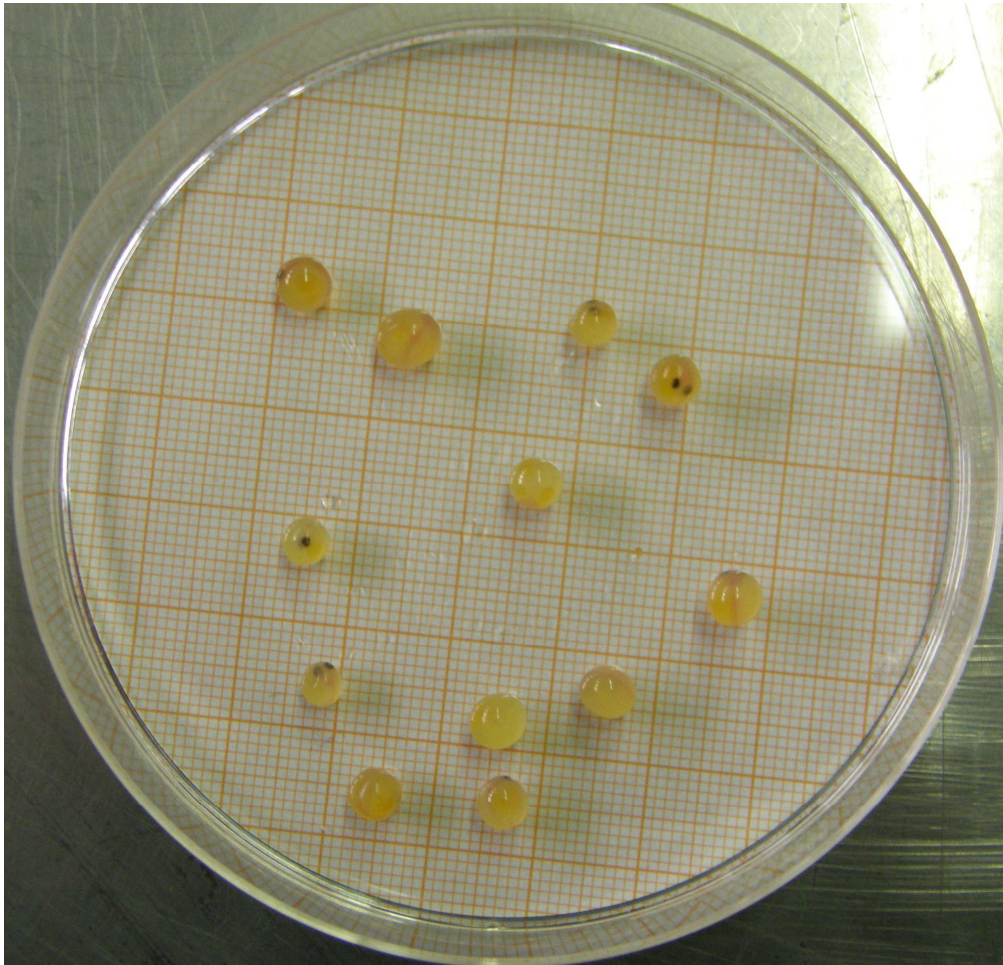
5.4.1. Acquisizione e schiusa delle uova

L'acquisizione delle uova destinate alla sperimentazione ha seguito una logica che ci permettesse di confrontare ceppi locali con altri ceppi nazionali e con ceppi esteri, in modo tale da avere una visuale ad ampio spettro sugli standard qualitativi offerti sul mercato odierno. La selezione di questi lotti è stata tuttavia assoggettata anche a dei vincoli: di tipo sanitario (direttiva 2006/88/CE), al fine di evitare l'immissione o la diffusione di patologie degli animali acquatici soggette a piani di controllo o eradicamento; e di tipo logistico, che ci imponevano un periodo di schiusa delle uova per quanto più possibile sincronizzato, onde evitare gap di accrescimento tra i vari lotti dovuti ad un elevata differenza in età.

Le uova sono state acquistate allo stadio embrionale e incubate presso il centro ittico F.E.M.:IASMA (S. Michele a./A.), dove ha avuto luogo la prima fase sperimentale. Ogni partita è stata pesata, è stato calcolato il peso medio del singolo uovo pesando ripetutamente 250 uova contate grazie ad una piastra di Brandstetter (Ghittino, 1983), ed infine è stato stimato il numero di uova iniziale. Per stimare il diametro medio delle uova sono state scattate delle fotografie con una fotocamera digitale Olympus SP-550UZ utilizzando come sfondo un foglio di carta millimetrata e come supporto una piastra Petri (fig. 15). Le uova sono state quindi misurate digitalmente utilizzando il programma TpsDig2 (<http://life.bio.sunysb.edu/morph/>), secondo la metodica descritta in un successivo paragrafo.

Và sottolineato che le uova sono state acquistate sul mercato, quindi il materiale testato è materiale reperibile da ogni pescicoltore. Dei 5 lotti testati 3 erano composti da individui maschi e femmine (A, C e D), mentre gli altri due da sole femmine.

Figura 15: Uova embrionate su sfondo millimetrato.



L'incubazione è avvenuta su telai di tipo "california" immersi in acqua corrente proveniente dai pozzi di approvvigionamento del nostro impianto, ad una temperatura costante di 13°C. I telai erano alloggiati all'interno di vasche in vetroresina rettangolari a "truogolo" dalla capacità di 350 litri. Al momento della completa schiusa le uova morte venivano rimosse assieme ai telai, pesate e contate in modo da quantificare il numero di larve schiuse e la percentuale di schiusa di ogni lotto.

5.4.2. Svezamento delle larve

Dopo il completo riassorbimento del vitello, lo svezamento delle larve è avvenuto presso l'avannotteria del centro F.E.M., utilizzando delle vasche in vetroresina rettangolari a "truogolo", partendo da una densità iniziale di circa 50000 larve ogni 450 litri d'acqua per i primi quaranta giorni, per arrivare poi a delle densità di circa 20000 ogni 400 litri. Durante la fase di svezamento l'alimento è stato somministrato *ad libitum*, in almeno 5 pasti giornalieri per 5 giorni alla settimana e per un periodo di 5 settimane. Per rispettare i ritmi biologici di sviluppo della larva, è stato utilizzato un "modello predittivo per il trasferimento in vasca" (Rombough, 1985) utilizzando la

seguente formula per effettuare il passaggio dei lotti sperimentali dall'avannotteria all'impianto di stabulazione:

$$ATU = T * e^{(5,88 - 0,152 * T + 0,000513 * W)}$$

dove ATU sono i giorni di svezzamento, T è la temperatura di incubazione delle uova e W è il peso medio dell'uovo.

5.4.3. Accrescimento dei giovanili

Dopo circa 50 giorni di svezzamento i lotti sono stati trasferiti in vasche in vetroresina quadrate dalla capacità di 3,50 m³. Nella fase di trasferimento è stato calcolato il numero degli individui ed il loro peso medio. La densità iniziale in vasca era di circa 3,5 Kg/m³. L'alimentazione, somministrata in 3-4 razioni giornaliere, 5 giorni in settimana, era pianificata secondo la tabella alimentare consigliata dalla ditta mangimistica. Con cadenza bimestrale veniva effettuato un monitoraggio biometrico sulle trotelle in accrescimento sino a circa 8/9 mesi di età (circa 250 giorni).

Per calcolare i tassi di incremento giornalieri in peso e lunghezza sono state utilizzate le seguenti formule:

$$\ln(PTf) = CR * \text{giorni} + \ln(PTi) \quad \text{e} \quad \ln(LTf) = CR * \text{giorni} + \ln(LTi)$$

dove CR era il coefficiente di crescita relativa, PTi rappresentava il peso iniziale e PTt quello finale individuale e LT le lunghezze individuali iniziali (LTi) e finali (LTf), mentre i giorni erano riferiti ai giorni di allevamento. La scelta di un'equazione di primo grado, rispetto ad una di secondo è stata dettata dal fatto che l'andamento lineare aveva una fitness maggiore con i nostri dati.

5.4.4. La selezione e composizione dei lotti per i test di performance zootecnica

Una selezione in base alla taglia è stata effettuata per ogni ceppo al termine del periodo di accrescimento presso il centro ittico sperimentale della fondazione E. Mach, ovvero all'età approssimativa di 250 giorni. Il selezionatore manuale di tipo meccanico (fig. 16), ci ha permesso di diminuire la variabilità ponderale entro e tra ceppi, allontanando i pesci considerati delle code di produzione. Questo passaggio è stato importante al fine di preparare dei lotti di trote il più possibile omogenei ponderalmente, da distribuire poi nelle aziende per i successivi test zootecnici.

Figura 16: Immagine di un selezionatore manuale.



5.4.5. Test di performance zootecnica. Gli impianti coinvolti

I test di performance zootecnica prevedevano di valutare l'accrescimento dei 5 ceppi di trota in condizioni ambientali ed allevative diversificate. Gli allevamenti coinvolti nelle prove sono stati tre:

- Centro Ittico Sperimentale F.E.M.-IASMA (S. Michele a./A.);
- Trotiltura Foglio Angelo (Storo);
- Trotiltura Tamanini Livio (Vigolo Vattaro).

Questi impianti sono stati selezionati tra una vasta rosa di candidati come rappresentanti dei principali bacini produttivi della provincia, ovvero in ordine il bacino dell'Adige, del Chiese e del Brenta. Oltre ad afferire a bacini imbriferi diversi queste trotilture sono caratterizzate dalle peculiarità tipiche degli allevamenti di montagna della zona, ed in particolare variavano per:

- Tipologia di acqua: pozzo, sorgente o torrente;
- Vasche utilizzate: vetroresina o cemento;
- Temperature dell'acqua: costanti, fluttuazioni limitate, o elevati sbalzi stagionali;

In allegato (C, D, E) sono riportate le caratteristiche principali di ogni impianto.

Ogni impianto ha messo a disposizione cinque vasche uguali tra loro per tipologia e volumetrie, disposte in “parallelo”, ovvero con ingresso e scarico dell’acqua indipendenti (fig. 17). Il numero di individui del lotto di partenza, assegnato ad ogni allevamento era proporzionale al volume d’acqua della vasca di allevamento, per una densità di allevamento iniziale di 2 kg/m³, per arrivare poi ad una densità finale stimata attorno ai 50 kg/m³.

Figura 17: Vasche utilizzate per la sperimentazione.



1. F.E.M.-IASMA



2. Foglio



3. Tamanini

L’assegnazione dei lotti sperimentali ad ogni impianto è avvenuta in maniera del tutto casuale, utilizzando il programma Random Number Generator Pro v1.36 (Segobit Software, Issaquah, WA, USA). Nella tabella 3 sono riportati gli abbinamenti lotto-vasca dei singoli allevamenti.

Tabella 3: Attribuzione delle vasche di allevamento al relativo ceppo.

ceppo	Posizione vasca in allevamento		
	F.E.M.-IASMA	FOGLIO	TAMANINI
A	3	1	3
B	5	2	1
C	2	3	4
D	1	4	5
E	4	5	2

La distribuzione casuale entro ogni piscicoltura ha permesso:

- eliminare un possibile effetto vasca;
- eliminare qualsiasi preconcepito sui lotti sperimentali;
- celare agli allevatori l’identità dei lotti.

Durante l'intera sperimentazione sono stati applicati dei protocolli di allevamento, alimentazione e manipolazione del pesce in osservanza alle linee guida de: “Codice di condotta per la pesca responsabile” della FAO, “Codice di condotta per l'acquacoltura europea” della Federazione europea dei produttori in acquacoltura) e “Codice di buona pratica di allevamento in acquacoltura” dell’ Associazione dei piscicoltori italiani, atti a mantenere dei livelli di benessere elevati ed evitare qualsiasi inutile forma di stress o sofferenza negli animali.

5.4.6. Monitoraggio dei parametri ambientali

Le analisi ambientali prevedevano analisi preliminari delle caratteristiche chimico-fisiche dell’acqua prima dell’inizio della sperimentazione e analisi di routine ogni 45 giorni.

Le analisi preliminari prevedevano la determinazione dei parametri quali pH, conducibilità, azoto ammoniacale, nitroso, nitrico, ammoniaca totale, BOD₅, COD, fosforo totale, solidi sospesi e solidi sedimentabili, e sono servite per valutare che non ci fossero condizioni incompatibili con lo svolgimento della sperimentazione.

Durante i campionamenti ruotinari venivano invece rilevati i parametri di ossigeno disciolto e temperatura, utilizzando un ossimetro Oxi 340i/SET (WTW GmbH, Weilheim, Germany) e le concentrazioni di ammoniaca (NH₄⁺) e nitriti (NO₂⁻) utilizzando i kit Aquaquant[®] Ammonium-Test e Nitrit-Test (Merck KGaA, Darmstadt, Germany) rispettivamente. Inoltre la temperatura dell’acqua era monitorata in continuo utilizzando dei data-logger Hobo U22 Water temp pro V2 (Onset Computer Corporation, Bourne, MA, USA), che effettuavano 4 letture giornaliere intervallate ogni 6 ore (6:00; 12:00; 18:00; 24:00) per tutto il periodo della sperimentazione.

5.4.7. Metodologia di campionamento

Il campionamento degli stadi giovanili (larve e post-larve), in quanto molto sensibili alle manipolazioni, prevedeva il prelievo, la conta e la pesatura (bilancia con scala di precisione di 0,1 grammi) di circa 100 esemplari e la stima del peso medio unitario (P.M.U.). Una volta ottenuto il peso medio della larva attraverso il peso della biomassa in vasca si stimava il numero di individui. Il campionamento dei pesci nelle fasi di svezzamento e durante i rilievi biometrici dei test veniva effettuato mediante la pesca di circa 100 individui per lotto, che una volta anestetizzati a bagno utilizzando del 2-fenossietanolo alla concentrazione 80 mg/l, venivano pesati con bilancia e misurati singolarmente con ittiometro (Smart et al., 1998; Ruohonen, 1998).

5.4.8. Mangimi e piani di razionamento

Le caratteristiche granulometriche e la composizione centesimale della linea di mangimi utilizzati nella prima fase dei test di performance (Veronesi s.p.a., Quinto di Valpantena, Italia), sono riportate nella tabella 4.

Tabella 4: Caratteristiche e tipologia di alimento utilizzato nelle prime fasi della sperimentazione.

CARATTERISTICHE CHIMICO-NUTRIZIONALI (s.t.q.)	NOME COMMERCIALE					
	VITA 0,2	VITA 0,5	VITA 0,8	VITA 1	VITA 2	VITA 3
Umidità %	9	9	9	9	9	9
Proteina greggia %	62	60	57	55	50	45
Grassi greggi %	10	10	15	18	21	20
Fibra grezza %	1	1	1	1	1,2	1,8
Ceneri gregge %	11	11	10	10	8,5	8
Fosforo totale %	1,7	1,65	1,5	1,45	1,4	1,05
Vitamina C mg/kg	560	560	560	500	380	200
Vitamina E mg/kg	440	440	380	380	300	250
Vitamina A UI	18000	18000	18000	18000	18000	15000
Vitamina D3 UI	3000	3000	3000	3000	3000	2500

I piani di razionamento seguiti durante lo svezzamento e l'accrescimento erano i seguenti (tab. 5):

Tabella 5: Piano di razionamento nella prima fase sperimentale.

	temperatura °C	4	5	7	8,5	9,5	11	13	15	16
taglia	tipologia mangime	Razionamento (% / biomassa)								
fino a 0,2 g	VITA 0,2	0,5	0,7	0,8	0,9	1	1	1	1,2	1,1
fino a 0,6 g	VITA 0,5	1,2	1,4	2,1	2,2	2,7	2,7	2,9	2,6	2,6
fino a 1,2 g	VITA 0,8	1	1,2	1,8	2	2,5	2,4	2,6	2,3	2,3
fino a 6 g	VITA 1	0,7	0,9	1,5	1,6	1,8	2	2,2	1,9	1,9
fino a 20 g	VITA 2	0,5	0,7	1,2	1,3	1,6	1,8	2	1,7	1,7
fino a 100 g	VITA 3	0,3	0,5	1	1,2	1,5	1,6	1,8	1,5	1,5

La tabella 6 riporta le caratteristiche salienti dei mangimi commerciali prodotti su formulazione specifica, dettata dal disciplinare AST.RO, e adottati nelle fasi di ingrasso e finissaggio presso tutti gli allevamenti coinvolti.

Tabella 6: Caratteristiche e tipologia di alimento utilizzato durante la seconda fase della sperimentazione.

CARATTERISTICHE CHIMICO-NUTRIZIONALI (s.t.q.)		NOME COMMERCIALE		
		ASTRO 4	ASTRO 6	ASTRO S 50
Umidità	%	9	9	9
Proteina greggia	%	42	42	42
Grassi greggi	%	24	24	24
Fibra grezza	%	1,8	1,8	1,8
Ceneri gregge	%	6,5	6	6
Fosforo totale	%	0,85	0,8	0,8
Vitamina C	mg/kg	120	120	120
Vitamina E	mg/kg	200	200	200
Vitamina A	UI	15000	15000	15000
Vitamina D3	UI	2500	2500	2500
Astaxantina	mg/kg	-	-	50

I piani alimentari nelle fasi di ingrasso e finissaggio sono stati decisi a priori con gli allevatori coinvolti nella sperimentazione e con gli esperti della ditta mangimistica e sono riportati in tabella 7.

Tabella 7: Piano di razionamento dei test di performance zootecnica.

	temperatura °C	2 ≤	3	6	8	10	12	14	16	18	≥ 20
taglia	tipologia mangime	Razionamento (% / biomassa)									
fino a 100 g	VITA 3	0	0,45	0,9	1,1	1,3	1,5	1,8	2	1,5	1,125
fino a 200 g	ASTRO 4	0	0,35	0,7	1	1	1,2	1,4	1,3	1	0,75
fino a 350 g	ASTRO 6	0	0,3	0,6	0,7	0,9	1	1	0,8	0,6	0,45
oltre a 350 g	ASTRO 6 S50	0	0,3	0,6	0,7	0,9	1	1	0,8	0,6	0,45

Le razioni giornaliere distribuite nei differenti impianti provenivano sempre da un unico lotto di produzione, in modo tale da evitare differenze qualitative, seppur minime, tra i lotti sperimentali, dovute alla miscelazione degli ingredienti, oppure alla qualità delle materie prime utilizzate durante la preparazione del mangime stesso, presso la ditta mangimistica. Il numero di serie di ogni singolo lotto di produzione veniva registrato ed archiviato per eventuali analisi postume sul mangime in questione.

5.4.9. Macellazione dei campioni

I lotti giunti a taglia commerciale e quindi destinati alla valutazione delle rese produttive, sono stati pescati dalla vasca di allevamento, ne è stata valutata la biomassa totale (necessaria per calcolare

l'indice di conversione alimentare, I.C.A.) e sono stati avviati all'impianto di trasformazione utilizzando un mezzo di trasporto refrigerato. Giunti a destinazione i campioni sono stati stoccati in una cella frigo a 4°C sino al momento della lavorazione. Il tempo di permanenza del pesce nella cella frigo non ha mai superato le 3 ore, mentre i rilievi non sono mai stati eseguiti oltre le 4 ore dalla pesca.

Per tutte le operazioni di lavorazione della carcassa e misurazioni biometriche fare riferimento al paragrafo 5.3.1 e successivi.

5.5. Morfometria geometrica

5.5.1. Acquisizione delle immagini

Durante le fasi di macellazione e sezionatura, ogni individuo analizzato è stato fotografato mediante macchina fotografica reflex Nikon D3000 con obiettivo AF-S Nikkor 18-55mm. Per evitare qualsiasi artefatto dovuto all'ottica della fotocamera o infedeli riproduzioni della forma del corpo, dovuti a prospettiva, inquadratura, e deformazioni da ingrandimento d'immagine (zoom), è stato utilizzato un cavalletto di supporto in modo tale da garantire sempre la distanza tra obiettivo e soggetto e la posizione dell'obiettivo rispetto al soggetto. Ogni pesce è stato fotografato adagiato sul fianco destro sopra un ittiometro convesso, in modo da consentire la ricostruzione delle dimensioni reali del campione e poter di correggere un eventuale rollio dorso-ventrale del pesce, fenomeno che avrebbe potuto esporre maggiormente alla fotocamera la zona ventrale o dorsale del soggetto, creando così delle aberrazioni nella sagoma. Sullo sfondo è stato inoltre posizionato un reticolo centimetrato per permettere di verificare e limitare le distorsioni nelle zone più lontane dal centro dell'immagine, poi determinate in modo analitico (Miyake et al., 1984).

5.5.2. Digitalizzazione dei Landmark

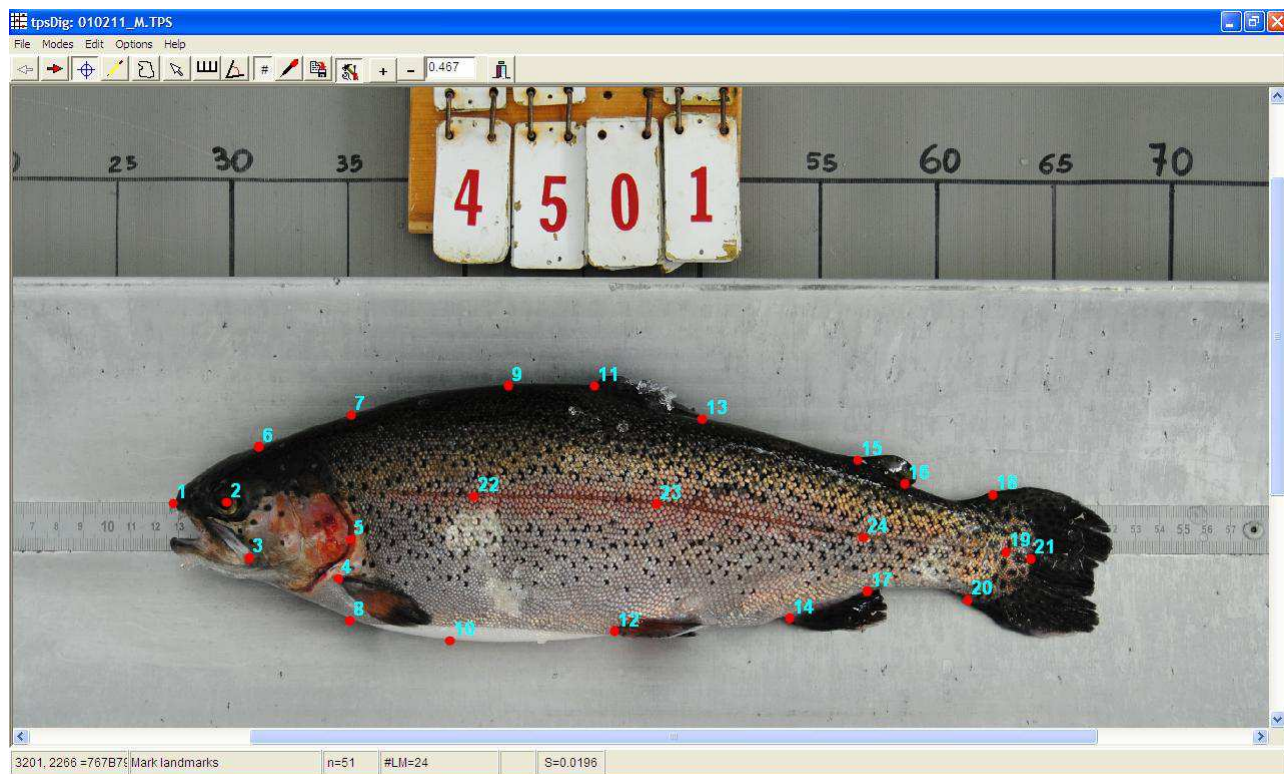
I programmi della pacchetto freeware Tps (<http://life.bio.sunysb.edu/morph/>) sono stati utilizzati per la creazione dei file dati e la manipolazione delle immagini. Per prima cosa è stato creato un file di input delle immagini da analizzare che conteneva tutti i nomi e i numeri di serie, univoci e corrispondenti anche al dato genetico e biometrico. Per fare ciò si è utilizzato il programma TpsUtil, che crea un file con estensione .TPS che contiene il nome o numero di serie di ogni individuo, il numero di *landmark* digitalizzati (zero, inizialmente) e la scala di riferimento di ogni figura. In seguito per posizionare i *landmark* è stato utilizzato il programma TpsDig2. I *landmark* sono punti anatomicamente discreti e biologicamente omologhi, individuabili su ogni campione analizzato, che

possono essere usati per descrivere la forma di un organismo o più in specifico dei suoi organi. In analisi bidimensionali, come quelle che vengono realizzate su delle immagini digitali, ogni *landmark* è caratterizzato da una coppia di coordinate cartesiane, che sono relative a un origine arbitraria, ma costante entro ogni soggetto. Raccogliendo le coordinate di tutti i *landmark* posizionato su di un soggetto otteniamo una stringa di valori che caratterizzano il nostro campione, e più stringhe andranno a comporre la matrice di coordinate cartesiane di tutti gli individui studiati. Questa matrice corrisponde al dato grezzo di partenza che con le opportune elaborazioni consente l'analisi della variazione morfologica.

Utilizzando il programma TpsDig2 è stata stabilita la scala di riferimento per ciascuna immagine, in modo da convertire le coordinate in unità di misura metriche di comune uso (cm, per esempio). Questa procedura ci ha permesso di effettuare delle misurazioni postume sui pesci macellati: la lunghezza totale del pesce (LT) e l'altezza massima (AM) sono state misurate per avere un raffronto sul margine di errore tra la misurazione "manuale" e quella "digitale", in seguito sono state misurate la lunghezza standard (LS), lunghezza della testa (LC), e la distanza tra piano caudale e piano altezza massima (CAM).

La stessa metodica è stata utilizzata per la misurazione del diametro delle uova embrionate. Successivamente i *landmark* sono stati digitalizzati sulle immagini. Per mantenere la corrispondenza anatomica tra i vari soggetti analizzati, il posizionamento dei punti è stato fatto mantenendo sempre lo stesso ordine. La configurazione di 24 *landmark* usati per l'analisi è illustrata in figura 18.

Figura 18: Posizione dei *landmark* posizionati sulla sagoma del pesce.



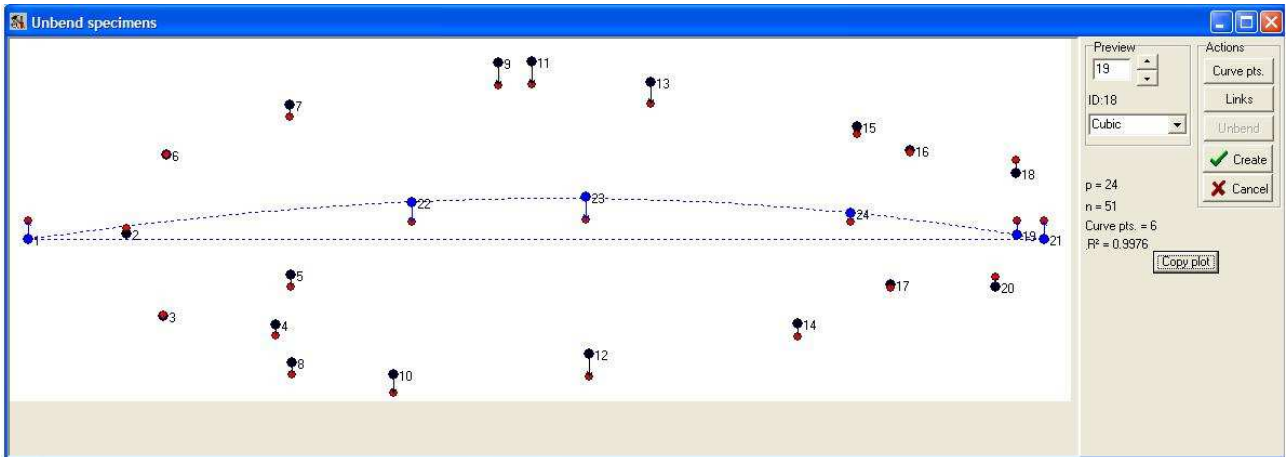
Per stimare l'errore di digitalizzazione commesso nell'operazione manuale, il posizionamento dei *landmark* è stato ripetuto quattro volte, in giorni diversi (a distanza di una settimana uno dall'altro) in un set di 45 individui rappresentativi del campione complessivo da noi analizzato.

5.5.3. Processo di unbending

Spesso con il sopraggiungere della rigidità cadaverica si assiste ad un incurvamento antero-posteriore del pesce. Il fenomeno, benché naturale, può tuttavia inficiare l'analisi della sagoma dei campioni. Per questo motivo all'interno del programma TpsUtil è presente un'applicazione creata per ovviare a questo problema. Questo strumento chiamato "*unbending process*" permette di correggere l'incurvatura corporea sfruttando alcuni *landmark* posizionati sulla sagoma del soggetto e supporti allineati nella postura naturale del pesce. A questo punto il programma valuta la fitness dei nostri punti di curvatura rispetto ad una funzione matematica di secondo grado o superiore. Successivamente il programma raddrizza i *landmark* di riferimento su di una linea retta orizzontale attraverso una traslazione sul solo asse verticale. Questo procedimento si rifà al *Burnaby's method* (Burnaby, 1966). A seguito dell'allineamento dei punti di riferimento vengono traslati anche i *landmark* limitrofi, questi ultimi tuttavia subiscono una traslazione in tutti e due gli assi dello spazio cartesiano. Lo spostamento è dettato da un vettore che tiene conto del riposizionamento e della distanza da tutti i *landmark* di riferimento (Valentin et al., 2008). Il programma infine restituisce la

nuova matrice di punti ed un valore R di fitness del modello. Nel nostro caso specifico sono stati utilizzati 6 *landmark* considerati biologicamente allineati (vedi figura 19). Una volta concluso il processo di *unbending* alcuni *landmark* sono stati esclusi dalla successiva analisi statistica perché superflui o ridondanti.

Figura 19: Il programma TpsUtil durante il processo di *unbending*.



5.6. Analisi genetiche

5.6.1. Estrazione e quantificazione del DNA

I campioni biologici sono stati conservati in etanolo al 70% sino al loro utilizzo. Il DNA totale è stato estratto in laboratorio da campioni di tessuto della pinna caudale mediante il kit di estrazione DNeasy[®] Blood & Tissue (Qiagen, Hilden, Germany) seguendo le indicazioni suggerite dal fornitore. Gli estratti sono stati poi conservati a -20°C sino alle successive fasi dell'analisi. Per poter visualizzare la qualità dell'operazione, 10 μl di ciascun campione di estratto sono stati caricati su gel di agarosio all'1,5%, colorandolo con bromuro d'etidio all'0,01%. Il gel, una volta caricato nella cella elettroforetica, è immerso in un campo elettrico creato da due elettrodi di segno opposto e le molecole provviste di carica netta negativa, come il DNA, si muovono attraverso questo campo verso il polo positivo. La migrazione è però contrastata da una forza che deriva dall'attrito tra la molecola che si muove e il mezzo circostante. Nel nostro caso il mezzo è il gel di agarosio che serve da setaccio molecolare e permette la separazione tra frammenti di DNA di piccole dimensioni, che si muovono rapidamente, e frammenti di dimensioni più grosse, che si muovono più lentamente. Una volta separati i frammenti, il gel può essere irradiato mediante un transilluminatore che è in grado di evidenziare il bromuro di etidio che, intercalandosi tra le basi del DNA, emette un'intensa fluorescenza arancione. In parallelo con l'estrazione dei campioni, è stata condotta anche quella utilizzando un NO-DNA, ovvero un campione di controllo in cui vengono aggiunti tutti i reagenti previsti dalla metodica di estrazione, tranne il campione di tessuto. Tale procedura serviva per escludere eventuali contaminazioni nel procedimento.

5.6.2. Amplificazione e separazione delle regioni microsatellite

Sono stati utilizzati per l'analisi otto marcatori microsatellite (2 dinucleotidici, 2 trinucleotidici e 4 tetranucleotidici) elencati nella tabella 7.

Tabella 8: Regioni microsatellite analizzate.

Marcatore	n° rif. GenBank	sequenza ripetuta		primer 5'- 3'	fluorocromo	temperatura annealing °C
OMM5047	CA349175	(GT)12	F:	ACTTTCAGCAGCATCTGGTCA	FAM	58
			R:	CCTGGTCCTCAGCGTTCAT		
OMM5233	BV211954	(GA)17	F:	GGATCTCGCATAAGTTCA	HEX	58
			R:	GACAGGGAATTGTTGCAT		
OMM1008	AF346670	(GAT)11	F:	GATCCTTTGGGAGATTAACAG	NED	58
			R:	CACCACAGTTGCTACTGCC		
OMM5177	BV211903	(TGA)9	F:	GCTGTCTGCGCTAGAATC	FAM	58
			R:	CAGAGCCCTATGCCAAAC		
OMM1051	AF346695	(TAGA)15	F:	CCTACAGTAGGGATTAACAGC	FAM	58
			R:	CATGCCACACATTACTAC		
OMM1097	AF352763	(GATA)26	F:	CTAGCCATCCGAACACTG	HEX	58
			R:	AGAATAGGGTGCCTGTATCTC		
OMM1088	AF352757	(GATA)12	F:	CTACAGCCAACACTACAATC	NED	58
			R:	CTATAAAGGGAATAGGCACCT		
OMM1325	G73562	(GATG)9	F:	TCTCTGCCAATGTGACATGCCT	NED	58
			R:	TAACATCACTGCCACTCCTCGTG		

La reazione di PCR è stata effettuata con un thermal-cycler Geneamp PCR System 9700 (Applied Biosystems, Carlsbad, CA, USA) rappresentato in figura 20, in un volume totale di 25 µl, contenente: 4 µl di estratto (diluito 1/30), 10 µl di Multiplex PCR Master Mix (Qiagen, Hilden, Germany) e 0,2 mM di ciascun primer.

Figura 20: Thermal-cycler Geneamp PCR System 9700.

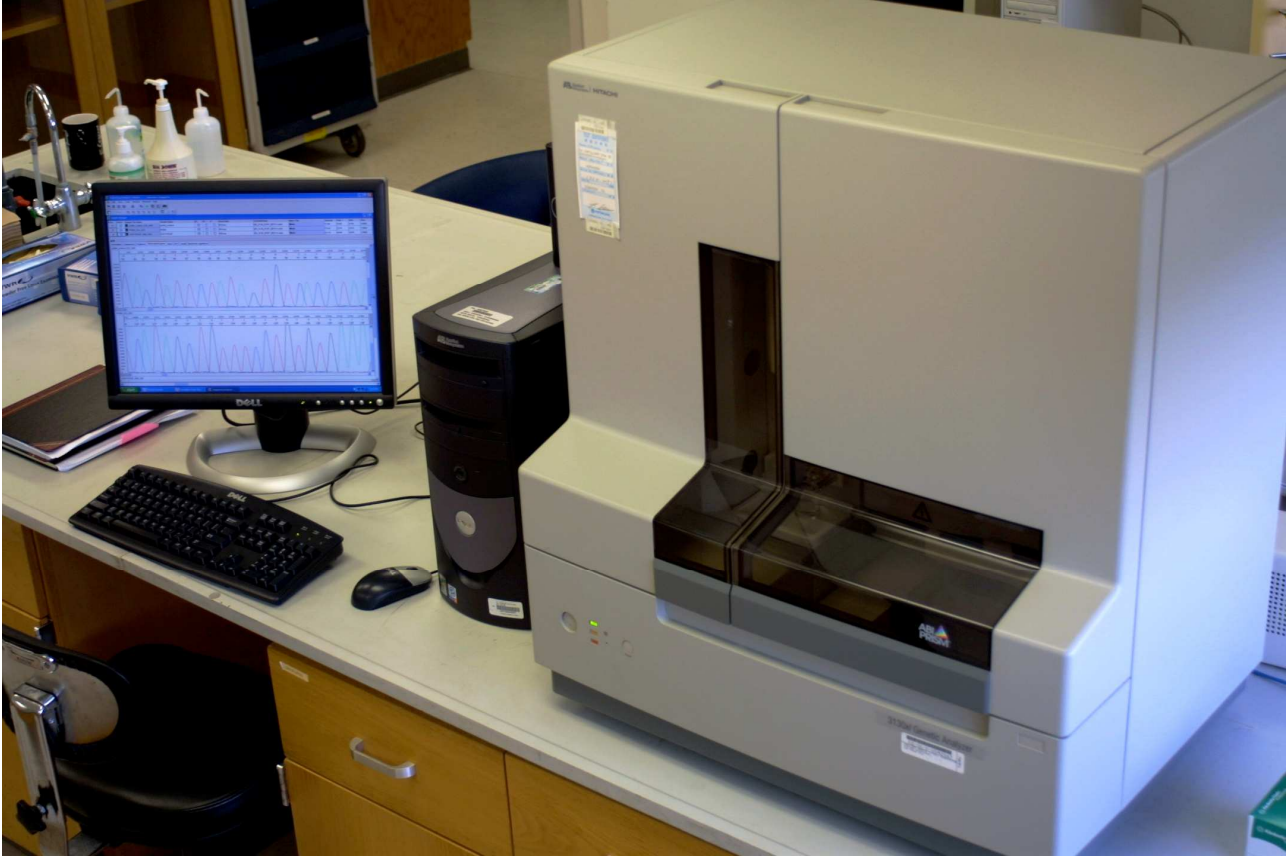


Il profilo termico utilizzato e consigliato dal manuale del multiplex PCR Kit era il seguente: 95 °C per 15 minuti (attivazione), 29 cicli a 94 °C per 30 secondi (denaturazione), 58 °C per 90 secondi (appaiamento), 72 °C per 1 minuto (estensione), e infine 60 °C per 30 minuti (estensione finale).

Gli amplificati ottenuti sono stati separati mediante corsa elettroforetica capillare sul sequenziatore automatico ABI PRISM 3130xl DNA Sequencer (Applied Biosystems, Carlsbad, CA, USA) , utilizzando il “Genescan 500 ROX Size Standard” (Applied Biosystems, Carlsbad, CA, USA) come standard di riferimento per la definizione delle taglie all’eliche (fig. 21). I dati ottenuti sono stati letti utilizzando i software Genescan e Genotyper (Applied Biosystems, Carlsbad, CA, USA) e

corretti manualmente. Infine, gli individui poliploidi o con dati mancanti sono stati esclusi dall'analisi.

Figura 21: ABI PRISM 3130xl DNA Sequencer



5.7. Analisi statistiche dei dati

5.7.1. Analisi dei dati zootecnici

L'analisi dei dati zootecnici è stata eseguita con l'ausilio dei programmi STATISTICA version 9.1 (2010, StatSoft Inc., Tulsa, OK, USA) e SAS release 9.1 (2007, SAS Institute Inc., Cary, NC, USA), tramite i più comuni test parametrici: analisi della varianza (ANOVA), della covarianza (ANCOVA), la correlazione tra variabili o tra i loro residui (indice di correlazione di Pearson) e test "post hoc". Le curve di accrescimento sono state costruite tabellando i dati grezzi dei test in excel, e creando successivamente i grafici. Nelle analisi il programma STATISTICA è stato utilizzato nelle indagini esplorative sui dati grezzi, mentre le analisi principali sono state tutte eseguite in SAS. Sono stati utilizzati solamente test parametrici poiché la grande quantità di dati raccolti tende ad una distribuzione normale.

5.7.2. Analisi dei dati morfometrici

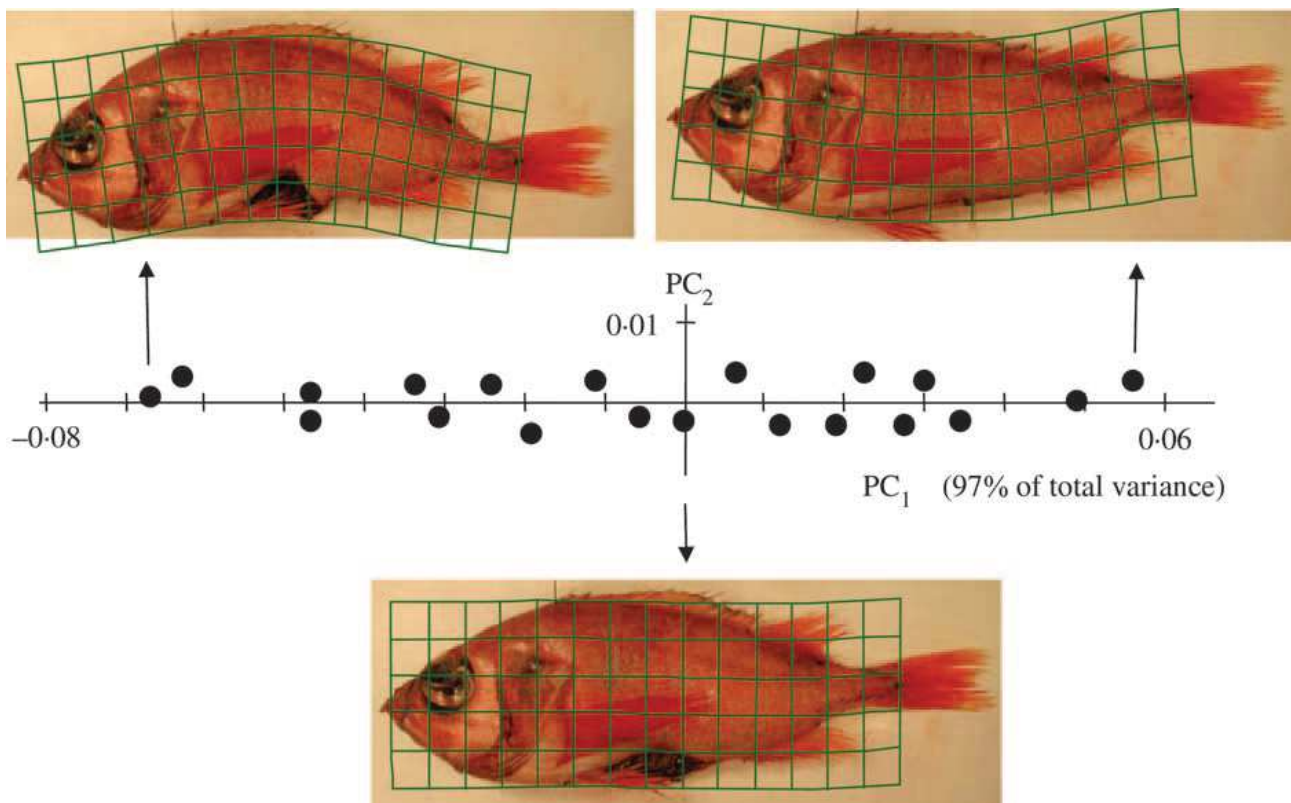
Nel panorama delle analisi morfometriche esistono numerosi programmi freeware e open source, ed ognuno di essi possiede peculiari particolarità e applicazioni in quanto, sovente, è stato sviluppato per un utilizzo mirato in uno specifico campo disciplinare. Nel nostro studio abbiamo utilizzato diversi programmi, servendoci di volta in volta del programma più adatto alle nostre esigenze.

Il pacchetto Tps (<http://life.bio.sunysb.edu/morph/>) ci ha permesso, grazie ai numerosi programmi ed applicazioni, di eseguire diverse operazioni.

Innanzitutto abbiamo utilizzato TpsRelw, un programma che ha lo scopo di facilitare l'analisi statistica in morfometria. Con questo programma è stata eseguita una *generalized orthogonal least-squares Procrustes analysis* (GPA). Questa procedura trasla e ruota tutte le configurazioni di *landmark* in modo tale da allinearle tutte ad una presa come riferimento utilizzando il metodo dei minimi quadrati, poi le ridimensiona isomorficamente utilizzando la *centroid size* (la radice quadrata della somma delle distanze al quadrato di ogni *landmark* dal centroide del proprio campione), in modo tale da ottenere la migliore sovrapposizione di tutti i soggetti analizzati. I residui di questo procedimento possono essere visualizzati graficamente come discostamento di ogni *landmark* da una *shape* modello (solitamente la configurazione media) oppure modellati su di una griglia di deformazione (*thin-plate spline*) secondo il concetto teorizzato da D. W. Thompson (1917). Questi residui tuttavia non possono essere analizzati con le tradizionali tecniche multivariate, perché le configurazioni di *landmark* si trovano in uno spazio multidimensionale conosciuto come *Kendall's shape space* (Kendall, 1984), che è uno spazio non-euclideo. Per questo

motivo l'algoritmo dei Tps utilizza la configurazione consenso (media) per calcolare dei *principal warps*, ovvero i componenti principali della *shape*, che rappresentano la nuova unità funzionale di base. Quindi i residui di ogni configurazione della GLS vengono proiettati sui *principal warps*, ed i parametri rilevati per ogni individuo (configurazione di *landmark*) rappresentano il nuovo set di variabili. Questo espediente matematico che può sembrare molto complesso ha una funzione chiave in tutta la procedura, perché questo nuovo set di variabili si trova in uno spazio euclideo, a cui possono essere applicate le tecniche di analisi multivariata tradizionale (Loy et al., 1999). La matrice di output si chiama *weight matrix*, ed è composta dal nuovo set di variabili disposte in modo tale che ogni riga rappresenti un individuo ed ogni colonna una delle variabili (*partial warp*). Le funzioni grafiche del programma sono sicuramente il passaggio più accattivante dell'intera analisi, quindi vengono calcolati dei *relative warps* per semplificare le variazioni di forma tra gli individui campione nel minor numero di dimensioni possibile. Questo avviene eseguendo l'analisi delle componenti principali (PCA) sulla matrice di covarianza dei valori di *partial warp* e rappresentando poi la deformazione della sagoma in rapporto a quella di riferimento in base all'ordine di PCA (Rohlf et al., 1996) come mostrato in figura 22.

Figura 22: Immagine esemplificativa del metodo di visualizzazione grafica delle deformazioni con il programma Relw (tratta da Valentin et al., 2008).



Il programma TpsRegr, oltre ad eseguire le numerose funzioni del precedente, viene principalmente utilizzato per valutare le relazioni tra la *shape* ed una o più variabili indipendenti attraverso test multivariati generali e più precisamente utilizza analisi multivariate a regressione multipla. Oltre al comune Wilks' Lambda test per la significatività, si può applicare una generalizzazione del Goodall's F-test e dei test di permutazione. Applicando i test multivariati per un modello lineare generale (GLM) si possono predire le variazioni di forma in funzione della o delle variabili indipendenti. Infine il programma può anche effettuare delle analisi multivariate della varianza (MANOVA) o della covarianza (MANCOVA).

NTSYSpc (Exeter Software, Setauket, NY, USA) è un sistema di programmi che viene usato per individuare ed evidenziare strutture in dati multivariati. Il programma originariamente era stato creato per un uso in biologia e più precisamente nel contesto del campo della tassonomia numerica (**N**umerical **T**axonomy **S**Ystem), ma è stato ampiamente utilizzato in morfometria, ecologia e altre discipline naturali, come pure in ingegneria e scienze umanistiche. Spesso il campo di applicazione di questo programma viene definito come "tassonomia matematica" oppure "classificazione automatica", che rappresenta un sottogruppo dell'analisi multivariata. La perfetta compatibilità di questo programma con i file di output del pacchetto Tps (creati dallo stesso autore, Rohlf F.J.) e nel nostro caso con la *weight matrix* citata in precedenza, permette un'agevole analisi statistica del dato morfometrico. Le funzioni più utili nel nostro caso sono rappresentate dal POOLVCV, che calcola una matrice comune della varianza-covarianza fra gruppi (lotti/ceppi di pesci) di due o più matrici ed esegue un test per l'omogeneità, poi il programma CVA esegue un'analisi delle variabili canoniche (ovvero una generalizzazione della DFA, l'analisi della funzione discriminante), che può a suo modo essere considerata un'analisi multivariata della varianza (MANOVA) ad un solo criterio di classificazione. L'utilità di questo tipo di analisi è quella di semplificare la descrizione delle differenze tra gruppi (siano essi naturali o precostituiti). Altra funzione di rilevante utilità è la PCA (analisi delle componenti principali) anch'essa una procedura esplorativa di dati multivariati. Non essendo le variabili geometriche della *shape* né biologicamente né statisticamente indipendenti, ci si attende che siano correlate perché descrivono delle caratteristiche degli organismi studiati che a loro volta sono funzionalmente, evolutivamente e geneticamente legate tra loro, quindi questi modelli di variazione e covariazione sono spesso complessi e difficili da interpretare. Per questo motivo il fine dell'utilizzo di una PCA è quello di semplificare questi modelli ed agevolarne l'interpretazione sostituendo le variabili originali con altre (le componenti principali, PCs) che sono indipendenti e frutto di combinazioni lineari di quelle originali. Sotto questo aspetto CVA e PCA sono molto simili, ma per semplificare si può dire che mentre una PCA viene utilizzata per descrivere differenze tra individui la CVA svolge la stessa

funzione tra le medie di ogni gruppo (Zelditch et al., 2004). Molto utile è risultata anche la funzione che permetteva di visualizzare graficamente le matrici (MXPLOT) e quella per comparare 2 matrici simmetriche calcolando la loro matrice di correlazione ed eseguendo il Mantel test per la bontà dell'adattamento, per poi ed elaborare un grafico (MXCOMP).

Il programma MORPHOJ (http://www.flywings.org.uk/MorphoJ_page.htm; Klingenberg C.P. and McIntyre C.S., 1998) permette di effettuare diverse elaborazioni matematiche e grafiche di morfometria, in parte già citate per il pacchetto Tps e per NTSYSp. La caratteristica principale di questo programma è la semplicità di utilizzo, anche se la semplificazione delle procedure a volte porta ad una limitazione nelle capacità analitiche. Un semplice tool da utilizzare, permette di individuare eventuali *outliers* creati per un errore di digitalizzazione del *landmark* (*find outliers*). Inoltre MorphoJ ci ha permesso di effettuare una prima analisi per valutare l'errore commesso dall'operatore nel digitalizzare i *landmark* rispetto alla variazione biologica, in un sottocampione composto da 45 individui, composto per la precisione da 3 individui per ognuno dei 5 ceppi, di tutti e 3 gli allevamenti. I *landmark* sono stati posizionati su ogni pesce, e la procedura è stata ripetuta per 4 volte, a distanza di una settimana una dall'altra. Quindi si è proceduto con una Procrustes ANOVA, un tipo di analisi gerarchica della varianza che verifica la significatività delle variabili in studio rispetto all'errore di misura (digitalizzazione dei *landmark*, in questo caso).

5.7.3. Analisi dei dati genetici

Innanzitutto sono state calcolate le frequenze alleliche per popolazione, utilizzando il programma Microsatellite Toolkit (Park, 2001).

5.7.3.1. Cluster analysis

Per la cluster analysis è stato utilizzato il programma STRUCTURE (v 2.2) (Pritchard et al., 2000). Il programma, partendo dai dati microsatellite, attraverso un approccio bayesiano basato su simulazioni di tipo Markov chain Monte Carlo (MCMC) è in grado di ripartire gli individui di un campione in gruppi, offrendo inoltre la possibilità di stimare il numero di gruppi più probabile e la probabilità di ogni singolo individuo di appartenere a ciascuno di questi.

Il numero di raggruppamenti (K) più probabile è stato stimato utilizzando l'informazione genetica relativa a tutti gli individui analizzati con marcatore microsatellite. Questo valore K è stato calcolato secondo il metodo suggerito da Evanno et al. (2005), utilizzando 20 iterazioni per ciascun K testato, con valori di K da 1 a 25, Burning period di 100000 e numero di repliche MCMC di 1000000, secondo il modello "Admixture". Questo modello assume che vi siano stati possibili eventi di introgressione nelle popolazioni. Per ogni individuo è stato quindi calcolato il coefficiente di introgressione (q value), calcolato come valore medio dei singoli valori ottenuti per ciascuna

delle 20 ripetizioni, utilizzando il software CLUMPP (Jakobsson e Rosenberg, 2007). Infine con DISTRUCT (<http://www.stanford.edu/group/rosenberglab/distructDownload.html>), un programma che permette una visualizzazione grafica degli output di STRUCTURE, sono stati rappresentati i differenti gruppi. Le sub-popolazioni identificate vengono rappresentate dal programma con colori diversi su di una fascia orizzontale, ed ogni singolo individuo è rappresentato da una barra verticale, frazionata in vari segmenti colorati a seconda della percentuale di appartenenza ad ogni singola popolazione (Rosenberg, 2004).

5.7.3.2. Molecular Coancestry

Indici di parentela su base molecolare (Molecular Coancestry) sono stati calcolati sulle nostre popolazioni, partendo dai dati microsatellite. Le informazioni ricavate dal calcolo dagli Indici di parentela su base molecolare possono integrare lo studio della variabilità genetica ottenuto mediante l'analisi di parametri genetici classici al fine di effettuare un quadro completo delle dinamiche della variabilità genetica delle popolazioni allo studio.

Per le analisi è stato utilizzato il programma CoCoa (Maenhout et al., 2009a, e 2009b), un programma che consente di stimare il coefficiente di coancestry a partire da un genotipo multi locus. La matrice simmetrica si ottiene stimando il coefficiente di coancestry di tutte le possibili coppie di individui. Il dato è poi presentato sia in relazione alla sub-popolazione in cui è classificato sia in relazione all'intera popolazione. Questa informazione permette di quantificare con quale frequenza un dato genotipo è rappresentato in una popolazione, ed è così possibile valutare la variabilità genetica entro popolazioni o sub-popolazioni.

6. RISULTATI

6.1. Lo stato attuale della trotticoltura trentina

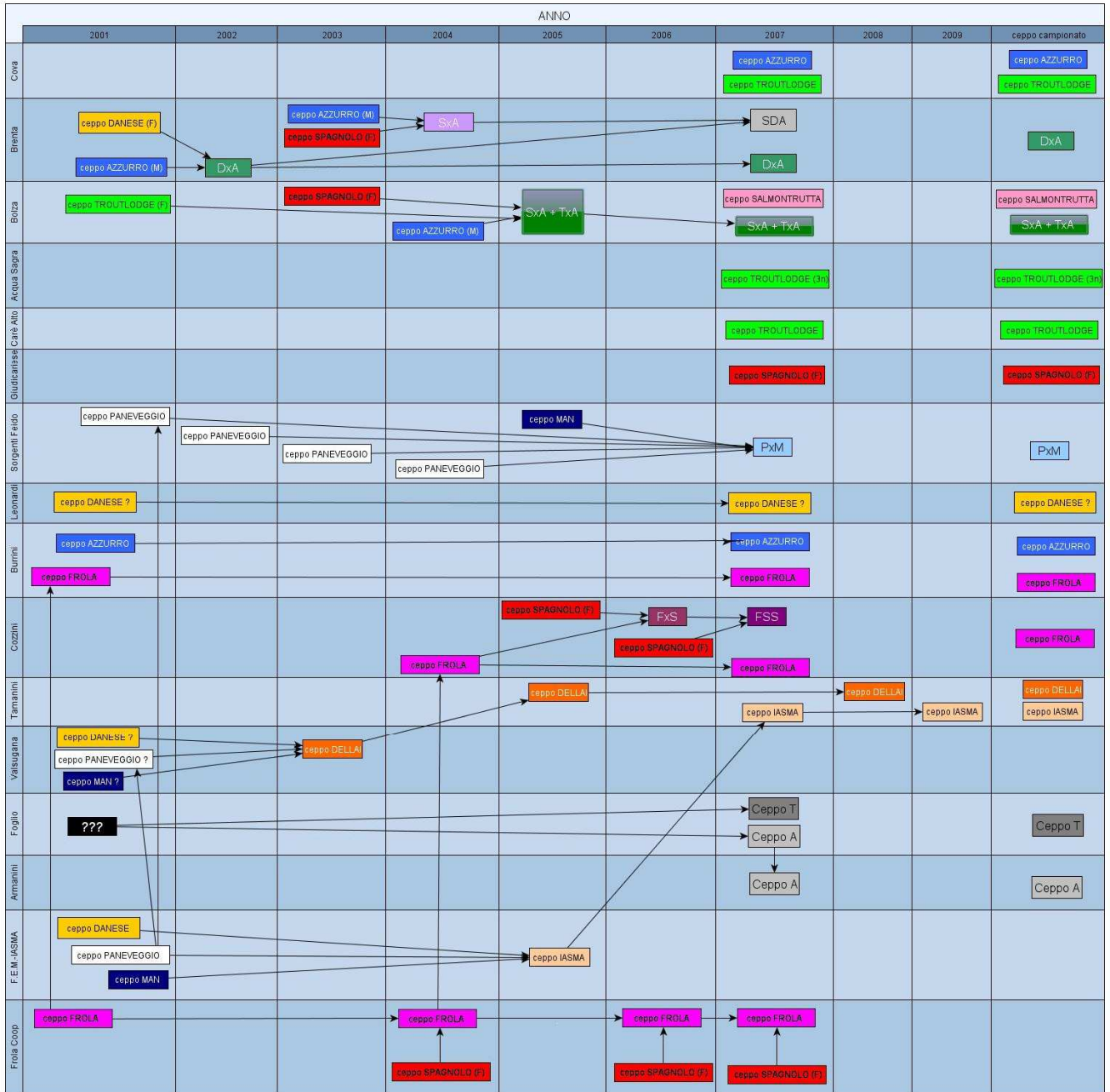
L'Associazione dei Trotticoltori Trentini raggruppa una sessantina di allevamenti su tutto il territorio provinciale, la maggior parte dei quali basa la produzione aziendale sulla trota iridea da filetto. All'incirca metà dei predetti allevamenti conferisce abitualmente tutto o parte del prodotto alla cooperativa ASTRO adibita alla macellazione e trasformazione della trota. La presente indagine ha interessato la maggior parte dei conferitori alla cooperativa, e per la precisione la raccolta dei dati tecnici ha riguardato 25 impianti, elencati nella tabella 9.

Contemporaneamente alle informazioni tecnico-gestionali, sono state compilate le schede informative riguardanti i ceppi allevati in ogni allevamento, dove per ceppi si intendeva lotti di trota iridea riconducibili a popolazioni distinguibili geograficamente o geneticamente. Sono state così identificati 33 lotti riconducibili ad altrettante probabili popolazioni o incroci, secondo il parere tecnico degli allevatori. I dati raccolti sono stati successivamente verificati tramite analisi genetica. Dei 33 lotti si è cercato anche di ricostruire una probabile genealogia, procedendo a ritroso negli anni. Secondo questa prima indagine i ceppi di trota iridea allevati in Trentino sarebbero riconducibili ad un numero limitato di progenitori dalle origini più disparate. Escludendo da queste considerazioni i lotti allevati dall'azienda Trotticoltura Foglio Angelo s.s., che sono presenti in impianto da parecchi decenni e di cui non se ne conosce l'esatta origine, tutte gli altri ceppi sono riconducibili a popolazioni imprecisate allevate in Danimarca, oppure a ceppi commerciali provenienti dagli Stati Uniti (Troutlodge Inc.), dall'isola di Man (Glen Wyllin Trout Hatchery) o dalla Spagna (Ovapiscis). Due sono i ceppi di provenienza nazionale allevati od utilizzati per gli incroci, uno proveniente dalla Nuova Azzurro s.p.a. di San Martino B.A. (VR) e l'altro dalla FroloCoop di Sillano (LU). Infine, abbiamo un ceppo selvatico di origine americana risalente agli inizi del '900 (Canestrini, 1914), che una volta seminato si è acclimatato ed ancora oggi popola le acque del torrente Travignolo nel parco naturale di Paneveggio (TN). Le probabili parentele e gli incroci tra i ceppi, secondo la nostra ricostruzione, sono rappresentate nella figura 23.

Tabella 9: Elenco degli allevamenti intervistati.

NOME AZIENDA	LOCALITA'
Ittica Acqua Sagra	Sdruzzinà (Ala)
Ittica Acqua Sagra	Località Due Laghi (Padergnone)
Troticoltura Armanini	Biacesa
Azienda Agricola Piscicoltura Burrini	Vigo Rendena
Azienda Agricola Troticoltura Bolza	Ragoli
Troticoltura Brenta s.s.a.	Saone
Azienda Agricola Campestrin Giovanni	Località Fontane (Telve Valsugana)
Azienda Agricola Piscicoltura Paolo Cappello	Maso Fontane (Roncegno Terme)
Azienda Agricola Carè Alto	Oltresarca (Iavrè)
Azienda Agricola Cova Massimiliano	Tione
Troticoltura Valsugana	Puele di Grigno
Troticoltura Sorgenti Feido s.s.a.	Creto (Pieve di Bono)
Troticoltura Sorgenti Feido s.s.a.	Agrone (Pieve di Bono)
Troticoltura Foglio Angelo s.s.	Località Formigher (Storo)
Troticoltura Foglio Angelo s.s.	Località Tai (Storo)
Stabilimento Giudicariese di piscicoltura s.r.l.	Località Bersaglio (Bolbeno)
Stabilimento Giudicariese di piscicoltura s.r.l.	Località La Mola (Tione)
Stabilimento Giudicariese di piscicoltura s.r.l.	Località Fucine (Tione)
Società Agricola f.lli Leonardi	S. Giuliana di Levico Terme
Società Agricola f.lli Leonardi	Preore
Società Agricola f.lli Leonardi	Storo
Azienda Agricola Troticoltura Monclassico	Località Segheria (Monclassico)
Soc. Agricola Troticoltura Rio Molini	Belluno Veronese
Azienda Agricola Troticoltura Tamanini Livio	Maso Molini (Vigolo Vattaro)
Azienda Agricola La Fiana	Località Fiana (Bondo)

Figura 23: Relazioni ed incroci tra ceppi dal 2001 al 2009.



6.2. Le rese alla macellazione degli allevatori locali

Tra tutti i lotti identificati e di cui è stato possibile costruire un “pedigree”, quelli giunti a taglia di macellazioni durante il periodo luglio 2007- novembre 2008 sono stati avviati alla trasformazione presso l’impianto di ASTRO (Lavis). Nel periodo sopra indicato sono stati macellati un totale di 27 lotti, consegnati da 13 conferitori/allevatori e provenienti da 16 piscicoltura differenti, riconducibili secondo la campagna di ricognizione a 14 ceppi diversi di trota iridea. I dati riportati nella tabella 10 rappresentano i valori medi di una serie di misure ed indici morfologici (vedi paragrafo 6.3 Indagini preliminari sulla produzione locale) rilevati su almeno 50 pesci interi per ogni lotto analizzato durante la campagna di macellazione. Nella successiva tabella 11 sono invece riportati i valori medi degli scarti di lavorazione sulla carcassa, ovvero testa, lisca e viscere. Infine nella tabella 12 sono riportati i dati inerenti alla sfilettatura del pesce e la relativa rifilatura. In questa prima fase della sperimentazione il target era quello di evidenziare le rese commerciali della trota iridea da carne, quindi come si può notare nella stringa gialla sottostante ad ogni tabella, è riportata una media generale di tutti i valori registrati. A fronte di un peso medio alla macellazione di circa 800 grammi, la resa in carcassa eviscerata è l’87,13%, mentre la produzione di filetti non rifilati in rapporto al peso dell’animale intero è pari al 56,3%. La successiva rifilatura manuale dei filetti, che viene effettuata per allontanare scarti sfuggiti alla lavorazione automatizzata, grasso in eccesso ed imperfezioni di forma, porta la resa finale al valore medio percentuale di 50,94. La tabella 13 riporta invece le medie rilevate su 30 tranci per lotto, per i quali il peso medio alla macellazione è stato anche in questo caso attorno agli 800 grammi e il peso delle carcasse sui 688 grammi per una resa dell’84,6%. Degno di nota è anche il valore dell’indice viscerosomatico che è pari a 12,71, che significa che il pacchetto viscerale rappresenta mediamente più del 12% del peso totale dell’individuo.

Partendo da queste considerazioni generali sulla trasformazione della trota da carne sono stati valutati singolarmente i ceppi utilizzati dagli allevatori locali, per individuare caratteristiche e peculiarità di ogni partita, al fine di poter discriminare lotti più o meno produttivi. Nella figura 24 sono riportate le rese percentuali alla lavorazione del filetto e gli scarti (testa, lisca, viscere e rifilatura) per i ventisette lotti esaminati. Gli scarti alla macellazione rappresentano mediamente il 49,06% del peso corporeo della trota da filetto a fronte di una resa media in filetto lavorato del 50,94 %. Nel computo totale degli scarti di lavorazione la testa contribuisce per un 14,77%, la lisca per un 15,94%, e i visceri per un 12,92%. La componente corporea più variabile è risultata essere il pacchetto viscerale la cui entità può essere tuttavia influenzata da elevate quantità di grasso

periviscerale e dallo stadio di maturazione gonadica. Un'accentuata variabilità si può notare anche per le componenti testa e lisca. Quest'ultima risulta solitamente lo scarto preponderante nella lavorazione della trota, con una percentuale media del 15,94% sul peso totale corporeo. Di modesta incidenza risulta essere lo scarto di rifilatura, che influisce per il 5,36% sul peso totale dell'animale. La variabilità di questo parametro risulta però molto alta in proporzione agli altri scarti in quanto l'operazione di rifilatura è eseguita manualmente e quindi il fattore umano (nonostante le precauzioni prese) aggiunge variabilità al rilievo.

Tabella 10: Valori medi di dati e indici rilevati sulla carcassa.

allevamento	origine geografica	ID ceppo	n° progressivo	data rilievi	VALORI MEDI											
					LT (cm)	PT (gr.)	AM (mm)	SM (mm)	LS	LC	CAM	CI	AI	K	PR	
Foglio	Foglio (TN)	autop. AA	1	10-lug-07	37,83	754,33	95,03	46,84	33,76	7,08	22,97	0,19	2,42	1,38	2,51	
Foglio	Foglio (TN)	autop. AA	2	12-lug-07	38,07	756,03	94,43	46,46	34,09	7,15	23,76	0,19	2,52	1,36	2,48	
Cova	Burrini (TN)	azzurro	3	18-lug-07	43,75	970,85	98,25	49,89	38,76	8,08	27,97	0,18	2,85	1,15	2,25	
Armanini	Foglio (TN)	autop. A	4	20-lug-07	38,80	764,51	93,58	47,42	34,57	7,15	24,43	0,18	2,62	1,31	2,41	
Brenta	Brenta (TN)	autop. BxD	5	26-lug-07	40,67	881,84	96,45	48,57	35,58	8,76	24,62	0,22	2,56	1,30	2,37	
Foglio	Foglio (TN)	autop. T	6	2-ago-07	35,72	639,17	91,85	44,81	31,77	6,80	21,85	0,19	2,38	1,40	2,57	
Bolza	Salmontrutta (BG)	autop. BG	7	6-ago-07	40,16	760,75	89,85	45,69	35,13	7,97	25,52	0,20	2,85	1,18	2,24	
Bolza	Bolza (TN)	autop. BOL	8	18-set-07	38,74	703,01	87,65	43,77	33,79	7,87	24,57	0,20	2,81	1,21	2,27	
Cova	Acqua Sagra (TN)	T.L. J	9	19-set-07	40,31	824,20	93,32	47,01	35,02	7,58	25,84	0,19	2,78	1,25	2,31	
Giudicariese	Ovapiscis (ESP).	autop. ESP	10	21-set-07	40,89	830,65	95,72	46,52	35,44	7,86	25,65	0,19	2,68	1,21	2,35	
Feido	F.E.M.-IASMA (TN)	S.M.	11	28-set-07	40,94	965,30	104,33	50,22	35,66	7,61	25,72	0,19	2,47	1,40	2,54	
Acqua Sagra	Acqua Sagra (TN)	T.L. J sterile	12	17-ott-07	41,79	738,98	89,50	42,62	35,75	7,68	26,95	0,18	3,02	1,00	2,15	
Leonardi	Leonardi (TN)	autop. LEO	13	19-ott-07	45,29	955,89	104,19	49,79	35,79	7,79	25,66	0,19	2,47	1,34	2,53	
Leonardi	Leonardi (TN)	autop. LEO	14	23-ott-07	37,10	720,36	94,14	45,18	32,06	7,01	23,07	0,19	2,46	1,39	2,53	
Burrini	FrolaCoop. (LU)	autop. FRO	15	25-ott-07	40,25	941,28	101,20	49,28	35,04	7,95	24,88	0,20	2,46	1,43	2,51	
Leonardi	Leonardi (TN)	autop. LEO	16	26-ott-07	42,66	1023,50	103,73	50,51	36,52	7,76	26,17	0,18	2,53	1,32	2,45	
Burrini	Burrini (TN)	azzurro	17	29-ott-07	34,66	532,89	80,91	40,06	30,31	6,67	21,24	0,19	2,63	1,28	2,34	
Cozzini	FrolaCoop. (LU)	autop. FRO	18	5-nov-07	43,46	980,50	98,38	48,84	37,66	8,40	27,98	0,19	2,85	1,17	2,25	
Foglio	Foglio (TN)	autop. T	19	6-nov-07	38,27	760,58	91,87	46,43	33,97	7,36	23,79	0,19	2,59	1,36	2,42	
Foglio	Foglio (TN)	autop. T	20	7-nov-07	39,04	787,96	95,26	46,71	35,05	7,45	24,09	0,19	2,53	1,32	2,44	
Carè Alto	Acqua Sagra (TN)	T.L. J	21	9-nov-07	40,16	819,83	95,39	47,03	35,12	7,18	25,07	0,18	2,64	1,28	2,39	
Tamanini	Valsugana (TN)	Autop. DEL	22	8-mag-08	46,96	1353,05	109,06	55,09	41,28	9,04	29,19	0,19	2,68	1,29	2,32	
Foglio	Foglio (TN)	autop. A	23	5-ago-08	35,42	609,46	89,04	42,85	31,71	6,67	22,32	0,19	2,51	1,36	2,51	
Leonardi	Foglio (TN)	autop. A	24	23-set-08	37,77	653,86	89,77	43,19	33,25	7,24	23,36	0,19	2,60	1,21	2,38	
Bolza	Foglio (TN)	autop. A	25	21-ott-08	36,60	658,72	92,30	43,26	31,61	7,04	23,90	0,19	2,59	1,34	2,52	
Feido	Foglio (TN)	autop. A	26	23-ott-08	38,93	751,22	91,03	45,33	33,34	7,20	28,19	0,19	3,10	1,27	2,34	
Cova	Foglio (TN)	autop. A	27	21-nov-08	37,86	702,08	89,88	42,86	32,41	7,14	25,12	0,19	2,80	1,29	2,37	
					media totale	39,71	808,92	94,67	46,52	34,61	7,54	24,96	0,19	2,64	1,29	2,40
					dev. st.	2,95	165,30	6,05	3,18	2,34	0,59	1,97	0,01	0,18	0,10	0,11

Tabella 11: Valori medi di scarti e rese in lavorazione.

n° progressivo	VALORI MEDI							
	PC (gr.)	% scarto testa	PL (gr.)	% scarto lische	PCeV stimato (gr.)	PV stimato (gr.)	% scarto viscere	resa % carcassa
1	100,13	13,27	120,02	15,91	644,21	108,37	14,37	85,74
2	103,55	13,70	122,97	16,26	655,44	100,59	13,31	86,82
3	147,59	15,20	157,85	16,26	872,19	98,67	10,16	89,87
4	101,66	13,30	123,02	16,09	665,73	98,78	12,92	87,15
5	144,38	16,37	146,11	16,57	767,91	113,93	12,92	87,11
6	91,23	14,27	105,23	16,46	561,18	77,90	12,19	87,57
7	130,21	17,12	126,66	16,65	684,29	76,46	10,05	89,98
8	121,33	17,26	124,95	17,77	599,18	103,83	14,77	85,28
9	115,83	14,05	133,10	16,15	720,20	103,30	12,53	87,52
10	129,07	15,54	136,95	16,49	727,39	103,26	12,43	87,75
11	120,45	12,48	141,28	14,64	834,73	130,57	13,53	86,50
12	111,95	15,15	121,13	16,39	660,88	78,11	10,57	89,63
13	129,72	13,57	134,96	14,12	832,02	123,87	12,96	87,13
14	102,75	14,26	108,54	15,07	617,20	103,16	14,32	85,74
15	134,83	14,32	134,27	14,26	808,55	137,87	14,65	85,49
16	140,84	13,76	155,98	15,24	893,33	130,17	12,72	87,46
17	92,61	17,38	95,41	17,90	471,80	61,09	11,46	88,60
18	146,08	14,90	135,56	13,83	837,52	147,98	15,09	85,26
19	107,59	14,15	115,39	15,17	660,78	99,80	13,12	86,96
20	114,33	14,51	143,61	18,22	687,85	100,12	12,71	87,32
21	108,81	13,27	134,94	16,46	727,17	95,40	11,64	88,47
22	161,80	11,96	173,32	12,81	1142,44	210,61	15,57	84,14
23	91,23	14,97	87,90	14,42	511,82	97,64	16,02	84,00
24	115,88	17,72	109,33	16,72	572,84	81,02	12,39	87,61
25	104,75	15,90	115,80	17,58	580,87	77,85	11,82	88,16
26	108,49	14,44	117,57	15,65	655,87	95,35	12,69	87,33
27	111,78	15,92	121,32	17,28	618,29	83,79	11,93	88,06
media totale	118,10	14,77	127,52	15,94	704,14	105,17	12,92	87,13
dev. st.	18,78	1,50	18,93	1,33	139,72	29,21	1,53	1,54

Tabella 12: Valori medi sul filetto e rese alla sfilettatura.

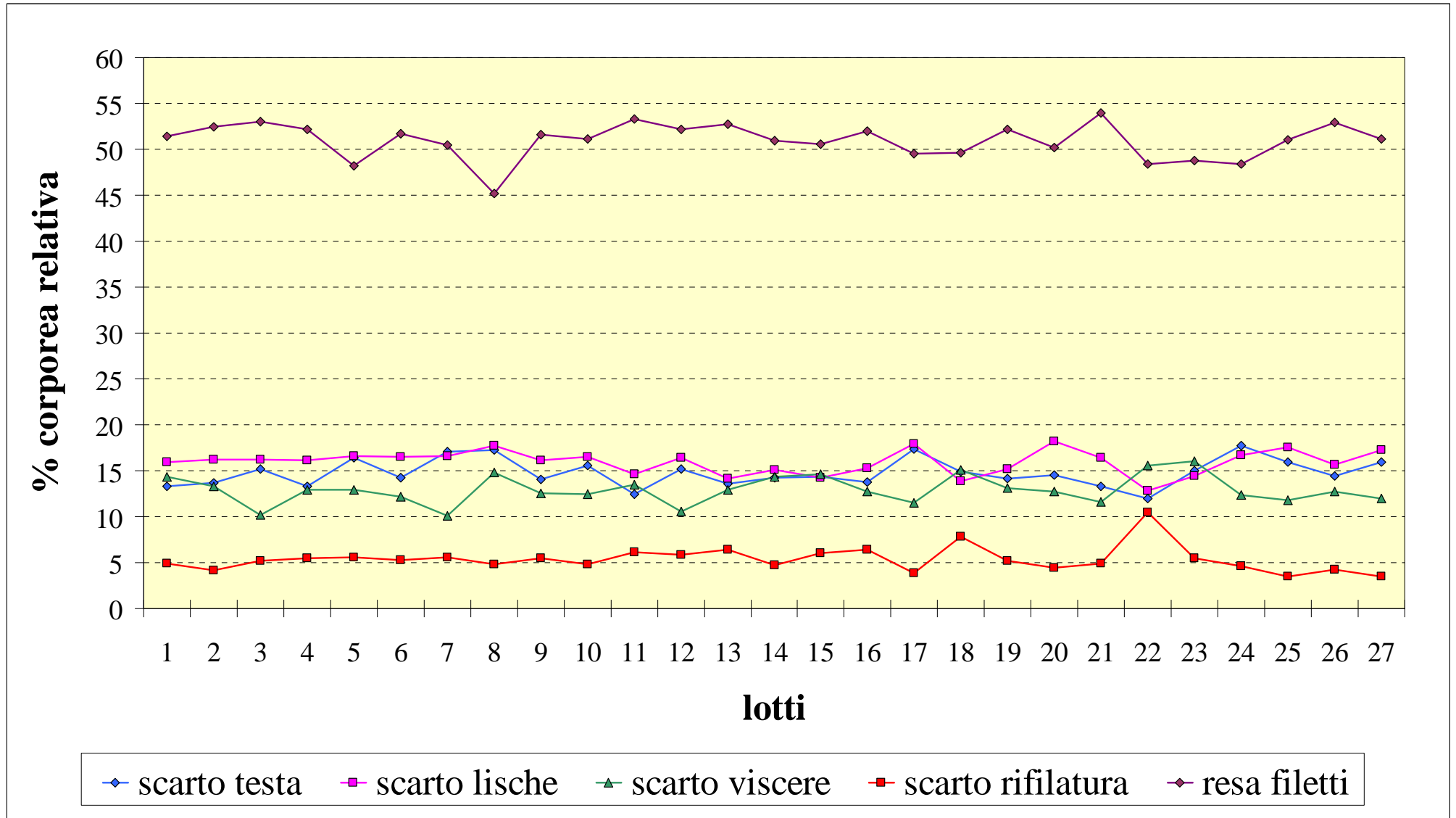
n° progressivo	VALORI MEDI									
	PF dx (gr.)	PF sx (gr.)	SF dx (mm)	SF sx (mm)	PFr dx (gr.)	PFr sx (gr.)	resa % filetti	resa % rifiletti	% scarto rifilatura	scarto rifilatura (gr.)
1	213,01	213,09	14,44	15,03	195,82	191,97	56,33	51,39	4,94	38,31
2	211,82	217,10	16,62	16,42	196,62	200,34	56,57	52,43	4,14	31,96
3	273,66	293,09	18,77	19,65	251,27	265,59	58,20	52,99	5,21	49,90
4	207,40	233,65	16,57	18,30	189,77	209,22	57,61	52,15	5,46	42,07
5	251,75	225,68	19,37	18,67	225,09	202,43	53,79	48,23	5,56	49,91
6	188,32	176,50	19,20	20,09	170,86	160,29	56,97	51,72	5,26	33,67
7	217,51	209,92	18,74	18,93	196,30	188,26	56,04	50,47	5,57	42,88
8	176,17	176,73	16,18	18,15	160,83	157,93	50,01	45,23	4,78	34,15
9	238,58	232,69	17,67	17,89	219,30	206,22	57,04	51,59	5,45	45,85
10	227,27	234,10	18,22	18,46	210,36	210,94	55,93	51,15	4,78	40,71
11	289,88	283,12	19,92	20,10	260,12	252,67	59,42	53,26	6,16	60,29
12	217,15	210,48	17,82	17,18	197,70	186,73	58,06	52,19	5,87	43,82
13	279,59	287,76	19,78	20,12	253,25	251,09	59,20	52,74	6,46	65,11
14	208,75	197,17	18,21	18,02	190,03	179,38	55,68	50,99	4,69	33,95
15	275,63	259,82	19,76	19,42	244,27	233,34	56,66	50,58	6,07	57,70
16	290,40	307,32	19,22	20,63	261,33	271,21	58,39	51,99	6,40	67,84
17	146,81	136,98	15,21	14,94	137,80	126,12	53,34	49,50	3,84	20,83
18	288,33	268,08	20,43	20,12	245,86	234,56	57,50	49,65	7,85	78,05
19	226,06	211,75	17,52	17,19	207,29	192,04	57,37	52,20	5,18	40,35
20	203,01	226,90	16,00	18,29	188,15	206,67	54,61	50,17	4,44	34,77
21	252,21	231,64	18,55	18,03	231,31	212,25	58,85	53,98	4,87	41,46
22	404,70	402,62	22,18	22,55	330,54	328,90	58,92	48,42	10,50	147,89
23	167,63	165,06	15,36	15,30	152,35	146,53	54,29	48,78	5,51	33,82
24	178,75	169,07	16,19	15,51	165,54	152,04	53,00	48,42	4,58	30,24
25	179,82	180,49	16,33	16,37	169,27	167,85	54,52	51,05	3,47	23,20
26	215,13	214,68	16,86	16,57	202,03	196,09	57,15	52,95	4,20	31,69
27	200,39	184,81	16,98	15,82	189,76	170,46	54,66	51,16	3,50	24,97
media totale	230,73	227,79	17,86	18,06	208,99	203,74	56,30	50,94	5,36	46,12
dev. st.	52,98	54,72	1,82	1,93	41,63	44,07	2,22	1,94	1,41	24,61

Tabella 13: Valori medi dei rilievi sul trancio.

allevamento	origine geografica	ID ceppo	data rilievi	VALORI MEDI						
				PT (gr.)	PeV (gr.)	SM (mm)	AF (mm)	SV (mm)	PV stimato (gr.)	IV
Foglio	Foglio (TN)	autop. AA	10-lug-07	n.p.	n.p.	43,33	41,50	8,17	88,37	n.p.
Foglio	Foglio (TN)	autop. AA	12-lug-07	739,19	94,03	43,53	41,85	8,88	n.p.	12,74
Cova	Burrini (TN)	azzurro	18-lug-07	891,07	800,42	45,50	54,95	8,14	90,65	10,11
Armanini	Foglio (TN)	autop. A	20-lug-07	773,61	672,87	42,58	43,08	7,27	100,73	13,05
Brenta	Brenta (TN)	autop. BxD	26-lug-07	872,93	760,32	44,88	43,88	7,17	112,61	12,93
Foglio	Foglio (TN)	autop. T	2-ago-07	680,82	596,67	43,41	41,52	6,81	84,16	12,37
Bolza	Salmontrutta (BG)	autop. BG	6-ago-07	773,24	688,46	44,05	40,85	7,53	82,26	10,63
Bolza	Bolza (TN)	autop. BOL	18-set-07	710,60	604,19	41,29	37,44	5,95	106,41	14,97
Cova	Acqua Sagra (TN)	T.L. J	19-set-07	850,57	744,65	44,35	42,25	7,40	105,93	12,49
Giudicariесе	Ovapiscis (ESP).	autop. ESP	21-set-07	852,24	744,65	44,35	42,25	7,40	107,59	12,66
Feido	F.E.M.-IASMA (TN)	S.M.	28-set-07	946,68	816,27	46,44	45,60	7,37	130,41	13,65
Acqua Sagra	Acqua Sagra (TN)	T.L. J sterile	17-ott-07	733,37	649,79	40,71	40,56	7,37	83,58	11,25
Leonardi	Leonardi (TN)	autop. LEO	19-ott-07	1052,87	911,90	45,97	47,63	7,30	140,97	13,33
Leonardi	Leonardi (TN)	autop. LEO	23-ott-07	733,03	638,32	41,97	41,63	6,52	94,71	12,89
Burrini	FrolaCoop. (LU)	autop. FRO	25-ott-07	940,21	809,98	45,23	45,48	6,92	130,23	13,77
Leonardi	Leonardi (TN)	autop. LEO	26-ott-07	1077,20	938,83	49,70	48,13	7,38	138,37	12,75
Burrini	Burrini (TN)	azzurro	29-ott-07	541,28	476,06	38,56	37,42	5,28	65,22	12,05
Cozzini	FrolaCoop. (LU)	autop. FRO	5-nov-07	927,30	796,99	47,38	41,66	6,70	130,31	14,00
Foglio	Foglio (TN)	autop. T	6-nov-07	622,61	543,09	41,25	39,69	5,75	79,52	12,80
Foglio	Foglio (TN)	autop. T	7-nov-07	792,00	683,80	43,81	42,87	5,71	108,20	13,64
Carè Alto	Acqua Sagra (TN)	T.L. J	9-nov-07	864,59	765,40	42,53	44,09	7,30	99,19	11,42
Tamanini	Valsugana (TN)	Autop. DEL	8-mag-08	1332,46	1141,19	53,69	48,48	7,36	191,26	14,76
Foglio	Foglio (TN)	autop. A	5-ago-08	647,70	557,47	40,85	38,97	6,00	90,23	13,97
Leonardi	Foglio (TN)	autop. A	23-set-08	639,07	566,10	41,12	38,72	6,52	72,97	11,50
Bolza	Foglio (TN)	autop. A	21-ott-08	677,80	595,65	42,08	40,30	6,18	82,15	12,10
Feido	Foglio (TN)	autop. A	23-ott-08	773,18	672,21	43,07	41,98	6,42	100,97	12,96
Cova	Foglio (TN)	autop. A	21-nov-08	716,33	631,81	41,63	40,90	6,57	84,52	11,75
media totale				813,92	688,50	43,82	42,73	6,94	103,90	12,71
dev. st.				168,06	186,98	3,07	3,80	0,82	27,06	1,17

PeV=peso carcassa eviscerata, SM=spessore massimo tronco, AF=altezza del filetto,
SV=spessore ventrale, PV=peso viscere, IV= indice viscero-somatico.

Figura 24: Percentuali corporee relative alla macellazione, resa dei filetti e scarti di lavorazione.



6.2.1. Analisi delle rese

Poiché il campionamento effettuato ha voluto riproporre la situazione della trotilcoltura nella zona di indagine, i lotti analizzati e campionati hanno presentato un'ampia variabilità di taglia tra loro e al loro interno, come è evidente nella tabella 14. Per questo motivo l'analisi statistica ha impiegato la covarianza con il peso, stimando i parametri riportati nella tabella al peso medio 826,12 grammi. Nonostante questo livellamento, è emersa una variabilità significativa tra i lotti esaminati per i principali indici di conformazione corporea e di rese commerciali con differenze spesso importanti, anche in valore assoluto. Queste caratteristiche, e l'impossibilità di controllare a posteriori molte delle variabili che influiscono sulle performance di un pesce in allevamento, ci hanno indotto ad impostare il lavoro di analisi ed interpretazione dei dati preliminari per più livelli. In una fase si è cercato di dare un'interpretazione di insieme del fenomeno utilizzando i dati di tutti e 27 i campioni, quindi l'attenzione si è focalizzata su dei sottogruppi di dati, per valutare i singoli effetti (come ad esempio il ceppo o l'allevamento) o interazioni tra essi.

6.2.1.1. Correlazione dei parametri

Le correlazioni sui residui, dopo la correzione per il peso, sono riportate nella tabella 15. Tralasciando le correlazioni tra indici morfometrici e misure lineari usate per il loro calcolo (che sono ovviamente correlate, perché legate matematicamente), si possono notare delle correlazioni positive reciproche tra le principali misure lineari: lunghezza standard (LS), lunghezza del capo (LC), distanza tra piano caudale e altezza massima (CAM), e lunghezza totale (LT). La lunghezza standard (LS) e la lunghezza totale (LT) presentano inoltre delle correlazioni positive con il peso della lisca (PL) e la resa % della carcassa, mentre l'indice di condizione (K) presenta le stesse correlazioni con lisca e carcassa ma con segno opposto. La resa della carcassa, che ricordiamo è intesa come pesce eviscerato, è inoltre influenzata positivamente dal peso del capo (PC) e dal peso della lisca (PL), che sono ovviamente due componenti della carcassa dell'animale stesso. Infine abbiamo le correlazioni della resa % in filetti, la produzione in filetto risulta saldamente correlata con la resa in carcassa con segno positivo, mentre sembra avere relazione inversa con il peso del capo (PC).

Tabella 14: Medie stimate (ANCOVA) per i lotti analizzati.

allevamento	ceppo	n° lotto	medie covariate per peso totale dell'animale (PT=826.1 gr)									
			Accrescimento (g/die)	Indice K	PR	LT (cm)	AM (mm)	SM (mm)	PC (gr.)	PL (gr.)	Resa carcassa (%)	Resa filetti (%)
Foglio	autop. AA	1, 2	1,35	1,38	2,50	39,11	97,65	48,06	111,09	130,14	86,21	57,09
Cova	azzurro	3	1,00	1,13	2,23	41,80	92,95	47,34	135,15	144,02	90,21	56,79
Armanini	autop. A	4	1,33	1,32	2,42	39,76	96,15	48,68	109,77	129,91	86,92	58,16
Brenta	autop. BxD	5	0,91	1,29	2,37	39,99	94,56	47,69	140,31	140,42	87,11	53,27
Foglio	autop. T	6, 19, 20	1,40	1,38	2,48	39,17	96,98	47,94	115,75	132,27	86,98	57,11
Bolza	autop. BG	7	0,92	1,17	2,24	41,28	92,62	47,01	137,71	133,82	89,71	56,62
Bolza	autop. BOL	8	0,90	1,23	2,28	40,64	92,90	46,67	135,33	138,69	84,85	51,11
Cova	T.L. J	9	0,99	1,25	2,31	40,42	93,61	47,17	117,25	133,56	87,44	57,05
Giudicariесе	autop. ESP	10	0,86	1,21	2,34	40,89	95,71	46,53	129,52	136,67	87,68	55,43
Feido	S.M.	11	1,43	1,38	2,53	39,04	99,13	47,74	107,57	126,46	86,81	58,05
Acqua Sagra	T.L. J sterile	12	0,97	1,02	2,15	43,14	93,13	44,38	121,99	131,04	89,19	58,53
Leonardi	autop. LEO	13, 14, 16	1,29	1,34	2,49	39,52	98,24	47,35	119,62	126,01	86,85	57,09
Burrini	autop. FRO	15	1,28	1,42	2,50	38,67	96,94	47,21	124,48	123,91	85,78	55,51
Burrini	azzurro	17	1,79	1,33	2,37	39,32	93,67	46,23	127,82	128,57	87,40	55,77
Cozzini	autop. FRO	18	1,27	1,17	2,25	41,32	92,53	46,15	131,73	119,09	85,79	55,06
Carè Alto	T.L. J	21	0,93	1,27	2,38	40,26	96,00	47,21	109,93	135,49	88,40	58,60
Tamanini	Autop. DEL	22	0,51	1,24	2,27	40,56	91,43	46,88	124,23	119,73	84,07	53,96
Foglio	autop. A	23	1,27	1,41	2,54	38,83	98,23	47,36	116,75	112,29	83,16	56,23
Leonardi	autop. A	24	1,22	1,24	2,40	40,45	97,01	46,74	135,82	128,64	86,97	54,54
Bolza	autop. A	25	1,18	1,37	2,54	39,20	99,30	46,69	123,98	134,53	87,55	56,02
Feido	autop. A	26	1,14	1,29	2,35	40,08	94,12	46,84	116,86	125,90	87,07	57,82
Cova	autop. A	27	1,12	1,31	2,39	39,78	95,07	45,40	126,01	135,19	87,61	55,78
significatività			<0,0001	<0,0001	<0,0001	<0,0001	<0,0001	<0,0001	<0,0001	<0,0001	<0,0001	<0,0001

Tabella 15: Indici di correlazione per i principali parametri.

	accresc. (g/die)															
LS	-0,19	LS														
LC	-0,10	0,31	LC													
CAM	-0,12	0,45	0,05	CAM												
CI	-0,01	-0,04	0,91	-0,19	CI											
AI	-0,19	0,46	-0,01	0,83	-0,25	AI										
K	0,23	-0,84	-0,31	-0,57	0,09	-0,56	K									
PR	0,26	-0,84	-0,10	-0,45	0,20	-0,80	0,72	PR								
LT	-0,21	0,86	0,32	0,57	-0,09	0,56	-0,99	-0,71	LT							
AM	0,20	-0,26	0,08	-0,22	0,21	-0,71	0,29	0,87	-0,29	AM						
SM	0,06	-0,15	-0,17	-0,08	-0,11	-0,05	0,18	0,08	-0,18	-0,02	SM					
PC	-0,09	0,04	0,17	0,01	0,15	0,03	-0,06	-0,05	0,06	-0,03	-0,02	PC				
PL	-0,18	0,32	0,06	0,20	-0,08	0,17	-0,34	-0,21	0,35	-0,05	-0,11	0,18	PL			
resa % carcassa	-0,08	0,30	0,16	0,12	0,03	0,05	-0,32	-0,12	0,33	0,07	0,05	0,31	0,41	resa % carcassa		
resa % filetti	0,06	0,15	0,03	0,02	-0,04	-0,05	-0,12	0,01	0,14	0,12	0,13	-0,32	-0,14	0,67	resa % filetti	

In rosso carattere indici non significativi, in carattere blu p<0,05, in carattere nero p<0,01.

Gli indici più elevati sono riportati nelle celle colorate (in giallo le correlazioni positive, in verde quelle negative).

6.2.1.2. Confronto su di un pool limitato di dati

Al fine di valutare le differenze riconducibili al ceppo allevato sono stati selezionati dal pool di dati iniziale 7 lotti di trota allevati in 5 allevamenti differenti. Ogni allevamento aveva almeno un lotto in comune con un altro allevamento. Per il confronto sono stati utilizzati in definitiva oltre 800 individui. I dati in questione sono stati covariati sul peso corporeo medio di 765,88 grammi. Nella tabella 16 sono riportati i risultati dell'analisi della covarianza per i principali parametri di interesse.

Tabella 16: Medie stimate su di un pool di 7 lotti.

parametro	lotto						
	1	2	3	4	5	6	7
accrescimento (g/die)	0,91 d	1,15 c	1,27 b	0,84 e	0,81 f	1,32 a	0,94 d
LT	39,43 c	37,78 e	38,14 d	40,34 b	39,69 c	38,22 d	40,66 a
LS	34,21 d	33,89 d	34,14 d	35,30 b	34,67 c	34,09 d	35,89 a
LC	7,44 c	7,04 e	7,16 e	8,00 a	8,02 a	7,29 d	7,58 b
AM	91,09 b	95,02 a	95,02 a	90,06 c	90,18 bc	94,36 a	90,42 bc
SM	45,95 b	45,68 b	46,76 a	45,75 b	45,30 b	46,64 a	46,16 ab
CAM	25,29 c	23,81 d	23,63 d	25,65 b	25,17 c	23,57 d	26,03 a
CI	0,19 bc	0,19 c	0,19 c	0,20 a	0,20 a	0,19 b	0,19 c
AI	2,78 b	2,50 c	2,50 c	2,85 a	2,80 b	2,50 c	2,87 a
K	1,24 b	1,39 a	1,37 a	1,16 d	1,22 b	1,37 a	1,12 c
PR	2,31 c	2,52 a	2,49 ab	2,23 e	2,27 d	2,47 b	2,23 e
PC	109,95 c	107,33 cd	103,66 d	130,65 a	127,80 ab	108,55 c	126,77 b
PL	126,13 bc	106,60 d	123,40 c	127,14 b	132,47 a	125,84 bc	134,80 a
resa % carcassa	87,72 b	83,53 e	86,47 c	89,94 b	85,09 d	87,22 b	90,64 a
resa % filetti grezzi	56,58 a	55,53 b	56,55 a	56,08 ab	50,51 c	56,52 a	56,51 a

Le differenze statisticamente significative sono rappresentate in grafico da lettere (a,b p<0,05). Come si può notare tutte le variabili differiscono in maniera significativa tra i lotti. In grassetto sono riportati i valori più elevati del pool. A quanto pare i valori meno variabili sembrano l'altezza massima (AM) e lo spessore massimo (SM) del tronco, gli indici craniale (CI) e di agilità (AI), e la resa in resa filetti grezzi. Ogni lotto ha le sue caratteristiche distintive, il 6 per esempio ha l'accrescimento più rapido, il 7 le lunghezza maggiore ed una *shape* più allungata, oltre alla resa in carcassa maggiore. Il 5 e 4 sono quelli con il capo più grande, il 3 è il lotto più "grosso" come dimensioni del tronco, il 2 è quello più "tozzo" ed infine l'1 è quello con le rese maggiori in filetto. In tabella ovviamente si può solo valutare l'effetto di interazione ceppo x allevamento.

6.2.1.3. Confronto di uno stesso ceppo in differenti allevamenti

Al fine di quantificare l'effetto ambiente è stata eseguita una ANCOVA su di un subset di dati corrispondente ad un solo ceppo di trota iridea, proveniente da una singola partita di uova e

successivamente distribuita tra diversi allevatori per le fasi di pre-ingrasso ed ingrasso. Anche in questo caso le nostre variabili sono state covariate sul peso di 675,07 grammi, e i valori sono presentati nella tabella 17.

Tabella 17: Medie stimate dei parametri al peso di 675 grammi, per i 5 allevamenti.

parametro	allevamento				
	Bolza	Cova	Feido	Foglio	Leonardi
accresc. (g/die)	0,98 c	0,92 e	0,93 d	1,07 a	1,03 b
LT	36,86 c	37,43 b	37,72 b	36,47 c	38,11 a
LS	31,86 c	31,99 c	32,20 b	32,70 b	33,57 a
LC	7,09 b	7,06 b	6,98 bc	6,86 c	7,30 a
AM	93,03 a	88,67 c	87,62 c	91,98 ab	90,72 b
SM	43,62 b	42,27 C	43,68 b	44,27 a	43,65 b
CAM	24,10 bc	24,81 b	27,29 a	23,10 c	23,61 c
CI	0,192 a	0,189 bc	0,185 c	0,188 c	0,192 ab
AI	2,59 c	2,80 b	3,11 a	2,51 d	2,60 c
K	1,34 b	1,28 c	1,25 cd	1,38 a	1,22 d
PR	2,53 a	2,37 b	2,33 c	2,53 a	2,38 b
PC	106,49 b	108,91 b	100,39 c	98,21 c	118,14 a
PL	117,56 a	118,41 a	109,36 b	94,98 c	111,62 b
resa % carcassa	88,15 a	88,07 ab	87,35 b	83,98 c	87,60 ab
resa % filetti gr.	54,77 bc	54,24 c	55,97 a	55,31 ab	53,33 d

La maggior parte degli allevamenti differiscono per i parametri principali con una probabilità inferiore all'1%. Questo significa che anche l'effetto allevamento influenza in maniera consistente il nostro pool di dati. L'allevamento che ha conferito gli individui più lunghi e slanciati è stato Leonardi, ma la resa in filetti è risultata scarsa. Foglio ha conferito gli individui più giovani, è più corpulenti (K e PR elevati). I pesci con le rese migliori sono stati conferiti dall'allevamento Bolza, per quanto riguarda la carcassa, e Feido per quanto riguarda la resa in filetto. Bisogna tuttavia ricordare che queste prove preliminari sono state effettuate senza condizionare o controllare in nessun modo l'operato di ogni singolo allevatore. Quindi le differenze qui rappresentate e quantificate come "effetto allevamento" accorpano una molteplicità di fattori, tra i quali i principali sono l'alimentazione ed il suo razionamento, le condizioni ambientali (principalmente qualità e temperatura dell'acqua), le metodiche di allevamento (densità in vasca, manipolazioni, ecc.). Tutti questi fattori, come abbiamo già menzionato nei paragrafi introduttivi, concorrono ad influenzare biometrie e rese produttive degli animali, e queste prove preliminari sono la riprova che nei test zootecnici la variabilità è influenzata sia dal profilo genico dell'individuo, sia dall'ambiente in cui esso viene allevato e dall'interazione tra le due componenti.

6.3. Le prove zootecniche

6.3.1. La schiusa e lo svezzamento larvale

Nella prima fase di test sono stati presi in considerazione dei parametri qualitativi dell'uovo prima della schiusa, quali peso unitario, diametro, volume, e quindi la percentuale di sopravvivenza alla schiusa, per poi finire con l'accrescimento della larva nei primi 50 giorni, che corrispondono alle fasi biologiche di riassorbimento del sacco vitellino ed inizio alimentazione. I dati riportati nella tabella 18 si riferiscono alle medie di ogni lotto. Le variabili diametro1 e diametro2 si riferiscono ai 2 diametri misurati ortogonalmente sull'uovo. Il volume è stato invece calcolato considerando l'uovo una sfera perfetta, ed utilizzando la media tra i due diametri per calcolarlo. Le differenze statisticamente significative calcolate attraverso un ANOVA sono rappresentate da lettere (a,b P<0,05).

Tabella 18: Parametri misurati per uova e larve.

ceppi	UOVA					LARVE (50 gg)
	peso (mg)	diametro1 (mm)	diametro2 (mm)	volume (mm ³)	% di schiusa	peso (mg)
A	75,8 c	5,1 c	5,1 b	71,8 c	72,5	544
B	92,0 a	5,8 a	5,6 a	100,1 a	89,0	586
C	83,7 b	5,4 b	5,4 a	85,9 b	91,1	560
D	61,2 d	4,7 d	4,6 c	54,6 d	92,7	692
E	71,0 c	5,4 b	5,5 a	85,9 b	86,6	590

Le differenze tra ceppi sono significative sia in termini di peso unitario dell'uovo, sia per diametro e volume. La percentuale di schiusa e il peso della larva durante lo svezzamento non sono stati analizzati, in quanto non sono riferiti ad una media ma ad singolo valore. Tuttavia vale la pena rimarcare come il ceppo A abbia la percentuale di schiusa più bassa con un 72,5% a fronte di valori comunemente prossimi al 90%, e come nel ceppo D, nonostante peso e dimensioni dell'uovo contenute, le larve abbiamo raggiunto nella prime fasi di svezzamento un peso unitario medio più elevato rispetto agli altri ceppi sperimentali. Quindi apparentemente dimensioni e peso dell'uovo non influiscono sulle prime fasi di sviluppo della larva.

6.3.2. L'accrescimento dei giovanili

Durante lo sviluppo gli accrescimenti dei ceppi sono stati registrati per un periodo prossimo ai sei mesi, ovvero sino all'età di 250 giorni. I monitoraggi biometrici venivano effettuati ad intervalli di circa sessanta giorni. Durante ogni campionamento un gruppo di circa 100 individui è stato campionato casualmente da ogni lotto sperimentale per i parametri di peso (PT) e lunghezza (LT). In questa prima fase sperimentale si è scelto di scandire il tempo in base all'età di ogni singolo ceppo, in modo da annullare il divario tra i ceppi generatosi dalla schiusa asincrona delle partite. Così facendo, alla fine del test di accrescimento dei giovanili, ogni lotto sperimentale è stato campionato per tre volte (all'età di 110, 170 e 250 giorni). I dati grezzi di partenza erano delle medie campionarie, quindi si è deciso di elaborare il dato ricavando da ogni ceppo un coefficiente di crescita relativa giornaliera per i parametri di peso e lunghezza. I coefficienti medi rilevato sono riportati nella tabella 19. La differenza tra le medie è stata verificata attraverso un test t-student bilaterale.

Tabella 19: Crescita media reativa per lo stadio giovanile.

ceppo	Crescita relativa (%/die)	
	PT	LT
A	1,563 c	0,499 c
B	1,676 ab	0,523 bc
C	1,672 abc	0,536 b
D	1,740 a	0,574 a
E	1,584 bc	0,498 c

Si nota come il ceppo D abbia il coefficiente di crescita relativa più elevato sia per quanto riguarda l'accrescimento in peso con un 1,74% giornaliero, sia per l'accrescimento in lunghezza con uno 0,57%. I risultati peggiori sono invece riconducibili ai ceppi A e E.

Una volta ottenuti i coefficienti di incremento per ogni campione sono state tracciate le curve di crescita teoriche rappresentate in figura 25 per il peso e in figura 26 per la lunghezza.

Figura 25: Curve di accrescimento in peso dei ceppi.

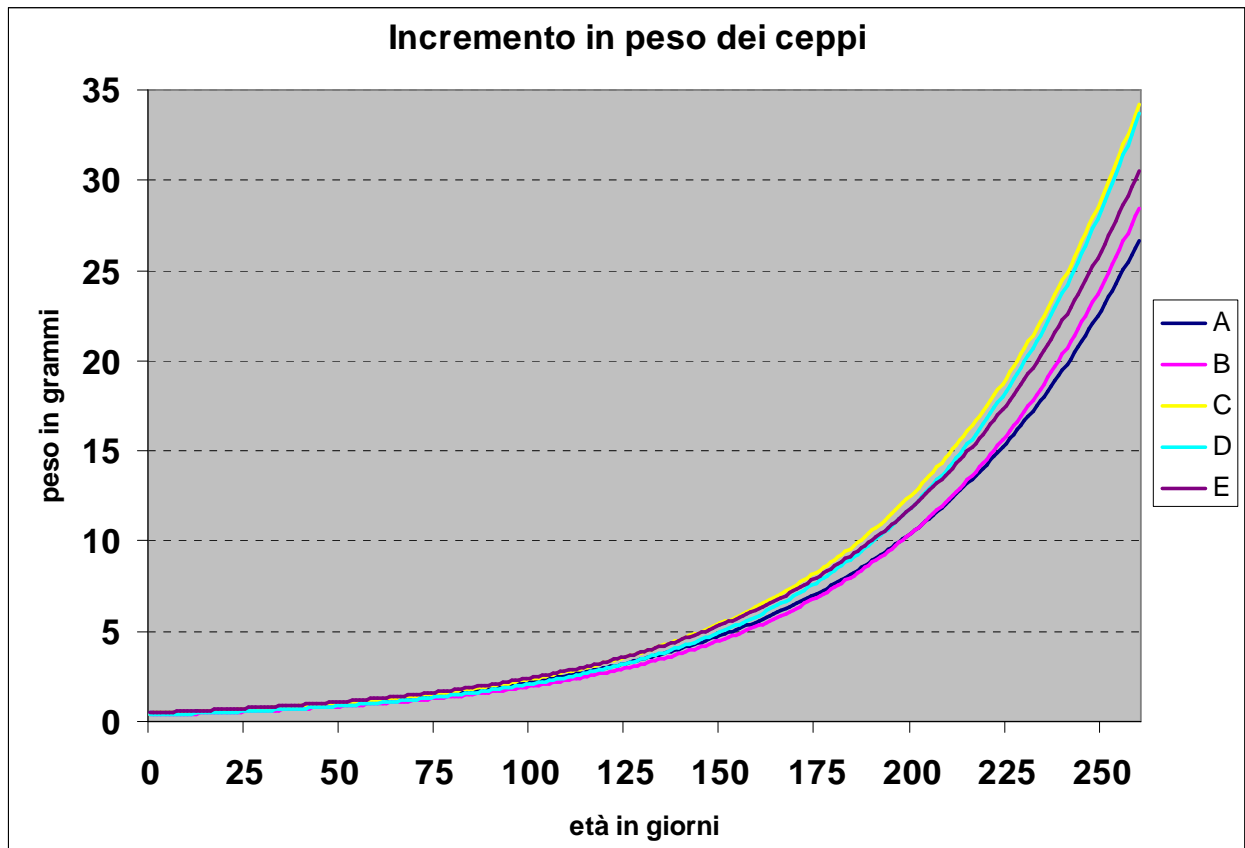
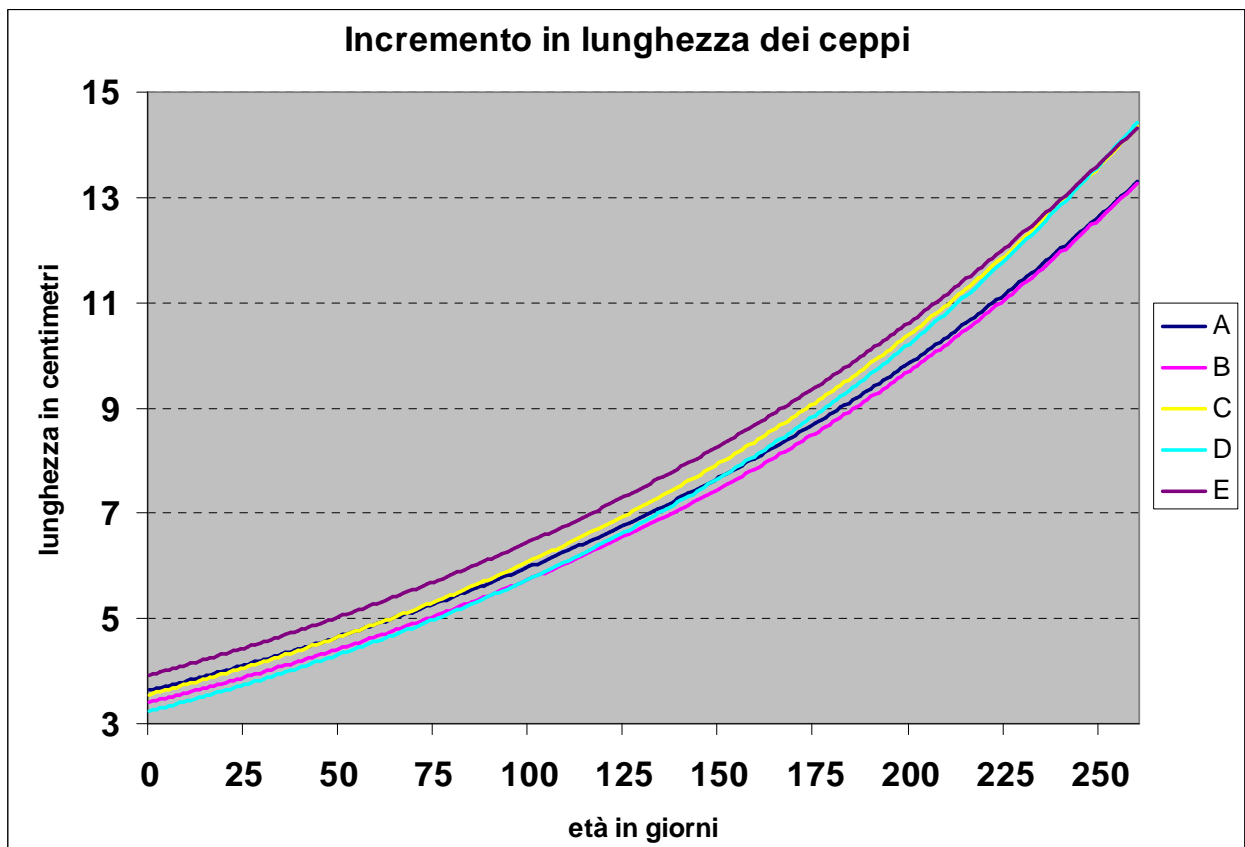


Figura 26: Curve di accrescimento in lunghezza dei lotti.



6.3.3. La selezione e composizione dei lotti per i test

Una volta concluse le prove di accrescimento sui giovanili di trota, è stata effettuata una selezione per ridurre la variabilità ponderale entro ceppo e tra ceppi. Poiché il tasso di crescita e l'età dei cinque lotti erano piuttosto eterogenei, l'utilizzo di una maglia adeguata per il selezionatore ha permesso di colmare parte del gap tra ceppi, a fronte di un maggiore scarto in selezione per i lotti più giovani o a crescita più lenta (vedi tabella 20).

Tabella 20: Tassi di selezione per i ceppi.

LOTTO	data selezione		pre- selezione	selezionato	scartato	% scarto
	età in gg					
A	05/10/2009 259	biomassa in kg taglia media in g.	552.25 30.28	464.75 44.18	87.50 16.02	15.8
B	06/10/2009 253	biomassa in kg taglia media in g.	471.03 28.95	355.80 35.12	115.23 13.20	24.5
C	06/10/2009 257	biomassa in kg taglia media in g.	592.44 39.55	513.80 53.48	78.64 16.02	13.3
D	12/10/2009 245	biomassa in kg taglia media in g.	479.44 29.30	366.35 33.79	113.09 14.49	23.6
E	12/10/2009 243	biomassa in kg taglia media in g.	467.65 26.85	335.15 34.13	132.50 14.79	28.3

Successivamente i lotti sono stati suddivisi in 3 sub-lotti ed assegnati casualmente agli allevamenti.

6.3.4. Esecuzione dei test di performance zootecnica

I test sono iniziati con la formazione di 3 sub-lotti per ogni ceppo sperimentale e con la loro distribuzione negli impianti, quando le trotelle avevano un'età di circa 260-280 giorni ed un peso variabile tra i 40 e i 60 grammi. Come già ricordato l'attribuzione della vasca ad ogni lotto è avvenuta in maniera casuale, nonostante ogni vasca fosse indipendente dalle altre.

Il test è proseguito sino al raggiungimento della taglia di macellazione di circa 700-800 grammi, peso che è stato raggiunto in periodi diversi nei tre impianti, e a età diverse tra i vari ceppi (vedi tabella 21).

Tabella 21: Pesì e lunghezze ed età dei lotti, rilevate in ogni allevamento alla conclusione dei test.

Impianto		F.E.M.- IASMA			FOGLIO			TAMANINI		
lotto		PT (g.)	LT (cm)	età gg.	PT (g.)	LT (cm)	età gg.	PT (g.)	LT (cm)	età gg.
A	media	684,48	35,04	548	724,60	35,67	631	706,06	36,75	743
	dev. St.	135,88	2,22		151,43	2,27		166,38	2,59	
B	media	664,60	33,92	590	701,30	35,53	652	794,02	37,74	723
	dev. St.	130,89	2,06		96,47	1,46		178,60	2,44	
C	media	735,48	35,55	544	760,72	36,90	607	767,18	38,20	698
	dev. St.	143,75	2,08		127,35	1,99		164,84	2,61	
D	media	652,98	34,69	527	797,54	37,77	610	803,94	38,68	680
	dev. St.	121,72	2,27		165,61	2,44		155,58	2,50	
E	media	753,32	37,41	568	873,20	39,55	595	822,65	40,25	713
	dev. St.	117,56	2,48		203,94	2,65		117,49	1,86	

6.3.4.1. Dati ambientali

Durante la sperimentazione si sono cercate di mantenere delle condizioni di allevamento che garantissero innanzitutto il benessere animale, ma ovviamente senza snaturare le caratteristiche impiantistico-gestionali di ogni singolo allevamento. In tal senso nessun intervento è risultato necessario durante la fase di accrescimento degli animali, se non l'adeguamento del numero di ricambi d'acqua giornalieri, pratica necessaria a causa dell'aumento della biomassa totale in vasca. Sotto riportiamo le principali caratteristiche chimico-fisiche registrate durante i campionamenti negli allevamenti (tabella 22), mentre nelle figure successive sono rappresentati gli andamenti stagionali dei parametri stessi (fig. 27-28-29).

Tabella 22: Caratteristiche chimico-fisiche dell'acqua negli impianti.

Impianto	valori assoluti temp. °C		punto prelievo	valori medi			
	MIN	MAX		OD ppm	% sat. O2	NH4+ ppm	NO2- ppm
F.E.M.-IASMA	MIN	11,25	IN	10,18	97,60	<0,05	<0,005
	MAX	13,57	OUT	6,31	60,36	0,26	0,014
FOGLIO	MIN	9,09	IN	8,25	76,83	<0,05	<0,005
	MAX	11,30	OUT	7,36	68,68	0,07	0,005
TAMANINI	MIN	3,96	IN	10,35	96,57	0,05	0,01
	MAX	14,31	OUT	8,13	76,19	0,27	0,013
valori guida				>5	-	<0,07	<0,1

Figura 27: Dati ambientali allevamento F.E.M.

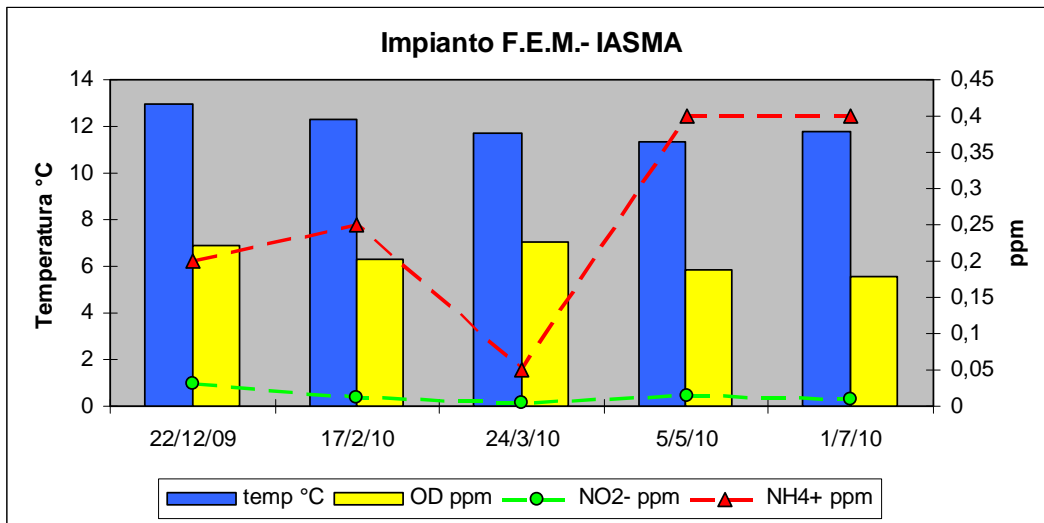


Figura 28: Dati ambientali allevamento Foglio.

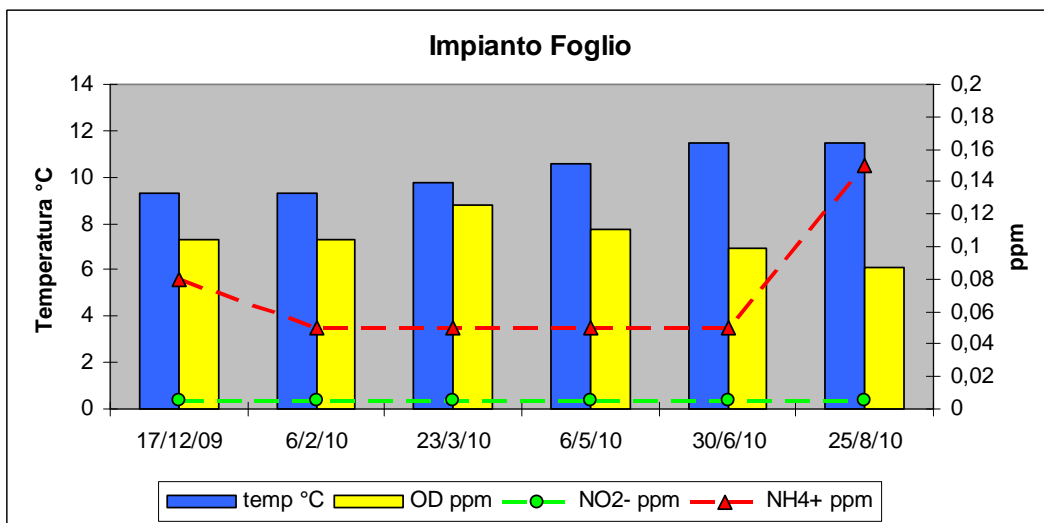
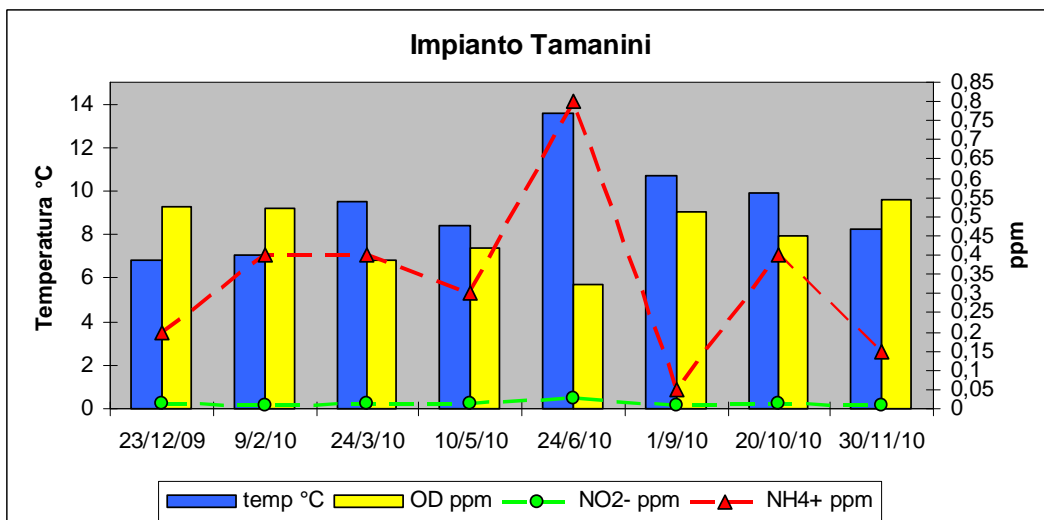


Figura 29: Dati ambientali allevamento Tamanini.



6.3.4.2. Accrescimenti

I lotti sono stati campionati ogni 45 giorni sino ad una taglia prossima a quella di macellazione, a questo punto si sospendevano i campionamenti per il lotto e si organizzava la prova di macellazione. I lotti sono arrivati a taglia rispettando un ordine di allevamento. Sicuramente la temperatura dell'acqua ha influito sulla velocità di accrescimento. I pesci allevati presso il centro F.E.M. hanno raggiunto la taglia di macellazione più velocemente rispetto agli altri impianti e sono stati macellati ad un'età compresa tra i 520 e i 590 giorni, mentre presso la troscultura Foglio la prova è terminata in un intervallo compreso tra i 595 e i 650 giorni. Questo divario temporale, è in parte legato alle condizioni di allevamento dei due impianti, ed in parte a condizioni logistiche. Per quanto riguarda le condizioni ambientali, le temperature dell'acqua leggermente inferiori presso l'impianto Foglio, ci hanno costretto a ridurre il razionamento alimentare da un 1,01% ad un 0,92% (come da tabella 23), mentre un vincolo logistico ci ha visto costretti a macellare i lotti già arrivati giunti a taglia solo in base alla disponibilità dell'azienda di trasformazione. Questo problema ha ritardato la macellazione di qualche lotto di qualche settimana rispetto a quanto "biologicamente" stabilito, ampliando così la forbice tra lotti, sia per quanto riguarda l'età sia per la taglia di macellazione. Anche presso l'impianto Tamanini, le temperature più basse, e quindi un razionamento pari al 0,81%, e ripetuti periodi di sospensione dell'alimentazione legati a fenomeni di piena e di magra del torrente, hanno ulteriormente ritardato l'accrescimento in questo impianto. Qui gli individui sono stati macellati ad età comprese tra i 680 e i 740. Mediamente le prove zootecniche sono durate 285 nell'allevamento F.E.M., 349 giorni da Foglio e 439 giorni da Tamanini. Tramite un ANOVA si è stabilito che non c'è differenza nell'indice di conversione alimentare (ICA) né tra lotti e né tra impianti.

Tabella 23: Valori medi di razionamento e conversione alimentare per lotto e ceppo.

allevamento	ceppo	razionamento (%/biomassa in kg)	ICA di lotto	ICA di ceppo
F.E.M.- IASMA	A	1.02	0.97	0.97
FOGLIO	A	0.83	0.93	
TAMANINI	A	0.79	1.01	
F.E.M.- IASMA	B	1	1.03	0.96
FOGLIO	B	1.06	0.87	
TAMANINI	B	0.83	0.99	
F.E.M.- IASMA	C	1	1.05	1.02
FOGLIO	C	0.9	1.00	
TAMANINI	C	0.8	1.01	
F.E.M.- IASMA	D	1.03	0.97	0.99
FOGLIO	D	0.86	1.06	
TAMANINI	D	0.81	0.95	
F.E.M.- IASMA	E	0.99	0.96	0.92
FOGLIO	E	0.95	0.84	
TAMANINI	E	0.81	0.96	

Alla conclusione del test di accrescimento, ogni lotto sperimentale era stato campionato per 5 volte nell'impianto F.E.M., 6 volte nell'impianto Foglio e ben 8 volte nell'impianto Tamanini. Come già accaduto per le prove di svezzamento si è deciso ricavare i coefficienti di crescita relativa giornaliera per i parametri di peso e lunghezza, utilizzando la medesima formula riportata nel paragrafo 7.3.2. Il coefficiente medio rilevato per ogni lotto è riportato in tabella 24. La differenza statistica tra le medie è stata verificata attraverso un test t-student bilaterale.

Tabella 24: Coefficienti di crescita relativa giornaliera in peso e lunghezza durante i test.

		Crescita relativa (%/die)		
		ceppo	PT	LT
F.E.M. - IASMA	A	0,792 b	0,232 bc	
	B	0,808 b	0,236 b	
	C	0,769 b	0,219 c	
	D	0,905 a	0,263 a	
	E	0,922 a	0,268 a	
FOGLIO	A	0,757 bc	0,221 b	
	B	0,724 c	0,220 b	
	C	0,779 b	0,221 b	
	D	0,749 bc	0,228 b	
	E	0,865 a	0,261 a	
TAMANINI	A	0,504 d	0,157 d	
	B	0,592 b	0,189 b	
	C	0,542 c	0,170 c	
	D	0,619 a	0,193 ab	
	E	0,616 a	0,196 a	

Gli accrescimenti ponderali sono statisticamente significativi per l'effetto ceppo, come riportato in tabella. Si nota inoltre come il lotto E abbia ottenuto i migliori coefficienti di crescita, in tutti e 3 gli impianti. Il lotto D ha conseguito valori molto simili al ceppo E in 2 impianti, ma ha fatto registrare un valore scarso nel rimanente (Foglio). I lotti A,B e C hanno coefficienti piuttosto simili tra loro, ma nettamente inferiori rispetto ad E. Risultati praticamente speculari sono stati ottenuti per i coefficienti di crescita in lunghezza, dove ancora una volta il lotto E ha i valori migliori in tutti e tre gli impianti, mentre i ceppi A,B e C sono ben distanziati. D mostra lo stesso comportamento registrato per l'accrescimento ponderale, con un rallentamento nell'impianto Foglio.

Una volta ottenuti i coefficienti di incremento per ogni lotto sono state tracciate le curve di crescita teoriche per i confronti entro allevamento. In figura 30 (peso) e 31 (lunghezza) sono rappresentati gli andamenti per l'allevamento F.E.M., nelle figure 32 e 33 per l'allevamento Foglio e nelle figure 34 e 35 per Tamanini.

Figura 30: Accrescimento ponderale dei ceppi presso l'allevamento F.E.M.

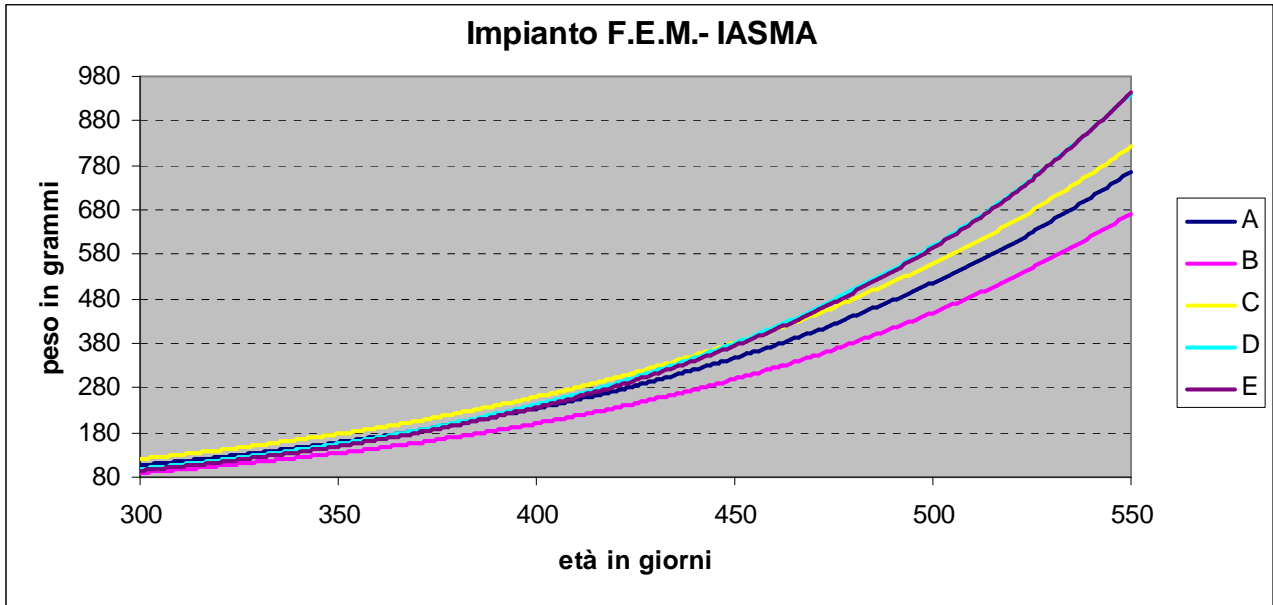


Figura 31: Accrescimento in lunghezza dei ceppi presso l'allevamento F.E.M.

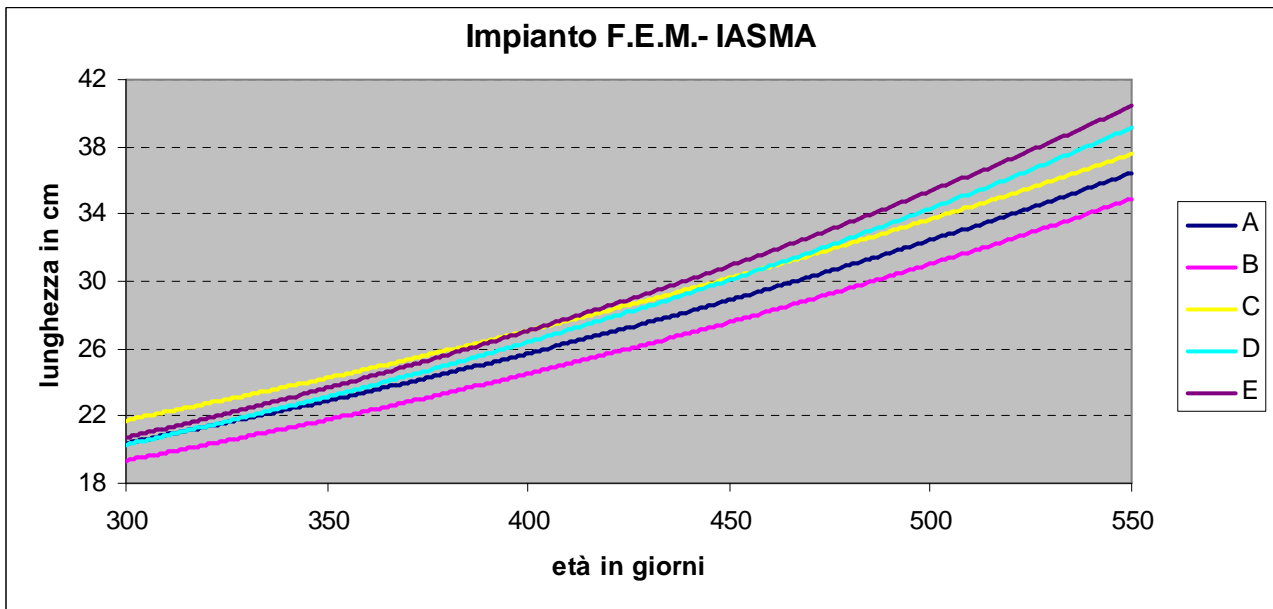


Figura 32: Accrescimento ponderale dei ceppi presso l'allevamento Foglio.

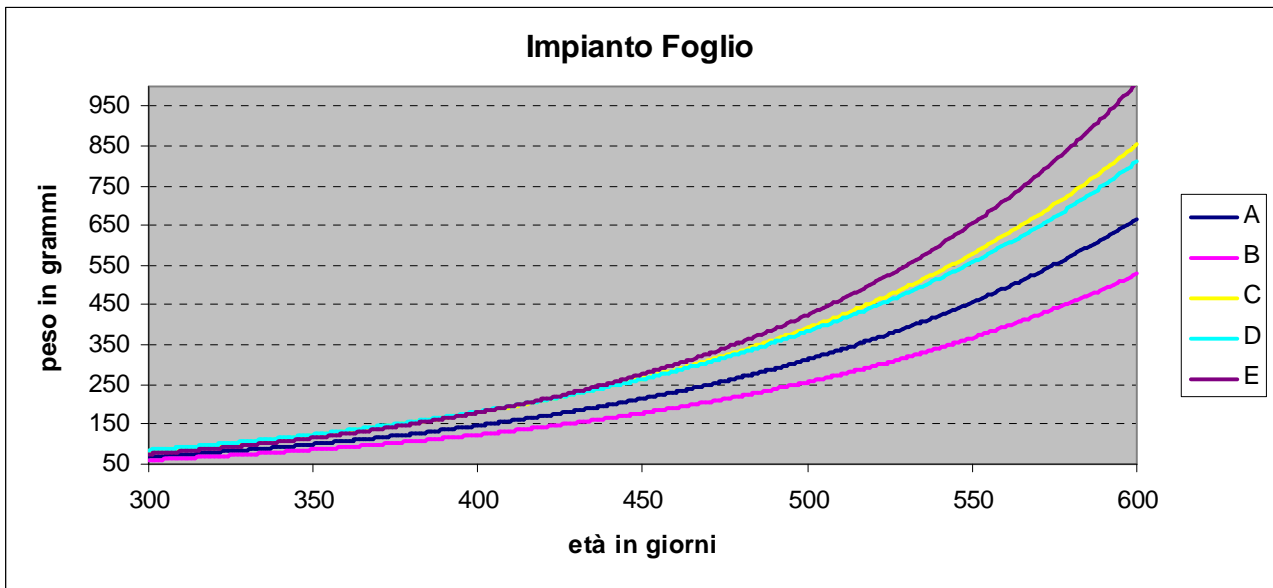


Figura 33: Accrescimento in lunghezza dei ceppi presso l'allevamento Foglio.

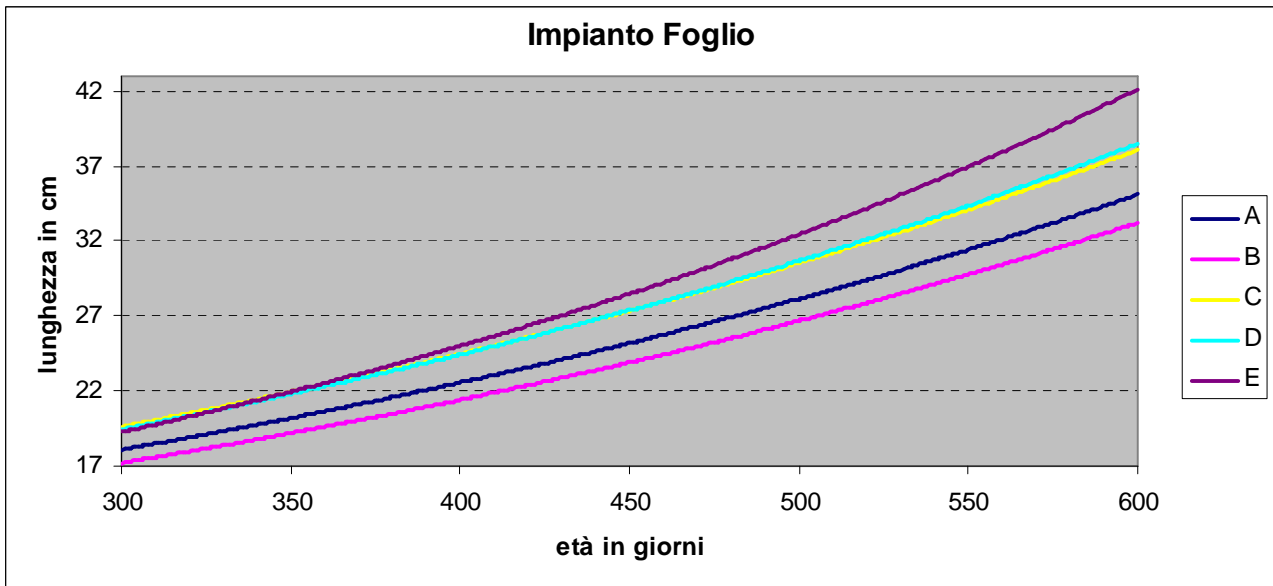


Figura 34: Accrescimento ponderale dei ceppi presso l'allevamento Tamanini.

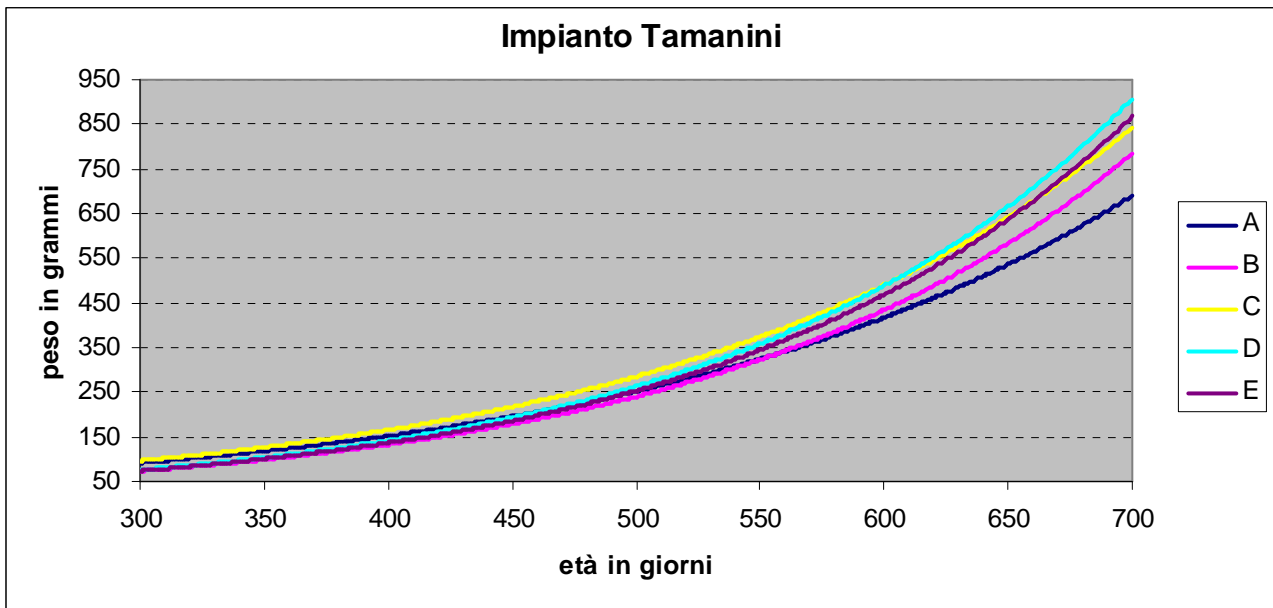
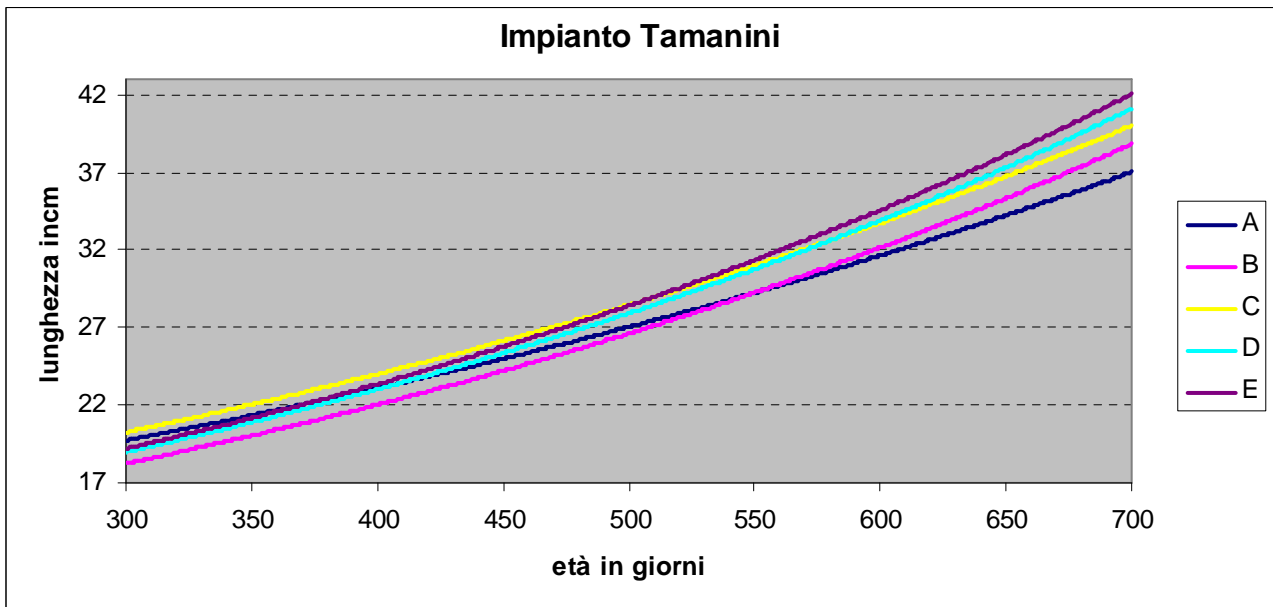


Figura 35: Accrescimento in lunghezza dei ceppi presso l'allevamento Tamanini



Sono stati inoltre calcolati i coefficienti allometrici dei lotti sperimentali, utilizzando la funzione log-lineare:

$$\log Y = a + b \log X$$

derivata dall'equazione di Huxley. Nella formula **b** rappresenta il coefficiente allometrico, mentre **X** e **Y** sono le dimensioni dell'individuo, nel nostro caso il peso e la lunghezza. I valori da noi ottenuti sono riportati nella tabella 25.

Tabella 25: Coefficienti allometrici per tutti i ceppi nei tre impianti.

allometria ceppo	allevamento		
	F.E.M.	Foglio	Tam.
A	3,30 b	3,37 b	3,17 a
B	3,26 b	3,30 c	3,12 b
C	3,42 a	3,48 a	3,17 a
D	3,31 b	3,26 c	3,17 a
E	3,30 b	3,30 c	3,13 b

Il rapporto isometrico tra una dimensione lineare (la lunghezza) ed una cubica (la massa corporea) è di 1/3, ovvero un valore di 0,333. Quindi secondo i dati da noi ottenuti, si nota una sostanziale isoauxesi per la maggior parte dei campioni negli impianti F.E.M. e Foglio, se si eccettua il lotto C che mostra tachiauxesi (valori pari a 3,42 e 3,48 rispettivamente), mentre una bradiauxesi si può notare nell'impianto Tamanini, dove i valori per tutti e cinque i ceppi sono compresi tra 3,12 e 3,17.

6.3.5. Macellazione dei lotti sperimentali: valutazione della carcassa e delle rese

I pesci sono stati macellati a taglie il più possibile simili nei diversi allevamenti. Questa scelta ha comportato una ovvia differenza in età tra i lotti, che va da 527 a 743 giorni, ed un periodo di macellazione compreso tra luglio e febbraio. I lotti dell'impianto F.E.M. sono stati macellati ad un'età media di circa 555 giorni nel periodo estivo (luglio e agosto) in un intervallo di tempo quantificabile in 43 giorni, mentre per i lotti dell'impianto Foglio l'età era di 619 giorni, e la macellazione è stata eseguita nel periodo autunnale (tra settembre e novembre) in una finestra di 50 giorni. Infine da Tamanini le operazioni sono avvenute a 711 giorni di media, in un periodo di 43 giorni e nel periodo invernale (tra dicembre e febbraio).

Nella sottostante tabella 26 sono riportati i principali parametri registrati alla macellazione, separati per allevamento e ceppo. In fondo alla tabella sono riportate le medie della prova sperimentale e le medie dei dati raccolti nelle prove preliminari.

Tabella 26: Principali parametri rilevati alla macellazione su tutti i lotti.

allevamento	lotto	LT (cm)	PT (gr.)	AM (mm)	SM (mm)	K	% scarto testa	% scarto lische	% scarto viscere	resa % carcassa	resa % filetti grzzi	resa % filetti lavorati	% scarto rifilatura
F.E.M.- IASMA	A	35,04	684,48	92,35	44,91	1,58	16,47	14,98	11,24	88,79	57,02	51,67	5,35
FOGLIO	A	35,67	724,60	91,19	45,30	1,58	16,41	14,04	15,37	84,84	53,82	48,77	5,05
TAMANINI	A	36,75	706,06	91,14	43,18	1,40	17,69	15,45	12,75	87,17	53,59	49,43	4,16
F.E.M.- IASMA	B	33,92	664,60	89,36	45,48	1,69	17,38	15,31	11,43	88,73	55,61	51,11	4,50
FOGLIO	B	35,53	701,30	89,16	45,18	1,56	15,73	14,48	16,32	83,82	53,45	49,17	4,29
TAMANINI	B	37,74	794,02	94,94	45,65	1,45	16,08	14,23	13,09	86,65	55,82	50,21	5,62
F.E.M.- IASMA	C	35,55	735,48	93,54	46,26	1,62	17,18	14,05	10,57	89,36	57,89	53,35	4,55
FOGLIO	C	36,90	760,72	90,53	45,87	1,50	15,97	14,40	12,17	87,90	57,27	52,83	4,44
TAMANINI	C	38,20	767,18	93,78	46,00	1,36	17,57	15,40	10,82	89,23	55,93	51,71	4,21
F.E.M.- IASMA	D	34,69	652,98	90,17	44,63	1,55	15,93	15,33	11,05	88,98	57,38	51,68	5,70
FOGLIO	D	37,77	797,54	93,69	47,26	1,46	16,49	15,69	13,19	86,88	54,40	48,90	5,50
TAMANINI	D	38,68	803,94	94,30	46,34	1,38	15,46	14,91	11,71	88,40	57,71	53,12	4,58
F.E.M.- IASMA	E	37,41	753,32	89,24	46,56	1,44	16,41	15,45	9,05	91,00	58,92	54,45	4,47
FOGLIO	E	39,55	873,20	93,51	48,62	1,39	13,48	13,68	11,75	88,39	60,78	55,36	5,42
TAMANINI	E	40,25	822,65	90,46	46,43	1,26	14,90	14,62	13,32	86,65	56,99	51,66	5,33
	media	36,91	749,47	91,82	45,84	1,48	16,21	14,80	12,25	87,79	56,44	51,56	4,88
	ASTRO	39,71	808,92	94,67	46,52	1,29	14,77	15,94	12,92	87,13	56,30	50,94	5,36

6.3.5.1. L'effetto dell'allevamento

L'effetto allevamento è stato valutato eseguendo un ANCOVA, covariando quindi i dati al peso medio (PT=749.74 grammi). Come si può vedere nella tabella sottostante (tab. 27) esistono differenze statistiche significative (A,B $p < 0,01$) per tutti i parametri considerati. Interessante inoltre notare come nell'impianto F.E.M., dove i pesci sono stati macellati più precocemente rispetto agli altri allevamenti, tutti i parametri di resa alla trasformazione sono superiori. Dal punto di vista biometrico pur essendo i pesci più piccoli, presentano un indice di corposità (K), un'altezza (AM) e spessore del tronco (SM) elevati. Queste caratteristiche delineano quindi una conformazione del pesce più tozza e meno idrodinamica. L'esatto contrario di quanto rilevato nell'impianto Tamanini, dove i parametri morfometrici descrivono un pesce più affusolato, ma il deficit in massa muscolare va a discapito delle rese produttive, che fanno segnare quasi un -2% in filetto lavorato. Il terzo impianto fa registrare valori in una fascia intermedia tra i due antagonisti, eccettuato per il peso delle viscere, dove con 102 grammi di media, l'impianto Foglio risulta essere nettamente il più elevato. Un peso del pacchetto viscerale proporzionalmente così elevato può essere attribuito ad una maggiore adiposità periviscerale oppure allo sviluppo delle gonadi, che solitamente coincide con il periodo autunnale-invernale.

Tabella 27: Dati covariati, effetto allevamento.

allevamento	LT (cm)	AM (mm)	SM (mm)	indice K	resa % carcassa	peso viscere (gr.)	resa % filetto grezzo	resa % filetto
F.E.M.- IASMA	36,04 C	93,14 A	46,63 A	1,59 A	89,30 A	81,10 C	57,88 A	52,83 A
FOGLIO	36,66 B	90,69 C	46,00 B	1,49 B	86,38 C	102,26 A	55,70 B	50,82 B
TAMANINI	37,92 A	91,67 B	44,91 C	1,36 C	87,63 B	92,73 B	55,70 B	51,00 B

6.3.5.2. L'effetto del ceppo

I parametri per l'effetto ceppo sono stati sempre analizzati covariando i dati per il peso medio dell'individuo. Le differenze tra i lotti sperimentali risultano anch'esse significative (tab. 28). In questo caso il ceppo E ha fatto registrare i valori migliori in termini di resa produttiva, con una resa in filetto superiore al 53%, come anche una resa in carcassa prossima all'89%. Valori molto simili li ottiene anche il ceppo C, ma paga quasi un 1% sulla resa in filetto lavorato. In controtendenza rispetto a quanto mostrato nell'analisi precedente (effetto allevamento), nonostante il ceppo E abbia un indice K ed un'altezza massima del tronco (AM) ridotti, ed in contrapposizione una lunghezza lineare massima, con delle forme idrodinamiche ottiene i risultati migliori in resa (+3%) alla filettatura, rispetto ai ceppi più tozzi (A e B).

Tabella 28: Dati covariati, effetto ceppo.

ceppo	LT (cm)	AM (mm)	SM (mm)	indice K	resa % carcassa	peso viscere (gr.)	resa % filetto grezzo	resa % filetto
A	36,43 c	93,48 a	45,39 b	1,53 b	86,85 c	98,69 b	55,21 c	50,24 d
B	36,15 c	92,41 b	46,04 a	1,57 a	86,30 c	102,90 a	55,23 c	50,36 d
C	36,82 b	92,42 b	45,95 a	1,50 c	88,84 a	83,79 d	56,98 b	52,59 b
D	37,02 b	92,65 b	46,04 a	1,46 d	88,09 b	90,26 c	56,48 b	51,22 c
E	38,14 a	88,22 c	45,83 a	1,34 e	88,78 a	84,52 d	58,23 a	53,34 a

6.3.6. Macellazione dei lotti sperimentali: valutazione del trancio

L'analisi dei valori biometrici registrati sul trancio ha seguito le stesse impostazioni generali utilizzate in precedenza. Le differenze sono state valutate sia per allevamento sia per lotto, ma considerando anche il diverso contributo apportato dagli individui dei due sessi. I lotti sperimentali B ed E erano costituiti da individui di solo sesso femminile, mentre A,C e D erano composti da individui di entrambi i sessi. Nelle operazioni di misurazione biometrica sul trancio è stato possibile sessare gli individui che componevano ogni campione. Così facendo è stato possibile affinare la nostra analisi statistica. In tabella 29 sono riportati i principali dati grezzi da noi rilevati alla macellazione e gli indici biometrici calcolati sui principali organi e tessuti del pacco viscerale.

Tabella 29: Dati grezzi dei lotti per l'analisi del trancio.

allevamento	lotto	PT (gr.)	SM (mm)	AF (mm)	SV (mm)	PV tot (gr.)	IV	IE	IG	Igr
F.E.M.- IASMA	A	566.27	39.17	39.90	7.10	63.52	11.34	0.93	1.21	8.28
FOGLIO	A	734.62	43.13	39.50	5.78	106.70	14.57	1.44	4.82	7.79
TAMANINI	A	605.29	38.70	38.40	5.65	62.68	10.35	1.36	3.24	4.94
F.E.M.- IASMA	B	661.67	42.25	53.78	7.48	72.80	10.85	1.07	1.46	7.90
FOGLIO	B	682.58	42.83	38.35	6.55	108.40	15.74	1.61	6.21	7.45
TAMANINI	B	826.12	45.38	42.02	6.37	115.70	14.18	1.09	2.63	9.88
F.E.M.- IASMA	C	644.01	41.27	41.73	7.15	73.41	11.42	0.92	1.45	7.75
FOGLIO	C	768.05	43.52	41.15	6.60	90.35	11.58	1.18	3.12	6.80
TAMANINI	C	722.57	42.20	40.63	6.10	78.98	11.03	1.17	2.13	7.06
F.E.M.- IASMA	D	577.20	39.53	39.60	7.50	65.30	11.30	0.95	1.19	8.04
FOGLIO	D	792.68	43.88	40.97	6.50	102.93	12.94	1.32	3.74	7.58
TAMANINI	D	705.26	42.18	39.92	6.72	76.81	10.79	1.21	2.15	6.67
F.E.M.- IASMA	E	674.55	43.08	40.07	8.42	62.63	9.12	0.91	0.70	6.97
FOGLIO	E	743.51	41.87	39.16	7.11	81.95	10.85	1.15	1.30	7.76
TAMANINI	E	773.96	43.55	39.27	5.97	107.25	13.90	1.31	3.13	8.62
	media	698.55	42.17	40.96	6.73	84.63	12.00			
	ASTRO	813.92	43.82	42.73	6.94	103.90	12.71			

6.3.6.1. L'effetto dell'allevamento

In primis è stato valutato l'effetto allevamento (tabella 30), analizzando il pool di individui tutti assieme, e covariando i dati al peso corporeo medio di 702,15 grammi. Come registrato in precedenza per le biometrie sul pesce intero, l'allevamento F.E.M. ha ottenuto i valori più elevati per lo spessore del tronco (SM), ma anche per lo spessore della muscolatura dorsale (AF) e del pannicolo ventrale (SV). Gli altri due impianti riportano valori inferiori per i parametri citati sopra. La situazione si capovolge analizzando invece il pacchetto viscerale. L'impianto Foglio ha ottenuto i valori più elevati per il peso delle viscere (come già evidenziato per l'analisi della carcassa) e per i principali indici somatici. In particolare un valore elevato di IG (indice gonado-somatico) ed un contemporaneo valore contenuto per l'indice di adiposità periviscerale (IGr), confermano l'ipotesi che il periodo di macellazione nell'impianto in questione è coincisa con il periodo di sviluppo delle gonadi e di maturazione sessuale. Escludendo in seguito dall'analisi tutti gli individui maschi ed eseguendo nuovamente un ANCOVA (PT=711,86 grammi), si è voluto verificare se la presenza di entrambi i sessi solo in alcuni lotti, abbia potuto influenzare l'analisi di alcuni parametri. In effetti, negli impianti in cui la macellazione è stata temporalmente più avanzata, gli individui di sesso maschile hanno livellato verso il basso la media di determinati parametri. Bisogna tuttavia tenere conto che l'analisi è stata effettuata covariando per un peso superiore a quello precedente (+9,71 grammi), quindi aggiustamenti minimi sono presenti in tutte le variabili.

Tabella 30: Dati covariati, effetto allevamento sul trancio.

	conferitore	SM (mm)	AF (mm)	SV (mm)	Peso viscere (gr.)	IV	IE	IG	IGr
tutti i ceppi	F.E.M.- IASMA	42,73 a	41,76 a	7,86 a	77,78 c	10,96 c	0,97 c	1,20 c	7,93 a
	FOGLIO	42,14 b	38,96 c	6,31 b	93,05 a	13,15 a	1,35 a	3,97 a	7,35 b
	TAMANINI	41,88 b	39,55 b	6,06 c	85,17 b	12,03 b	1,22 b	2,69 b	7,38 b
solo ♀	F.E.M.- IASMA	42,94 a	41,90 a	7,83 a	78,10 b	10,75 b	1,02 c	0,67 b	8,21
	FOGLIO	42,47 ab	38,86 b	6,37 b	96,51 a	13,49 a	1,55 a	3,91 a	7,63
	TAMANINI	42,24 b	38,68 b	5,75 c	95,49 a	13,51 a	1,24 b	3,48 a	8,12
solo ceppi misti	F.E.M.- IASMA	41,96 a	42,26 a	7,69 a	78,09 b	11,42 b	0,94 b	1,35 c	8,07 a
	FOGLIO	41,69 a	38,80 c	5,87 b	91,19 a	13,15 a	1,32 a	4,14 a	7,22 b
	TAMANINI	41,17 b	39,75 b	6,18 c	73,82 a	10,76 b	1,25 a	2,53 b	6,24 c

Negli impianti dove la macellazione è avvenuta durante la stagione riproduttiva, l'allontanamento dei maschi ha causato un netto aumento del peso delle viscere (mediamente +3,46 g in autunno e +10,32 g in inverno) e di conseguenza dell'indice viscerosomatico. L'indice gonado-somatico ha invece un comportamento diverso, diminuisce nell'impianto F.E.M., probabilmente perché i maschi avevano maturato le gonadi precocemente, rimane invariato nell'impianto Foglio, ed aumenta in

Tamanini, poiché in proporzione i sacchi ovarici maturi sono dimensionalmente e ponderalmente maggiori rispetto ai testicoli.

L'ultimo test è stato eseguito escludendo dalle analisi i ceppi B ed E composti da sole femmine. Questa procedura ci ha permesso di ristabilire la normale sex-ratio nel pool di individui, passando da 310♀ contro 128♂ a 130♀ contro 128♂, bilanciando in questo modo il contributo di entrambi i sessi. Così facendo i dati sono stati covariati al peso di 684,05 grammi, ed i parametri che nuovamente hanno risentito del riassortimento dei campioni sono stati: il peso delle viscere e l'indice viscerale principalmente, che si sono comportati in maniera antagonista all'elaborazione precedente, diminuendo sensibilmente (-1,86 g e -1,35 g rispettivamente), e dimostrando in questo modo che il pacchetto viscerale delle femmine mature è proporzionalmente più pesante. Cambia inoltre lo spessore massimo del tronco (SM), in quanto i maschi tendono ad avere una sezione toracica più schiacciata sull'asse dorso-ventrale rispetto alle femmine. Da notare infine la diminuzione dell'indice di adiposità nell'impianto Tamanini, dove la macellazione è stata nel periodo invernale, che conferma la perdita di peso più evidente negli individui di sesso maschile, concomitante con il digiuno della fase nuziale.

6.3.6.2. L'effetto del ceppo

La stessa procedura è stata eseguita per la successiva analisi dell'effetto ceppo (tabella 31). Così raggruppati i dati hanno mascherato l'effetto della macellazione stagionale, legata più agli impianti che ai ceppi di trota stessi. Nell'analisi della covarianza per il pool completo di individui si nota come il ceppo B faccia registrare i valori più elevati per la maggior parte dei parametri esaminati, esclusi AF ed SV. Di nota soprattutto il peso delle viscere, +10 grammi rispetto al secondo e +16 rispetto all'ultimo, come anche per gli indici gonado-somatico e di adiposità. Escludendo poi dall'analisi gli individui maschi si nota subito come i principali parametri (peso viscere, IV, IG e IGr) varino maggiormente nei lotti promiscui, e come il lotto A risenta maggiormente di questa variazione rispetto agli altri due ceppi. Questa netta differenza è data da una diversa proporzione di femmine e maschi nel campionamento di questo lotto e precisamente 40♀: 48♂ contro 52♀: 33♂ del ceppo C e 38♀: 43♂ del lotto D. Questo discostamento dalla sex-ratio è data solamente dalla casualità dei campionamenti nei vari impianti.

Tabella 31: Dati covariati, effetto allevamento sul trancio.

	ceppo	SM (mm)	AF (mm)	SV (mm)	Peso viscere (gr.)	IV	IE	IG	IGr
tutti i ceppi	A	41,77 c	40,60 a	6,44 c	86,65 b	12,23 b	1,27 a	3,14 ab	7,06 c
	B	43,04 a	39,64 b	6,71 bc	96,27 a	13,57 a	1,25 a	3,45 a	8,38 a
	C	42,11 bc	40,91 a	6,56 c	80,47 c	11,45 bc	1,09 b	2,35 bc	7,22 bc
	D	42,10 bc	40,38 a	6,96 ab	83,01 bc	11,72 bc	1,17 ab	2,47 bc	7,37 bc
	E	42,24 b	38,94 c	7,04 a	80,29 c	11,26 c	1,12 b	1,69 c	7,77 b
solo ♀	A	42,22 b	39,30 bc	5,95 c	100,27 a	14,16 a	1,50 a	3,93 a	8,06 ab
	B	43,25 a	39,84 b	6,75 b	97,45 a	13,58 a	1,25 ab	3,45 a	8,39 a
	C	42,50 b	40,98 a	6,57 b	81,33 c	11,42 bc	1,18 bc	1,77 b	7,63 b
	D	42,32 b	39,79 bc	6,89 ab	89,67 b	12,50 b	1,29 b	2,59 ab	8,08 ab
	E	42,46 b	39,14 c	7,08 a	81,44 c	11,27 c	1,12 c	1,70 b	7,78 b
solo ceppi misti	A	41,42	40,21 ab	6,38 b	84,31 a	12,23 a	1,27 a	3,17 a	7,04
	C	41,67	40,65 a	6,50 b	77,47 b	11,31 b	1,06 b	2,36 b	7,07
	D	41,72	39,94 b	6,85 a	81,32 ab	11,79 ab	1,18 a	2,48 b	7,42

Un altro dato interessante è rappresentato dagli indici gonado-somatici, che permettono di capire se il ceppo ha una stagione riproduttiva prevalentemente autunnale o invernale. Il ceppo A ha l'indice con grado più elevato e risulta quindi un numero maggiore di femmine mature, il ceppo E invece mostra l'indice più contenuto, quindi prevalgono le femmine immature. Nell'ultimo step sono stati allontanati i ceppi B ed E, composti da sole femmine. Questa operazione ribilancia il nostro modello statistico, e permette di correggere la previsione di accrescimento che influisce principalmente solo sul peso delle viscere di ciascun lotto, ribadendo il concetto che i soggetti maschi hanno un pacco viscerale meno pesante delle femmine. In questa operazione si può notare come le differenze in spessore massimo (SM) e indice di grasso (IGr) perdano la significatività statistica.

6.3.6.3. L'effetto del sesso

Poiché la macellazione in periodi ed a età diverse può influenzare rese e biometrie del pesce, per una questione legata alla maturazione sessuale e all'insorgere dei caratteri sessuali secondari, sono state eseguite delle analisi aggiuntive per valutare l'effetto del sesso su alcuni parametri. Le variabili analizzate sono ancora una volta quelle del trancio, dove gli individui campionati sono stati sessati in maniera univoca. L'analisi della covarianza è stata eseguita al peso totale medio di 684,05 grammi, eseguendo l'analisi sul pool composto dai soli lotti A, C e D, che possedevano sia individui maschi che femmine. I dati sono riportati in tabella 32.

Tabella 32: Dati covariati, effetto sesso sul trancio.

sexo	SM (mm)	AF (mm)	SV (mm)	Peso viscere (gr.)	IV	IE	IG	IGr
♀	41,76	39,64	6,40	85,67	12,49	1,31	2,66	7,83
♂	41,46	40,90	6,76	76,40	11,06	1,03	2,69	6,53
significatività	n.s.	<0,0001	0,0018	<0,0001	<0,0001	<0,0001	n.s.	<0,0001

Anche in questo caso la maggior parte dei parametri rilevati differiscono in maniera significativa tra i sessi. Come già evidenziato più volte nelle analisi precedenti i parametri che maggiormente risentono dell'effetto sesso sono il peso del pacchetto viscerale e quindi l'indice viscerosomatico, l'indice epato-somatico e l'indice di adiposità viscerale che sono inferiori nel maschio rispetto alla femmina. Nessuna influenza è invece segnalata per l'indice gonado-somatico e per lo spessore massimo del tronco (SM).

6.4. L'analisi morfometrica dei lotti

Le analisi riportate qui di seguito sono state condotte sul pool di pesci utilizzati durante i test zootecnici, ed avevano lo scopo di capire se la morfometria geometrica potesse essere uno strumento in grado di discriminare ceppi diversi, se l'allevamento avesse effetto sulla morfologia del pesce e se si potesse in qualche modo correlare i dati fenotipici, genotipici e rese produttive con la morfometria stessa.

6.4.1. Analisi dell'errore di digitalizzazione

L'errore dovuto all'errato posizionamento dei *landmark* rispetto alla variabilità dei parametri di *size* (dimensione) e di *shape* (forma) dei pesci è stato valutato su di un campione 45 individui, su cui l'operazione di posizionamento è stata eseguita 4 volte a distanza di una settimana una dall'altra. La *centroid size*, ovvero la radice quadrata della somma delle distanze al quadrato di ogni *landmark* dal centroide (x;y) del proprio campione, solitamente non è correlata con le variabili della *shape*, in particolar modo quando i *landmark* sono distribuiti omogeneamente attorno alla propria media in tutte le direzioni, per questo motivo può essere definita come l'effettiva misura di una dimensione. La *shape* invece è data da una configurazione geometrica spaziale, definita dalle distanze di Procrustes, che non viene influenzata dagli effetti di posizione, rotazione e dimensione. L'esecuzione di un ANOVA sui dati ha evidenziato come l'errore di digitalizzazione risulti trascurabile in relazione alla variabilità individuale sia per il parametro della *size* (tab. 33) sia per quello della *shape* (tab. 34). In entrambi i casi, infatti, il test F (Goddall's F test) è statisticamente significativo.

Tabella 33: Stima dell'errore per la *centroid size*, rispetto all'individuo.

Centroid Size:					
Effetto	SS	MS	df	F	P (param.)
Individuo	3090,950499	70,248875	44	64,83	<0,0001
Residui	146,288346	1,083617	135		

Tabella 34: Stima dell'errore per la *shape*, rispetto all'individuo.

Shape, Procrustes ANOVA:							
Effetto	SS	MS	df	F	P (param.)	Pillai tr.	P (param.)
Individuo	0,3669243	0,00021945	1672	53,66	<0,0001	25,91	<0,0001
Residui	0,02098003	0,00000409	5130				

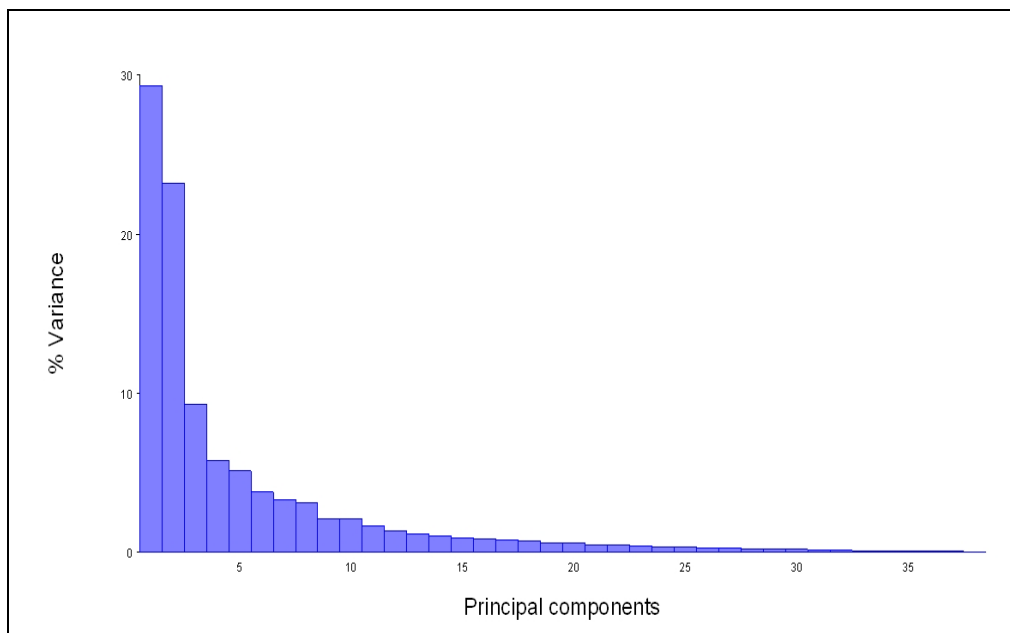
6.4.2. Analisi delle componenti principali (PCA)

Il passo successivo è stato quello di costruire una matrice di covarianza ed eseguire quindi un'analisi delle componenti principali. L'analisi delle componenti principali è una procedura esplorativa di dati multivariati che consente l'ordinamento multidimensionale di oggetti mediante un'efficace estrazione della varianza (Podani, 2007). Nella nostra analisi il contributo dalle prime due componenti alla varianza è più del 50%, e più precisamente da PC1 per il 29,35% e da PC2 per il 23,20% contro un 9% di PC3 come riportato in tabella 35 e rappresentato in figura 36.

Tabella 35: Valori delle prime 10 PCs.

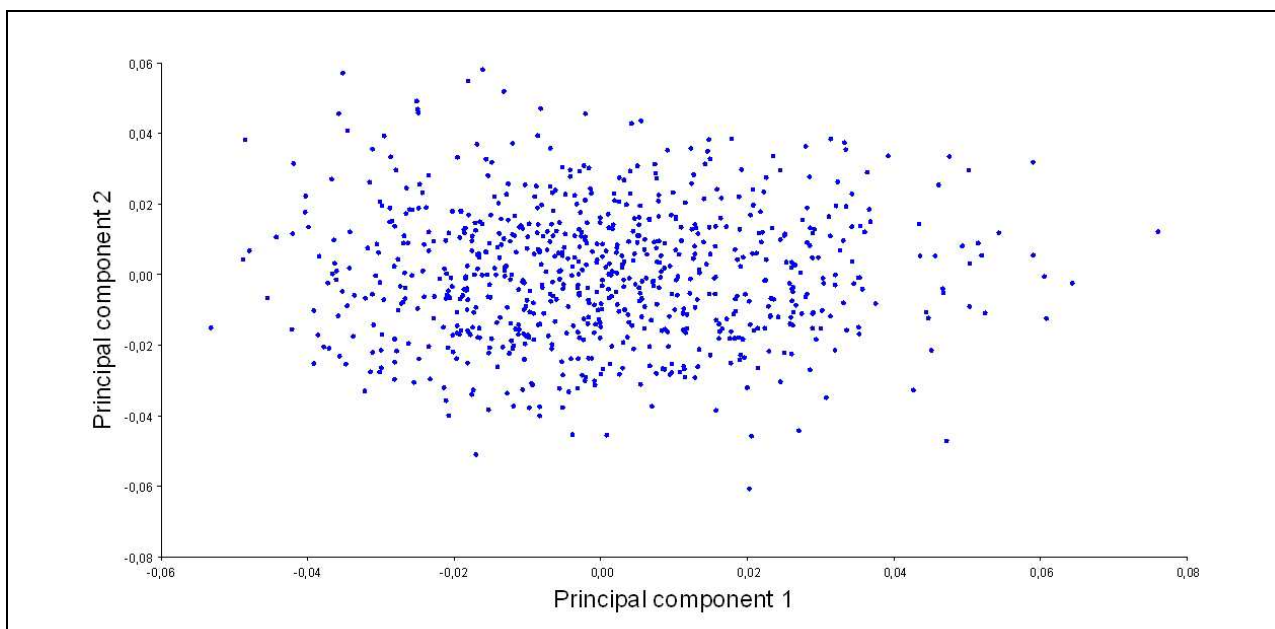
PCs	Autovalori	% Varianza	% Cumulata
1	0,00044385	29,349	29,349
2	0,00035099	23,208	52,557
3	0,00014056	9,294	61,852
4	0,00008701	5,753	67,605
5	0,00007695	5,088	72,693
6	0,00005711	3,776	76,469
7	0,00005003	3,308	79,777
8	0,00004678	3,093	82,87
9	0,00003187	2,107	84,977
10	0,00003129	2,069	87,046

Figura 36: Percentuale di varianza spiegata dalle PCs.



Una rappresentazione grafica dell'analisi delle componenti principali sui dati morfometrici, rispettivamente per la prima e seconda componente è invece visibile in figura 37.

Figura 37: distribuzione degli individui secondo i due assi principali (PC1 e PC2).



La variazione in *shape* lungo gli assi principali è rappresentata graficamente nelle figure 38 e 39. L'evidente spostamento del *landmark* 1 (punta del muso) ed il suo distanziamento dal 2 (posizione del bulbo oculare) rappresenta senza dubbio un allungamento del becco, mentre lo spostamento del punto 9 verso l'11 indica sì un aumento dell'altezza del tronco, ma contemporaneamente una conformazione più idrodinamica, spostandosi posteriormente verso l'attacco della pinna dorsale

(11). Quindi si può nel complesso descrivere il cambiamento nella forma della parte anteriore del tronco come il passaggio da una forma semi-ellittica ad una triangolare. Nella parte posteriore assistiamo invece ad un leggero accorciamento del piano caudale ed un irrobustimento del tronco. La descrizione del secondo asse di variazione risulta più semplice e rappresenta nel suo insieme un passaggio da una configurazione più tozza ad una più affusolata.

Figura 38: Variazioni morfologiche lungo l'asse PC1.

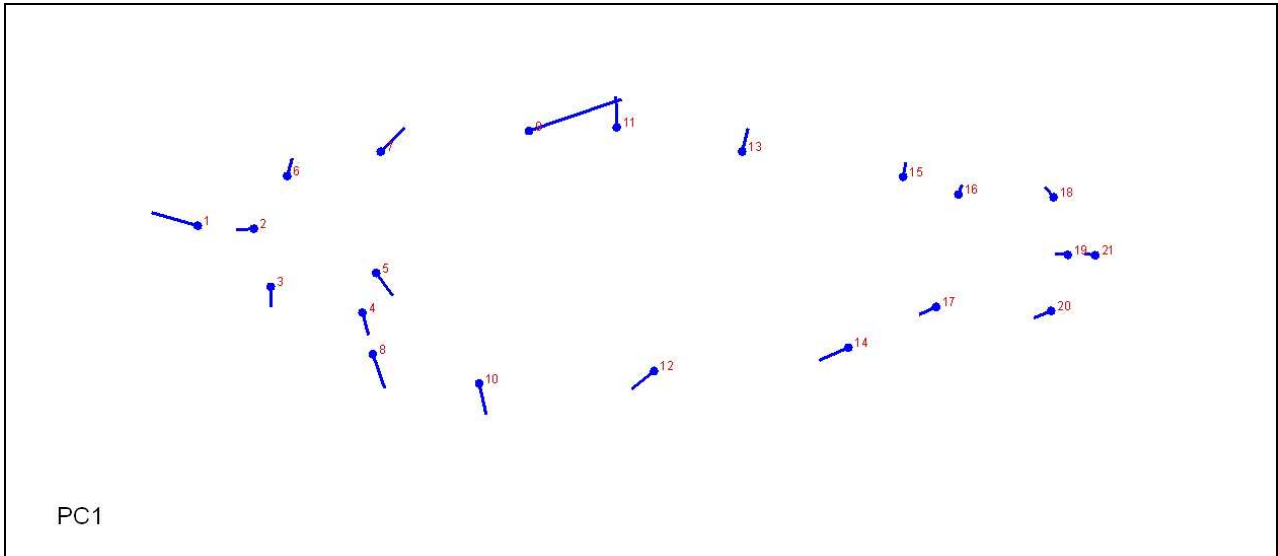
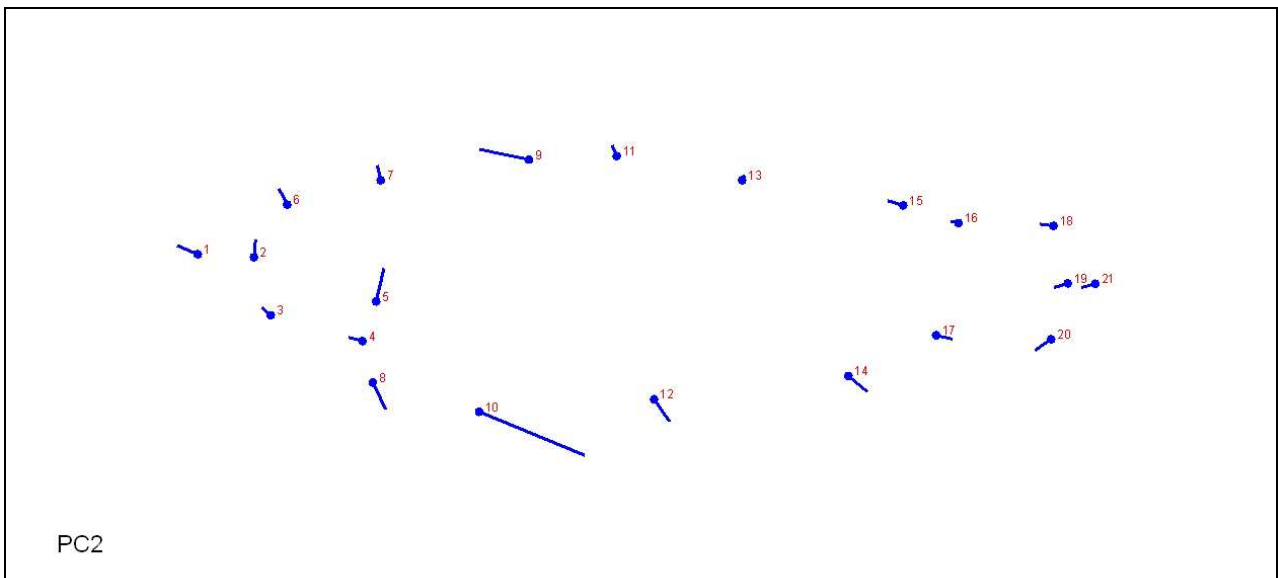


Figura 39: Variazioni morfologiche lungo l'asse PC2.



6.4.3. Analisi delle variabili canoniche (CVA)

L'analisi canonica è un metodo di ordinamento che partendo da una classificazione effettuata a priori ci permette di massimizzare le varianze tra gruppi e minimizzare le varianze entro gruppo (Podani, 2007). L'analisi è stata condotta classificando i nostri campioni per allevamento, per ceppo e per sesso e reiterando l'analisi per ogni effetto ed eventualmente per le loro interazioni.

6.4.3.1. L'effetto allevamento

L'analisi è stata effettuata valutando inizialmente l'effetto allevamento, nelle tabelle sottostanti sono riportate le distanze tra gruppi secondo il metodo di Mahalanobis (tab. 36) e Procuste (tab. 37) e le relative significatività statistiche.

Tabella 36: Distanze di Mahalanobis tra gruppi.

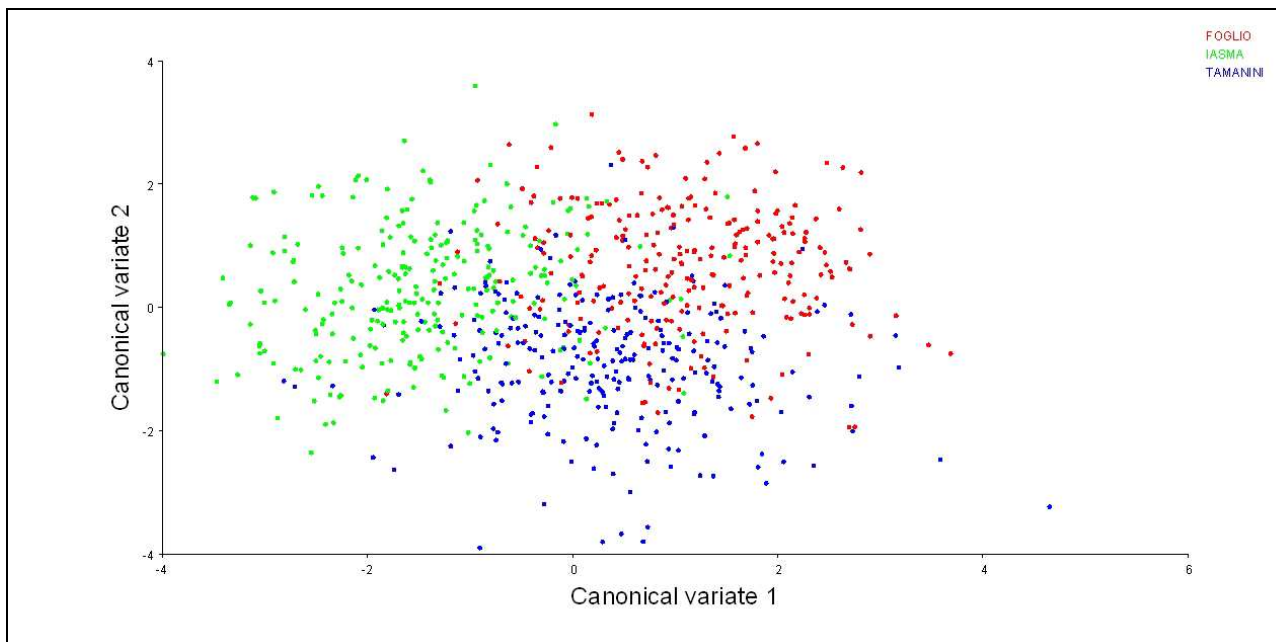
Distanza di Mahalanobis tra gruppi:		
	FOGLIO	FEM-IASMA
FEM-IASMA	2,5929	
TAMANINI	1,7694	2,1812
P-values con permutation tests:		
	FOGLIO	FEM-IASMA
FEM-IASMA	<0,0001	
TAMANINI	<0,0001	<0,0001

Tabella 37: Distanze di Procuste tra gruppi.

Distanza di Procuste tra gruppi:		
	FOGLIO	FEM-IASMA
FEM-IASMA	0,0108	
TAMANINI	0,0117	0,0088
P-values con permutation tests:		
	FOGLIO	FEM-IASMA
FEM-IASMA	<0,0001	
TAMANINI	<0,0001	<0,0001

Come si può notare le differenze tra allevamenti sono significative, quindi ci sono differenze consistenti negli individui raggruppati per allevamento. Graficamente (fig. 40) si può notare una discreta risoluzione tra i tre allevamenti, rappresentati in 3 colori differenti. Le variazioni morfologiche sull'asse orizzontale possono essere attribuite ad un effetto "maturazione" con gli individui a sinistra che rappresentano gli individui più giovani mentre quelli più a destra gli individui maturi, con i caratteri sessuali secondari ben definiti. L'asse di variazione secondario identifica invece delle variazioni nella condizione fisiologica del pesce, da una conformazione più slanciata ed affusolata avvicinandosi verso l'asse ad una più robusta e tozza allontanandosi da esso.

Figura 40: CVA per l'effetto allevamento.



Allevamenti: FOGLIO, F.E.M.-IASMA, TAMANINI.

6.4.3.2. L'effetto ceppo

Sono stati quindi rivisti i raggruppamenti e ridistribuiti gli individui secondo la loro appartenenza al ceppo. Anche in questo caso nelle tabelle sono riportate le distanze secondo il metodo di Mahalanobis e Procuste e le relative significatività statistiche (rispettivamente tab. 38 e tab. 39). Anche in questo caso le distanze morfologiche tra gruppi sono tutte altamente significative.

Tabella 38: Distanze di Mahalanobis tra gruppi.

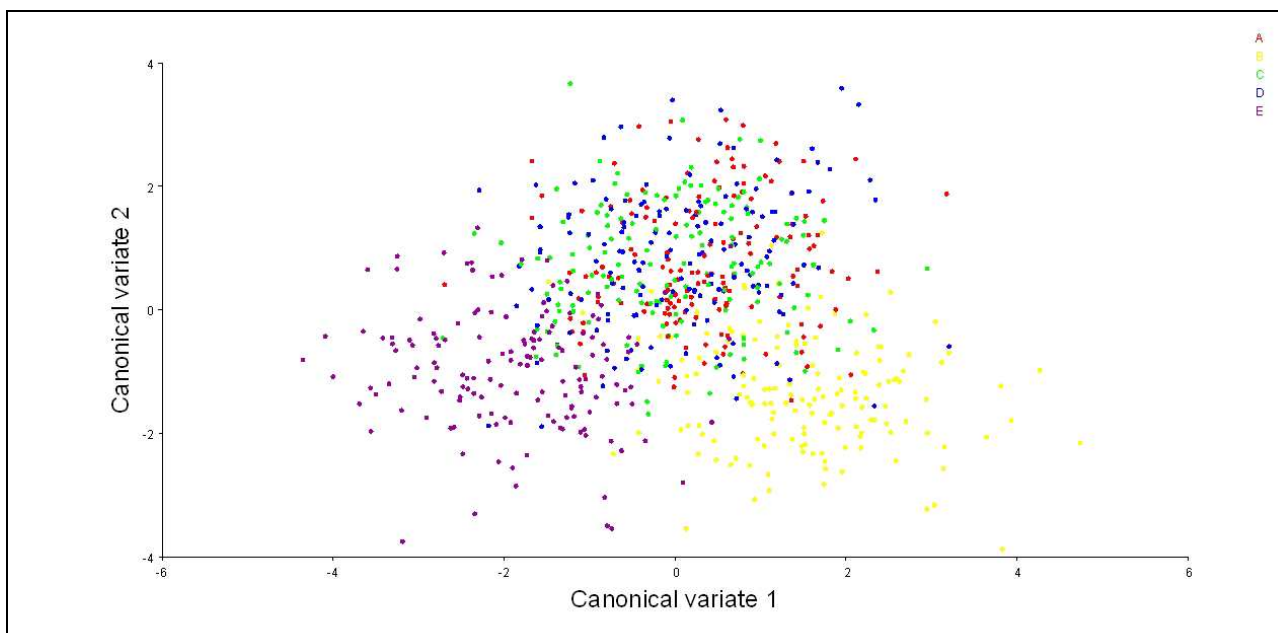
Distanza di Mahalanobis tra gruppi:				
	A	B	C	D
B	2,6739			
C	1,5971	2,7061		
D	1,9747	2,8121	1,7327	
E	2,9267	3,3883	2,6334	2,8429
P-values con permutation tests:				
	A	B	C	D
B	<0,0001			
C	<0,0001	<0,0001		
D	<0,0001	<0,0001	<0,0001	
E	<0,0001	<0,0001	<0,0001	<0,0001

Tabella 39: Distanze di Procuste tra gruppi.

Distanza di Procuste tra gruppi:				
	A	B	C	D
B	0,0182			
C	0,0111	0,0184		
D	0,0135	0,0207	0,0089	
E	0,0303	0,0311	0,025	0,0223
P-values con permutation tests:				
	A	B	C	D
B	<0,0001			
C	<0,0001	<0,0001		
D	<0,0001	<0,0001	0,0015	
E	<0,0001	<0,0001	<,00001	<0,0001

La rappresentazione cartesiana (fig. 41) ci aiuta ancora una volta a descrivere la variazione morfologica. Ogni colore contraddistingue un ceppo, ed ogni punto rappresenta un individuo. In questo caso risulta evidente come i ceppi E e B si distanziano in maniera evidente dal gruppo A,C,D. sull'asse verticale, quindi come l'asse secondario (CV2) discrimini gruppi di individui composti da sole femmine (*shape* femminile) da gruppi a sesso misto (*shape* mediata tra maschi e femmine). L'asse di variazione principale invece descrive ancora una volta quello che in termini biometrici potremmo definire l'indice di corposità, ovvero spostandoci sull'asse principale da valori negativi a positivi la *shape* passa da una conformazione più idrodinamica ad una più tozza.

Figura 41: CVA per l'effetto ceppo.



Ceppi: A, B, C, D, E.

6.4.3.3. Interazione sesso per allevamento

E' stata quindi valutata l'interazione tra gli effetti allevamento e sesso, questo per vagliare l'ipotesi di un influenza stagionale sulle macellazioni nei 3 impianti. Gli individui sono stati sessati fenotipicamente utilizzando le immagini digitali, ed eliminando gli individui in cui l'attribuzione risultava ambigua, mantenendo comunque l'appartenenza all'allevamento. Qui sotto in tabella 40 e 41 sono riportate distanze e significatività.

Tabella 40: Distanze di Mahalanobis tra gruppi.

Distanza di Mahalanobis tra gruppi:					
	FOGLIO/F	FOGLIO/M	IASMA/F	IASMA/M	TAMANINI/F
FOGLIO/M	2,9658				
IASMA/F	2,7426	3,6215			
IASMA/M	3,5539	3,0491	2,4352		
TAMANINI/F	1,6498	3,3169	2,2187	3,4263	
TAMANINI/M	5,1183	3,8772	4,723	4,2486	4,6919
P-values con permutation tests:					
	FOGLIO/F	FOGLIO/M	IASMA/F	IASMA/M	TAMANINI/F
FOGLIO/M	<0,0001				
IASMA/F	<0,0001	<0,0001			
IASMA/M	<0,0001	<0,0001	<0,0001		
TAMANINI/F	<0,0001	<0,0001	<0,0001	<0,0001	
TAMANINI/M	<0,0001	<0,0001	<0,0001	<0,0001	<0,0001

Tabella 41: Distanze di Procuste tra gruppi.

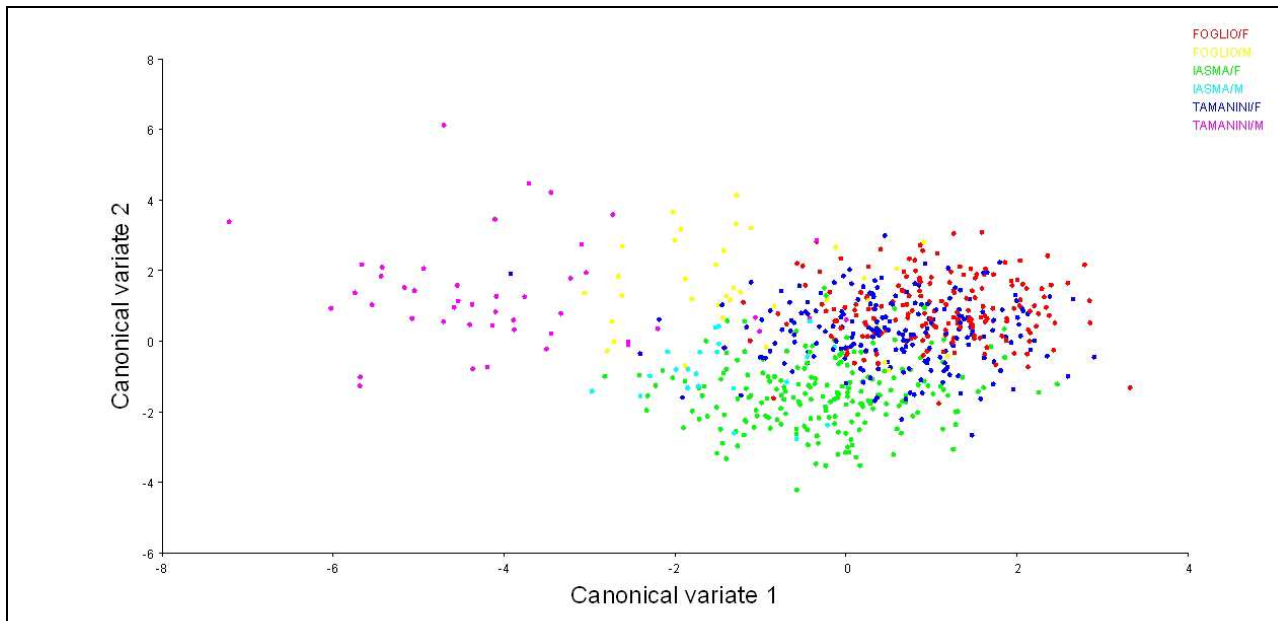
Distanza di Procuste tra gruppi:					
	FOGLIO/F	FOGLIO/M	IASMA/F	IASMA/M	TAMANINI/F
FOGLIO/M	0,0219				
IASMA/F	0,0107	0,0227			
IASMA/M	0,0232	0,0176	0,0192		
TAMANINI/F	0,0104	0,0241	0,0075	0,0205	
TAMANINI/M	0,0434	0,0278	0,0412	0,0287	0,0409
P-values con permutation tests:					
	FOGLIO/F	FOGLIO/M	IASMA/F	IASMA/M	TAMANINI/F
FOGLIO/M	<0,0001				
IASMA/F	<0,0001	<0,0001			
IASMA/M	<0,0001	0,0065	0,0004		
TAMANINI/F	<0,0001	<0,0001	0,0014	0,0001	
TAMANINI/M	<0,0001	<0,0001	<0,0001	<0,0001	<0,0001

Ancora una volta le differenze tra gruppi sono significative. Morfologicamente maschi e femmine differiscono nei vari allevamenti.

La sottostante figura 42 ci permette quindi di valutare lo sviluppo dei caratteri sessuali secondari per maschi e femmine in base all'allevamento, e quindi alla stagione in cui sono stati campionati: estate per F.E.M., autunno per Foglio e inverno per Tamanini. L'asse principale (CV1) distribuisce i nostri individui su un gradiente che si muove dai maschi maturi alle femmine mature passando per il gruppo centrale degli immaturi, composto principalmente da soggetti di entrambi i sessi dell'allevamento F.E.M.. All'estremità negativa dell'asse si separano i maschi più anziani, che appartengono all'impianto Tamanini, spostandoci verso lo zero si evidenzia il gruppo di maschi dell'allevamento Foglio. Attorno allo zero abbiamo gli individui immaturi di F.E.M., da cui poi

dipartono i gruppi di femmine più anziane degli allevamenti Foglio e Tamanini. Il distacco dei gruppi di femmine mature è meno evidente dei gruppi di maschi, in quanto morfologicamente lo sviluppo di caratteri sessuali secondari è più accentuato nei maschi rispetto alle femmine, le quali a parità di età le hanno uno sviluppo sessuale posticipato rispetto ai maschi.

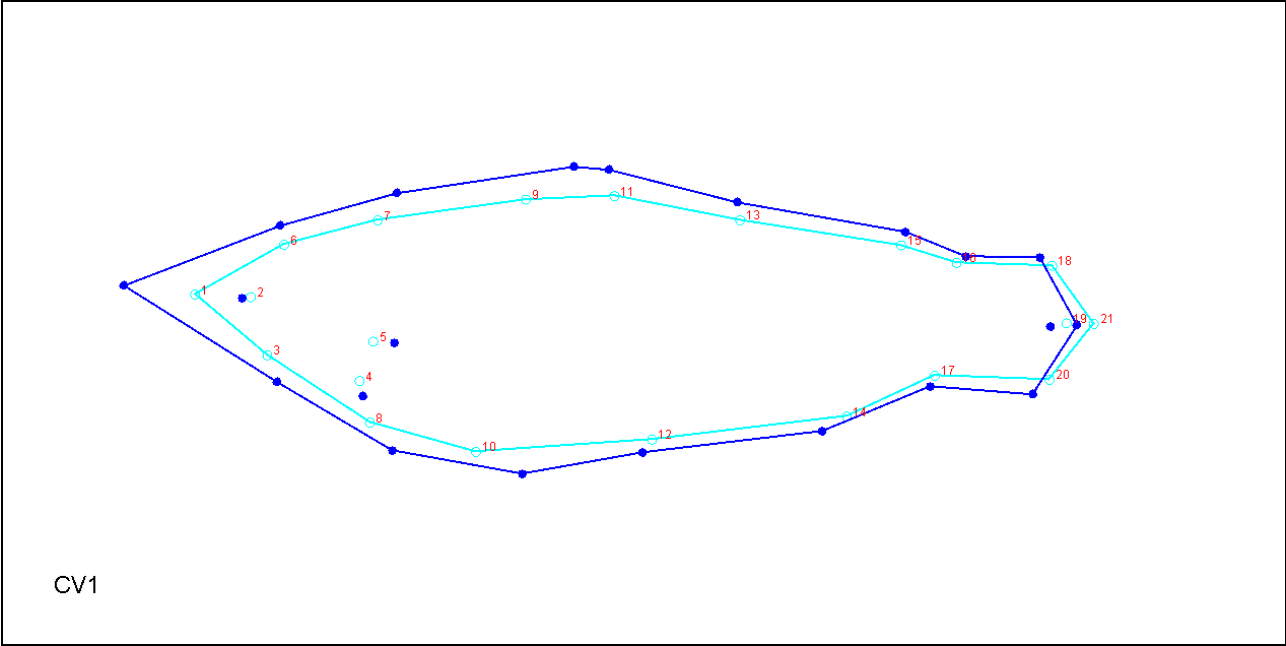
Figura 42: CVA per l'effetto sesso x allevamento.



Lotti: FOGLIO f, FOGLIO m, FEM f, FEM m, TAMANINI f, TAMANINI m.

Nell'immagine 43 è riportato un confronto grafico tra gli estremi della distribuzione sull'asse principale. Come si vede la conformazione attribuita al maschio maturo risulta molto differente da quella femminile nella parte anteriore del corpo, dopo si nota l'allungamento del becco (carattere sessuale secondario dei maschi) e la tipica "gobba" rappresentata dallo spostamento dei *landmark* 9 e 11. Si nota anche come in generale il tronco sia più robusto ed il piano caudale leggermente più corto.

Figura 43: Confronta tra shape.



6.5. L'analisi genetica dei lotti

6.5.1. Cluster Analysis

Dei 1809 individui campionati, ne sono stati selezionati e tipizzati agli 8 loci microsatellite 759, riconducibili a 24 lotti di pesce. Successivamente ne sono stati scartati 50 poiché mostravano, per uno o più marcatori, pattern riconducibili a poliploidia (più di due alleli per marcatore). Infine sono stati esclusi altri 77 campioni poiché presentavano dati mancanti per più di due marcatori microsatellite. I 632 individui rimanenti sono stati quindi suddivisi sulla base del presunto ceppo di appartenenza e raggruppati in 14 popolazioni (vedi Tab 42).

Tabella 42: Le 14 popolazioni campionate.

Popolazione	1	2	3	4	5	6	7
Origine geografica	locale	U.S.A.	locale	nazionale	locale	Espana	locale
Allevamento	Burrini	Troutlodge	Brenta	Salmontrutta	Bolza	Ovapiscis	F.E.M.

Popolazione	8	9	10	11	12	13	14
Origine geografica	locale	nazionale	locale	locale	locale	locale	U.K.
Allevamento	Leonardi	FrolaCoop	Valsugana	—	Foglio 1	Foglio 2	Glen Wyllin

Le popolazioni sono tutte riconducibili a ceppi locali, nazionali od esteri, e ad un allevamento originario da cui risalgono tutti i campioni da noi raccolti per quel relativo ceppo. Unica eccezione è data dalla popolazione 11, che è riconducibile ad un ceppo acclimatato in natura e che vive ancora oggi in alcuni torrenti del parco di Paneveggio (TN).

Da questo pool di dati è stato creato un sottogruppo limitato a 146 individui, tutti appartenenti ai 5 ceppi utilizzati nei test di performance zootecnica (lotti A,B,C,D,E). In tabella 43 i campioni dei lotti sperimentali sono classificati in base alla popolazione originaria e alla provenienza.

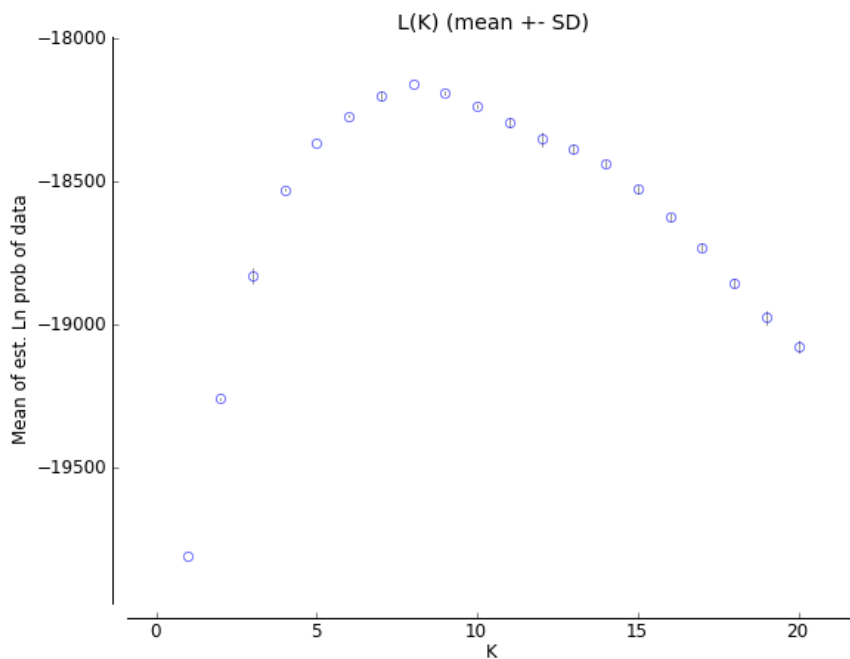
Tabella 43: Le popolazioni utilizzate nei test zootecnici.

Nomenclatura test	A	B	C	D	E
Popolazione di rif.	10	14	9	1	2
Origine geografica	locale	U.K.	nazionale	locale	U.S.A.
Allevamento	Valsugana	Glen Wyllin	FrolaCoop	Burrini	Troutlodge

6.5.1.1. Analisi dell'intero pool di 14 popolazioni

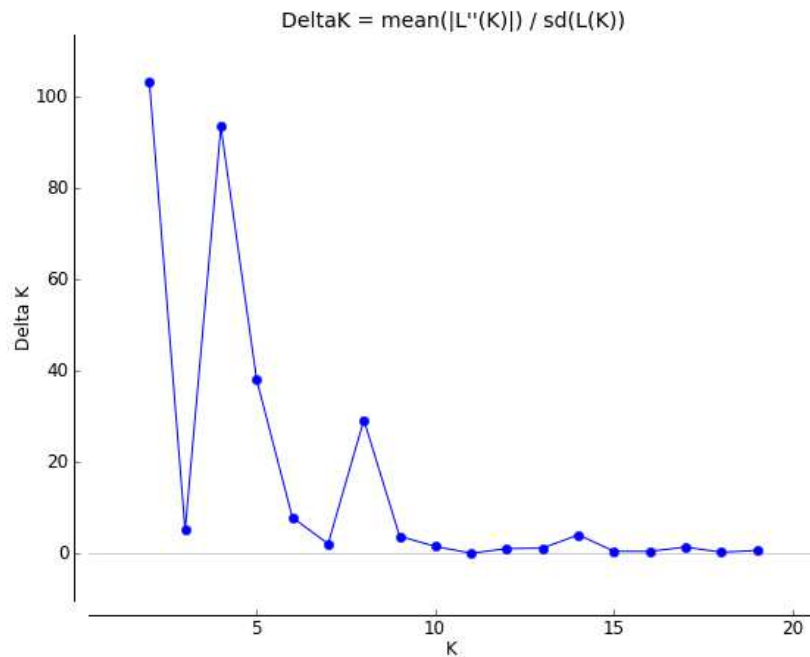
Dall'analisi del campione secondo l'approccio di clustering bayesiano sui dati microsatellite, appare come ci sia una relativa incertezza sul numero di cluster più probabile, a cui assegnare gli individui analizzati. Seguendo la procedura standard (Pritchard et al., 2000), in base all'andamento del valore medio di $L(K)$, come da figura 44, il valore di K con la maggiore probabilità risulta essere 8.

Figura 44: Valori medi di $L(K)$.



Mentre secondo la procedura proposta da Evanno et al. (2005), in base all'andamento di ΔK , due sono i picchi evidenziati, uno per $K=4$ e l'altro per $K=8$ (fig. 45). Partendo da questa incertezza nello stimare il numero corretto di cluster si è deciso di analizzare la struttura della nostra popolazione per entrambe le ipotesi.

Figura 45: Valori medi di ΔK .



Nella sottostante tabella 44 sono riportate le probabilità di appartenenza q (q value), cumulate degli individui all'interno del proprio gruppo precostituito (gruppo atteso), ai 4 cluster putativi.

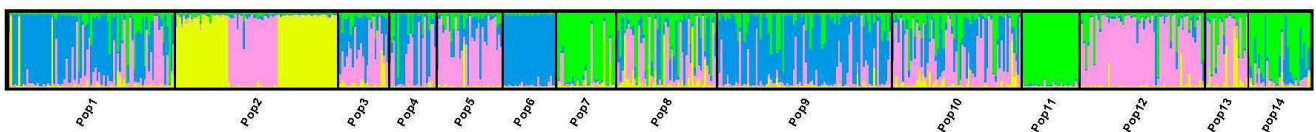
Tabella 44: Il q value di ogni gruppo atteso per i cluster putativi ($K=4$).

Pop.	Cluster				Individui
	Azzurro	Verde	Giallo	Rosa	
1	0,587	0,130	0,062	0,222	81
2	0,026	0,021	0,666	0,288	79
3	0,376	0,083	0,074	0,467	25
4	0,476	0,130	0,018	0,376	23
5	0,244	0,079	0,035	0,642	32
6	0,949	0,015	0,009	0,027	26
7	0,027	0,812	0,060	0,101	29
8	0,242	0,321	0,104	0,333	49
9	0,693	0,118	0,023	0,166	85
10	0,306	0,183	0,059	0,452	63
11	0,013	0,955	0,011	0,021	28
12	0,069	0,142	0,032	0,757	61
13	0,083	0,220	0,138	0,560	21
14	0,125	0,381	0,026	0,085	30

Si può notare come il cluster più rappresentato all'interno delle popolazioni sia quello identificato con il colore rosa (POP 3, 5, 10, 12 e 13), seguito da quello di colore azzurro (POP 1, 4, 6 e 9), poi dal verde (POP 7, 11 e 14) ed infine da quello giallo rappresentato dalla sola POP 2.

Nella successiva figura 46, elaborata attraverso il programma DISTRUCT, ogni popolazione precostituita è rappresentata da una porzione delimitata della barra. All'interno di ogni segmento una singola barra verticale corrisponde ad un individuo, mentre i quattro colori rappresentano le popolazioni putative. L'effetto visivo permette di attribuire in maniera immediata ogni individuo ed ogni gruppo alla popolazione più probabile. Nell'elaborazione per $K=4$ (popolazioni putative rappresentate dai colori giallo, blu, verde e rosa) troviamo come alcuni gruppi abbiano delle strutture ben definite. POP 2 per esempio, in cui abbiamo i 3 lotti campionati divisi in due sottopopolazioni ben distinguibili ($q=0,666$ per il giallo e $q=0,288$ per il rosa; con rapporto $2/3$ e $1/3$ rispettivamente di POP 2), o POP 11 ($q=0,955$) e POP 7 ($q=0,812$) appartenenti entrambi al cluster di colore verde, ed infine POP 6 ($q=0,949$) cluster blu. Tutti gli altri raggruppamenti sono rappresentati da probabilità inferiori di appartenenza ad un popolazione putativa piuttosto che ad un'altra. Tra questi sicuramente la POP 6 (azzurro) ha parecchie parentele con altre popolazioni, come anche POP 2, ma esclusivamente per la sottopopolazione della rosa, e in misura minore POP 11 (colore verde).

Figura 46: Rappresentazione della *cluster analysis* per il primo livello di indagine ($K=4$).



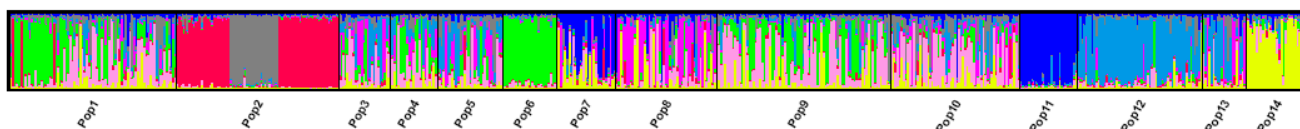
Nella tabella 45 sono invece riportati i q value considerando 8 popolazioni putative. Questa volta si è deciso di tabellare i dati riportando il numero del cluster piuttosto che il relativo colore, per non rendere difficile la lettura della tabella. I q value per le principali popolazioni rimangono pressoché inalterati, come le sottopopolazioni di POP 2 (stabile il frazionamento del q value, $2/3$ ed $1/3$ tra il cluster 1 e il cluster 7 rispettivamente), POP 6 (cluster 2) e POP 11 (cluster 8). Si distinguono ora due nuove popolazioni, la 12 (cluster 6 e $q=0,699$) e la 14 (cluster 5 e $q=0,729$). Cambiano invece i valori per le altre popolazioni, il cluster 7 (ex cluster rosa) che prima era rappresentato in varie popolazioni, ora riduce notevolmente la sua influenza. Stessa cosa si può dire per il cluster 8 (ex cluster verde), che rimane distintivo delle POP 11 e 7 (q value $0,879$ e $0,486$ rispettivamente). Le “quote” perse dai cluster 7 e 8 passano alle nuove popolazioni putative 3, 4 e 6. Inalterata rimane la distribuzione del cluster 2 (ex azzurro) condiviso da POP 1, 4, 6 e 9.

Tabella 45: Il q value di ogni gruppo atteso per i cluster putativi (K=8).

Pop.	Cluster								Individui
	1	2	3	4	5	6	7	8	
1	0,051	0,366	0,060	0,228	0,066	0,071	0,113	0,045	81
2	0,631	0,013	0,014	0,015	0,012	0,016	0,287	0,013	79
3	0,024	0,151	0,271	0,188	0,066	0,205	0,069	0,027	25
4	0,015	0,285	0,172	0,235	0,071	0,148	0,053	0,022	23
5	0,026	0,123	0,196	0,161	0,047	0,236	0,181	0,029	32
6	0,007	0,873	0,013	0,041	0,018	0,015	0,024	0,009	26
7	0,037	0,019	0,124	0,078	0,187	0,038	0,032	0,486	29
8	0,045	0,067	0,443	0,119	0,137	0,033	0,054	0,103	49
9	0,016	0,322	0,037	0,359	0,101	0,071	0,068	0,026	85
10	0,038	0,067	0,156	0,308	0,115	0,111	0,153	0,050	63
11	0,008	0,010	0,011	0,014	0,021	0,047	0,010	0,879	28
12	0,017	0,036	0,048	0,043	0,054	0,699	0,058	0,046	61
13	0,025	0,041	0,268	0,075	0,092	0,355	0,089	0,055	21
14	0,016	0,060	0,023	0,071	0,729	0,037	0,031	0,034	30

L'interpretazione per K=8 quindi si complica. Come si può notare nelle rappresentazione grafica (vedi fig. 47), la sottostruttura di POP 2 rimane inalterata rispetto all'analisi precedente, e risulta sempre composta da due popolazioni (colori rosso e grigio), anche POP 6 rimane invariata (cluster di colore verde), come POP 11 (colore blu). Appaiono poi dei nuovi cluster piuttosto definiti, un per la POP 12 (colore celeste) e POP 14 (colore giallo), mentre le rimanenti 9 popolazioni risultano sempre contraddistinte da una commistione di individui più o meno prossimi ad un cluster piuttosto che ad un altro, con una struttura complicata da interpretare, senza ulteriori informazioni.

Figura 47: Rappresentazione della cluster analysis per il secondo livello di indagine (K=8).

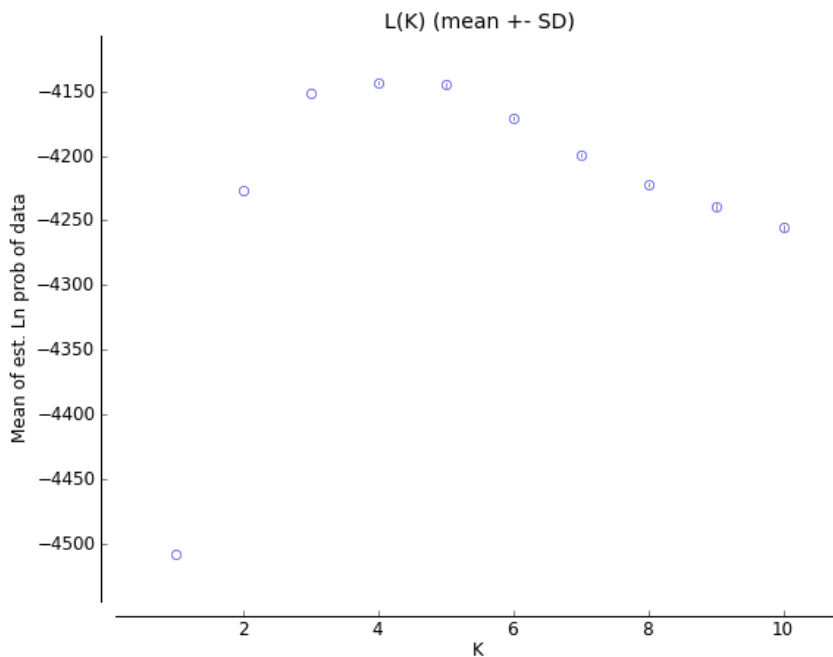


6.5.1.2. Analisi dei 5 lotti testati nelle prove zootecniche

L'analisi bayesiana è stata quindi ripetuta solo sul sottogruppo di campioni che hanno partecipato ai test zootecnici. Per una maggiore chiarezza espositiva possiamo innanzitutto chiarire che i 5 lotti ora soggetti alle analisi, sono già stati analizzati nella fase precedente, all'interno della propria popolazione di riferimento. Per la precisione riferendoci alla figura precedente (fig. 47) il nostro lotto A, apparteneva alla precedente POP 10, il lotto B era la POP 14, il lotto C era parte della POP 9, il lotto D della POP 1 ed infine il lotto E era rappresentato dal terzo settore della POP 2.

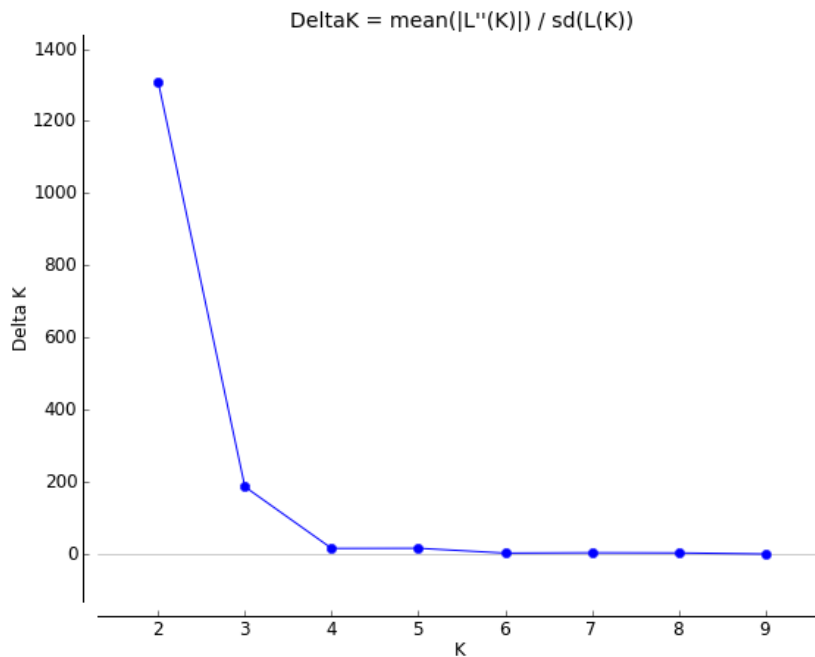
Analizzando questo sub-lotto di dati, in base al calcolo delle probabilità, il numero di popolazioni putative a cui i nostri 5 ceppi possono essere assegnati è risultato anche in questo caso non ben definito. Secondo l'algoritmo di Pritchard l'andamento di $L(K)$ ci indica come 4 il numero di popolazioni putative più probabili (fig. 48).

Figura 48: Valori medi di $L(K)$.



Mentre secondo Evanno il ΔK ha un chiaro picco per $K=2$ (fig. 49).

Figura 49: Valori medi di ΔK .



Visto l'incertezza di stimare un K univoco, riporteremo anche in questo caso le rappresentazioni grafiche per $K=2$, $K=3$ e $K=4$.

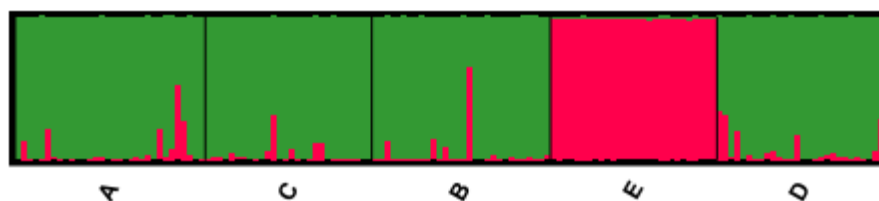
L'analisi per 2 popolazioni putative separa nettamente il ceppo E, q value pari a 0,990 e colore rosso, dagli altri quattro ceppi, che hanno a loro volta dei valori superiori a 0,9 e sono attribuiti al cluster di colore verde (tab. 46).

Tabella 46: Il q value di ogni gruppo atteso per i cluster putativi ($K=2$).

Pop.	Cluster		Individui
	Rosso	Verde	
A	0,058	0,942	32
C	0,038	0,962	28
B	0,046	0,954	30
E	0,990	0,010	28
D	0,068	0,932	28

Anche nell'immagine 50, è evidente la separazione tra il ceppo E (cluster di colore rosso), da tutti gli altri (colore verde), i quali non sembrano differenziarsi gli uni dagli altri.

Figura 50: Rappresentazione della *cluster analysis* per il primo livello di indagine (K=2).



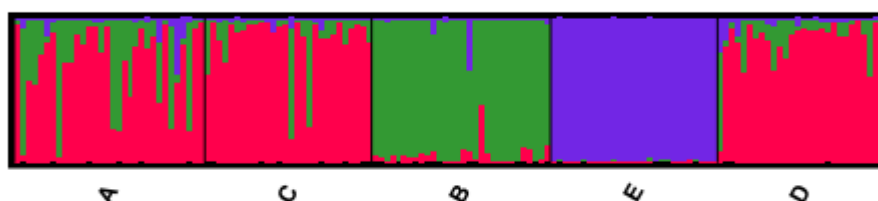
Passando poi al secondo livello (K=3), il ceppo B si separa da dai ceppi A, C e D (che rimangono più o meno indefiniti), e con un $q=0,922$ passa ad una nuova popolazione putativa (colore verde). Inalterato rimane lo stacco del ceppo E (colore blu e $q=0,984$), come elencato in tabella 47.

Tabella 47: Il q value di ogni gruppo atteso per i cluster putativi (K=3).

Pop.	Cluster			Individui
	Rosso	Verde	Blu	
A	0,671	0,290	0,039	32
C	0,853	0,128	0,019	28
B	0,053	0,922	0,024	30
E	0,009	0,008	0,984	28
D	0,829	0,132	0,040	28

Nell'immagine 51 notiamo la netta separazione tra il ceppo B (colore verde) ed il ceppo E (colore blu). Gli altri 3 ceppi risultano invece ancora indifferenziati, anche se qualche individuo del lotto A e C sembrano avere una netta prevalenza del colore verde, il cluster dominante sembra essere quello rosso, mentre il colore blu del lotto E sembra poco rappresentato.

Figura 51: Rappresentazione della *cluster analysis* per il secondo livello di indagine (K=3).



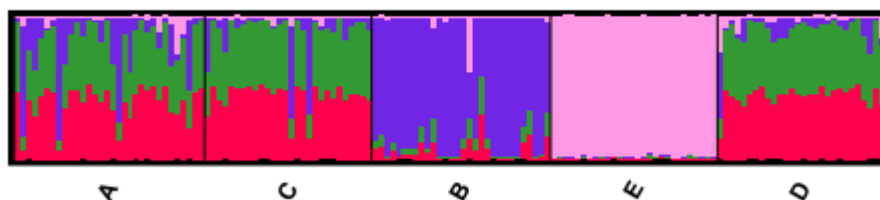
Infine per K=4 è evidente come la situazione non evolva ulteriormente (tab. 48). I q value per il lotto B e E rimangono sostanzialmente inalterati. I ceppi A, C e D rimangono non distinguibili, ed il loro q si frammenta tra le 2 nuove popolazioni putative (verde e rossa).

Tabella 48: Il q value di ogni gruppo atteso per i cluster putativi (K=4).

Pop.	Cluster				Individui
	Verde	Rosso	Blu	Rosa	
A	0,397	0,379	0,193	0,031	32
C	0,448	0,427	0,109	0,017	28
B	0,064	0,062	0,850	0,025	30
E	0,008	0,008	0,007	0,977	28
D	0,448	0,440	0,079	0,034	28

Anche la distribuzione dei cluster di riflesso non cambia (fig. 52). Nei ceppi A,C e D gli individui appartenenti alla stessa popolazione del ceppo B rimangono tali (colore blu), mentre i rimanenti individui sembrerebbero essere divisi a metà tra i due nuovi cluster (verde e rosso).

Figura 52: Rappresentazione della cluster analysis per il terzo livello di indagine (K=4).



Questo evento di frammentazione dei lotti incerti in due cluster con valori di q molto simili e prossimi a 0,5 potrebbe anche essere dovuta a una forzatura del modello, che oltre un certo numero di popolazioni putative non riesce più ad attribuire correttamente i soggetti di difficile classificazione. Quindi arrivati a questo punto si può affermare che il numero più appropriato di popolazioni per la nostra indagine sia pari a 3.

6.5.2. Molecular Coancestry

Le *molecular coancestry* sono state calcolate con il programma CoCoa per ogni lotto del nostro pool contro tutti gli altri. Per motivi di spazio non è stato possibile riportare tutti i 253 confronti eseguiti, quindi sono riportati in una tabella 5x5 i valori medi e massimi per i soli ceppi utilizzati nei test zootecnici (tabella 49). I valori medi di coancestry sono sempre inferiori a 0,250 (soglia che identifica un grado di parentela *half-sib*, ovvero di mezzi fratelli). Nel complesso questi valori si possono giudicare contenuti per dei pesci di allevamento, dove le procedure di riproduzione massale tendono a creare stock di pesci con un complessa trama di parentele. I valori di *coancestry* più elevati si registrano tra i lotti A e C, e tra C e D, mentre quelli più contenuti li troviamo per i confronti del ceppo E contro tutti gli altri. Per quanto riguarda i valori massimi invece, valori di 0,500 (*full-sib*, individui fratelli) sono riportati nei confronti tra il lotto C con i lotti A e B.

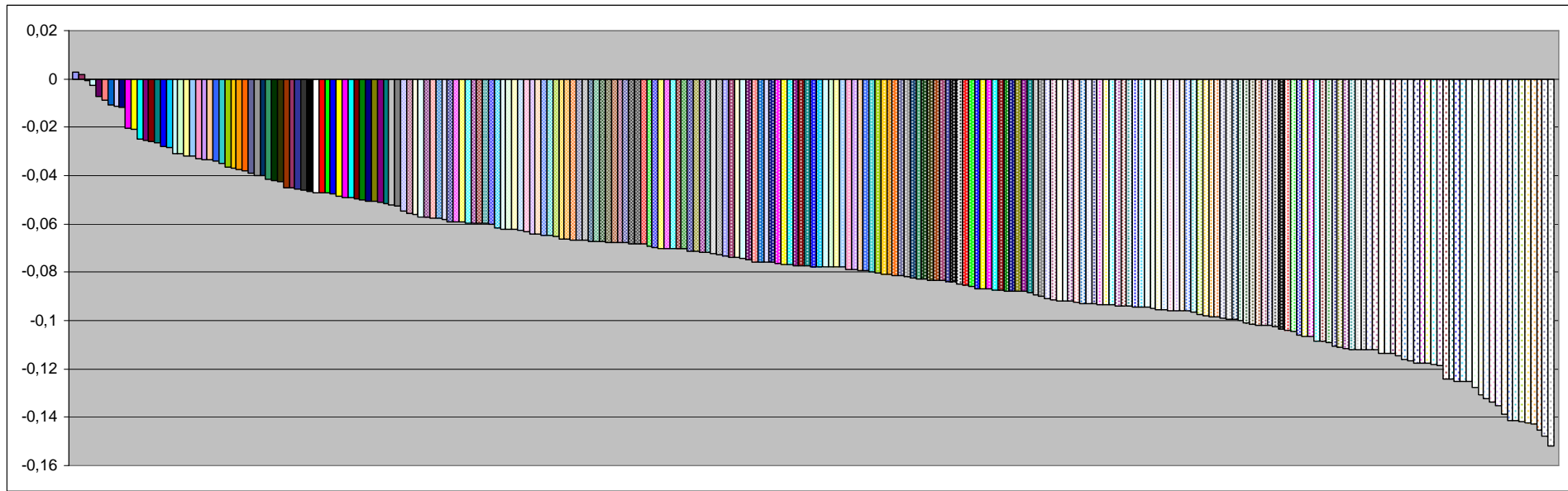
Tabella 49: Coancestry medie e massime tra ceppi.

		Coancestry massima				
		ceppi	A	B	C	D
Coancestry media	A		0,440	0,500	0,470	0,440
	B	0,200		0,500	0,380	0,440
	C	0,210	0,190		0,470	0,340
	D	0,200	0,170	0,210		0,410
	E	0,160	0,150	0,150	0,140	

Per facilitare la lettura dei dati nei confronti di tra lotti, sono stati calcolati gli scarti tra la *molecular coancestry* media del lotto (*self-coancestry*) contro quella degli altri lotti.

L'andamento degli scarti è rappresentato nel sottostante grafico (fig 57), dove sono rappresentati i 253 confronti nominati in precedenza. Il valore dello scarto tra i lotti varia da +0,003 a -0,150.

Figura 53: Scarti dalla *self-coancestry* per i 253 confronti



141

Figura 54: Scarti minimi.

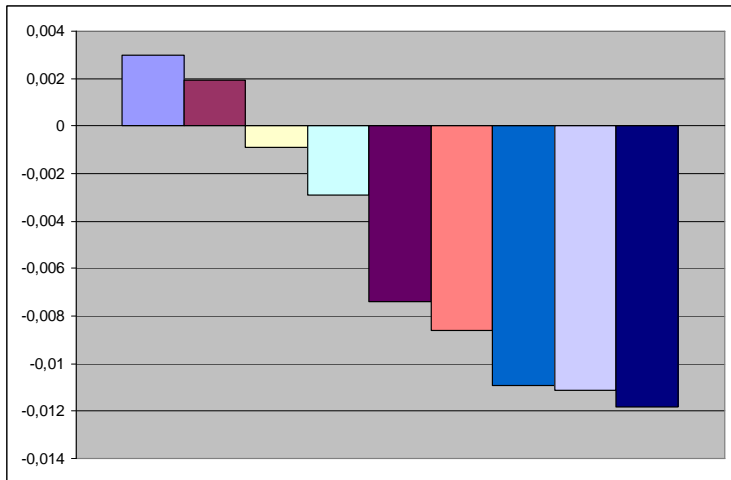
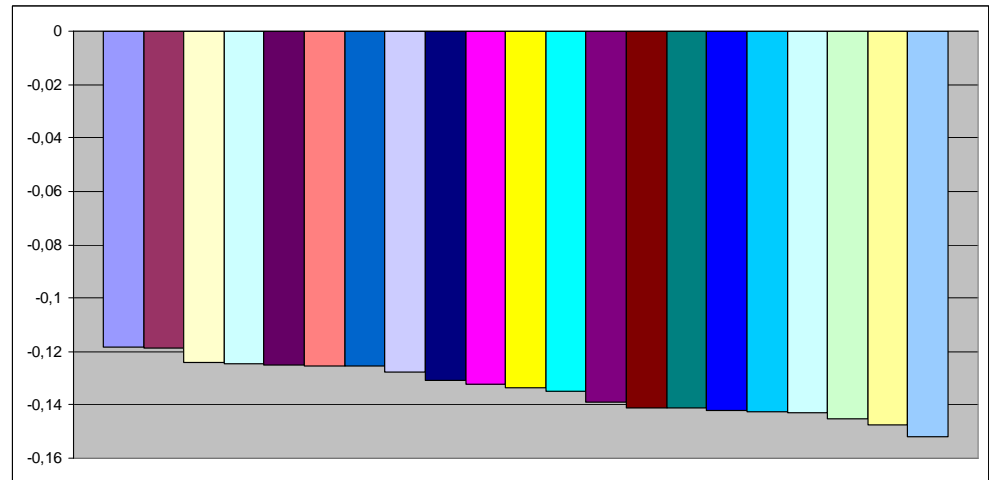


Figura 55: Scarti massimi.



In figura 54 è riportato un ingrandimento della rappresentazione generale, focalizzato sui confronti con valori prossimi a zero, ovvero quelli a parentela più stretta. E' interessante notare come due confronti hanno addirittura un valore positivo (0,003 e 0,002), quindi significa che mediamente gli individui di questi lotti hanno un grado di molecular coancestry più elevato tra allevamenti che entro allevamento. Per dare un termine di paragone possiamo evidenziare l'ottavo confronto (colonna celeste del grafico), lo scarto tra i due ceppi è pari a -0,011. I due lotti rappresentano due campionature di uno stesso ceppo, all'interno dello stesso allevamento e della stessa vasca. In figura 55, sono invece riportati i confronti più distanti dallo 0, ovvero quelli con scarto più elevato. Questi valori, compresi tra -0,12 e -0,15 sono tutti attribuibili al confronto di 2 lotti contro tutti gli altri del pool. Questo dato indica una evidente distanza parentale di questi campioni dalla massa delle popolazioni d'allevamento da noi campionate.

Infine, nella tabella 50, riportiamo gli scarti registrati tra i cinque ceppi impiegati nei test zootecnici. Anche in questo caso abbiamo un campione che si discosta nettamente dagli altri, ed è il ceppo E, con valori inferiori a -0,10 per ciascun confronto con gli altri quattro ceppi. Scarti discreti sono rilevabili anche dal ceppo B (inferiori a -0,06) per tutti i confronti. Mentre i ceppi più prossimi tra loro sono A con C, e C con D.

Tabella 50: Scarti dalla *self-coancestry* per i 5 ceppi dei test zootecnici.

ceppi	A	B	C	D	E
A		-0.062	-0.049	-0.060	-0.104
B	-0.062		-0.073	-0.088	-0.111
C	-0.049	-0.073		-0.046	-0.111
D	-0.060	-0.088	-0.046		-0.118
E	-0.104	-0.111	-0.111	-0.118	

I valori qui riportati in tabella descrivono dei rapporti di parentela tra lotti che rispecchiano quelle mostrati nel paragrafo precedente per l'analisi con STRUCTURE.

7. DISCUSSIONE

7.1. La trotticoltura locale

I dati rilevati nella fase preliminare del presente studio consentono di delineare un quadro aggiornato della trotticoltura trentina. Si tratta di una realtà produttiva composta da numerose aziende di piccole e medie dimensioni, che producono principalmente trota destinata alla trasformazione in pezzatura da 500-700 grammi. Queste aziende come tutte le trotticolture di montagna, soffrono di accrescimenti modesti se paragonati a quelli realizzati negli allevamenti di pianura, a causa di temperature dell'acqua spesso inferiori a 12°C. Il prolungarsi dell'allevamento non di rado fino ai 24 mesi, oltre ad avere effetti negativi sul costo di produzione, implica la macellazione dell'animale in un periodo prossimo alla riproduzione con evidenti svantaggi in termini di qualità e di resa (Shearer, 1994; Kause et al., 2003b; Paaver et al., 2004). Quindi, nel materiale ittico da acquistare l'allevatore spesso ricerca caratteristiche quali rapido accrescimento e/o maturazione sessuale ritardata. D'altro canto, il rischio di acquisire ceppi più performanti ma sanitariamente non garantiti rispetto alla suscettività a malattie virali quali SEV e NEI, frena l'introduzione di nuovi ceppi negli allevamenti indenni da queste malattie. La preoccupazione per la perdita dell'indennità da malattie virali in genere prevale tant'è che gli allevatori spesso gestiscono un loro parco riproduttori, autoproducendo uova e novellame trascurando il miglioramento genetico. Lo scambio di riproduttori a livello locale è piuttosto intenso, ma non è programmato in un'ottica di miglioramento o selezione, quindi spesso avviene casualmente oppure corredato di informazioni imprecise sull'origine genetica e sulle principali caratteristiche dell'animale.

Anche per i predetti motivi L'Associazione Trotticoltori Trentini in questi anni ha raggiunto buoni risultati in termini di qualità del prodotto, puntando sul miglioramento delle condizioni di allevamento e dell'alimentazione.

Per quanto riguarda le rese commerciali, il monitoraggio preliminare qui effettuato ha fornito valori altalenanti, con rese di filettatura medie prossime al 51%, ma molto variabili in base al ceppo conferito ed alla stagione di conferimento. Le rese alla macellazione sembrano essere comunque migliorabili in termini di produzione e riduzione degli scarti (Bencze Rørå et al., 2001; Neira et al., 2004). Nel presente studio, le fonti di variazione (ceppo, allevamento e l'interazione ceppo x allevamento) hanno esercitato effetti significativi, su tutti i parametri presi in considerazione. Bisogna comunque tenere presente che il confronto tra i medesimi lotti allevati in impianti diversi è

soggetto ad una serie di variabili incontrollabili che vanno dal razionamento dell'alimento, alle pratiche gestionali, dalle condizioni sanitarie a quelle ambientali. Non potendo controllare queste variabili a posteriori, i test preliminari sono serviti per farsi un'idea sulla variabilità dei dati, su come impostare dei test mirati e quali problemi ci si sarebbe trovati ad affrontare.

Le correlazioni presentate nei risultati avevano l'obiettivo di valutare il rapporto tra biometrie ed indici con le rese alla macellazione. I coefficienti riportati sono per la maggior parte significativi, ma le correlazioni sono basse. La resa della carcassa è correlata positivamente con la lunghezza standard (LS), la lunghezza totale (LT), il peso della testa (PC) e della lisca (PL), mentre ha un coefficiente negativo per il fattore di condizione (K). La resa in filetti invece è correlata positivamente con la resa in carcassa e negativamente con il peso del capo (PC). Quindi, in base a quanto emerso, non è stato possibile concentrare i successivi test di *performance* su un numero limitato di biometrie per caratterizzare un pesce di elevate rese commerciali, ma ci si è dovuti concentrare su di un ampio ventaglio di variabili.

7.2. I risultati delle prove zootecniche

I test sono iniziati con il confronto tra ceppi in termini di caratteristiche dimensionali dell'uovo, percentuale di schiusa e dimensione delle larve svezzate. La dimensione delle uova è risultata differire significativamente tra i lotti. E' noto tuttavia che a parità di genetica, questo parametro è notevolmente anche all'età delle fattrici (Pitman, 1979), ma purtroppo non essendo questo un dato in nostro possesso non è stato possibile tenerne conto all'atto del confronto. L'analisi correlativa non ha evidenziato correlazioni evidenti tra dimensioni dell'uovo, percentuale di schiusa e dimensioni della larva. Anzi è interessante notare come il ceppo D, nonostante le esigue dimensioni dell'uovo rispetto agli altri ceppi abbia originato larve più grandi a 50 giorni dalla schiusa. E' comune tra gli allevatori la convinzione che uova più grandi diano larve più grandi, ma ciò è solo parzialmente e temporaneamente vero. Infatti, la correlazione positiva sussiste solo alla schiusa allorché da uova di maggior dimensione nascono larve effettivamente più grandi. Tale effetto tuttavia si mitiga progressivamente fino ad annullarsi dopo circa 4 settimane, come riportato anche da Springate e Bromage (1985), e subentrano l'effetto ceppo e l'effetto ambiente. Inoltre secondo Rombough (1984), larve di Salmonidi più piccole avendo un sacco vitellino più piccolo, consumano più velocemente le riserve, quindi sono costrette a sviluppare l'apparato gastro-intestinale più precocemente, questo comporta un inizio anticipato dell'alimentazione. Nel nostro caso quindi, la relazione inversa tra dimensione dell'uovo e peso della larva a 50 giorni potrebbe essere stata

determinato non solo dall'effetto genetico ed ambientale, ma anche da un diverso numero di giorni di alimentazione (Refstie, 1980).

Per quanto concerne la performance di crescita post-svezzamento, dato il divario di età e peso iniziali delle larve, si è preferito confrontare i ceppi attraverso i coefficienti di crescita relativa, piuttosto che in termini di variazioni assolute in lunghezza e peso.

L'accrescimento nella fase giovanile ha ribadito il ceppo D come quello con il maggior tasso di crescita, con divario netto rispetto agli altri ceppi per l'accrescimento in lunghezza, ma meno evidente per l'incremento ponderale. Segue poi la performance del ceppo C, mentre quello con tassi di accrescimento peggiori è risultato l'A.

Relativamente al confronto tra allevamenti nelle fasi di crescita successive fino alla taglia commerciale, è bene ricordare che i 3 impianti utilizzati nelle prove differivano sostanzialmente per caratteristiche ambientali, mentre le altre variabili in gioco sono state contenute il più possibile già nel piano sperimentale. In queste prove il ceppo E ha dato luogo ai migliori tassi di crescita in tutti gli allevamenti, con le performance assolute migliori ottenute presso l'allevamento F.E.M.. Buoni anche i valori registrati dal ceppo D, se si eccettua la prestazione registrata nell'impianto Foglio. Gli altri ceppi hanno dato invece delle prestazioni piuttosto simili. Confrontando tra loro gli allevamenti tutti i ceppi hanno mostrato le migliori performance nell'impianto F.E.M., dove i ceppi D ed E sembrano aver sfruttato al meglio condizioni ambientali più favorevoli per l'allevamento dell'iridea che appunto caratterizzavano quell'impianto. Segue poi Foglio ed ultimo Tamanini, che si è scostato nettamente dai primi due. Più evidenti risultano essere i divari per i tassi di accrescimento ponderale rispetto a quelli in lunghezza, che forse sono meno influenzati dalla variabile ambiente. Differenze significative tra ceppi ed allevamenti per i parametri di peso e lunghezza in prove di accrescimento simili alle nostre sono state riportate anche da Sylvén et al. (1992), da Overturf et al. (2003) e Paaver et al. (2004). Anche Myrick (2000) sottolinea il vantaggio di condizioni ambientali favorevoli di allevamento nell'enfatizzare la superiorità di alcuni ceppi di iridea nel confronto con altri meno performanti.

Seppur non statisticamente significativo, l'indice di conversione alimentare del ceppo E ha tendenzialmente raggiunto i valori migliori mentre per il lotto C quelli peggiori. La letteratura al riguardo fornisce esiti controversi. Se Rasmussen et al. (2000), non hanno rilevato differenze significative tra ceppi, un effetto ceppo genetico con indici di conversione simili ai nostri è stato osservato da Overturf et al. (2003) in un test comparativo eseguito su 5 ceppi di trota iridea.

Confrontando gli allevamenti, gli ICA migliori li ha conseguiti Foglio, mentre F.E.M. e Tamanini si sono equivalsi sostanzialmente. Giustificare questo risultato non è facile, ma si può ipotizzare, che il numero di ricambi giornalieri d'acqua possano aver avuto la loro influenza. Dai dati ambientali si

può notare infatti come nel periodo estivo l'impianto F.E.M. e Tamanini abbiano avuto dei picchi di concentrazione per l'azoto ammoniacale. Questo composto di scarto del metabolismo proteico viene escreto dal pesce attraverso le branchie, tuttavia se la concentrazione esterna è elevata l'ammoniaca si concentra nel sangue dando origine a fenomeni di tossicità. Essendo le forme ridotte dell'ammoniaca (nitriti e nitrati) a bassa concentrazione nelle vasche di allevamento, si può supporre che solo concentrazioni di ammoniaca indissociata possano avere avuto un'influenza sulle performance dei pesci. L'azione dell'ammoniaca riduce l'efficacia degli scambi gassosi con l'esterno da parte del pesce, ed un affaticamento respiratorio si traduce a sua volta in inappetenza e scarsa efficacia metabolica nel pesce. Quindi, il gap nell'indice di conversione alimentare registrato nei due impianti in questione potrebbe essere stato causato da periodi in cui la conversione metabolica dei lotti non si trovava in una fase di optimum, soprattutto nell'impianto F.E.M. dove le temperature di allevamento sono vicine a quelle di massima performance metabolica (Baruchelli, *com. pers.*, 2011; Brauge et al., 1995; Hokanson et al., 1977). Nel caso dell'impianto Tamanini invece il calo di efficienza nella conversione alimentare potrebbe essere dovuto solo ad un regime alimentare più ristretto, come riportato anche da Alanärä (1996) e Rasmussen (2001).

Nelle prove di accrescimento sono stati calcolati anche i coefficienti allometrici. In questo caso i lotti testati negli impianti F.E.M. e Foglio mostrano una sostanziale *isoauxesi* nel normale rapporto allometrico peso/lunghezza eccettuata una significativa differenza per il ceppo C in entrambi gli allevamenti e per il lotto A nel solo impianto Foglio. Questi tre lotti presentano netti valori di *tachiauxesi* come da coefficiente allometrico, con A superiore a 3,30 e C superiore a 3,40. Questo effetto si può notare anche nella tabella riferita alla crescita relativa giornaliera (paragrafo 6.3.4.2) dove si nota che il lotto C cresce molto più rapidamente in peso di quanto non faccia in lunghezza. Al contrario nell'allevamento Tamanini si nota una leggera *bradiauxesi* (valori inferiori a 3,20) probabilmente dovuta ad un più ristretto regime alimentare che ha impedito al pesce di "ingrassare" in maniera evidente.

7.3. Biometrie e rese commerciali post-macellazione

Confrontando dati biometrici e rese alla macellazione ottenute dagli allevamenti conferitori nell'indagine preliminare con quelli dei ceppi qui testati, due cose risultano subito evidenti, la differenza per il fattore di condizione, 1,29 contro 1,48 e la resa in filetti 50,94% contro il 51,56%. Ma mentre l'indice K è maggiore rispetto alla media degli allevatori per tutti i ceppi da noi analizzati, solo due hanno dato delle rese al filetto lavorato maggiori alla media, sono il ceppo C

con il valore medio del 52,63% ed E con il 53,82%, con incrementi rispettivamente del 3,3% e del 5,7% del prodotto vendibile.

I dati grezzi sono stati poi analizzati covariandoli al peso medio perché molti caratteri sono correlati con il peso dell'animale (Quillet et al., 2005) e valutando separatamente l'effetto allevamento e l'effetto ceppo. L'allevamento ha esercitato effetti su tutti i parametri considerati, esiste però un trend stagionale che può essere dovuto alla macellazione differenziale nei 3 impianti. L'impianto F.E.M. ha conferito i soggetti più piccoli (LT) e più giovani (macellazione estiva), con un tronco più robusto (AM e SM) e con il fattore di condizione più elevato, la resa media alla carcassa ed al filetto maggiore dei tre impianti (52,83%). Questo effetto viene descritto anche da Shearer (1994) nel salmone. Secondo l'Autore nei soggetti giovani c'è un incremento maggiore in peso che in lunghezza, come anche le masse muscolari tendono a crescere più velocemente rispetto alla struttura ossea, e gli organi interni crescono più lentamente eccettuato il grasso viscerale. Tesi confermate successivamente da Rasmussen (2001) e da Paaver et al. (2004), secondo i quali, in individui immaturi, la resa della carcassa dipende principalmente dalla quantità di grasso periviscerale accumulato. Nel secondo allevamento (Foglio), abbiamo avuto una macellazione autunnale, quindi i soggetti erano più grandi sia in età sia in lunghezza, in controtendenza a quanto descritto prima calano le dimensioni del tronco e l'indice K, aumentano le viscere e cala la resa al filetto. Nel terzo impianto (Tamanini) la macellazione è stata nel periodo invernale, quindi i pesci erano i più vecchi e grandi (lunghezza), in calo risultano ancora SM e indice K, mentre recuperano leggermente rispetto a Foglio valori quali peso delle viscere (che cala di 10 grammi) resa della carcassa (che aumenta dell'1,3%). L'effetto età e maturità sessuale influenzano moltissimo le rese alla macellazione della trota per questo motivo una macellazione stagionale può aver mascherato l'effetto allevamento inteso come "ambiente". Secondo Paaver et al. (2004), il carattere principale che influenza le rese è l'indice gonado-somatico, in quanto nel pesce si riduce la resa con lo sviluppo delle gonadi. Shearer (1994) aggiunge che diminuisce la crescita somatica e diminuisce la quantità di grasso accumulato. Osservazioni che ci trovano pienamente d'accordo.

Nella successiva analisi dell'effetto ceppo si nota come ci siano delle evidenti, e statisticamente significative, differenze morfologiche tra i ceppi. I ceppi E e C risultano avere le rese migliori sia in carcassa sia in filetto, pur avendo una conformazione corporea contrapposta. Il ceppo E risulta più lungo e slanciato, mentre C è più corto (-1,32 cm) e tozzo. Un solo carattere accomuna i due ceppi, hanno un contenuto scarto in viscere, confermando quanto riportato sopra.

L'analisi del trancio rimarca sostanzialmente i dati della carcassa. Nell'analisi dell'effetto allevamento, si distingue il medesimo andamento stagionale sia nel peso viscerale sia nell'indice gonado-somatico. L'allontanamento successivo dei maschi dal pool di dati non varia la situazione,

il peso delle viscere cresce con l'avvicinarsi dell'inverno (da F.E.M. a Tamanini). Vale la pena inoltre evidenziare in questa seconda analisi come l'esclusione dei maschi comporti un relativo decremento dell'indice gonado-somatico nel solo allevamento F.E.M., avvalorando l'ipotesi che gli individui maschi nella trota iridea maturano prima delle femmine, vedi anche Kause et al. (2002). L'analisi dell'effetto ceppo ci permette innanzitutto di valutare il grado di maturità sessuale incrociando i parametri del peso viscerale, dell'indice viscero-somatico e di quello gonado-somatico. Il ceppo con i valori più elevati è il B, mentre quello più contenuto è E. Si può quindi affermare che la maturazione sessuale è ceppo-specifica (Kause et al., 2002). All'allontanamento dei maschi i ceppi di composizione mista riassetano le loro medie in base alla *sex-ratio* del campione, ma generalmente assistiamo ad un incremento del peso viscerale, dell'indice gonado-somatico in base al periodo riproduttivo del ceppo, ed all'aumento dell'indice di adiposità periviscerale. Riassumendo i principali caratteri al trancio che contraddistinguono maschi da femmine sono: l'altezza della muscolatura e del deposito adiposo dorsale (AF), il peso del pacco viscerale, l'indice epato-somatico, e l'indice di adiposità periviscerale.

In definitiva possiamo concludere che le *performance* zootecniche della trota sono influenzate dal ceppo genetico come dall'ambiente di allevamento, che le modula dando origine alle varianti fenotipiche.

7.4. Le morfometrie

La metodica della morfometria geometrica è stata un valido strumento per consolidare i risultati ottenuti attraverso l'indagine biometrica sulla carcassa del pesce. Dall'analisi delle componenti principali è emerso come i principali assi di variazione morfologica siano rappresentati da sostanziali modifiche sull'asse corporeo antero-posteriore e quindi su quello dorso-ventrale, che rappresentano più del 50% della varianza totale. Queste modificazioni, anche grazie allo strumento Tps, sono facilmente confrontabili attraverso l'output grafico, e mostrano chiaramente come il primo asse descriva due conformazioni morfologiche nettamente differenti nella zona anteriore del tronco. Lo spostamento in avanti dell'estremità della testa senza un simultaneo spostamento del bulbo oculare descrive un allungamento evidente del rostro, inoltre il simultaneo spostamento ed appiattimento dei *landmark* cranio-toracici superiori verso la pinna dorsale caratterizzano la "gobba", peculiarità morfologiche che rappresentano i principali caratteri sessuali secondari distintivi del maschio adulto. La seconda configurazione rappresenta invece una sagoma più arrotondata, un muso più prossimo al bulbo oculare, una configurazione generale più slanciata che ben si addice ad un soggetto di sesso femminile. Sul secondo asse di variazione invece si notano

conformazioni piuttosto simili nella zona dorsale ed un accentuato spostamento dei *landmark* della zona ventrale. Queste variazioni ben si adattano a descrivere una *shape* del pesce più o meno tozza, ovvero un pesce più o meno grasso. Anche le analisi a gruppi per l'effetto allevamento, ceppo e sesso rimangono strettamente legate alle mutazioni conformazionali descritte in precedenza. Come già riscontrato nelle analisi biometriche l'effetto stagionale della macellazione ha la sua influenza. Morfometricamente l'effetto allevamento potrebbe essere quindi descritto per il primo asse di variazione come l'acquisizione della maturità, dove gli individui più giovani sono rappresentati dalle campionature eseguite presso F.E.M. (valori negativi dell'asse), mentre quelli più anziani sono quelli campionati presso Foglio e Tamanini (valori positivi). Per il secondo asse di variazione abbiamo invece il passaggio da una conformazione più "magra" (valori negativi dell'asse) verso una più "grassa" (valori positivi). Risultati molto simili ai nostri sono stati riportati da Swain et. al. (1991) sul salmone Coho e da Von Cramon-Taubadel et al. (2005) sul salmone atlantico, le zone di maggiore variazione morfologica nel salmone sono la testa ed il torace, ed evidenti divergenze si notano tra ambienti differenti come anche tra individui d'allevamento e selvatici. Anche nella valutazione dell'effetto ceppo i caratteri distintivi sono sempre il sesso del campione e la sua "corpulenza". A questo livello di analisi abbiamo innanzitutto una distinzione tra soggetti più affusolati (vedi ceppo E, indice $K=1,34$) verso la sinistra del grafico, contro soggetti più tozzi verso destra (vedi ceppo B, indice $K=1,57$). Il secondo asse di variazione anche in questo caso fa una distinzione morfologica in base al sesso dell'individuo, quindi nella zona bassa del grafico troviamo le popolazioni composte da sole femmine (ceppo E e B), mentre nella zona alta troviamo i ceppi a composizione mista (A, C, D), nei quali il programma media la conformazione di maschi e femmine. Infine nell'ultima elaborazione dell'effetto "sesso x allevamento" può notare come ci sia un'evidente dispersione sull'asse orizzontale (CV1) asse rispetto a quello verticale, che separa nuovamente maschi da femmine in base alla conformazione sopra descritta. Alla destra dell'asse si separano i maschi più anziani, appartenenti all'allevamento Tamanini, quindi i maschi Foglio (più giovani), e progredendo in corrispondenza del centro dell'asse gli individui F.E.M., pressoché indistinguibili per sesso. Spostandosi verso valori positivi dell'asse si differenziano invece le femmine più anziane (impianti Foglio e Tamanini). Quindi possiamo dire che sull'asse principale di variazione morfologica si crea un gradiente maschio maturo – femmina matura, dove le variazioni morfologiche sono maggiormente sbilanciate verso i soggetti di sesso maschile. Differenze tra i sessi sono riportate anche da Hard et al. (2000) sul salmone Coho. L'Autore tramite morfometria geometrica riesce a discriminare ceppi diversi, individui selvatici da allevati e sessi. Le variazioni morfometriche riportate anche in questo caso confermano i nostri risultati, suggerendoci che le variazioni morfologiche da noi riportate sono comuni a molte specie di salmonidi.

Durante la fase di analisi dei dati sono state anche tentate delle correlazioni tra dato morfometrico e rese alla macellazione, senza tuttavia trovare risultati degni di nota. La stessa operazione è stata effettuata con il dato genetico (distanze genetiche), ma senza risultati anche in questo caso.

Riassumendo possiamo concludere che lo strumento morfometrico conferma e approfondisce i risultati ottenuti attraverso la metodologia biometrica classica, e li avvalora attraverso degli output grafici accattivanti e di facile comprensione.

7.5. La genetica

Incrociando i dati raccolti durante le interviste presso le aziende con le analisi dei microsatelliti si è delineato quello che è lo status dei ceppi allevati in Trentino. Innanzitutto abbiamo rilevato tramite la *cluster analysis* come esista una linea genetica di origine “americana” rappresentata dalla POP 2 (vedi par. 6.5.1.), questa linea è rappresentata da due popolazioni ben distinte tra di loro, che secondo le informazioni raccolte sono riconducibili ai ceppi *Steelhead* e *Kamloops* rispettivamente. Queste sono delle popolazioni di trota iridea molto comuni in America, sono descritte nel libro *Trout and Salmon of North America* di Behnke (2002), e sono importate in Italia dall’azienda Troutlodge Inc.. Esistono anche lavori di genetica mirati a caratterizzare questi ceppi sotto il profilo molecolare, pubblicati da Rexroad et al. (2002a, 2002b), da Palti et al. (2002, 2003) e da Silverstein et al. (2004). Possiamo poi identificare una linea “spagnola” rappresentata da POP 6 e riconducibile secondo i nostri dati all’azienda Ovapiscis S.A., ed infine una linea “britannica” (POP 14) con provenienza Glen Wyllin Trout Farm, Isle of Man (oggi di proprietà Troutlodge Inc.). La linea “americana” e quella “britannica” sono state utilizzate anche nei nostri test zootecnici. Oltre a questi ceppi commerciali, derivanti da aziende che curano molto le loro linee genetiche e le esportano in tutto il mondo, abbiamo trovato un ceppo molto più caratterizzante, quello denominato POP 11. Questo è un ceppo di trota iridea acclimatatosi nel Parco Naturale di Paneveggio-Pale di San martino (TN), dove sopravvive e si autosostiene in alcuni torrenti da quanto è stata vietata la semina di materiale, agli inizi degli anni ’70. L’isolamento geografico e riproduttivo per decenni, ha permesso di caratterizzare questa popolazione. A livello locale esiste invece la tendenza allo scambio continuo di materiale tra gli allevatori, quindi i continui incroci tra popolazioni non hanno aiutato né dal punto di vista pratico né da quello genetico a caratterizzare le popolazioni di trota iridea trentine. La *cluster analysis* ci ha permesso di distinguere 2 ceppi autoprodotti dalle aziende locali, e considerati nell’ambiente come linee genetiche “pure” solo per $K=8$. Il primo dei due ceppi, denominato POP 12, proviene dalla Trotilcoltura Foglio, il secondo, POP 8 dalla Trotilcoltura

Leonardi. Per quanto riguarda la POP 7, grazie alle informazioni raccolte in azienda, è stato possibile verificare l'incrocio tra 2 linee, in questo tra materiale della linea "britannica" con materiale proveniente da Paneveggio (POP 14xPOP 11). Per altre popolazioni considerate come pure nell'ambiente, è stato solo possibile ipotizzare dei possibili antenati comuni. Le popolazioni 1, 4 e 9 hanno parentele nella linea "spagnola", mentre sia la popolazione 3 che la 13 hanno una relazione con le POP 12 e POP 8.

L'analisi effettuata sul sub-lotto di campioni provenienti dai test zootecnici ha confermato quanto risulta dall'analisi precedente, il lotto E (ceppo *Steelhead*) si differenzia nettamente dalle altre popolazioni già a $K=2$, segue il lotto B (linea "britannica") che si distingue a $K=3$, mentre gli altri lotti che condividono i cluster mostrano delle parentele, C e D con la linea "spagnola", mentre C e A con un cluster non identificato.

La *molecular coancestry* non ha fatto altro che confermare le ipotesi già avanzate incrociando l'analisi dei cluster con i dati degli allevatori. Le parentele più strette sono quelle rilevate tra ceppi provenienti dalla linea "spagnola", e soprattutto nei confronti tra POP 6, POP 9 e POP 1, dove gli scarti sono prossimi a zero. All'opposto la linea "americana" ed in particolar modo il ceppo *Steelhead* ha registrato gli scarti maggiori contro tutte le altre popolazioni con cui è stato confrontato, passando per i ceppi di origine spagnola ed arrivando all'altro ceppo americano, il *Kamloops*. Distanze elevate sono state registrate anche dal ceppo Paneveggio nei confronti sia della linea "spagnola" sia di quella "americana". Stesso discorso per i lotti dei test, dove il grado di parentela più elevato è stato riscontrato tra i soliti lotti A, C e D, da questi si distanzia leggermente il lotto B ed infine il più distante si dimostra sempre il lotto E.

8. CONCLUSIONI

I risultati riportati in questa tesi, come anche la documentazione bibliografica a corredo, dimostrano che ceppo genetico ed allevamento agiscano distintamente e sinergicamente sulle rese della trota iridea da carne. Il lavoro di caratterizzazione zootecnica tra ceppi nostrani e ceppi stranieri ha evidenziato un gap nelle performance zootecniche, che ripaga le grandi aziende extranazionali dei fondi e della conoscenza investiti nelle proprie linee genetiche per migliorare complessivamente il loro prodotto, mentre le nostre sono rimaste ferme al palo. Questo obbliga l'allevatore attento ad acquistare il materiale ittico più redditizio all'estero, deprimendo così il mercato del prodotto italiano, in un periodo non roseo per la trota coltura. Le linee su cui si è sviluppato il miglioramento della trota sono le più variegata come dimostrato in letteratura, ma anche se con approcci diversi, il risultato zootecnico è stato comunque degno di nota. Visto che esistono i presupposti per un miglioramento della produzione nazionale e locale, dati dall'elevato potenziale di miglioramento delle specie ittiche, rimane la scelta se affidarsi a materiale estero o migliorare il proprio, cercando di colmare il gap tecnologico accumulato negli anni.

La ricerca ci mette a disposizione oggi una varietà di strumenti per conseguire questi risultati, strumenti che sono in continua evoluzione. La morfometria geometrica utilizzata in questo lavoro è uno di questi. È un metodo non distruttivo che tramite una semplice fotografia ci permette di fare un'infinita serie di valutazioni morfometriche senza alcuno stress per l'animale. L'approfondimento di questa tecnica, che oramai grazie alla tecnologia si sta evolvendo alle analisi in tre dimensioni, potrebbe in futuro condurci da un lato a identificare i ceppi in base alle loro caratteristiche morfologiche e dall'altro a selezionare particolari conformazioni della sagoma che esprimono una relazione con le rese produttive o con i caratteri soggetti a selezione.

Il lavoro di caratterizzazione genetica, anch'essa una metodica non distruttiva, è invece servito per creare inizialmente una visione d'insieme sulla variabilità, la qualità e rapporti di parentela tra i ceppi allevati in loco. Inoltre il dato genetico potrebbe fornire in futuro delle informazioni utili sulle metodiche più appropriate per la conservazione ed il rimpinguamento di questi ceppi, oltre che permettere la loro individuazione in qualsiasi momento durante le fasi di allevamento.

Caratterizzazione genetica e fenotipica sono tecniche complementari una all'altra nello studio di una popolazione. A volte i risultati concordano, a volte divergono. Un'interazione tra i due approcci è fondamentale perché l'ambiente gioca un ruolo fondamentale; da un lato popolazioni geneticamente simili potrebbero subire delle divergenze morfologiche causate dall'ambiente,

dall'altro popolazioni geneticamente differenti potrebbero convergere a causa della plasticità adattativa.

Concludendo possiamo affermare che l'acquacoltura è un campo ancora aperto a diversi approcci sperimentali, siano essi finalizzati al miglioramento di ceppi già addomesticati o allo studio di nuove specie da allevare, in un'ottica di sviluppo del settore che dovrà da un lato garantire un sempre più elevato sostegno alle esigenze alimentari di una popolazione mondiale in continua crescita, dall'altro preservare l'ambiente acquatico naturale da una pressione di pesca che sta distruggendo un'infinità di ecosistemi.

9. BIBLIOGRAFIA

- Adams, D.C., Rohlf, F.J., Slice, D.E., 2004. Geometric Morphometrics: Ten Years of Progress Following the 'Revolution'. *Ital. J. Zool.* 71:5-16.
- Alanära, A., 1996. The use of self-feeders in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) production. *Aquaculture* 145:1-20.
- Allendorf, F.W., Utter, F.M., 1979. Population genetics. In: Hoar W.S., Randall D.J. and Brett J.R. (eds.), *Fish Physiology* vol VIII, Academic Press, New York, U.S.A., pp 407-454.
- Avault, J.W. Jr. , 1996. A step-by-step guide to commercial aquaculture, Ava Publishing Company Inc., Baton Rouge, Louisiana, U.S.A., pp 890.
- Ayles, G.B, Baker, R.F., 1983. Genetic differences in growth and survival between strains and hybrids of rainbow trout (*Salmo gairdneri*) stocked in aquaculture lakes in the Canadian prairies. *Aquaculture* 33:269-280.
- Balasini, D., 2000. *Zootecnica, basi tecniche-scientifiche*, Calderini Edagricole, Italy, pp 506.
- Beacham, T.D., Pollard, S., Le, K.D., 2000. Microsatellite DNA population structure and stock identification of Steelhead trout (*Oncorhynchus mykiss*) in the Nass and Skeena Rivers in Northern British Columbia. *Mar. Biotechnol.* 2:587-600.
- Bebak-Williams, J., McAllister, P.E., Smith, G., Boston, R., 2002. Effect of fish density and number of infectious fish on the survival of rainbow trout fry, *Oncorhynchus mykiss* (Walbaum), during epidemics of infectious pancreatic necrosis. *Journal of Fish Diseases* 25:715-726.
- Beddow, T.A., Ross, L.G., 1996. Predicting biomass of Atlantic salmon from morphometric lateral measurements. *Journal of Fish Biology* 49:469-482.
- Begg, G., Friedland, K.D., Pearce, J.B., 1999. Stock Identification – its role in stock assessment and fisheries management. *Fish. Res.* 43:1-8.
- Behnke, R.J., 2002. *Trout and Salmon of North America*. The Free Press, New York, pp 360.
- Bencze Rørå, A.M., Mørkøre, T., Einen, O., 2001. Primary Processing (Evisceration and Filleting). In: Kestin S.C. and Warris P.D. (eds.), *Farmed Fish Quality*, Blackwell Science Ltd, pp 249-260.
- Berg, T., Erikson, U., Nordtvedt, T.S., 1997. Rigor mortis assessment of Atlantic salmon (*Salmo salar*) and effects of stress. *Journal of Food Science* 62:439-446.
- Bettoni, E., 1895. *Piscicoltura d'acqua dolce*, Hoepli, Milano, Italy, pp 318.

- Blackith, R.E., Reyment, R.A., 1971. Multivariate morphometrics, Academic Press, London, UK, pp 71.
- Blanc, J.M., 2002. Interaction between diet and genetic aptitude for weight and growth in juvenile rainbow trout, *Oncorhynchus mykiss* (Walbaum). *Aquaculture Research* 33:563-568.
- Blanc, J.M., Poisson, H., Vallée, F., 2001. Covariation between diploid and triploid progenies from common breeders in rainbow trout, *Oncorhynchus mykiss* (Walbaum). *Aquaculture Research* 32:507-516.
- Booke, H.E., 1981. The conundrum of stock concept – are nature and nurture definable in fishery science?. *Can. J. Fish. Aquat. Sci.* 38:1479-1480.
- Bookstein, F.L., 1986. Size and shape spaces for landmark data in two dimensions. *Statistical Science* 1:181-222.
- Bookstein, F.L., 1990. Introduction to methods for landmark data. In: Rohlf F.J. and Bookstein F.L. (eds.), *Proceedings of the Michigan morphometrics workshop*, Ann. Arbor., Special Publication Number 2, University of Michigan Museum of Zoology, pp 215-226.
- Bookstein, F.L., 1991. *Morphometric tools for landmark data: geometry and biology*, Cambridge University Press, Cambridge, pp 435.
- Bookstein, F.L., 1998. A hundred years of morphometrics. *Acta Zoologica Academiae Scientiarum Hungaricae* 44:7-59.
- Bookstein, F.L., Chernoff, B., Elder, R.L., Humphries, J.M. Jr., Smith, G.R., Strauss, R.E., 1985. *Morphometrics in evolutionary biology*. Special Publication 15, The Academy of Natural Sciences, Philadelphia, pp 277.
- Bosworth, B.G., Holland, M., Brazil, B.L., 2001. Evaluation of ultrasound imagery and body shape to predict carcass and fillet yield in farm-raised catfish. *J. Anim. Sci.* 79:1483-1490.
- Bosworth, B.G., Notter, D.R., Libey, G.S., 1998. Relationships among total weight, body shape, visceral components, and fillet traits in Palmetto Bass (Striped Bass female *Morone saxatilis* x White Bass male *M. chrysops*) and Paradise Bass (Striped Bass female *M. Saxatilis* x Yellow Bass male *M. mississippiensis*). *Journal of the World Aquaculture Society* 29(1):40-50.
- Botta, J.R., Kennedy, K., Squires, B.E., 1987. Effect of method of catching and time of season on the composition of Atlantic cod (*Gadus morhua*). *Journal of Food Science* 52:922-924.
- Brauge, C., Corraze, G., Médale, F., 1995. Effect of dietary levels of lipid and carbohydrate on growth performance, body composition, nitrogen excretion and plasma glucose levels in rainbow trout reared at 8 or 18 °C. *Reprod. Nutr. Dev.* 35:277-290.

- Bugeon, J., Lefevre, F., Fauconneau, B., 2003. Fillet texture and muscle structure in brown trout (*Salmo trutta*) subjected to long-term exercise. *Aquaculture Research* 34:1287-1295.
- Bumpus, H.C., 1898. The elimination of the unfit as illustrated by the introduced sparrow *Passer domesticus*. *Biological Lectures, Marine Biological Laboratory, Woods Hole* 11:209-226.
- Burnaby, T.P., 1966. Growth-invariant discriminant functions and generalized distances. *Biometrics* 22:96-110.
- Cadrin, S.X., 1995. Discrimination of American lobster (*Homarus americanus*) stock of southern New England on the basis of secondary sex character allometry. *Can. J. Fish. Aquat. Sci.* 52:2712-2723.
- Cadrin, S.X., 2000. Advances in morphometric identification of fishery stock. *Reviews in Fish Biology and Fisheries* 10:91-112.
- Cadrin, S.X., Friedland, K.D., 1999. The utility of image processing techniques for morphometric analysis and stock identification. *Fisheries Research* 43:129-139.
- Campton, D.E., 1995. Genetic effects of hatchery fish on wild populations of Pacific salmon and steelhead: What do we really know?. *Am. Fish Soc. Symp.* 15:337-353.
- Canestrini, A., 1914. Lo stabilimento di piscicoltura di Torbole. In: *Atti dell'i.r. Accademia roveretana degli Agiati, serie IV, volume IV, Rovereto (TN), Italy.*
- Cartwright, T.C., 1982. Application of systems analysis to the genetics of beef cattle production systems. *Proc. 2nd World Congr. Genetics Appl. Livestock Prod., 4th-8th October 1982, 5 Plenary sessions, pp 504-513.*
- Casten, M.T., Hardy, R.W., LaPatra, S.E., Powell, M.S., 1998. Performance of five rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) strains at two feedings levels. *Book of Abstract, Aqua '98, Las Vegas 15-19 Feb. 1998, World Aquaculture Society (Abst.), pp 99-100.*
- Cavalcanti, M.J., Rabello Monteiro, L., Duarte Lopes, P.R., 1999. Landmark-based morphometric analysis in selected species of Serranid Fishes (Perciformes: Teleostei). *Zoological Studies* 38(3):287-294.
- Chaiyapechara, S., Casten, M.T., Hardy, R.W., Dong, F.M., 2003. Fish performance, fillet characteristics, and health assessment index of rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) fed diets containing adequate and high concentrations of lipid and vitamin E. *Aquaculture* 219:715-738.
- Clarke, A., Johnston, N.M., 1999. Scaling of metabolic rate with body mass and temperature in teleost fish. *Journal of Animal Ecology* 68:893-905.
- Corti, M., Crossetti, D., 1996. Geographic variation in the grey mullet *Mugil cephalus* (Mugilidae): a geometric morphometric analysis using partial warp scores. *J. Fish Biol.* 48:255-269.

- Corti, M., Loy, A., Cataudella, S., 1996. Form changes in the sea bass, *Dicentrarchus labrax* (Moronidae: Teleostei), after acclimation to freshwater: an analysis using shape coordinates. *Environmental Biology of Fishes* 47:165-175.
- Corti, M., Thorpe, R.S., Sola, L., Sbordoni, V., and Cataudella, S., 1988. Multivariate morphometrics in aquaculture: a case of study of six stock of the Common Carp (*Cyprinus carpio*) from Italy. *Can. J. Fish. Aquat. Sci.* 45:1548-1554.
- Crosetti, D., Sola, L., Allegrucci, G., Libertini, A., 2001. Genetica in acquacoltura. In: Cataudella S. e Bronzi P. (eds.). *Acquacoltura responsabile, verso le produzioni acquatiche del terzo millennio*, Unimar-Uniprom, pp 108-121.
- Cushing, D.H., 1968. *Fisheries Biology – A Study in Population Dynamics*, Univ. Wisconsin Press, WI, U.S.A., pp 200.
- D'Agaro, E., 2007. Il miglioramento genetico della trota. In: Baruchelli G. (ed.), *Tecniche di allevamento e trasformazione della trota*, Istituto Agrario di San Michele all'Adige, Trento, Italy, pp 387-440.
- Donaldson, L.R., Olson, P.R., 1957. Development of rainbow trout brood stock by selective breeding. *Transactions of the American Fisheries Society* 85:93-101.
- Dobzhansky, T.G., 1951. *Genetics and the origin of species*, Columbia University Press, New York, pp 364.
- Dryden, I.L., Mardia, K.V., 1998. *Statistical shape analysis*, John Wiley & Sons, New York, pp 347.
- Dunham, R.A., 1996. The contribution of genetically improved aquatic organisms to global food security. *International Conference on Sustainable Contribution of Fisheries to Food Security*, Government of Japan and FAO, Rome, Italy, pp 50.
- Eknath, A.E., Bentsen, H.B., Gjerde, B., Tayamen, M.M., Abella, T.A., Pullin, R.S.V., 1991. Approaches to National fish breeding programs: Pointers from a tilapia study. *Naga* 14:10-12.
- Einen, O., Mørkøre, T., Rørå, A.M.B., Thomassen, M.S., 1999. Feed ration prior to slaughter – a potential tool for managing product quality of Atlantic salmon (*Salmo salar*). *Aquaculture* 178:149-169.
- Einen, O., Roem, A.J., 1997. Dietary protein/energy ratios for Atlantic salmon in relation to fish size: growth, feed utilization and slaughter quality. *Aquaculture Nutrition* 3:115-126.
- Elvingson, P., Johansson, K., 1993. Genetic and environmental components of variation in body traits of rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) in relation to age. *Aquaculture* 118:191-204.
- Embry, G.C., Hyford, C.D., 1925. The advantage of rearing brook trout fingerlings from selected breeders. *Trans. Amer. Fish. Soc.* 55:135-138.

- Estoup, A., Gharbi, K., SanCristobal, M., Chevalet, C., Haffray, P., Guyomard, R., 1998. Parentage assignment using microsatellites in turbot and rainbow trout hatchery populations. *Can. J. Fish. Sci.* 55:715-725.
- Evanno, G., Regnaut, S., Goudet, J., 2005. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Mol. Ecol.* 14:2611-2620.
- Fabris, A., 2001. Trotilcoltura. In: Cataudella S. e Bronzi P. (eds.) *Acquacoltura responsabile, verso le produzioni acquatiche del terzo millennio*, Unimar-Uniprom, pp 499-507.
- F.A.O., 2010a. Statistics and Information Service of the Fisheries and Aquaculture Department, F.A.O. yearbook. *The state of world fisheries and aquaculture 2010*. Roma, F.A.O. pp 197. Downloadable on F.A.O. web page: <http://www.FAO.org/docrep/013/i1820e/i1820e00.htm>.
- F.A.O., 2010b. Statistics and Information Service of the Fisheries and Aquaculture Department, F.A.O. yearbook. *Fishery and Aquaculture Statistics 2008*. Roma, F.A.O. pp 72. Downloadable on F.A.O. web page: <http://www.FAO.org/docrep/013/i1890t/i1890t.pdf>.
- Ferson, S., Rohlf, F.J., Koehn, R.K., 1985. Measuring shape variation of two-dimensional outlines. *Syst. Zool.* 34:59-68.
- Fishback, A.G., Danzmann, R.G., Ferguson, M.M., Gibson, J.P., 2002. Estimates of genetic parameters and genotype by environment interactions for growth traits of rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) as inferred using molecular pedigrees. *Aquaculture* 206:137-150.
- Fishback, A.G., Danzmann, R.G., Sakamoto, T., Ferguson, M.M., 1999. Optimization of semi-automated microsatellite multiplex polymerase chain reaction systems for rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). *Aquaculture* 172:247-254.
- Fisher, R.A., 1935. The logic of inductive inference. *Journal of the Royal Statistical Society* 98:39-82.
- Fisher, R.A., 1936. The use of multiple measurements in taxonomic problems. *Ann. Eugen.* 7:179-188.
- Gandolfi, G., Zerunian, S., Torricelli, P., Marconato, S. (eds.), 1991. *I pesci delle acque interne italiane*, Istituto Poligrafico e Zecca dello Stato, Roma, Italy, pp 327-330.
- Ghittino, P. (ed.), 1983. *Tecnologia e patologia in acquacoltura – tecnologia* (vol. 1), Tipografia Emilio Bono, Torino, Italy, p 159.
- Gjedrem, T., 1992. Breeding plans for rainbow trout. In: Gall G.A.E. (ed), *The rainbow trout*, Elsevier Science Publishers B.V., Amsterdam, The Netherlands, pp 73-83.
- Gjedrem, T., 1997. Flesh quality improvement in fish through breeding. *Aquaculture International* 5:197-206.

- Gjedrem, T., 2000. Genetic improvement of cold-water fish species. *Aquaculture Research* 31:25-33.
- Gjedrem, T., 2005. Status and scope of aquaculture. In: Gjedrem T. (ed.) *Selection and Breeding Programs in Aquaculture*, Springer, Dordrecht, The Netherlands, pp 1-7.
- Gjedrem, T., Thodesen, J., 2005. Selection. In: Gjedrem T. (ed.) *Selection and Breeding Programs in Aquaculture*, Springer, Dordrecht, The Netherlands, pp 89-111.
- Gjerde, B., 1986. Growth and reproduction in fish and shellfish. *Aquaculture*, 57(1-4):37-55.
- Gjerde, B., Gunnes, K., Gjedrem, T., 1983. Effect of inbreeding on survival and growth in rainbow trout. *Aquaculture* 34:327-332.
- Gjerde, B., Rye, M., 1998. Design of breeding programmes in aquaculture species: Possibilities and constraints. In: Bartley, D.M. , Basurco B. (eds.) *Genetics and breeding of Mediterranean aquaculture species*, CIHEAM-IAMZ, Zaragoza, pp 181-192: 41 ref. (Cahiers Options Méditerranéennes; v. 34), Seminar of the CIHEAM Network on Technology of Aquaculture in the Mediterranean (TECAM), 1997/04/28-29, Zaragoza (Spain)
- Glover, K.A., 2008. Genetic characterisation of farmed rainbow trout in Norway: intra- and interstrain variation reveals potential for identification of escapees. *BMC genetics* 9:art. n°87.
- Gould, S.J., Johnston, R.F., 1972. Geographic variation. *Ann. Rev. Ecol. Syst.* 3:457-498.
- Gross, R., Lulla, P., Paaver, T., 2007. Genetic variability and differentiation of rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) strains in northern and Eastern Europe. *Aquaculture* 272S1, S139-S146.
- Gunnes, K., Gjedrem, T., 1981. A genetic analysis of body weight and length in rainbow trout reared in seawater for 18 months. *Aquaculture* 24:161-174.
- Hard, J.J., Berejikian, B.A., Tezak, E.P., Schroder, S.L., Knudsen, C.M., Parker, L.T., 2000. Evidence for morphometric differentiation of wild and captive reared adult coho salmon: a geometric analysis. *Environmental Biology of Fishes* 58:61-73.
- Hard, J.J., Hershberger, W.K., 1995. Quantitative genetic consequences of captive broodstock programs for anadromous Pacific salmon (*Oncorhynchus* spp.). In: Flagg T.A. and Mahnken C.V.W. (eds.), *An Assessment of the Status of Captive Broodstock Technology for Pacific Salmon*, Portland, U.S.A., pp 2-75.
- Hardy, R.W., 1999. Collaborative opportunities between fish nutrition and other disciplines in aquaculture: an overview. *Aquaculture* 177:217-230.
- Hazel, L.N., 1943. The genetic basis for constructing selection indexes. *Genetics* 28:476-490.

- Heath, D.D., Bernier, N.J., Heath, J.W., Iwama, G.K., 1993. Genetic, environmental, and interaction effects on growth and stress response of Chinook salmon (*Oncorhynchus tshawytscha*) fry. *Can. J. Fish Aquat. Sci.* 50:435-442.
- Hillestad, M., Johnsen, F., Austreng, E., Åasgård, T., 1998. Long-term effects of dietary fat level and feeding rate on growth, feed utilization and carcass quality of Atlantic salmon. *Aquaculture Nutrition* 4:89-97.
- Hokanson, K.E.F., Kleiner, C.F., Thorslund, T.W., 1977. Effects of constant temperatures and diel temperature fluctuations on specific growth and mortality rates and yield of juvenile Rainbow Trout, *Salmo gairdneri*. *J. Fish. Res. Board Can.* 34:639-648.
- Hotelling, H., 1933. Analysis of a complex of statistical variables into principal components. *Journal of Educational Psychology* 24:417-441 and 498-520.
- Hubbs, C.L., Lagler, K.F., 1947. Fishes of the Great Lakes region. *Cranbrook Inst. Sci. Bull.* 26, pp 1-213.
- Hulata, G., 2001. Genetic manipulations in aquaculture: a review of stock improvement by classical and modern technologies. *Genetica* 111:155-173.
- Huxley, J.S., 1932. Problems of Relative Growth. The Dial Press, New York, U.S.A., pp 276.
- ISTAT, 2001. 8° Censimento generale dell'industria e dei servizi. Roma, 22 ottobre 2001. Downloadable on ISTAT web page: <http://dwcis.istat.it/cis/index.htm>
- Iwamoto, R.N., Myers, J.M., Hershberger, W.K., 1990. Heritability and genetic correlations for flesh coloration in pen-reared coho salmon. *Aquaculture* 86:181-190.
- Jakobsson, M., Rosenberg, N.A., 2007. CLUMPP: a cluster matching and permutation program for dealing with label switching and multimodality in analysis of population structure. *Bioinformatics* 23 (14):1801-1806.
- Johansen, S.J.S., Jobling, M., 1998. The influence of feeding regime on growth and slaughter traits of cage-reared Atlantic salmon. *Aquaculture International* 6:1-17.
- Johnson, N.A., Rexroad, C.E. III, Hallerman, E.M., Vallejo, R.L., Palti, Y., 2007. Development and evaluation of a new microsatellite multiplex system for parental allocation and management of rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) broodstock. *Aquaculture* 266:53-62.
- Johnston, I.A., 2001. Genetic and environmental determinants of muscle growth patterns. In: Hoar W.S. (ed.) *Fish Physiology*, Academic Press Inc., Orlando, Florida, U.S.A., pp 141-185.
- Johnston, I.A., Alderson, R., Sandham, C., Dingwall, A., Mitchell, D., Selkirk, C., Nickell, D., Baker, R., Robertson, B., Whyte, D., Springate, J., 2000. Muscle fibre density in relation to the colour and texture of smoked Atlantic salmon (*Salmo salar* L.). *Aquaculture* 189:335-349.

- Jolicoeur, P., 1963. The generalization of the allometry equation. *Biometrics* 19:497-499.
- Jolicoeur, P., Mosimann, J.E., 1960. Size and shape variation in the painted turtle, a principal component analysis. *Growth* 24:339-354.
- Kause, A., Paananen, T., Ritola, O., Koskinen, H., 2007. Direct and indirect selection of visceral lipid weight, fillet weight, and fillet percentage in a rainbow trout breeding program. *Journal of Animal Science* 85(12):3218-3227.
- Kause, A., Ritola, O., Paananen, T., 2004. Breeding for improved appearance of large rainbow trout in two production environments. *Aquaculture Research* 35:924-930.
- Kause, A., Ritola, O., Paananen, T., Eskelinen, U., Mäntysaari, E., 2003a. Big and beautiful? Quantitative genetic parameters for appearance of large rainbow trout. *Journal of Fish Biology* 62:610-622.
- Kause, A., Ritola, O., Paananen, T., Mäntysaari, E., Eskelinen, U., 2002. Coupling body weight and its compositions: a quantitative genetic analysis in rainbow trout. *Aquaculture* 211:65-79.
- Kause, A., Ritola, O., Paananen, T., Mäntysaari, E., Eskelinen, U., 2003b. Selection against early maturity in large rainbow trout *Oncorhynchus mykiss*: the quantitative genetics of sexual dimorphism and genotype-by-environment interactions. *Aquaculture* 228:53-68.
- Kause, A., Ritola, O., Paananen, T., Wahlroos, H., Mäntysaari, E., 2005. Genetic trends in growth, sexual maturity and skeletal deformations, and rate of inbreeding in a breeding programme for rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). *Aquaculture* 247:177-187.
- Kause, A., Stien, L.H., Rungruangsak-Torrisen, K., Ritola, O., Ruohonen, K., Kiessling, A., 2008. Image analysis as a tool to facilitate selective breeding of quality traits in rainbow trout. *Livestock Science* 114:315-324.
- Kause, A., Tobin, D., Houlihan, D.F., Martin, S.A.M., Mäntysaari, E.A., Ritola, O., Ruohonen, K., 2006. Feed efficiency of rainbow trout can be improved through selection: Different genetic potential on alternative diets. *J. Anim. Sci.* 84:807-817.
- Kendall, D.G., 1984. Shape-manifolds, procrustean metrics, and complex projective spaces. *Bull. London Math. Soc.* 16:81-121.
- Kincaid, H.L., Bridges, W.R., Von Limbach, B., 1977. Three Generations of Selection for Growth Rate in Fall-Spawning Rainbow Trout. *Transactions of the American Fisheries Society* 106:621-628.
- King, D.P.F., 1985. Morphological and meristic differences between spawning aggregations of northeast Atlantic herring *Clupea harengus* L.. *J. Fish Biol.* 26:591-607.

- Klingenberg, C.P., McIntyre, G.S., 1998. Geometric morphometrics of developmental instability: analyzing patterns of fluctuating asymmetry with procrustes methods. *Evolution* 52(5):1363-1375.
- Kumpf, H.E., Vaught, R.N., Grimes, C.B., Johnston, A.G., Nakamura, E.L., 1987. Proceedings of the Stock Identification Workshop, Nov. 5-7, 1985, Panama City Beach, Florida. U.S. Dep. Commer., NOAA Tech. Memo. NMFS-SEFC-199, pp 228.
- Laird, L.M., 1996. History and applications of salmonid culture. In: Pennell W. and Barton B.A. (eds.) *Principles of Salmonid Culture*, Elsevier Science B.V., Amsterdam, The Netherlands, pp 1-28.
- Lee, P.J., 1971. Multivariate analysis for the fisheries biology. *Fish. Res. Bd. Can. Tech. Rep.* 244:1-182.
- Lissner, H., 1934. On races of herring. *J. Cons. Int. Explor. Mer.* 9:346-364.
- Lovett, D.L., Felder, D.L., 1989. Application of regression techniques to studies of relative growth in crustaceans. *J. Crust. Biol.* 91:529-539.
- Loy, A., Boglione, C., Cataudella S., 1999. Geometric morphometrics and morpho-anatomy: a combined tool in the study of sea bream (*Sparus aurata*, sparidae) shape. *J. Appl. Ichthyol.* 15:104-110.
- Loy, A., Cataudella, S., Corti, M., 1996. Shape changes during the growth of sea bass, *Dicentrarchus labrax* (Teleostea: Perciformes), in relation to different rearing conditions. In: Marcus L.F., Corti M., Loy A., Naylor G.J.P. and Slice D.E. (eds.). *Advances in Morphometrics*, NATO ASI series A: Life Science 284, pp 399-414.
- Loy, A., Mariani, L., Bertelletti, M., Tunesi, L., 1998. Visualizing allometry: geometric morphometrics in the study of shape changes in the early stages of the two-banded sea bream, *Diplodus vulgaris* (Perciformes, Sparidae). *J. Morph.* 237:137-146.
- Lucarda, A.N., D'Isep, E. Forneris, G., 2004. Utilizzo dell'analisi d'immagine per uno studio morfometrico su *Salmo trutta trutta*, *Salmo trutta marmoratus* e sul loro 'ibrido'. In: Nonnis Marzano F., Maldini M., Gandolfi G. (eds.), *Atti 9° Convegno Nazionale A.I.I.A.D., Università degli Studi di Parma, Biologia Ambientale* 18(1):1-13.
- Lush, J.L., 1937. *Animal breeding Plans*, Iowa State Univ. Press, Ames, U.S.A., pp 445.
- MacCrimmon, H.R., 1971. World Distribution of Rainbow Trout (*Salmo gairdneri*). *Journal of Fisheries Research Board of Canada* 28 (5):663-704.
- Marcus, L.F., 1990. Traditional morphometrics. In: Rohlf F.J. and Bookstein F.L. (eds.), *Proceedings of the Michigan morphometrics workshop*, Ann. Arbor., Special Publication Number 2, University of Michigan Museum of Zoology, pp 77-122.

- Marcus, L.F., Corti, M., Loy, A., Naylor, G.J.P., Slice, D.E., 1996. Advances in Morphometrics, NATO ASI series A: Life Science 284, pp 587.
- Matassino, D., 1989. Cenni storici. L'Italia Agricola 3:17-22.
- Matassino, D., 2009. Alcune riflessioni sul significato di razza, <http://www.scienzaegoverno.org/csua/biodiversita/RAZZA.pdf>.
- Maenhout, S., De Baets, B., Haesaert, G., 2009a. Marker-based estimation of the coefficient of coancestry in hybrid breeding programmes. *Theor. Appl. Genet.* 118:1181-1192.
- Maenhout, S., De Baets, B., Haesaert, G., 2009b. CoCoa: a software tool for estimating the coefficient of coancestry from multilocus genotype data. *Bioinformatics* 25(20):2753-2754.
- Miyake, Y., Inouè, S., Tamoto, Y., Kubo, S., 1984. Evaluation of image quality of digital pictures obtained by drum scanner and photo- printer. In: H.M. Graves (eds.). *Photographic and electronic image quality*, Royal Photographic Society, Cambridge, pp 62-66.
- Montero, D., Izquierdo, M.S., Tort, L., Robaina, L., Vergara, J.M., 1999. High stocking density produces crowding stress altering some physiological and biochemical parameters in gilthead seabream, *Sparus aurata*, juveniles. *Fish Physiology and Biochemistry* 20:53-60.
- Morris, P.C., 2001. The effects of nutrition on the composition of farmed fish. In: Kestin S.C. and Warriss P.D. (eds.), Blackwell Science Ltd., Oxford, UK, pp 161-179.
- Myrick, C.A., Cech, J.J., (2000). Temperature influences on California rainbow trout physiological performance. *Fish Physiology and Biochemistry* 22(3):245-254.
- Morris, D.B., Richard, K.R., Wright, J.M., 1996. Microsatellites from rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) and their use for genetic study of salmonids. *Can. J. Fish. Aquat. Sci.* 53:120-126.
- Neira, R., Lhorente, J.P., Araneda, C., Díaz, N., Bustos, E., Alert, A., 2004. Studies on carcass quality traits in two population of Coho salmon (*Oncorhynchus kisutch*) phenotypic and genetic parameters. *Aquaculture* 241:117-131.
- Olesen, I., Gjedrem, T., Bentsen, H.B., Gjerde, B., Rye M., 2003. Breeding programs for sustainable aquaculture. *Journal of Applied Aquaculture* 13:179-204.
- Overturf, K., Casten, M.T., LaPatra, S.L., Rexroad, C.E. III, Hardy, R.W., 2003. Comparison of growth performance, immunological response and genetic diversity of five strains of rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). *Aquaculture* 217:93-106.
- Paaver, T., Gross, R., Ilves, P., 2004. Growth rate, maturation level and flesh quality of three strains of large rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) reared in Estonia. *Aquaculture International* 12:33-45.
- Pakkasmaa, S., Piironen, J., 2001. Water velocity shapes juvenile salmonids. *Evolutionary Ecology* 14:721-730.

- Pakkasmaa, S., Ranta, E., Piironen J., 1998. A morphometric study on four land-locked salmonid species. *Ann. Zool. Fennici* 35:131-140.
- Palti, Y., Danzmann, R.G., Rexroad, C.E., 2003. Characterization and mapping of 19 polymorphic microsatellite markers for rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). *Animal Genetics* 34(2):1365-2052.
- Palti, Y., Fincham, M.R., Rexroad, C.E., 2002. Characterization of 38 polymorphic microsatellite markers for rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). *Molecular Ecology Notes* 2(4):449-452.
- Palti, Y., Silverstein, J.T., Wieman, H., Phillips, J.G., Barrows, F.T., Parsons, J.E., 2006. Evaluation of family growth response to fishmeal and gluten-based diets in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). *Aquaculture* 255:548-556.
- Pante, M.J.R., Gjerde, B., McMillan, I., 2001a. Effect of inbreeding on body weight at harvest in rainbow trout, *Oncorhynchus mykiss*. *Aquaculture* 192:201-211.
- Pante, M.J.R., Gjerde, B., McMillan, I., 2001b. Inbreeding levels in selected populations of rainbow trout, *Oncorhynchus mykiss*. *Aquaculture* 192:213-224.
- Park, S.D.E., 2001. Trypanotolerance in West African Cattle and the population genetic effects of selection (PhD thesis), University of Dublin.
- Parsons, K.J., Robinson, B.W., Hrbek, T., 2003. Getting into shape: An empirical comparison of traditional truss-based morphometric methods with a newer geometric method applied to New World cichlids. *Environmental Biology of Fishes* 67:417-431.
- Pearson, K., 1895. Note on regression and inheritance in the case of two parents. *Proceedings of the Royal Society of London* 58:240-242.
- Pearson, K., 1901. On lines and planes of closest fit to systems of points in space. *Philosophical Magazine Series* 6(2):559-572.
- Pearson, K., 1906. Walter Frank Raphael Weldon. *Biometrika* 5:1-52.
- Pires, A.V., Fonseca, A.M. Junior, Silva, L.H.S., Kuster, L.D.S., Araujo, C.V., Fonseca, R., Pereira, I.G., Silva, F.F., 2006. Modeling fillet weight and yield on body traits in Nile tilapia (*Oreochromis niloticus* L.). *Proc. 8th World Congress on Genetics Applied Livestock Production*, 2006 August 13–18, Belo Horizonte, MG, Brasil.
- Pitman, R.W., 1979. Effects of Female Age and Egg Size on Growth and Mortality in Rainbow Trout. *The Progressive Fish-Culturist* 41(4): 202-204.
- Podani, J., 2007. *Analisi ed esplorazione multivariate dei dati in ecologia e biologia* (traduzione dall'edizione ungherese), Liguori Editore, Napoli, pp 515.
- Pottinger, T.G., 2001. Effects of husbandry stress on flesh quality indicators in fish. In: Kestin S.C. and Warriss P.D. (eds.), *Blackwell Science Ltd., Oxford, UK*, pp 145-160.

- Pritchard, J., Stephens, M., Donnelly, P., 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155:945-959.
- Quillet, E., Le Guillou, S., Aubin, J., Fauconneau, B., 2005. Two-way selection for muscle lipid content in pan-size rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). *Aquaculture* 245:49-61.
- Rabanal, H.R., 1988. History of aquaculture. Project reports, ASEAN/SF/88/Tech. 7, <http://www.F.A.O.org/docrep/field/009/ag158e/AG158E00.htm#TOC>
- Rasmussen, R.S., 2001. Quality of farmed salmonids with emphasis on proximate composition, yield and sensory characteristics. *Aquaculture Research* 32:767-786.
- Rasmussen, R.S., Ostenfeld, T.H., 2000. Effect of growth rate on quality traits and feed utilisation of rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) and brook trout (*Salvelinus fontinalis*). *Aquaculture* 184:327-337.
- Refstie, T., 1980. Genetic and environmental sources of variation in body weight and length of rainbow trout fingerlings. *Aquaculture* 19(4):351–357.
- Rexroad, C.E. III, Coleman, R.L., Gustafson, A.L., Hershberger, W.K., Killefer, J., 2002a. Development of Rainbow Trout microsatellite markers from repeat enriched libraries. *Marine Biotechnology* 3:12-16.
- Rexroad, C.E. III, Coleman, R.L., Hershberger, W.K., Killefer, J., 2002b. Thirty-eight polymorphic microsatellite markers for mapping in rainbow trout. *J. Anim. Sci.* 80:541-542.
- Rexroad, C.E. III, Coleman, R.L., Martin, A.M., Hershberger, W.K., Killefer, J., 2001. Thirty-five polymorphic microsatellite markers for rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). *Animal Genetics* 32:316-331.
- Rexroad, C.E. III, Rodriguez, M.F., Coulibaly, I., Gharbi, K., Danzmann, R.G., DeKoning, J., Phillips, R., Palti, Y., 2005. Comparative mapping of expressed sequence tags containing microsatellites in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). *BMC Genomics* 6: art. n°54.
- Reyment, R., 1990. Reifications of classical multivariate analyses in morphometry. In: Rohlf F.J. and Bookstein F.L. (eds.), *Proceedings of the Michigan morphometrics workshop*, Ann Arbor., Special Publication Number 2, University of Michigan Museum of Zoology, pp 123-144.
- Reys Gavilan, F.G., Ojanguren, A.F., Brana F., 1997. The ontogenetic development of body segments and sexual dimorphism in brown trout (*Salmo trutta* L.). *Can. J. Zool.* 75:651-655.
- Robb, D.H.F., 2001. The relationship between killing methods and quality. In: Kestin S.C. and Warriss P.D. (eds.), *Blackwell Science Ltd., Oxford, UK*, pp 220-233.
- Rohlf, F.J., 1990. An overview of image processing and analysis techniques for morphometrics. In: Rohlf F.J. and Bookstein F.L. (eds.), *Proceedings of the Michigan morphometrics workshop*,

- Ann. Arbor., Special Publication Number 2, University of Michigan Museum of Zoology, pp 37-60.
- Rohlf, F.J., Bookstein, F.L., 1990. Proceedings of the Michigan morphometrics workshop, Ann. Arbor., Special Publication Number 2, University of Michigan Museum of Zoology.
- Rohlf, F.J., Loy, A., Corti, M., 1996. Morphometric analysis of Old World Talpidae (Mammalia, Insectivora) using partial-warp scores. *Systematic Biology* 45(3):344-362.
- Rohlf, F.J., Marcus, L.F., 1993. A revolution in morphometrics. *Trends in Ecology and Evolution* 8:129-132.
- Rohlf, F.J., Slice, D.E., 1990. Extensions of the Procrustes methods for the optimal superimposition of landmark. *Systematic Zoology* 39:40-59.
- Rombough, P.J., 1985. Initial egg weight, time to maximum alevin wet weight, and optimal ponding times for chinook salmon (*Oncorhynchus tshawytscha*). *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences* 42(2):287-291.
- Rosciano, M., 2006. Le caratteristiche strutturali dell'acquacoltura italiana. *Il Pesce* 2:41-46.
- Rosenberg, N.A., 2004. DISTRUCT: a program for the graphical display of population structure. *Molecular Ecology Notes* 4:137-138.
- Royce, W.F., 1957. Statistical comparison of morphological data. In: Marr J.C. (ed.), *Contributions to the study of subpopulations of fishes*, U.S. Fish and Wildlife Serv. Spec. Sci. Rep., Fisheries, 208, pp 7-28.
- Ruohonen, K., 1998. Individual measurements and nested designs in aquaculture experiments: a simulation study. *Aquaculture* 165(1-2):149-157.
- Rutten, M.J.M., Bovenhuis, H., Komen, H., 2004. Modeling fillet traits based on body measurement in three Nile tilapia strains (*Oreochromis niloticus* L.). *Aquaculture* 231:113-122.
- Saila, S.B., Flowers, J.M., 1969. Geographic morphometric variation in American lobster. *Syst. Zool.* 18:330-338.
- Saila, S.B., Martin, B.K., 1987. A brief review and guide to some multivariate methods for stock identification. In: Kumpf H.E., Vaught R.N., Grimes C.B., Johnston A.G. and Nakamura E.L. (eds.), *Proceedings of the Stock Identification Workshop*, NOAA Tech. Mem., NMFS-SEFC 199, pp 149-175.
- Sakamoto T., Okamoto, N., Ikeda, Y., 1994. Dinucleotide repeat polymorphism of rainbow trout. *J. Anim. Sci.* 72:2765-2767.

- Sang, N.V., Thomassen, M., Klemetsdal, G., Gjøen, H.M., 2009. Prediction of fillet weight, fillet yield, and fillet fat for live river catfish (*Pangasianodon hypophthalmus*). *Aquaculture* 288:166-171.
- Sanver, F., 2005. Effects of largely varying feeding intensities on growth, weight gain composition and fillet of rainbow trout, *Oncorhynchus mykiss* (Walbaum, 1792). *E.U. Journal of Fisheries & Aquatic Sciences* 22(1-2):161-164.
- Savostyanova, G.G., 1968. Rainbow Trout selection in the Northwest region of the U.S.S.R.. <http://www.F.A.O..org/docrep/005/b3310e/B3310E19.htm>.
- Schiavo, A., 2001. Stress da cattura e da manipolazione e qualità delle carni fresche e da conservare. *Il Pesce* 5:67-79.
- Shearer, K.D., 1994. Factors affecting the proximate composition of cultured fishes with emphasis on salmonids. *Aquaculture* 119:63-88.
- Sheehan, R.J., Shasteen, S.P., Sureh, A.V., Kapuscinski, A.R., Seeb, J.E., 1999. Better growth in all-female diploid and triploid rainbow trout. *Transactions of the American Fisheries Society* 128:491-498.
- Sigurgisladdottir, S., Parrish, C.C., Lall, S.P., Ackman, R.G., 1994. Effect of feeding natural tocopherols and astaxanthin on Atlantic salmon (*Salmo salar*) fillet quality. *Food Research International* 27:23-32.
- Silverstein, J.T., Hostuttler, M., Blemings, K.P., 2005. Strain differences in feed efficiency measured as residual feed intake in individually reared rainbow trout, *Oncorhynchus mykiss* (Walbaum). *Aquaculture Research* 36:704-711.
- Silverstein, J.T., Rexroad, III C.E., King, L.T., 2004. Genetic variation measured by microsatellites among three strains of domesticated rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*, Walbaum). *Aquaculture Research* 35:40-48.
- Sinnot, R., 2001. Carcass quality monitoring at the farm and factory. In: Kestin S.C. and Warris P.D. (eds.), *Farmed Fish Quality*, Blackwell Science Ltd, pp 318-334.
- Smart, T.S., Riley, J., Edwards, P., 1998. Statistical aspects of aquaculture research: sample sizes for pond experiments. *Aquaculture Research* 29(5):373-379.
- Smith, R.J., 1980. Rethinking allometry. *J. Theor. Biol.* 87:97-111.
- Springate, J.R.C., Bromage, N.R., 1985. Effects of egg size on early growth and survival in rainbow trout (*Salmo gairdneri* Richardson). *Aquaculture* 47(2-3):163-172.
- Strauss, R.E., 1993. The study of allometry since Huxley. In: Huxley J.S. (ed.) *Problems of Relative Growth*, John Hopkins University Press, pp 47-75.

- Strauss, R.E., Bookstein, F.L., 1982. The truss: body form reconstructions in morphometrics. *Syst. Zool.* 31:113-135.
- Su, G.S., Liljedahl, L.E., Gall, G.A.E., 1996. Effects of inbreeding on growth and reproductive traits in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). *Aquaculture* 142:139-148.
- Swain, D.P., Riddell, B.E., Murray, C.B., 1991. Morphological differences between hatchery and wild populations of Coho salmon (*Oncorhynchus kisutch*): environmental versus genetic origin. *Can. J. Fish. Aquat. Sci.* 48:1783-1791.
- Sylvén, S., Elvingson, P., 1992. Comparison of rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) strains for body weight, length and age at maturity in different Swedish production system. *Aquaculture* 104:37-50.
- Sylvén, S., Rye, M., Simianer, H., 1991. Interaction of genotype with production system for slaughter weight in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). *Livest. Prod. Sci.* 28:253-263.
- Taylor, E.B., Tamkee, P., Sterling, G., Hughson, W., 2007. Microsatellite DNA analysis of rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) from western Alberta, Canada: native status and evolutionary distinctiveness of “Athabasca” rainbow trout. *Conserv. Genet.* 8 :1-15.
- Teissier, G., 1936. Croissance comparee des formes locales d'une meme espace. *Mem. Mus. r. Hist. Nat. Belg.* 3(2):627-634
- Thompson, D'A.W., 1917. *On Growth and Form*. Cambridge University Press, Cambridge, UK, pp 465.
- Torphe, R.S., 1976. Biometric analysis of geographic variation and racial affinities. *Biol. Rev.* 51:407-452.
- Tobin, D., Kause, A., Mäntysaari, E.A., Martin, S.A.M., Houlihan, D.F., Dobby, A., Kiessling, A., Rungruangsak-Torrissen, K., Ritola, O., Ruohonen, K., 2006. Fat or lean? The quantitative genetic basis for selection strategies of muscle and body composition traits in breeding schemes of rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). *Aquaculture* 261:510-521.
- Torrissen, O.J., Sigurgisladottir, S., Slinde, E., 2001. Texture and technological properties of fish. In: Kestin S.C. and Warriss P.D. (eds.), Blackwell Science Ltd., Oxford, UK, pp 42-57.
- Uysal, I., Albaz, A., 2002. Comparison of the growth performance and mortality in Abant trout (*Salmo trutta abanticus* Tortonese, 1954) and rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss* Walbaum, 1792) under farming conditions. *Turk. J. Zool.* 26:399-403.
- Valentin, A.E., Penin, X., Chanut, J.-P., Sévigny, J.-M., Rohlf, F.J., 2008. Arching effect on fish body shape in geometric morphometric studies. *Journal of Fish Biology* 73:623-628.

- Von Cramon-taubadel, N., Ling, E.N., Cotter, D.; Wilkins, N.P., 2005. Determination of body shape variation in Irish hatchery-reared and wild Atlantic salmon. *Journal of Fish Biology* 66:1471-1482.
- Walker, J.A., 1996. Principal components of body shape variation within an endemic radiation of threespine stickleback. In: Marcus L.F., Corti M., Loy A., Naylor G.J.P. and Slice D.E. (eds.). *Advances in Morphometrics, NATO ASI series A: Life Science* 284, pp 321-334.
- Walker, J.A., 1997. Ecological morphology of lacustrine threespine stickleback *Gasterosteus aculeatus* L. body shape. *Biol. J. Linn. Soc.* 61:3-50.
- Wall, A.J., 2001. Ethical considerations in the handling and slaughter of farmed fish. In: Kestin S.C. and Warriss P.D. (eds.), *Blackwell Science Ltd., Oxford, UK*, pp 108-115.
- Wang, S., Hard, J.J., Utter, F., 2002. Salmonid inbreeding: a review. *Reviews in Fish Biology and Fisheries* 11:301-319.
- Weatherup, R.N., McCracken, K.J., Foy, R., Rice, D., McKendry, J., Mairs, R.J., Hoey, R., 1997. The effects of dietary fat content on performance and body composition of farmed rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). *Aquaculture* 151:173-184.
- Winans, G.A., 1984. Multivariate morphometric variability in Pacific salmon: technical demonstration. *Can. J. Fish. Aquat. Sci.* 41:1150-1159.
- Winans, G.A., 1987. Using morphometric and meristic characters for identifying stock of fish. In: Kumpf H.E., Vaught R.N., Grimes C.B., Johnston A.G. and Nakamura E.L. (eds.), *Proceedings of the Stock Identification Workshop, NOAA Tech. Mem., NMFS-SEFC* 199, pp 135-146.
- Wright, J.M., Bentzen, P., 1994. Microsatellites: genetic markers for the future. *Reviews in Fish Biology and Fisheries* 4:384-388.
- Zelditch, M.L., Swiderski, D.L., Sheets, H.D., Fink, W.L., 2004. *Geometric Morphometrics for Biologists: A Primer*. Elsevier Academic Press, New York and London, pp 437.

10. WEBLIOGRAFIA

API: <http://www.api-online.it/index.cfm?ent=informazioni&idsp=25>

(last access: gennaio 2012).

Centro Studi l'Uomo e l'Ambiente <http://www.scienzaegoverno.org/>

(last access: gennaio 2012).

DISTRUCT: <http://www.stanford.edu/group/rosenberglab/distructDownload.html>

(last access: dicembre 2011).

F.A.O.: <http://www.fao.org/>

(last access: gennaio 2012).

F.A.O. Fisheries and Aquaculture Department: <http://www.fao.org/fishery/en>

(last access: gennaio 2012).

F.A.O. Publications: <http://www.fao.org/publications/en/>

(last access: gennaio 2012).

ISTAT, censimento generale dell'industria e dei servizi: <http://dwcis.istat.it/cis/index.htm>

(last access: ottobre 2011).

MorphoJ: http://www.flywings.org.uk/MorphoJ_page.htm

(last access: novembre 2011).

Morphometrics: <http://life.bio.sunysb.edu/morph/>

(last access: luglio 2011).

11. ALLEGATI

ALLEGATO A: SCHEDA TECNICA SULLE TROTICOLTURE

Fotografia della trotilcoltura

Nome azienda: _____

Proprietario: _____

Località: _____

Referenze geografiche: _____

Anno di costruzione o di ricostruzione dell'impianto: _____

Superficie utile delle vasche: _____

Potenzialità teorica della trotilcoltura: _____

Disposizione delle vasche: _____

Numero vasche: _____

Dimensioni delle vasche: _____

Vasche libere o non utilizzate: _____

Materiale con cui sono costruite le vasche: _____

Potenzialità dell'incubatoio: _____

Potenzialità dell'avannotteria: _____

Pretrattamenti dell'acqua d'ingresso: _____

Dispositivi abbattimento carico organico: _____

Attrezzature migliorative presenti: _____

Origine materiale: autoproduzione: Trentino nazionale U.E. Stato: _____

Specie allevate: trota iridea trota fario salmerino a. salmerino f. salmerino ibrido

Tipo produzione: uova novellame consumo umano ripopolamento

Adulto: fino a 350g _____ fino a 800g _____ fino a 1200g _____

Produzione annua: uova _____ novellame _____ adulto _____

% mercato interno _____

% mercato estero _____

Origine dell'acqua: sorgiva _____ di pozzo _____

acqua superficiale _____

Denominazione corpo idrico di derivazione: _____

Denominazione recettore finale: _____

Portata: minima _____ massima _____

Temperatura dell'acqua: minima _____ massima _____

Portata di concessione l/sec: _____

Caratteristiche dell'acqua: _____

Variazione periodiche delle caratteristiche qualitative e quantitative dell'acqua di alimentazione:

Frequenza dell'alimentazione (n° volte al giorno): avannotti _____

trotelle _____ trote _____ riproduttori _____

Fornitore di mangime: _____

Personale: coadiuvanti familiari _____ salariati fissi _____ avventizi _____

Situazione sanitaria di cui alla Direttiva CE 91/67:

riconosciuta indenne: _____

in fase di riconoscimento: _____

infetta da: _____

Osservazioni: _____

Data di compilazione: _____

Compilata da : _____

ALLEGATO B: SCHEDA SUL MATERIALE ITTICO

Nome azienda:

Proprietario:

Località:

- **Origine genetica del materiale conferito/ da conferire presso ASTRO:**

autoproduzione

acquistato

- **Eventuali incroci eseguiti:**

Il ceppo è stato mantenuto puro oppure è stato incrociato con altri ceppi?

CEPPO PURO

CEPPO INCROCIATO

- **In caso di CEPPO PURO:**

Origine del materiale (specificare se possibile nome del ceppo, azienda e luogo di provenienza):

.....
.....

Numero di generazioni:

Numero minimo di riproduttori usati per la riproduzione:

Osservazioni:

.....
.....
.....
.....
.....

• **In caso di CEPPO INCROCIATO:**

Materiale ittico di origine (specificare se possibile nome del ceppo, azienda e luogo di provenienza):

.....
.....

Incroci, anno di incrocio ed origine del materiale utilizzato per il rinsanguamento:

1.
2.
3.
4.
5.

Numero minimo di riproduttori usati per il rinsanguamento:

• **Altre informazioni generali:**

Pezzatura del lotto:

Periodo di schiusa della partita di uova :

Densità del lotto in vasca di allevamento (anche presunta):

Temperatura dell'acqua: minima massima

Eventuali patologie pregresse del lotto:

Marca del mangime e razione giornaliera:

Il materiale viene conferito digiuno? SI specificare da quanto:.....

NO

Status sanitario dell'impianto di cui alla Direttiva CE 91/67 e s. m., decisione 2007/345/CE:

riconosciuta indenne:

in fase di riconoscimento:

infetta specificare patologia:

Osservazioni:.....

.....
.....

ALLEGATO C: SCHEDA F.E.M.-IASMA



Nome azienda: Centro Ittico Istituto F.E.M.-IASMA

Proprietario: Fondazione Edmund Mach - Istituto Agrario S. Michele a./A.

Località: San Michele a./A.

Referenze geografiche: X: 1.664.777 Y: 5.117.576

Anno di costruzione o di ricostruzione dell'impianto: 1994

Superficie utile delle vasche: 783 mq

Potenzialità teorica della trotilcoltura: non determinata

Disposizione delle vasche: in parallelo

Numero vasche: 136

Dimensioni delle vasche: variabile da 1 mq a 130 mq

Vasche libere o non utilizzate: no

Materiale con cui sono costruite le vasche: vetroresina, cemento armato

Potenzialità dell'incubatoio: 1.000.000

Potenzialità dell'avannotteria: 250.000

Pretrattamenti dell'acqua d'ingresso: eliminazione dei gas inerti

Dispositivi abbattimento carico organico: filtrazione e nitrificazione

Attrezzature migliorative presenti: no

Origine materiale: autoproduzione **X** Trentino **X** nazionale U.E. Stato:

Specie allevate: trota iridea **X** trota fario **X** salmerino a. **X** trota marmorata **X** salmerino f.

Tipo produzione: uova **X** novellame **X** consumo umano ripopolamento

Adulto: fino a 350g _____ fino a 800g _____ fino a 1200g _____

Produzione annua: uova _____ novellame _____ adulto _____

% mercato interno _____

% mercato estero _____

Origine dell'acqua: di pozzo, 3 pozzi 2^a falda Adige

Denominazione recettore finale: rivo Lita

Portata: minima 8 l/s massima 45 l/s

Temperatura dell'acqua: minima 12 massima 13

Portata di concessione l/sec: 50 l/s

Caratteristiche dell'acqua: tendenzialmente calcarea

Variazione periodiche delle caratteristiche qualitative/quantitative dell'acqua di alimentazione: no

Frequenza dell'alimentazione (n° volte al giorno): avannotti 4-5 volte/dì (4% p.c.)

Trotelle: 3 trote: 2 riproduttori: 2

Fornitore di mangime: Veronesi

Personale: salariati fissi 2 avventizi 2

Situazione sanitaria di cui alla Direttiva CE 91/67: riconosciuta indenne

Data di compilazione: 5 giugno 2008

Compilata da : Faccenda Filippo

ALLEGATO D: SCHEDA FOGLIO



Nome azienda: Trocoltura Foglio Angelo s.s.

Proprietario: Foglio Giorgio

Località: Formigher (Storo)

Referenze geografiche: n.d.

Anno di costruzione o di ricostruzione dell'impianto: anni 60 (ristrutturata 1980-1990)

Superficie utile delle vasche: 170 mq (schiusa), 580+1500 mq (preingrasso), 4000 mq (ingrasso)

Potenzialità teorica della trocoltura: 6000 q.li

Disposizione delle vasche: serie

Numero vasche: 254

Dimensioni delle vasche: da 33x8x0,95m a 2x1x0,3m

Vasche libere o non utilizzate: no

Materiale con cui sono costruite le vasche: cemento armato e vetroresina

Potenzialità dell'incubatoio: 15 milioni

Potenzialità dell'avannotteria: 15 milioni

Pretrattamenti dell'acqua d'ingresso: nessuno

Dispositivi abbattimento carico organico: decantazione

Attrezzature migliorative presenti: ossigeno liquido

Origine materiale: autoproduzione: X

Specie allevate: trota iridea X

Tipo produzione: novellame X consumo umano X

Adulto: fino a 350g 15% fino a 800g 50% fino a 1200g 35%

Produzione annua: adulto 5000 q.li

% mercato interno 100%

% mercato estero _____

Origine dell'acqua: sorgiva e di pozzo

Denominazione recettore finale: Chiese

Portata: minima 1100 l/sec massima 2000 l/sec

Temperatura dell'acqua: minima 7°C massima 12°C

Portata di concessione l/sec: 1800

Caratteristiche dell'acqua: n.d.

Variazione periodiche delle caratteristiche qualitative e quantitative dell'acqua di alimentazione: no

Frequenza dell'alimentazione (n° volte al giorno): avannotti 5-6 (manuale e automatico)

trotelle 12 ore (automatico) trote a richiesta riproduttori a richiesta

Fornitore di mangime: Veronesi e Hendrix

Personale: coadiuvanti familiari n.d. salariati fissi n.d. avventizi n.d.

Situazione sanitaria di cui alla Direttiva CE 91/67: infetta da SEV e NEI

Osservazioni: nessuna

Data di compilazione: 10 giugno 2008

Compilata da : Filippo Faccenda

ALLEGATO E: SCHEDA TAMANINI



Nome azienda: Azienda agricola trotilcoltura Tamanini Livio

Proprietario: Tamanini Livio

Località: Maso Molini (Vigolo Vattaro)

Referenze geografiche: X: 1.668.487 Y: 5.096.826

Anno di costruzione o di ricostruzione dell'impianto: 1980

Superficie utile delle vasche: 480 mq

Potenzialità teorica della trotilcoltura: 14 ton/anno

Disposizione delle vasche: in successione (raceways)

Numero vasche: 7

Dimensioni delle vasche: variabile da 58 a 78 mq

Vasche libere o non utilizzate: no

Materiale con cui sono costruite le vasche: cemento armato

Potenzialità dell'incubatoio: 200.000

Potenzialità dell'avannotteria: 200.000

Pretrattamenti dell'acqua d'ingresso: grigliatura

Dispositivi abbattimento carico organico: nessuno

Attrezzature migliorative presenti: 1 ossigenatore meccanico

Origine materiale: autoproduzione: **X** Trentino **X**

Specie allevate: trota iridea **X**

Tipo produzione: consumo umano **X**

Adulto: da 350g a 500g fino a 700g

Produzione annua: adulto 11 ton.

% mercato interno 100%

% mercato estero

Origine dell'acqua: sorgiva e acqua superficiale

Denominazione corpo idrico di derivazione: Rio Valsorda (o Stolzano)

Denominazione recettore finale: medesimo

Portata: minima 15 l/s massima 21 l/s

Temperatura dell'acqua: minima 5° C massima 13° C

Portata di concessione l/sec: 21

Caratteristiche dell'acqua: calcarea (19° tedeschi)

Variazione periodiche delle caratteristiche qualitative e quantitative dell'acqua di alimentazione:

torbide durante temporali

Frequenza dell'alimentazione (n° volte al giorno): avannotti 4, trotelle 3, trote 2, riproduttori 1

Fornitore di mangime: Veronesi

Personale: coadiuvanti familiari 2

Situazione sanitaria di cui alla Direttiva CE 91/67: riconosciuta indenne

Osservazioni: durante temporali variazioni di portata e torbidità

Data di compilazione: 8 marzo 2007

Compilata da : Fernando lunelli

RINGRAZIAMENTI

Provincia Autonoma di Trento

Fondazione Edmund Mach

AS.TRO

Fernando Lunelli

I professori:

Riccardo Bozzi

Oreste Franci

Giuliana Parisi

F. James Rohlf

Emilio Tibaldi

**Tutti i colleghi di lavoro presenti e passati
che hanno partecipato alla ricerca**

I troticoltori trentini

I compagni della scuola di dottorato

**Gli addetti dello stabilimento ASTRO
in particolar modo Paolo e Michele**

Gli allevamenti che hanno collaborato:

Trotocoltura Carè Alto (Cantonati Luigi e Dino)

Trotocoltura Foglio Angelo (Foglio Giorgio e Sergio)

Trotocoltura Tamanini Livio (Tamanini Livio e Graziella)

Le Università:

Università degli Studi di Firenze

Università degli Studi di Udine

SUNY Stony Brook