



FONDAZIONE INIZIATIVE ZOOPROFILATTICHE E ZOOTECHNICHE
BRESCIA

LA SALVAGUARDIA DELLA BIODIVERSITÀ ANIMALE

Iniziativa generale ed azioni intraprese in Italia a tutela delle razze minacciate

A cura di Francesco Panella

EDITO A CURA DELLA
FONDAZIONE INIZIATIVE ZOOPROFILATTICHE
E ZOOTECHNICHE - BRESCIA

84

LA SALVAGUARDIA DELLA BIODIVERSITÀ ZOOTECNICA

BIODIVERSITY CONSERVATION

Nella stessa collana sono stati pubblicati i seguenti volumi:

- 1 - 1979 Infezioni respiratorie del bovino
- 2 - 1980 L'oggi e il domani della sulfamidoterapia veterinaria
- 3 - 1980 Ormoni della riproduzione e Medicina Veterinaria
- 4 - 1980 Gli antibiotici nella pratica veterinaria
- 5 - 1981 La leucosi bovina enzootica
- 6 - 1981 La «Scuola per la Ricerca Scientifica» di Brescia
- 7 - 1982 Gli indicatori di Sanità Veterinaria nel Servizio Sanitario Nazionale
- 8 - 1982 Le elmintiasi nell'allevamento intensivo del bovino
- 9 - 1983 Zoonosi ed animali da compagnia
- 10 - 1983 Le infezioni da *Escherichia coli* degli animali
- 11 - 1983 Immunogenetica animale e immunopatologia veterinaria
- 12 - 1984 5° Congresso Nazionale Associazione Scientifica di Produzione Animale
- 13 - 1984 Il controllo delle affezioni respiratorie del cavallo
- 14 - 1984 1° Simposio Internazionale di Medicina veterinaria sul cavallo da competizione
- 15 - 1985 La malattia di Aujeszky. Attualità e prospettive di profilassi nell'allevamento suino
- 16 - 1986 Immunologia comparata della malattia neoplastica
- 17 - 1986 6° Congresso Nazionale Associazione Scientifica di Produzione Animale
- 18 - 1987 Embryo transfer oggi: problemi biologici e tecnici aperti e prospettive
- 19 - 1987 Coniglicoltura: tecniche di gestione, ecomatologia e *marketing*
- 20 - 1988 Trentennale della Fondazione Iniziative Zooprofilattiche e Zootecniche di Brescia, 1956-1986
- 21 - 1989 Le infezioni erpetiche del bovino e del suino
- 22 - 1989 Nuove frontiere della diagnostica nelle scienze veterinarie
- 23 - 1989 La rabbia silvestre: risultati e prospettive della vaccinazione orale in Europa
- 24 - 1989 Chick Anemia ed infezioni enteriche virali nei volatili
- 25 - 1990 Mappaggio del genoma bovino
- 26 - 1990 Riproduzione nella specie suina
- 27 - 1990 La nube di Chernobyl sul territorio bresciano
- 28 - 1991 Le immunodeficienze da retrovirus e le encefalopatie spongiformi
- 29 - 1991 La sindrome chetotica nel bovino
- 30 - 1991 Atti del convegno annuale del gruppo di lavoro delle regioni alpine per la profilassi delle mastiti
- 31 - 1991 Allevamento delle piccole specie
- 32 - 1992 Gestione e protezione del patrimonio faunistico
- 33 - 1992 Allevamento e malattie del visone
- 34 - 1993 Atti del XIX Meeting annuale della S.I.P.A.S., e del Convegno su Malattie dismetaboliche del suino
- 35 - 1993 Stato dell'arte delle ricerche italiane nel settore delle biotecnologie applicate alle scienze veterinarie e zootecniche - Atti 1a conferenza nazionale
- 36 - 1993 Argomenti di patologia veterinaria
- 37 - 1994 Stato dell'arte delle ricerche italiane sul settore delle biotecnologie applicate alle scienze veterinarie e zootecniche
- 38 - 1995 Atti del XIX corso in patologia suina e tecnica dell'allevamento
- 39 - 1995 Quale bioetica in campo animale? Le frontiere dell'ingegneria genetica
- 40 - 1996 Principi e metodi di tossicologia in vitro

- 41 - 1996 Diagnostica istologica dei tumori degli animali
- 42 - 1998 Umanesimo ed animalismo
- 43 - 1998 Atti del Convegno scientifico sulle enteropatie del coniglio
- 44 - 1998 Lezioni di citologia diagnostica veterinaria
- 45 - 2000 Metodi di analisi microbiologica degli alimenti
- 46 - 2000 Animali, terapia dell'anima
- 47 - 2001 Quarantacinquesimo della Fondazione Iniziative Zooprofilattiche e Zootecniche di Brescia, 1955- 2000
- 48 - 2001 Atti III Convegno Nazionale di Storia della Medicina Veterinaria
- 49 - 2001 Tipizzare le salmonelle
- 50 - 2002 Atti della giornata di studio in cardiologia veterinaria
- 51 - 2002 La valutazione del benessere nella specie bovina
- 52 - 2003 La ipofertilità della bovina da latte
- 53 - 2003 Il benessere dei suini e delle bovine da latte: punti critici e valutazione in allevamento
- 54 - 2003 Proceedings of the 37th international congress of the ISAE
- 55 - 2004 Riproduzione e benessere in conigliocultura: recenti acquisizioni scientifiche e trasferibilità in campo
- 56 - 2004 Guida alla diagnosi necroscopica in patologia suina
- 57 - 2004 Atti del XXVII corso in patologia suina e tecnica dell'allevamento
- 58 - 2005 Piccola storia della Medicina Veterinaria raccontata dai francobolli
- 59 - 2005 IV Congresso Italiano di Storia della Medicina Veterinaria
- 60 - 2005 Atti del XXVIII corso in patologia suina e tecnica dell'allevamento
- 61 - 2006 Atlante di patologia cardiovascolare degli animali da reddito
- 62 - 2006 50° Fondazione Iniziative Zooprofilattiche e Zootecniche di Brescia, 1955- 2005
- 63 - 2006 Guida alla diagnosi necroscopica in patologia del coniglio
- 64 - 2006 Atti del XXIX corso in patologia suina e tecnica dell'allevamento
- 65 - 2006 Proceedings of the 2nd International Equitation Science Symposium
- 66 - 2007 Piccola storia della Medicina Veterinaria raccontata dai francobolli - II edizione
- 67 - 2007 Il benessere degli animali da reddito: quale e come valutarlo
- 68 - 2007 Proceedings of the 6th International Veterinary Behaviour Meeting
- 69 - 2007 Atti del XXX corso in patologia suina
- 70 - 2007 Microbi e alimenti
- 71 - 2008 V Convegno Nazionale di Storia della Medicina Veterinaria
- 72 - 2008 Proceedings of the 9th world rabbit congress
- 73 - 2008 Atti Corso Introduttivo alla Medicina non Convenzionale Veterinaria
- 74 - 2009 La biosicurezza in veterinaria
- 75 - 2009 Atlante di patologia suina I
- 76 - 2009 Escherichia Coli
- 77 - 2010 Attività di mediazione con l'asino
- 78 - 2010 Allevamento animale e riflessi ambientali
- 79 - 2010 Atlante di patologia suina II PRIMA PARTE
- 80 - 2010 Atlante di patologia suina II SECONDA PARTE
- 81 - 2011 Esercitazioni di microbiologia
- 82 - 2011 Latte di asina
- 83 - 2011 Animali d'affezione

FONDAZIONE INIZIATIVE ZOOPROFILATTICHE E ZOOTECNICHE
- BRESCIA -

Direttore scientifico: Prof. E. LODETTI

**LA SALVAGUARDIA DELLA
BIODIVERSITÀ ZOOTECNICA**
**Iniziative generali ed azioni intraprese in Italia
a tutela delle razze minacciate**

BIODIVERSITY CONSERVATION
**General activities and national actions
for animal genetic resources**

a cura di Francesco Panella

Gruppo di lavoro A.S.P.A. Biodiversità

Francesco Panella (*Presidente*)

Paola Crepaldi

Nicolò Pietro Paolo Macciotta

Giovanni Bittante

Roberta Davoli

Donata Marletta

Riccardo Bozzi

Massimo De Marchi

Paolo Ajmone Marsan

Cesare Castellini

Gustavo Gandini

Donato Matassino

Elena Ciani

Manuela Gualtieri

Paolo Zambonelli

EDITO A CURA DELLA
FONDAZIONE INIZIATIVE ZOOPROFILATTICHE
E ZOOTECNICHE - BRESCIA
Via Istria, 3/b - 25125 Brescia

ISBN 978-88-904416-8-4

© Fondazione Iniziative Zooprofilattiche e Zootecniche - Brescia, maggio 2011

Tipografia Camuna - Brescia 2011

INDICE

S. CAPRETTI.....	IX
<i>Presentazione</i>	
G. PULINA.....	XI
<i>Premessa</i>	
F. PANELLA.....	XIII
<i>Prefazione</i>	
R. DAVOLI.....	1
Biodiversità: un patrimonio da conservare privilegiando la qualità	
<i>Biodiversity: a saved heritage for the food quality</i>	
I. HOFFMANN, B. BESBES, P. BOETTCHER, B. SCHERF, D. PILLING.....	5
FAO support to the implementation of the global plan of action for animal genetic resources	
<i>Supporto della FAO all'attuazione del piano di azione globale per le risorse genetiche animali</i>	
A. ROSATI, M. ZJALIC.....	17
EAAP activities on animal biodiversity study	
<i>Le attività dell'EAAP nello studio della biodiversità animale</i>	
B. BALZER.....	25
European Regional Focal Point and domestic animal biodiversity	
<i>Il Focal Point Regionale Europeo e la biodiversità degli animali domestici</i>	
G. BITTANTE.....	33
L'attività del National Focal Point Italiano nella conservazione della biodiversità degli animali domestici	
<i>Italian National Focal Point and domestic animal biodiversity</i>	
D. MATASSINO.....	47
L'esperienza del CONSDABI - SUB NFP.I - FAO (Biodiversità Mediterranea), già NFP.I-FAO (1994-2009)	
<i>Experience CONSDABI - SUB NFP.I - FAO (Mediterranean Biodiversity) already NFP.I-FAO (1994-2009)</i>	
G. GANDINI, PIZZI.....	67
Crioconservazione delle risorse genetiche animali in Italia	
<i>Cryopreservation of animal genetic resources in Italy</i>	
G. GANDINI, M. DEL CORVO, A. STELLA.....	75
Selezione con controllo della consanguineità nelle razze locali: risultati preliminari	
<i>Selection and inbreeding control in the local breed: preliminary results</i>	

L. COLLI, R. NEGRINI, P. AJMONE MARSAN, GLOBALDIV CONSORTIUM	83
Marcatori molecolari, genoma e risorse genetiche animali <i>Molecular markers, genome and animal genetic resources</i>	
M. DE MARCHI, D. PRETTO, M. BATTAGIN, M. PENASA, M. CASSANDRO	101
Recupero e conservazione della razza Burlina <i>"In Situ" conservation: the Burlina cow</i>	
R. BOZZI, C. PUGLIESE	109
Recupero e conservazione "In Situ": il caso della Cinta Senese <i>"In Situ" conservation: the Cinta Senese pig</i>	
F. PANELLA, F.M. SARTI, E. LASAGNA, S. CECCOBELLI	123
Recupero e conservazione "In Situ": il caso degli ovini Gentile di Puglia e Sopravissana <i>"In Situ" conservation: the Gentile di Puglia and Sopravissana sheep</i>	
D. MARLETTA, S. BORDONARO	135
Recupero e conservazione "In Situ": il caso delle capra Girgentana <i>"In Situ" conservation: the Girgentana goat</i>	
P. ZAMBONELLI	141
Recupero e conservazione "In Situ": l'esempio del cavallo Del Ventasso <i>"In Situ" conservation: the Del Ventasso horse</i>	
C. CASTELLINI, M. DE MARCHI, M. GUALTIERI	149
Recupero e conservazione "In Situ" di alcune razze avicole <i>"In Situ" conservation: some poultry breeds</i>	
F. PANELLA, F. ZERBINI, P. AJMONE MARSAN, R. BOZZI, C. CASTELLINI, E. CIANI, P. CREPALDI, R. DAVOLI, M. DE MARCHI, G. GANDINI, M. GUALTIERI, N. MACCIOTTA, D. MARLETTA, D. MATASSINO, P. ZAMBONELLI	161
Interventi regionali a favore delle razze autoctone italiane minacciate <i>Regional measures for autochthonous endangered italian breeds</i>	
G. GANDINI, P. AJMONE MARSAN, R. BOZZI, C. CASTELLINI, E. CIANI, P. CREPALDI, R. DAVOLI, M. DE MARCHI, M. GUALTIERI, N. MACCIOTTA, D. MARLETTA, D. MATASSINO, F. PANELLA, P. ZAMBONELLI	179
Contributo preliminare allo sviluppo di una strategia nazionale e di un piano di azione per le risorse genetiche animali <i>Suggestions on a national plan for animal genetic resources</i>	
Autori	181

PRESENTAZIONE

La Convenzione sulla Biodiversità, elaborata a Rio de Janeiro nel 1992, afferma il valore intrinseco della diversità biologica e dei suoi vari componenti: ecologici, genetici, sociali ed economici, scientifici, educativo culturali, ricreativi ed estetici.

La Convenzione riconosce inoltre che l'esigenza fondamentale per la conservazione delle diversità biologica consiste nella salvaguardia *in situ* degli ecosistemi e degli habitat naturali, col mantenimento e ricostruzione delle popolazioni di specie vitali nei loro ambienti naturali.

Biodiversità è la varietà delle forme di vita vegetali ed animali presenti negli ecosistemi del pianeta. Il termine viene anche usato per indicare la variabilità genetica all'interno di una specie.

La sopravvivenza di ogni specie dipende dalla varietà di popolazioni che la compongono. Minor variabilità significa minori possibilità di sopravvivere.

La principale minaccia alla biodiversità è oggi rappresentata dall'uomo. Il tasso naturale di estinzione è stimato in circa una specie all'anno.

Le specie viventi che compongono un ecosistema sono strettamente legate in un equilibrio dinamico che orienta il funzionamento dello stesso sistema. Quando una specie scompare, l'equilibrio viene alterato. L'ecosistema riequilibra la perdita di una specie, ma se le specie che vengono a mancare sono tante, l'ecosistema scompare.

Il Segretario Generale
dr. Stefano Capretti

PREMESSA

La diversità nella storia del pensiero umano è stata considerata per lungo tempo un disvalore. La ricerca dell'uniformità, intesa come regolarità, ha infatti ispirato le menti degli artisti, per i quali i rapporti armonici e la sicurezza della tradizione erano i principi ispiratori (Fidia, Egizi); dei filosofi, per i quali la diversità rappresentava l'imperfezione del fluire della realtà (Eraclito) oppure l'impurità rispetto alle idee (Platone); dei matematici, per i quali l'eccezione non era ammessa neanche quale conferma di una regola (Pitagora); degli astronomi, per i quali la diversità non era concepibile nel moto delle sfere celesti; del Poeta, per il quale "*Diverse voci fanno dolci note; così diversi scanni in nostra vita rendono dolce armonia fra queste rote*" (Paradiso, 124, 126). I fondatori della scienza moderna (Bacon, Galileo), pur riconoscendo nella diversità un innegabile valore euristico, ci hanno lasciato in eredità il metodo sperimentale che tende ad eliminare tutte le diversità di una osservazione riconducendole a una causa, cioè spiegandole e lasciando al caso tutto ciò che spiegabile non é. Scienza e tecnologia hanno perciò maturato, sin dagli albori della storia moderna, un divorzio da tutto ciò che era "diverso" relegando (si fa per dire) sempre più l'esplorazione della diversità alle arti, alla musica e alla letteratura. Anche le tecnologie animali, le zootecniche, non hanno fatto eccezione: da sempre l'Uomo allevatore ha teso a "regolarizzare" i pool genetici degli animali domestici, fissando i caratteri ritenuti utili e scartando sistematicamente quelli ritenuti inutili o dannosi, lavorando cioè per l'uniformità a danno della diversità. L'impiego dell'accoppiamento consanguineo, tecnica fondativa di molte grandi razze, il meticciamiento selettivo o l'ibridazione e, molto più recentemente, la clonazione, hanno rappresentato e rappresentano le vie attraverso cui si sono strutturate e affermate moltissime delle razze animali (o meglio dei tipi genetici) attualmente conosciuti. Un successivo passo è stato compiuto con la cosmopolizzazione delle razze "grandi produttrici" (o ritenute tali) o con l'ibridazione di quelle considerate "non sufficientemente produttrici": questo fenomeno ha di fatto cancellato moltissimi tipi genetici e, con il suo progredire, rischia di mettere in serio pericolo anche lo stesso concetto di razza per alcune specie zootecniche.

Quando la diversità ha iniziato ad essere considerata un valore? John Stuart Mill, nel suo famoso saggio *Principles of Political Economy* (1885), osserva che è solo la *diversità* delle industrie e dei talenti che può generare il progresso economico di una nazione. Questa affermazione è forse il miglior riconoscimento politico alla potenza del pensiero di Charles Darwin che, nell'incipit al capitolo 1 [Variation under domestication] del suo fondamentale trattato *The Origin of Species by Means of Natural Selection* (1859), recita "*When we compare the individuals of the same variety or subvariety of our older cultivated plants and animals, one of the first points which strikes us is, that they generally differ more from each other than do the individuals of any one species or variety in a state of nature*". In tal modo Darwin é stato il primo cultore moderno della diversità in biologia, la biodiversità. Selezione ed eliminazione naturali per Darwin non solo non creano uniformità e staticità, ma consentono l'esplosione di forme di vita diverse e la possibilità della loro evoluzione. Esattamente come ha creato un'esplosione di differenze e una straordinaria evoluzione l'opera di selezione delle razze animali compiuta dall'Uomo. La biodiversità, pertanto, non è un valore finalistico: non è cioè un ponte fra ciò di cui disponiamo in termini di patrimonio genetico e una sua utilizzazione "economica", ma deve essere considerata un "valore etico in se" in quanto portatore di un principio generale che governa "l'economia" dei sistemi viventi.

Questo libro è un tributo reso alla biodiversità zootecnica, con particolare riferimento a quella italiana, che rappresenta uno dei patrimoni dell'umanità da preservare con tutti i mezzi possibili, anche se la sua conservazione potrebbe apparire agli sciocchi "economicamente inutile".

Prof. Giuseppe Pulina
(Presidente ASPA)

PREFAZIONE

La crescente sensibilità verso la conservazione della biodiversità assume connotazioni assai diverse rivolgendosi, talora, al contesto “Wildlife”, altre volte assumendo valenze amatoriali, altre volte ancora rendendosi consapevole del significato economico che, sotto vari aspetti, può avere la conservazione di tipi genetici di interesse agrario, rari o minacciati, sia vegetali che animali. E’ proprio con l’intento di esaminare i problemi legati alla salvaguardia di razze minacciate che si è costituito il Gruppo di Lavoro ASPA (Associazione Scientifica Produzione Animale) “Biodiversità”.

In questa pubblicazione questo gruppo, facendo riferimento all’esperienza dei propri componenti e ricorrendo alla competente collaborazione di esperti esterni che operano presso istituzioni internazionali, vuole, da un lato, illustrare lo stato dell’arte, a livello generale, in relazione alle iniziative di salvaguardia e gestione della biodiversità e, dell’altro, fare il punto della situazione sull’impegno che le diverse regioni italiane pongono in questo ambito.

Un dovuto ringraziamento va, per il sostegno a questa iniziativa, al prof. Giuseppe Pulina, attuale presidente dell’ASPA, ed al prof. Pierlorenzo Secchiari, past presidente dell’Associazione.

Corre l’obbligo, inoltre, di ricordare l’impegno profuso da tutti i componenti del gruppo di lavoro, nonché dalla prof.ssa Francesca Maria Sarti e dal dott. Federico Zerbini, che hanno con me curato sia gli aspetti tecnico scientifici, sia quelli organizzativi e redazionali del presente volume.

Prof. Francesco Panella
(Coordinatore della Commissione
ASPA Biodiversità)

BIODIVERSITÀ: UN PATRIMONIO DA CONSERVARE PRIVILEGIANDO LA QUALITÀ

(Biodiversity: a saved heritage for the food quality)

R. DAVOLI

Dipartimento di Protezione e Valorizzazione Agro-Alimentare
Università di Bologna

SUMMARY

This chapter summarises the reasons for the conservation of genetic diversity in livestock that can be related to biological, social, cultural and economic aspects. Animal genetic resources and animal management systems are an integral part of ecosystems and productive landscapes in Italy and through the world. Local breeds can be considered a part of the history of some human populations as well as important materials from a scientific point of view. Traditional production systems required multipurpose animals, which, although less productive than high-output breeds, may contain valuable functional traits. There are breeds that are interesting because they exhibit a desirable trait or bear a gene pool with potential use. Although the local breeds are usually not competitive for production traits, they may carry valuable features such as disease resistance or distinctive product quality. The higher economic value of typical productions compared to conventional commercial products and the growing consumer preferences towards food quality could strongly support and address the plan of livestock biodiversity conservation. To this aim there is an urgent need to document the diversity of our livestock genetic resources and to design strategies for their sustainable conservation. Molecular genetics provide us with very remarkable tools to analyse the variation between and within breeds. The characterisation and inventory of animal genetic resources and routine monitoring of population for variability are fundamental to breed improvement strategies and programmes and for conservation programmes. For a variety of animal breeds there is a strong motivation for their maintenance in situ. Such productive links between breeds and landscapes need to be maintained and better managed, through appropriate land-use policies and strategies. Government, institutional breeding organisations, private breeders and market demand play a crucial role in this endeavour. In Italy appropriate national and regional actions have been planned and realised in this regard even if the sustainable use and conservation of animal genetic resources generally continues to be a low priority in developing agricultural, environmental, trade and human and animal health policies.

PREMESSA

La conservazione della variabilità genetica di animali e piante, utilizzate o potenzialmente utilizzabili per la produzione di alimenti, di materie prime non alimentari e di servizi, rappresenta un problema di importanza fondamentale a livello planetario. In particolare la conservazione della biodiversità nelle specie di interesse zootecnico non è una problematica recente ma è soprattutto negli ultimi anni che si è raggiunta una maggiore consapevolezza della necessità di mantenere la variabilità genetica entro le razze e di valorizzarle e sfruttarle nel contesto dei sistemi di produzione.

L'importanza della biodiversità degli animali in produzione zootecnica è oggi ampiamente riconosciuto come dimostrano i programmi di conservazione messi in atto dai diversi Paesi e in particolare quello messo in atto a livello mondiale dalla FAO.

Per ragioni di ordine culturale, biologico e zootecnico lo studio della biodiversità è ancora oggi una tematica di ricerca di particolare interesse e la conservazione delle razze richiama l'impegno dei ricercatori e degli studiosi.

L'obiettivo delle varie iniziative di ricerca intraprese sulla specifica tematica è quello di gestire in maniera ottimale le risorse genetiche animali per mantenerle e valorizzarle in vista di un loro impiego nell'ambito di uno sviluppo sostenibile dell'agricoltura. Le popolazioni locali potrebbero sia fornire materiale genetico di elevato valore per produzioni attuali che essere in grado di sostenere e far fronte a future necessità produttive.

Conservare la biodiversità significa non solamente mantenere le diversità ma anche patrimoni culturali unici che con il pretesto dello sviluppo potrebbero essere dispersi e scomparire.

La conservazione della diversità genetica si può attuare *in situ* ed *ex situ*. La dinamica della conservazione *in situ* si basa sull'utilizzo delle risorse disponibili da parte di allevatori che scelgono le razze autoctone, e gestiscono queste risorse genetiche mantenendole nell'ambiente tipico a cui esse sono legate, valorizzando le produzioni con la consapevolezza che una volta perduto questo patrimonio non è più ricostruibile. L'attività di conservazione della diversità *ex situ* tende a mantenere l'identità genetica del campione raccolto e a servire gli interessi attuali dell'uomo (ricerca, miglioramento genetico etc.) e si realizza al di fuori dell'ambiente di adattamento attraverso lo strumento delle banche di germoplasma.

Le razze locali rappresentano un patrimonio culturale e biologico frutto di anni di tradizione agricola a testimonianza della storia della cultura delle popolazioni rurali oltre a costituire un materiale di inestimabile valore per la ricerca scientifica nel campo della genetica e della etnologia. Attualmente la sopravvivenza delle razze locali, dove ancora esistono, è legata a diverse motivazioni quali la loro rusticità cioè la migliore adattabilità a condizioni ambientali difficili, a un più elevato valore di mercato della loro produzione rispetto alle produzioni di tipo industriale, alla migliore qualità dei prodotti. Oggi in Italia e più in generale in Europa non si tratta più di produrre sempre maggiori quantità di alimenti, ma occorre orientarsi verso la qualità e da questo stato di cose può venire un forte aiuto all'opera di conservazione delle razze locali attraverso lo sviluppo di produzioni tipiche. Tali prodotti devono mantenere quando inseriti nel circuito commerciale una loro chiara identità e protezione e in particolare; non devono perdere il legame con il territorio e con la tradizione da cui derivano, come accade invece per i prodotti industriali. La conservazione delle razze locali si lega a concetti di sviluppo sostenibile dove la difesa delle risorse genetiche va di pari passo con l'incremento del reddito degli allevatori. In base a ciò la valorizzazione della biodiversità, potrebbe portare a sviluppare, di pari passo con l'attività di conservazione e la messa in sicurezza delle diverse razze a rischio estinzione, iniziative volte alla produzione e alla commercializzazione di prodotti di qualità o "prodotti tipici". In tal modo anche il legame con il territorio e la cultura da cui un determinato prodotto deriva verrebbero valorizzati. Le razze autoctone possono essere utilizzate per la produzione di materia prima particolarmente idonea per la produzione di prodotti trasformati tipici e per praticare quella forma di agricoltura indicata come "agricoltura biologica" per ottenere prodotti di qualità utilizzando una tecnologia più rispettosa dell'ambiente che non quella convenzionale.

La disponibilità di metodi innovativi basati sulla genetica molecolare per il monitoraggio e la salvaguardia delle risorse genetiche animali e della loro variabilità genetica rappresenta un elemento essenziale e fornisce strumenti molto efficaci per procedere sia a livello globale che a livello italiano con azioni volte sia alla conservazione e valorizzazione delle risorse genetiche autoctone che al miglioramento genetico delle razze zootecniche autoctone mediante selezione. Conservare la biodiversità significa non solamente mantenere le diversità ma anche patrimoni culturali unici che con il pretesto dello sviluppo corrono il rischio di essere distrutti ed estinguersi rapidamente. La tenuta dei Registri anagrafici ad opera dell'AIA e di Associazioni di specie (Assonapa, ANAS), la creazione della banca dati del germoplasma, l'azio-

ne del National Focal Point italiano, l'attività del ConsDABI e la realizzazione di diverse altre iniziative e progetti scientifici da parte di strutture accademiche e di ricerca nelle diverse regioni del territorio italiano, rappresentano azioni concrete basate sulla consapevolezza di considerare la biodiversità come un valore aggiunto e un patrimonio per l'intera società e non solo per il sistema degli allevatori.

L'intero territorio italiano è stato culla di un numero rilevante di razze e popolazioni animali, frutto della diversità di ambienti, del clima e dell'agricoltura che caratterizzano il territorio nazionale, le quali purtroppo hanno con il passare degli anni subito numerose perdite. Per evitarne di ulteriori è necessario svolgere una azione di sostegno per fare in modo che i tre aspetti legati a area geografica-tipo genetico-produzioni rappresenti un vero e proprio sistema culturale che comprende componenti proprie della storia, della tradizione, degli usi e dei costumi di un territorio. È importante valorizzare queste risorse genetiche considerandole come fattori di produzione e promuovendo azioni volte al loro recupero produttivo. E' necessario che venga enfatizzata la convinzione che la tutela della biodiversità non è un concetto astratto ma ha basi molto concrete fondate sui prodotti "tipici" forniti da queste razze e legati a tradizioni locali oltre che apprezzati dai consumatori. Per raggiungere tale obiettivo sono necessari programmi specifici a livello nazionale e/o regionale con azioni che sono sia culturali, sia di promozione e di valorizzazione. A tale scopo è importante evidenziare che oggi sono disponibili strumenti più potenti e innovativi rispetto a qualche anno fa quali quelli basati sulle tecnologie di genetica molecolare la cui applicazione per la salvaguardia della biodiversità costituisce uno strumento potente non ancora pienamente sfruttato in Italia per la conoscenza, valorizzazione e sostegno concreto delle risorse allevate nelle varie regioni e delle relative produzioni.

Questo volume raccoglie e descrive in sintesi le iniziative che le varie regioni italiane hanno messo in atto per le salvaguardia delle risorse genetiche prendendo in esame sia gli interventi e i programmi regionali a salvaguardia delle razze locali sia di tipo più scientifico con l'indicazione dei principali progetti di ricerca finanziati a favore del mantenimento e valorizzazione delle risorse genetiche autoctone. La presentazione dei risultati ottenuti in queste ricerche e l'acquisizione di più approfondite conoscenze anche "molecolari" (ma non solo) sulle caratteristiche genetiche di queste risorse anche in funzione delle caratteristiche produttive delle varie razze è estremamente utile e vuole rappresentare uno stimolo alla conservazione e alla valorizzazione del patrimonio italiano delle razze autoctone per la tutela della biodiversità.

FAO SUPPORT TO THE IMPLEMENTATION OF THE GLOBAL PLAN OF ACTION FOR ANIMAL GENETIC RESOURCES

(Supporto della FAO all'attuazione del piano di azione globale per le risorse genetiche animali)

I. HOFFMANN, B. BESBES, P. BOETTCHER, B. SCHERF, D. PILLING

Animal Genetic Resources Branch, Animal Production and Health Division, Food and Agriculture Organization of the United Nations, Viale delle Terme di Caracalla, 00153 Rome, Italy

INTRODUCTION

The first International Technical Conference on Animal Genetic Resources for Food and Agriculture, organized by the Food and Agriculture Organization of the United Nations, took place from 3 to 7 September, 2007, in Interlaken, Switzerland. The main achievement of the Conference was the adoption of the *Global Plan of Action for Animal Genetic Resources*, the first ever international framework for the promotion of the wise management of animal genetic resources for food and agriculture, endorsed by governments. The political and technical processes leading to its adoption are described in Hoffmann et al. (2010).

The *Global Plan of Action for Animal Genetic Resources* consists of three parts:

- I. the Rationale;
- II. the Strategic Priorities for Action; in which twenty-three Strategic Priorities are clustered into four Priority Areas:
 - Area 1: Characterization, inventory and monitoring of trends and associated risks (2 Strategic Priorities);
 - Area 2: Sustainable use and development, (4 Strategic Priorities);
 - Area 3: Conservation (5 Strategic Priorities);
 - Area 4: Policies, institutions and capacity-building (12 Strategic Priorities), and
- III. Implementation and Financing of the *Global Plan of Action for Animal Genetic Resources*.

The Commission on Genetic Resources for Food and Agriculture (CGRFA) that had guided the development of the *Global Plan of Action* was requested to oversee its implementation and to develop a funding strategy; and major multilateral and bilateral funding institutions were invited to provide contributions to support to the *Global Plan of Action*.

The *Global Plan of Action* describes the essential role of the FAO in supporting country-driven efforts to implement the *Global Plan of Action*, in particular, in continuing to facilitate global and regional collaboration and networks; supporting the convening of intergovernmental meetings; maintaining and further developing the Domestic Animal Diversity Information System (DAD-IS); developing communication products; providing technical guidelines and assistance, and coordinated training programmes; promoting the transfer of technologies relating to sustainable use, development and conservation of animal genetic resources; and coordinating future preparation of global status and trends reports on animal genetic resources. A summary of FAO's activities and partnerships and projects directed at supporting implementation of the *Global Plan of Action* is presented in this paper. The activities are grouped according to their relevance for the four Strategic Priority Areas of the *Global Plan of Action*.

REPORTING AND AWARENESS RAISING ON THE *GLOBAL PLAN OF ACTION*

The *Global Plan of Action* and the *State of the World* report have been published in all UN languages. Since 2007, FAO distributed more than 54 000 copies of the different products in various languages.¹ Several National Coordinators for the Management of Animal Genetic Resources (National Coordinators) have prepared national language versions of the *State of the World* “in brief”, the *Global Plan of Action* and the *Interlaken Declaration* for awareness raising and policy making at national level. Several countries are currently revising their livestock or breeding policies and strategies, and regional organizations, for example AU-IBAR in Africa, have included use and conservation of genetic resources in their strategic plans (AU-IBAR, 2009; Hoffmann and Scherf, 2010).

The *Global Plan of Action* was endorsed by the One Hundred and Thirty-third Session of the FAO Council² and the Thirty-fourth Session of the FAO Conference³, through Resolution 12/2007. The Subsidiary Body on Scientific, Technical and Technological Advice of the Convention on Biological Diversity at its Thirteenth session,⁴ and the Conference of the Parties to the Convention on Biological Diversity at its Ninth, meeting welcomed the *Global Plan of Action* as the internationally agreed framework that contains the strategic priorities for the sustainable use, development and conservation of animal genetic resources for food and agriculture, and provisions for implementation and financing.⁵

The *Global Plan of Action* was also welcomed by the Second Session of the Governing Body of the International Treaty on Plant Genetic Resources for Food and Agriculture⁶ and the Seventh Session of the UN Permanent Forum on Indigenous Issues.⁷ The Government of Switzerland and FAO presented reports on the outcomes of the International Technical Conference to the Sixteenth Session of the UN Commission for Sustainable Development,⁸ and to the 2008 meeting of the Alpine Convention.⁹ The *Global Plan of Action* has been supported by the Consultative Group on International Agricultural Research (CGIAR). FAO staff presented at several scientific and technical conferences and bodies (details are contained in FAO (2009a, 2010a).

At its twelfth session, the CGRFA decided on two lines of reporting on the implementation of the *Global Plan of Action*, one on the process of its national implementation and the other on the impact these national processes have on the animal genetic resources themselves: a reduction in the loss and the better management of animal genetic resources are the final measurable indicators for the success of the *Global Plan of Action*. Countries will report on progress for the implementation of the Global Plan of Action in a four-year interval for, starting in 2011. FAO will synthesize these reports; the second Synthesis Progress Report will be made available to the CGRFA in 2017, as part of updating The State of the World’s Animal Genetic Resources for Food and Agriculture (FAO, 2009d). Regarding the monitoring of the status of the genetic resources, FAO has to prepare bi-annual “status and trends reports” based on the national breed population data available in DAD-IS. Unfortunately, population data for 36% of all breeds are still missing; this situation has not significantly improved since 2007. The scarcity of data will also impact on the indicator to measure trends in genetic diversity of domestic animals that is currently being developed by FAO. In addition, countries have not agreed on a specific target for livestock genetic diversity or *ex situ* collections.

FAO SUPPORT FOR NATIONAL IMPLEMENTATION OF THE *GLOBAL PLAN OF ACTION*

Strategic Priority Area 1.

Characterization, inventory and monitoring of trends and risks

FAO has provided inputs on animal genetic resources for the 2010 issue of the “Global Biodiversity Outlook”¹⁰, the flagship publication of the Convention on Biological Diversity.

FAO has conducted a project to promote strategies for the prevention and control of highly pathogenic avian influenza (HPAI) in Cambodia, Egypt and Uganda. The project focused on smallholder livelihoods and biodiversity (Schwabebauer et al., 2009). In the project’s poultry diversity component, production systems were described and local poultry populations were characterized phenotypically and genetically.¹¹

FAO, in collaboration with the Secretariat of the Pacific Community, has supported the characterization of pig and chicken breeds in six countries of the South Pacific. The molecular characterization for these studies was performed by the International Livestock Research Institute (ILRI). Metastudies with other existing consortia and diversity studies are envisaged.

To promote and facilitate global analysis of breed diversity through molecular genetic characterization, FAO continued to promote the international use of standard microsatellite marker sets for the various species of livestock (Baumung et al., 2004). This is done in partnership with the International Society of Animal Genetics (ISAG)/FAO Advisory Group on Animal Genetic Diversity and the European Commission-funded project “A Global view of livestock biodiversity and conservation” (GLOBALDIV)¹² (Boettcher et al., 2010a,b). This partnership has contributed extensively to the preparation of the *Draft guidelines on molecular genetic characterization*.¹³

FAO has continued the development of the guidelines on phenotypic characterization of animal genetic resources and their production environment. The guidelines were discussed and evaluated by 100 participants from 28 countries at three workshops in Argentina, Senegal and Italy. The draft guidelines are available in document *Draft guidelines on phenotypic characterization*¹⁴.

FAO collaborated with projects from the AGRI GEN RES 2006¹⁵ of the European Union. Officers have served as invited experts to GLOBALDIV¹⁶ and hosted a joint workshop between GLOBALDIV and EurReCa¹⁷. FAO contributed to four GLOBALDIV review articles on management of animal genetic resources for a special issue of the scientific journal “Animal Genetics” (Boettcher et al., 2010; Groeneveld et al., 2010; Hoffmann et al., 2010; Joost et al., 2010) and distributed copies to all National Coordinators and their alternates.

The Joint FAO/IAEA Division of Nuclear Techniques in Food and Agriculture (AGE), with the participation of national institutions (e.g. Chinese Academy of Agricultural Sciences), CGIAR-Centres (e.g. International Livestock Research Institute (ILRI)) and several farmer associations, has undertaken various activities to promote international cooperation in the characterization of animal genetic resources, including coordinated research projects (CRP) such as “Gene-based technologies in livestock breeding: characterization of small ruminant genetic resources in Asia”. The data collected will be integrated with information from previous characterization studies in other regions to allow for a global analysis of small ruminant diversity. AGE has developed a web-accessible database for storage and exchange of microsatellite and nucleotide polymorphism data for molecular characterization of animal genetic resources¹⁸. In addition, AGE hosted three training courses on the technical aspects of molecular characterization, which targeted Eastern European countries and provided support to the “International bovine hapmap project”¹⁹ (Bovine HapMap Consortium, 2009) and the “International sheep hapmap project”²⁰. On a national level, AGE is supporting Technical Coopera-

tion Projects (TCP) involving the characterization and utilization of animal genetic resources.

The CGRFA requested at its Twelfth Regular Session²¹ that status and trends reports on animal genetic resources be prepared by FAO every two years and that these reports include the Convention on Biological Diversity (CBD) headline indicator. FAO, as one of the partners in the 2010 Biodiversity Indicators Partnership project, is responsible for coordinating the development of the headline indicator for “Trends in genetic diversity of domesticated animals, cultivated plants, and fish species of major socioeconomic importance”. To this end, FAO convened the “Expert meeting on indicators for animal genetic resources”, in February 2010. The background paper to the workshop and the workshop report are provided in the document *Report of a workshop on indicators*²², a summary in Martyniuk et al. (2010). Several of those indicators are already reflected in document, *Status and trends report on animal genetic resources – 2010*²³.

To aid member countries in their inventory and monitoring of trends and risks, FAO has produced the document *Draft guidelines on surveying and monitoring* (Woolliams et al., 2010).

FAO continues to maintain and develop DAD-IS. Countries have increased their activities to update their national data in 2009 (20 countries) and 2010 (38 countries). A module has been developed for DAD-IS enabling geo-referencing the geographic distribution of national breed populations and describing their production environments. The textual information describing geographic breed distribution has been transferred to geo-referenced data for validation by National Coordinators. Case studies are being developed with the International Center for Agricultural Research in the Dry Areas (ICARDA) for testing and validation.

Training in the use of DAD-IS was provided at several regional National Coordinator workshops, including National Coordinator workshops hosted in Chile, Lithuania and Brazil, Kazakhstan, China, Ukraine. The DAD-IS manual²⁴ has been translated to French and Spanish. The manual has not been updated yet due to the expected release of the module describing production environments of breed populations and geo-referencing the breed distribution.

Strategic Priority Area 2.

Sustainable use and development

In response to the demand for technical assistance to ensure the better use and development of animal genetic resources, FAO further invested in providing technical assistance to countries, directly and through cooperation with other organizations. Technical cooperation projects TCPs in Mongolia, Myanmar, Nepal and Sri Lanka were aimed at genetic improvement of dairy cattle through the establishment of pedigree and performance recording schemes, rehabilitation, support to the artificial insemination service, and improved animal feeding.

AGE supported Regional TCPs on cattle breeding in Asia and Africa. Participants from 13 Asian and 22 African countries received technical support for the establishment and management of animal genetic resources, with an emphasis on sustainable utilization of local breeds. AGE has developed methodology for the identification of candidate genes for traits of economic importance. The data generated through different AGE projects on animal genetics are already being utilized to identify and characterize genes that could have economic or environmental importance such as heat or helminth resistance traits, increased milk production or improved meat quality and quantity. Building on this basis, AGE has also initiated a new CRP on “Genetic variation on the control of resistance to infectious diseases in small ruminants for improving animal productivity” with 14 countries participating.

FAO participates as a technical advisor in the “Regional project on sustainable management of endemic ruminant livestock in West Africa” (PROGEBE), jointly financed by the Glo-

bal Environment Facility and the African Development Bank and based at the International Trypanotolerance Centre with technical support from ILRI. The objective of the project is to ensure sustainable management of four endemic ruminant breeds in four West African countries. FAO also serves on the steering committee of and is providing an in-kind contribution of technical support to the GEF-funded project on “Development and application of decision support tools to conserve and sustainably use genetic diversity in indigenous livestock and wild relatives” led by ILRI. The project involves promoting the sustainable use of animal genetic resources in four Asian countries.

FAO contributed to various courses organized by partner organizations, including the “International master in animal breeding and reproduction biotechnology” organized by two Spanish universities and the International Centre for Advanced Mediterranean Agronomic Studies (CIHEAM), and GLOBALDIV Summer Schools. It was also a partner in the “European master in animal breeding and genetics”. FAO collaborated with the ILRI-Swedish University of Agricultural Sciences (SLU) project (funded by the Government of Sweden) on capacity building for sustainable use of AnGR in developing countries, with regional workshops held in Asia and Africa.

FAO collaborated with the French National Institute for Agricultural Research (INRA) for the joint organization of the “FAO-INRA Workshop on animal genetic resources and their resistance/tolerance to diseases”, with special focus on parasitic diseases in ruminants. The report of the workshop is contained in *Report of a workshop on disease resistance*²⁵, a summary provided by Gaulty et al. (2010).

The CGRFA, at its Twelfth Regular Session, endorsed guidelines for breeding strategies for sustainable management of animal genetic resources, and encouraged countries to make full use of these guidelines. FAO has published the guidelines *Breeding strategies for sustainable management of animal genetic resources*²⁶ in English, French and Spanish. An Arabic version is in preparation. The guidelines are being used as support material in a regional training workshops.

FAO, through membership in the board of the International Committee for Animal Recording (ICAR), continued to lead the ICAR Task Force for Animal Identification and Performance Recording in Developing Countries. The task force conducted a survey to assess the current status of animal identification and recording systems in 33 developing countries. Guidelines for animal identification, traceability and performance recording in low and medium input production systems are under preparation. In collaboration with the Southern African Development Community (SADC) Livestock Technical Committee, FAO, organized a regional workshop on “Animal identification, traceability and performance recording in the SADC region” in 2009.

FAO participated in two international conferences on animal identification and traceability, organized by the World Organization for Animal Health (OIE) in Argentina and by the European Commission in Belgium. On both occasions, officers presented FAO’s multipurpose and global approach for animal identification, traceability and performance recording as a livestock development tool, which involves all stakeholders in the livestock sector, as well as FAO’s capacity building activities and support to countries for relevant policy development, drafting of legislation and strategic planning, and technical assistance for the implementation of relevant Codex Alimentarius and OIE standards.

FAO contributed to the development of “Pastoralism, nature conservation and development”,²⁷ published in Arabic, English and French by the CBD in its “Good Practice Guide” series.

In collaboration with the League For Pastoral Peoples and Endogenous Livestock Development (LPP), LIFE Network and International Union for Conservation of Nature–World Initiative for Sustainable Pastoralism (IUCN-WISP) a publication titled “Adding value to live-

stock diversity - Marketing to promote local breeds and improve livelihoods”²⁸ was published in English. French and Spanish versions of the publication are being prepared. A symposium entitled “Strategies to add value to local breeds” was organized by the Working Group for Animal Genetic Resources of the European Association for Animal Production (EAAP), FAO, and the European Regional Focal Point (ERFP) in Greece in 2010.

Strategic Priority Area 3. Conservation

FAO has been advancing the discussion about conservation with various papers (Hoffmann, 2009; Boettcher and Hoffmann, 2009; Blackburn and Boettcher, 2010; Boettcher et al., 2010).

In response to the request by the CGRFA that FAO continue updating and further developing technical guidelines on the management of animal genetic resources²⁹, FAO prepared *Draft guidelines on cryoconservation*³⁰. This document was validated in a series of workshops, which were also used to build capacity in member countries for conservation of animal genetic resources. The workshops were held in Tunisia, Ecuador and the Netherlands with assistance from the national governments. Guidelines for *in vivo* conservation are in preparation; a validation workshop was held in India.

FAO also undertook a global survey on the current arrangements for existing regional storage systems, including existing health and other relevant regulations for the exchange of genetic materials among countries. The results are summarized in Boettcher and Akin (2010). The majority of countries expressed willingness to participate in multi-country gene banks for animal genetic resources, but frameworks for formal collaboration are required to address issues such as ownership of germplasm, differences between countries in technical capacity and health and sanitary standards, and funding.

Strategic Priority Area 4. Policies, institutions and capacity-building

The Thirty-sixth FAO Conference recommended that FAO, in its livestock programme, emphasize the linkages between the management of animal genetic resources, animal health, livestock policies and institutions for poverty alleviation, biodiversity and climate change adaptation and mitigation³¹.

The Global Focal Point contributed to the FAO expert meeting, “The role of biodiversity for food and agriculture in feeding the world and in light of global changes,” and prepared a scientific paper on the link between biodiversity and sustainability (Hoffmann, 2010b). Other scientific papers and presentations at international conferences were prepared on the interactions between animal genetic resources and climate change, covering positive and negative effects of livestock on the environment and environment-related threats to livestock biodiversity (Hoffmann, 2010a; Hoffmann, 2010b).

AGE organized a “Symposium on sustainable improvement of animal production and health”³² in Austria. The Symposium included sessions on the management of animal genetic resources and how these resources could improve the quality of livestock. FAO assisted in the preparation of the programme, selection of speakers and review of the conference proceedings³³ and presented a lecture on the interactions between animal genetics resources and climate change which will be published as part of the symposium proceedings (Hoffmann, 2011).

In response to CBD COP decision IX/4, “In-depth review of ongoing work on alien species that threaten ecosystems, habitats or species” and considering the gaps and inconsistencies identified by the Ad Hoc Technical Expert Group on Gaps and Inconsistencies in the In-

ternational Regulatory Framework in Relation to Invasive Alien Species³⁴, FAO prepared a scientific paper on the role of livestock diversity and invasive alien species (Hoffmann, 2010c).

Already at its Third Session, the Working Group had raised the issue of disease factors – including the effects of emergencies and the need to identify disease-resistance.³⁵ The *Global Plan of Action* indicates a need for a review of the impact of zoosanitary standards on the conservation and use of animal genetic resources³⁶. FAO, in collaboration with the World Trade Institute, Switzerland, developed a study “Effects of international legal regimes and policy measures aimed at the protection of human, animal or plant life or health on animal genetic diversity”.³⁷ The study concluded that current zoosanitary standards do not pose an immediate threat for the conservation and use of animal genetic resources but that their conservation should be a crucial component of contingency plans.

At its Twelfth Regular Session, the CGRFA endorsed guidelines for the preparation of national strategies and action plans for animal genetic resources and encouraged countries to make full use of these guidelines³⁸. FAO published and distributed the guidelines *Preparation of National Strategies and Action Plans for Animal Genetic Resources*³⁹ in English, French, Russian and Spanish.

Supporting guidelines on the development of an institutional framework for the management of animal genetic resources were developed and actively discussed in an e-conference involving all subscribers of the Domestic Animal Diversity Network (DAD-Net). The guidelines are available in document, *Draft guidelines on development of the institutional framework for the management of animal genetic resources*⁴⁰.

The Global Focal Point participated in the annual meetings of National Coordinators within the ERF. Training on the development of national strategies and action plans was provided at several regional workshops to National Coordinators and their alternates. These workshops have also been used to initiate the establishment of new (Sub-) Regional Focal Points for Animal Genetic Resources in Latin America, Central Asia, Asia, West Africa, Eastern Europe.

Through a TCPF project, a national strategy for sustainable use and development of farm animal genetic resources was formulated in Armenia. The resulting document was published in English and Armenian. Another TCPF project originally aiming to support the development of a national policy and strategy for the management and improvement of animal genetic resources in Burundi was redirected to establishing a livestock development strategy, as a complement to the national agriculture strategy.

FAO invited National Coordinators, Regional Coordinators and international non-governmental organizations (INGOs) to prepare posters on “Implementation of the Global Plan of Action for animal genetic resources” for an exhibition at this Sixth Session of the Working Group⁴¹. It also invited an informal survey on *Global Plan of Action* implementation, results of which are presented in Hoffmann and Scherf (2010).

The CGRFA, at its Twelfth Regular Session⁴² and the Thirty-sixth FAO Conference⁴³ stressed the importance of addressing the particular needs of small-scale livestock keepers and pastoralists, custodians of much of the world’s animal genetic resources, and encouraged their full and effective participation in the implementation of the *Global Plan of Action*.⁴⁴ In response, FAO prepared and widely distributed the publication “Livestock keepers – guardians of biodiversity”⁴⁵. Furthermore, FAO, in collaboration with two NGOs, piloted biocultural protocols and tested their potential for strengthening indigenous communities to continue stewarding their animal genetic resources and their eco-systems. Biocultural protocols aim to create a link between articles 15 and 8(j) of the CBD and the *Global Plan of Action*. A booklet “Biocultural community protocols for livestock keepers” (LPP and LIFE Network 2010) summarizing the experiences with the first four protocols was widely distributed and the results presented to the CBD.

FAO continued its interaction with various scientific organizations and the breeding in-

dustry. It hosted a meeting of the European Forum of Farm Animal Breeders (EFFAB) and the Industry days of the EU-funded SABRE and EADGENE projects. A Poultry Leadership Think Tank meeting was held in Germany with representatives of the poultry breeding industry, the World Poultry Science Association (WPSA) and FAO to discuss social equity and sustainability issues relating to the present systems employed globally in poultry production. A wider stakeholder one-day symposium “Guidance for the poultry sector – issues and options” was then organized by FAO in France, in conjunction with the European Poultry Conference.

The Global Focal Point served as the FAO Focal Point for Livestock in association with FAO’s “International conference on agricultural biotechnologies in developing countries”⁴⁶, held in March 2010 in Mexico. Both full-length⁴⁷ and synthesis⁴⁸ documents on the role of biotechnologies in livestock production were produced and the latter has been made available in all six UN official languages.

The Global Focal Point continues to maintain DAD-Net as an informal forum for the discussion of issues relevant to the management of animal genetic resources at national, regional and international levels. DAD-Net has proved to be an effective means of sharing experiences, enabling participants to request information and facilitating informal discussions among individuals involved in various aspects of the management of animal genetic resources. FAO has continued to produce the journal “Animal Genetic Resources” (previously AGRI).

IMPLEMENTATION AND FINANCING OF THE *GLOBAL PLAN OF ACTION*

The CGRFA, at its Twelfth Regular Session, had adopted the *Funding Strategy for the implementation of the Global Plan of Action for Animal Genetic Resources*⁴⁹ and requested FAO to implement it and to establish a FAO Trust Account. The Funding Strategy was published⁵⁰ and made available in the official FAO languages, and donors were invited to contribute. The Trust Account has already received some contributions, and FAO is confident that a first “call for proposals” will soon be launched by the CGRFA.

A recent informal country survey (Hoffmann and Scherf, 2010) indicates that even without FAO direct support, there is a new and unprecedented momentum for the promotion of the wise management of animal genetic resources as a means to improve food security and sustainable development worldwide following the adoption of the *Global Plan of Action*. The country experiences imply that countries have made strategic use of national, bilateral and multilateral resources to advance the implementation of the *Global Plan of Action*.

NOTE

- 1) CGRFA/WG-AnGR-6/10/Inf. 2.
- 2) CL 133/INF/8, <ftp://ftp.fao.org/docrep/fao/meeting/012/k1014e.pdf>, CL 133/INF/9, <ftp://ftp.fao.org/docrep/fao/meeting/012/k1073e.pdf>, CL 133/REP, <ftp://ftp.fao.org/docrep/fao/meeting/012/k0667e.pdf>, paragraphs 54-58.
- 3) CGRFA/WG-AnGR-5/09/Inf. 9.
- 4) UNEP/CBD/SBSTTA/13/2, <http://www.cbd.int/doc/meetings/cop/cop-09/official/cop-09-03-en.doc>
- 5) UNEP/CBD/COP9/L.34, <http://www.cbd.int/decisions/cop9/?m=COP-09&id=11644&lg=0>
- 6) IT/GB-2/07/Report, <ftp://ftp.fao.org/ag/agp/planttreaty/gb2/gb2repe.pdf>, paragraph 16-18.
- 7) Permanent Forum on Indigenous Issues, Report on the Seventh Session, (21 April-2

- May 2008), Economic and Social Council, paragraph 85, <http://daccessdds.un.org/doc/UNDOC/GEN/N08/338/82/PDF/N0833882.pdf?OpenElement>
- 8) http://www.un.org/esa/sustdev/csd/csd16/statements/swiss_6may_agriculture.pdf
 - 9) http://www.alpenkonvention.org/page7_fr
 - 10) <http://gbo3.cbd.int/the-outlook/gbo3/foreword/foreword-by-the-united-nations-secretary-general.aspx>
 - 11) <http://www.fao.org/ag/againfo/themes/en/poultry/AnGR.html>
 - 12) www.globaldiv.eu
 - 13) CGRFA/WG-AnGR-6/10/Inf.7.
 - 14) CGRFA/WG-AnGR-6/10/Inf.6.
 - 15) European Commission: Council Regulation N°870/2004 establishing a Community programme on genetic resources in agriculture.
 - 16) www.globaldiv.eu
 - 17) www.regionalcattlebreeds.eu
 - 18) www.globalgenomic.com
 - 19) www.bovinehapmap.org
 - 20) www.sheephapmap.org
 - 21) CGRFA-12/09/Report.
 - 22) Report of a workshop on indicators.
 - 23) CGRFA/WG-AnGR-6/10/Inf.3
 - 24) CGRFA/WG-AnGR-6/10/Inf.5
 - 25) http://www.fao.org/ag/againfo/programmes/en/genetics/documents/DAD-IS_Manual_Jan092.pdf
 - 26) Report of a workshop on Disease resistance.
 - 27) <http://www.fao.org/docrep/012/i1103e/i1103e00.htm>
 - 28) <http://www.cbd.int/development/training/guides/>
 - 29) <http://www.fao.org/docrep/012/i1283e/i1283e00.htm>
 - 30) CGRFA-12/09/Report, paragraph 41.
 - 31) CGRFA/WG-AnGR-6/10/Inf.8.
 - 32) C 2009/REP, paragraph 65.
 - 33) <http://www-pub.iaea.org/Mtcd/Meetings/Announcements.asp?ConfID=35424>
 - 34) <http://www-naweb.iaea.org/nafa/aph/BookOfExtendedSynopses.pdf>
 - 35) UNEP/CBD/SBSTTA/11/INF/4.
 - 36) CGRFA/WG-AnGR-3/04/REPORT, paragraph 17.
 - 37) Global Plan of Action, Strategic Priority 11/4.
 - 38) http://www.nccr-trade.org/fileadmin/user_upload/nccr-trade.ch/wp3/working_paper2010-09.pdf
 - 39) CGRFA-12/09/Report para. 41.
 - 40) <http://www.fao.org/docrep/012/i0770e/i0770e00.htm>
 - 41) CGRFA/WG-AnGR-6/10/Inf.9.
 - 42) <http://www.fao.org/ag/againfo/programmes/en/genetics/Posters.html>
 - 43) CGRFA-12/09/Report para. 44.
 - 44) C 2009/REP, para. 67.
 - 45) C 2009/REP, para. 68.
 - 46) <ftp://ftp.fao.org/docrep/fao/012/i1034e/i1034e.pdf>
 - 47) <http://www.fao.org/biotech/abdc/en/>
 - 48) http://www.fao.org/fileadmin/user_upload/abdc/documents/livestock.pdf
 - 49) http://www.fao.org/fileadmin/user_upload/abdc/documents/livesyne.pdf
 - 50) CGRFA-12/09/Report, Appendix C.
 - 51) www.fao.org/docrep/012/i1674e/i1674e00.htm

REFERENCES

- 1) Baumung, R., Simianer H., Hoffmann, I. (2004). Genetic diversity studies in farm animals – a survey. *J. Anim. Breed. Genet.* 121: 361-373.
- 2) Besbes, B. (2009). Genotype evaluation and breeding of poultry for performance under sub-optimal village conditions. *World's Poultry Science Journal*, Vol. 65, 45-54.
- 3) Blackburn, H.D., Boettcher, P.J. (2010). Options and Legal Requirements for National and Regional Animal Genetic Resource Collections. *Animal Genetics Resources*, 47, 91-100.
- 4) Boettcher, PJ, Tixier-Boichard, M., Toro, MA., Simianer, H., Eding, H., Gandini, G., Joost, S., Garcia, D., Colli, L., Ajmone-Marsan, P.; GLOBALDIV Consortium. (2010a). Objectives, criteria and methods for using molecular genetic data in priority setting for conservation of animal genetic resources. *Animal Genetics*, 41 (Suppl. 1), 64-77.
- 5) Boettcher, P., Akin, O. (2010). Current arrangements for national and regional conservation of animal genetics resources. *Animal Genetics Resources*, 47, 73-84
- 6) Boettcher, P.J., Ajmone-Marsan, P. & Lenstra, J.A. (2010b). Recent developments in the genetic characterization of animal genetic resources. 9th WCGALP, Leipzig, 1-6 August.
- 7) Boettcher, P.J., Hoffmann, I. (2009). Conserve livestock genetic resources, too. *Science* 326, 16 October 2009, p 365.
- 8) Bovine HapMap Consortium, Gibbs, RA., Taylor, JF., Van Tassell, CP., Barendse, W., Eversole, KA., Gill, CA., Green, RD., Hamernik, DL., Kappes, SM., Lien, S., Matukumalli, LK., McEwan, JC., Nazareth, LV., Schnabel, RD., Weinstock, GM., Wheeler, DA., Ajmone-Marsan, P., Boettcher, PJ., Caetano, AR., Garcia, JF., Hanotte, O., Mariani, P., Skow, LC., Sonstegard, TS., Williams, JL., Diallo, B., Hailemariam, L., Martinez, ML., Morris, CA., Silva, LO., Spelman, RJ., Mulatu, W., Zhao, K., Abbey, CA., Agaba, M., Araujo, FR., Bunch, RJ., Burton, J., Gorni, C., Olivier, H., Harrison, BE., Luff, B., Machado, MA., Mwakaya, J., Plastow, G., Sim, W., Smith, T., Thomas, MB., Valentini, A., Williams, P., Womack, J., Woolliams, JA., Liu, Y., Qin, X., Worley, KC., Gao, C., Jiang, H., Moore, SS., Ren, Y., Song, XZ., Bustamante, CD., Hernandez, RD., Muzny, DM., Patil, S., San Lucas, A., Fu, Q., Kent, MP., Vega, R., Matukumalli, A., McWilliam, S., Sclep, G., Bryc, K., Choi, J., Gao, H., Grefenstette, JJ., Murdoch, B., Stella, A., Villa-Angulo, R., Wright, M., Aerts, J., Jann, O., Negrini, R., Goddard, ME., Hayes, BJ., Bradley, DG., Barbosa, Da Silva, M., Lau, LP., Liu, GE., Lynn, DJ., Panzitta, F., Dodds, KG. (2009). Genome-wide survey of SNP variation uncovers the genetic structure of cattle breeds. *Science*, 324(5926), 528-32.
- 9) FAO, (2009a). Detailed report on FAO activities in the follow-up to the International Technical Conference on Animal Genetic Resources for Food and Agriculture, CGRFA/WG-AnGR-5/09/Inf.2.
- 10) FAO, (2010a). Detailed FAO Progress Report on the implementation of the *Global Plan of Action for Animal Genetic Resources*, CGRFA/WG-AnGR-6/10/Inf.2.
- 11) Gauly, M., Besbes, B., Pinard-van der Laan, M.H., Hoffmann, I., Greeff, J., Thevenon, S., Baker, L., Tibbo, M., Bishop, S.C., Mugambi, J., Dempfle, L., Sidibe, I., Mandonnet, N., Amarande A.F.T. and Miller, J.E. 2010. Ruminant Genetic Resources and their Resistance/Tolerance to Parasitic Diseases. 9th WCGALP, Leipzig, 1-6 August (2010).
- 12) Groeneveld, LF, Lenstra, JA., Eding, H., Toro, MA., Scherf, B., Pilling, D., Negrini, R., Finlay, EK., Jianlin, H., Groeneveld, E., Weigend, S.; GLOBALDIV Consortium. Genetic diversity in farm animals - A review. *Animal Genetics*, 41 (Suppl 1), 6-31.
- 13) Hoffmann, I. (2007). Vaccination - a means for preserving poultry genetic resources? *Developments in Biologicals* 130: 111-118.
- 14) Hoffmann, I. (2009). *The Global Plan of Action for Animal Genetic Resources and the*

- conservation of poultry genetic resources. World's Poultry Science Journal*, Vol. 65, 286-297.
- 15) Hoffmann, I. (2010a). Climate change and the characterization, breeding and conservation of animal genetic resources. *Animal Genetics*, 41 (Suppl. 1), 32–46.
 - 16) Hoffmann, I. (2010b). Livestock biodiversity and sustainability. Livestock Science, Special Issue “Assessment for sustainable development of animal production systems”. *Livestock Science* (in press).
 - 17) Hoffmann, I. (2010c). Livestock biodiversity. *OIE Scientific and Technical Review*, Special Issue Invasive Species Part I: General aspects and biodiversity. 29 (1), 73-86.
 - 18) Hoffmann, I. (2011). Climate change in context: Implications for livestock production and diversity. In Dargie, J (ed) Proceedings of IAEA-FAO Conference, Springer (in press).
 - 19) Hoffmann, I., Scherf, B. (2010). Implementing the Global Plan of Action for Animal Genetic Resources. *Animal Genetic Resources* 47, 1-10.
 - 20) Hoffmann, I., Boerma, D., Scherf, B. (2010). The Global Plan of Action for Animal Genetic Resources – The road to common understanding and agreement. *Livestock Science*, in press.
 - 21) Joost S, Colli L, Baret PV, Garcia JF, Boettcher PJ, Tixier-Boichard M, Ajmone-Marsan P; GLOBALDIV Consortium. 2010. Integrating geo-referenced multiscale and multidisciplinary data for the management of biodiversity in livestock genetic resources. *Animal Genetics*, 41 (Suppl 1), 47-63.
 - 22) LPP and LIFE Network. (2010). Biocultural Community Protocols for Livestock Keepers. Lokhit Pashu-Palak Sansthan (LPPS). Sadri, Rajasthan, India.
 - 23) Martyniuk, E., Pilling, D. & Scherf, B. (2010). Indicators: Do we have effective tools to measure trends in genetic diversity of domesticated animals? *Animal Genetic Resources*, 47, 31-44.
 - 24) Rushton, J., Viscarra, R.E., Taylor, N., Hoffmann, I., Schwabenbauer, K. (2009). Poultry sector development, highly pathogenic avian influenza and the smallholder production systems. *CAB Reviews: Perspectives in Agriculture, Veterinary Science, Nutrition and Natural Resources* 5, No. 030, 1-8.
 - 25) Schwabenbauer, K., Besbes, B., de Haan, N., Thieme, O. and Rushton, J. (2009). An integrated approach to controlling highly pathogenic avian influenza. 5th World Poultry Conference. Taba, Egypt, 10 - 13 March 2009.
 - 26) Woolliams, J.A., Pilling, D., Scherf, B. (2010). Surveying animal genetic resources to manage biodiversity. *Animal Genetic Resources*, 47, 23-30.

EAAP ACTIVITIES ON ANIMAL BIODIVERSITY STUDY

(Le attività dell'EAAP nello studio della biodiversità animale)

A. ROSATI, M. ZJALIC

EAAP - European Federation of Animal Science

INTRODUCTION

Man has developed animal biodiversity since domestication of wild ancestors of the current farm animal species. Over time the usefulness of different genes and gene combinations has been challenged particularly in view of adaptability to different ecological conditions and production systems and resistance to diseases. In the last ten millennia man has strengthened 4 068 local, 430 regional transboundary and 399 international transboundary breeds of mammalian species, 1644 local, 85 regional transboundary and 157 international transboundary avian species (FAO, 2007). Market demand and increased availability of selection and genetic improvement techniques such as artificial insemination, recording and evaluation of productive traits, application of information technologies increased uniformity of breeding objectives have reduced the number of breeds adjusted to new economic requirements. Genetic improvement and concentration on small number of breeds has been supported by developments in farm animal management, nutrition and health protection adjusted to high input production systems thus marginalizing economic importance of populations adjusted to extensive systems and variety of environments. Therefore a significant number of cattle, sheep, and goat breeds already disappeared and many are presently endangered (FAO, 2007). The same process is now progressively taking place in Africa and Asia. According to the Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO, 2007), a total of 1491 breeds world-wide (or 20%) are classified as being either critically endangered, critical-maintained, jeopardized, or endangered-maintained. The highest number of breeds at risk is recorded in cattle (210 out of 1311) followed by horses (181 out of 786). In sheep and goats the number of threatened breeds are 84 out of 618 and 179 out of 1409 respectively. Cattle is also the species with the highest number of breeds reported as extinct (209), followed by sheep (180), pig (140), horse (87) and goats (19). The rate of extinction is also of great concern as it increased rapidly, from 1.21 breeds/year in the last century to 6.9 breeds/year in the last ten years (FAO, 2007).

During the second half of the last century awakened concerns about losses of biodiversity between and within breeds resulted in first scattered and later concerted actions in order to prevent gene and breed losses and maintain the possibility of adjusting animals to future, unpredictable needs (Maijala, 1993). The first step on the international scale was the FAO/UNEP Technical Consultation on AnGR Conservation and Management followed by the FAO undertaking in the preparation of the report on the state of world's animal genetic resources for food and agriculture that culminated in the approval of the report by all member countries of FAO and the approval and subsequent implementation of the Global Plan of Action for Animal Genetic Resources.

In its 62 years long history EAAP activities included support and stimulation of national and international studies on farm animal biodiversity. EAAP activities in the first two decades reflected the main orientation of the European animal scientists: an increase in animal production in the European countries and the attainment of national and regional self-sufficiency. The EAAP activities in the field of farm animal biodiversity started in 1980 when upon the recommendation of the FAO/ UNEP technical consultation on animal genetic resources the EAAP Commission on Animal Genetics established the Working Group on Animal Genetic Resources.

SURVEYS ON GENETIC DIVERSITY OF EUROPEAN LIVESTOCK BREEDS

The Group prepared the first report in 1982 on the basis of a survey on genetic diversity of five mammalian (cattle, pigs, sheep, goats, horses) livestock breeds in European countries. The survey was based on three questionnaires covering breeds within country, attitude towards preservation and details of endangered livestock in the country. On the basis of data collected from 22 countries and data from literature from other eight countries, the report had information on 350 cattle, 103 goat, 280 horse, 146 pig and 384 sheep country populations or breeds.

In 1985 the Group carried out the second, more detailed survey containing general information on country, species, breed/population, main location, main organization concerned with breed. Origin and development of breed, breed description and use and performance. The report was presented at the 1985 EAAP Annual Meeting.

Forms and questionnaires used for 1985 survey were used as a basis for the third survey in 1988. Some changes – adding genetic distance, DNA storage and live animal conservation programs - were made in consultation with FAO and the Nordic Working Party on AnGR. Data from the survey were transferred the collected data to the EAAP Animal Genetic Data Bank established in 1987 at the Hanover School of Veterinary Medicine in Germany.

In 1987 and 1988 the combined FAO/EAAP Working Group developed a new questionnaire and a system for continuous up-dating of information for the data bank. The new system compatible with national data banks covered all countries of the world.

EAAP ANIMAL GENETIC DATA BANK

The FAO/UNEP consultation held in 1980 recommended to set up data banks for animal genetic resources. Following this recommendation, available grant from the German Research Foundation (DFG), willingness of the Hanover School of Veterinary Medicine to take up the technical part of the job, the EAAP Animal Genetic Data Bank was established in 1987.

Database from the bank and from the FAO DAD-IS global data base were integrated through the EU funded project FABISnet in 2010.

ACTIVITIES CARRIED OUT WITHIN THE EU FUNDED PROJECTS

GLOBALDIV - “A global view of livestock biodiversity and conservation

EAAP is a partner in this three year project funded by the European Commission in the framework of the AGRI GEN RES initiative. It started in March 2007 and comprises Partners from Europe, Asia, Africa and South America. GLOBALDIV main goal is to group a critical mass of international experts in different fields related to the characterization of Farm Animal Genetic Resources to review the main drivers of biodiversity loss and the main strategies for FAnGR conservation. GLOBALDIV Partners and Experts disseminate this knowledge and their experience worldwide through Review Papers, Seminars, Workshops, Summer Schools and a periodic Newsletter. EAAP provides experts, chairs a working group on socio-economic aspects of biodiversity and has produced three review studies on the impact of changes of the Common Agricultural Policy on conservation programs and farm animal biodiversity in the European Union, on the effects of protection of geographic origin of animal products on biodiversity in the EU and on organization and funding of conservation of AnGR (EAAP, 2010).

EFABIS - A European Farm Animal Biodiversity Information System

As a coordinator of the project, EAAP contributed to the attainment of the project objective - to create an integrate infrastructure of databases to monitor Farm Animal Biodiversity (FAB) in Europe meeting the specific requirements of the European continent as well as the need for full compatibility with the Global Information System (DAD-IS) of FAO. The outcomes of the project has been made available to the widest range of potential users as an important tool in characterisation, utilisation and conservation of those genetic resources. The project rationalised the monitoring of livestock and poultry genetic diversity, and favour a greater awareness of the genetic resources available to the European farmers. The new European database structure has been integrated with DAD-IS and helps the countries in collecting information on the hand and is designed to link all parties to the FAO Global Strategy for the Management of Farm Animal Genetic Resources (EAAP, 2010).

FABIS net - An integrated network of decentralized country biodiversity and gene bank databases

A network of WEB based databases has been created in the EU project “EFABIS – an European Farm Animal Biodiversity Information System” for the recording and dissemination of biodiversity data of breeds in animal agriculture. It integrates the historical database from the European Association of Animal Sciences (EAAP) and the world wide DAD-IS system of FAO in Rome. Its outstanding features are an automatic synchronization of data records across the whole hierarchy at the global (FAO), regional (EAAP) and country level. Furthermore, a generalized strategy has been developed for translation of content and interface into any language in the world using UTF8 encoding for the presentation of any character set like Latin, Cyrillic, Chinese and Arabic. FABISnet is available as Open Source software (EAAP, 2010).

BIODIVERSITY STUDIES PRESENTED AT EAAP ANNUAL MEETINGS

EAAP annual meetings – 61 since the establishment of the Association – are composed of scientific sessions organized by one or more study Commissions (genetic, physiology, nutrition, management and health, production systems, cattle, sheep and goats, pig, horse), symposia, workshops and special meetings. At each annual meeting there was a number of studies on phenotypic and genetic description of various breeds. Some annual meetings had biodiversity as main topic, such as, for instance, the 60th Annual Meeting (Barcelona, Spain, 2009) where 40 papers/documents were dealt along with phenotypic characterization and 47 papers/documents together with production traits, quality of products and production environment of local breeds. In the last three years one third out of 1235 research papers were submitted at annual meetings held in Vilnius (Lithuania), Barcelona (Spain) and Heraklion (Greece) and were dealt with matters related to farm animal biodiversity (EAAP, 2008, 2009, 2010).

EAAP GENETIC COMMISSION

Programs of sessions of the EAAP Genetic Commission held during the EAAP annual meetings have always included presentation and publication of studies on genetic characterization of breeds and populations, analysis of genetic between and within breed distances and the use of micro-satellites and SNP techniques in genetic characterization.

BIODIVERSITY IN THE MEDITERRANEAN REGION

The EAAP Mediterranean Working Group organizes a biennial symposia to review problems of the livestock in the region and to discuss research results. The Group pays particular attention to the characterization, sustainable utilization and conservation of biodiversity of local breeds and species also bearing in mind that the understanding of the genetic mechanisms of livestock adaptation to environmental challenges is becoming an important topic in this time of rapid climate change (Aimone Marsan et al., 2010).

Studies presented at the Mediterranean symposia indicate that breeds of the Mediterranean milked cattle are characterized by longevity (replacement rates between 11% and 25 %) and good health but low milk yield (Nardone et Villa, 1992). However, important performance of some non-improved Mediterranean cattle breeds indicate possibility to select them as they are well adapted to local agro-ecologic and climatic conditions (Nardone et Matassino, 1989). Buffalo and camel - two other large ruminant species playing important role in the south Mediterranean area – are well adapted to the local environment.. Buffalo is superior to cattle in withstanding environmental conditions characterized by high temperature and irregular availability of drinking water (Ashur et al., 2000). Camel is adapted to irregular food and water supply, high temperature and to poor pastures consisted mainly of various shrubs. In spite of its late maturity and low reproductive rate, camel is an important producer of milk and meat in North African nomadic systems, particularly if its diet is supplement by local products such as straw and cacti (El Aish et al., 2003).

Characterization of sheep breeds in addition to phenotypic and production data collected through recording systems, included also studies of blood protein polymorphism and estimation of genetic distances. The research carried out in nineties paid great attention to milk protein polymorphism and its effect on technological characteristics of milk of various breeds of sheep and goats (Gabina, 1997). Some small ruminant breeds from the south banks of the Mediterranean sea and their crosses with breeds from the temperate zones can withstand environmental conditions characterized by high temperature and lack of water mainly through their ability to regulate water intake, respiration rate, pulse rate, body temperature and other related body functions (Ashour et al., 2000). While the major part of small ruminant breeds under the Mediterranean xero-thermic conditions show patterns of reproductive periodicity, many breeds manifest oestrus activity throughout the year and lambs and kids can be born and marketed in any season of the year (Alifakiotis, 1992). High production traits of some Mediterranean breeds, such as high milk yield of Awassi sheep, are accompanied by high adaptability to different ecologies, resistance to diseases, tolerance to extreme (especially high) temperature, ability to walk long distances for grazing, high flocking instinct and endurance to adverse management and feeding conditions (Pekel et al., 1994). Some Mediterranean sheep and goat breeds have a superior prolificacy compared with cosmopolitan breeds such as Chios and Kyme sheep from Greece, D'mane sheep from Morocco and Zaraibi goat from Egypt (Flamant, 1997).

ACTIVITIES OF THE EAAP WORKING GROUP ON ANGR

In addition to the work carried out in the preparation and analysis of surveys on the state of farm animal genetic resources in Europe, in recent years the group was active in the implementation of the EFABISnet project funded by the EU and in the development of the permanent management structure in support of national EFABIS nodes. It participated in activities initiated by FAO and Rare Breed International on indicators for genetic diversity and on breeds at risk criteria and classification. It also contributed to EAAP annual meetings on strat-

egies for adding values for local breeds. Its future programs include organization of the session on genetic and phenotypic differences.

PUBLICATIONS

EAAP Scientific Series

Twelve out of 130 books published in the EAAP Scientific Series have farm animal biodiversity as main topic and three of them are specifically focused on farm animal biodiversity.

***Genetic Diversity of European Livestock Breeds*¹**

In 1993, the EAAP published a detailed report on genetic diversity of European livestock breeds prepared by the EAAP Animal Genetic Bank and the Working Group on AnGR. The report contains information from 37 European countries and represented a first complete register of breeds of the major mammalian livestock species in Europe. It included the status of endangered breed, groups of similar breeds and structured information on individual breeds. Breeds were presented both in local and international breed names, population numbers, breed description, breed use, management conditions and recorded performance.

***Pig Genetic Resources in Europe*²**

The book presents an overview of the situation of the pig genetic resources in four major producing countries of EU, namely France, Germany, Italy and Spain. The work carried out since 1996 in the evaluation of those resources and in their conservation has received support from the European Union. The book covers data on primary characterisation as available at national data bases, pedigree data, data on production and reproduction performances. Within and between breed genetic distances are evaluated through various genetic markers, exhibiting immunological, biochemical or DNA polymorphism. Semen collection and details on ex situ conservation are also presented. The preparation of the book has been supported by the EU ResGen program.

***Conservation Genetics of Endangered Horse Breeds*³**

Equids – horse and asses – have a particular place in human history, but also in the life of number of people both in developed and in developing countries. There are strong historical links between equid breeds and particular geographic and ecologic areas. The preservation and exploitation of equid's biodiversity has become an important issue in reference to the increase in intensive breeding of sport horses and to the socio-economics role and input of equides. The book is a collection of studies on horse breeds and various phenotypes and on conservation methods and practices. The book includes studies on molecular methods and equine genetic diversity, use of markers in characterization and use of genetic distance as a tool in conservation.

INTERNATIONAL COOPERATION

In carrying out its programs in the field of farm animal biodiversity EAAP closely cooperates with a number of international governmental and non-governmental organizations, in the first place with FAO, ICAMAS and RBI. EAAP and FAO worked together in collecting data on the state of AnGR in the EAAP area – Europe and the Mediterranean, in the organization of data base on AnGR and in the implementation of the EU funded projects on

AnGR. ICAMAS is an EAAP partner in the organization of the Mediterranean symposia. Cooperation with RBI includes the joint organization of symposia and studies related to protection of biodiversity of AnGR. EAAP supports meetings of national coordinators for AnGR and the European Regional Focal Point usually held on the occasion of the EAAP annual meetings.

NOTE

- 1) EAAP publication No. 66, Wageningen Pers, 1993
- 2) EAAP publication No. 104, Wageningen Pers 2001
- 3) EAAP publication No. 116, Wageningen Academic Publisher, 2004

REFERENCES

- 1) Aimone Marsan, P., Zjalic, M., Rosati, A. (2010) New approaches to investigate the genetic basis of animal adaptation to different environments, Proceedings of the Mediterranean symposium in print.
- 2) Bodo, I., Alderson, L., Langlois, B. (2004) Conservation Genetics of endangered horse breeds. EAAP publication No. 116, Wageningen Academic Publisher.
- 3) Simon, D.L., Buchenauer, D. (1993) Genetic diversity of European livestock breeds. EAAP publication No. 66, Wageningen Pers.
- 4) Ollivier, L., Labroue, F., Glodek, P., Gandini, G., Delgado, J.V.: Pig genetic resources in Europe.
- 5) EAAP publication No. 104, Wageningen Pers (2001).
- 6) EAAP Book of Abstracts of the 59th Annual Meeting, Wageningen Academic Publishers (2008).
- 7) EAAP Book of Abstracts of the 60th Annual Meeting, Wageningen Academic Publishers (2009).
- 8) EAAP Book of Abstracts of the 61st Annual Meeting, Wageningen Academic Publishers (2010).
- 9) Maijala, K. (1993) Preface, Genetic diversity of European livestock breeds. EAAP publication No. 66, Wageningen Pers.
- 10) Nardone, A. Cattle resources in the Mediterranean area. Livestock in the Mediterranean cereal production systems, EAAP Publications no. 49, Pudoc Scientific Publishers.
- 11) Alifakiotis, T.A. (1992) Characteristics and management of reproduction of small ruminants in Mediterranean countries. EAAP Publications no. 49, Pudoc Scientific Publishers.
- 12) Pekel, E., Gursoy, O., Ozcab, L., Torun, O. (1994) Breeding strategies of Turkish awassi sheep, Strategies for the development of fat-tail sheep in Near East, EAAP Publication No. 68, Wageningen Pers.
- 13) Galego, F.L., Urban, F.P., Gonzales, L. G. (1994) Model of animal production integrated in programme of rural tourism in La Serena region (Estramadura, Spain) Animal production and rural tourism in Mediterranean regions, EAAP Publication No. 74, Wageningen Pers.
- 14) Zafraka, A.M. (1994) Role of native breeds of horses in Greece, Animal production and rural tourism in Mediterranean region, EAAP Publication No. 74, Wageningen Pers.
- 15) Da Silva, L.C., (1994) Le tourisme dans l'espace rural Portugalgal, Animal production and rural tourism in Mediterranean region, EAAP Publication No. 74, Wageningen Pers.

- 16) Branca, A., Cappai, P., Casu, S. (1994) Les rapports entre l'élevage et le tourisme dans une île Méditerranéenne – la Sardaigne, Animal production and rural tourism in Mediterranean region,
- 17) EAAP Publication No. 74, Wageningen Pers.
- 18) Flamant, J.C. (1994) Les ressources génétiques animales en région méditerranéenne. International symposium on Mediterranean animal germplasm and future human challenges, EAAP Publication No. 85, Wageningen Pers.
- 19) El Serafy, A.M., Shehata, E. (1996) Is there a future for milk production from non-specialised cattle breeds in the Mediterranean area? Cattle in the Mediterranean area, EAAP Publication No. 86, Wageningen Pers.
- 20) Ashour, G., Benlemlih, S. (2000) Adaptation of Mediterranean breeds to heat stress and water deprivation. Livestock production and climatic uncertainty in the Mediterranean, EAAP Publication No. 94, Wageningen Pers.
- 21) El Aish, A., Benyoussef, M.T. (2000) Nomadic and small ruminant production systems, Livestock production and climatic uncertainty in the Mediterranean, EAAP Publication No. 94, Wageningen Pers.
- 22) Lahmar, M., Djemali, M., Khemiri, H. (2005) Cattle production in the mountain regions of North West Tunisia: Present situation and prospects for increased productivity. Animal Production and natural resources utilisation in the Mediterranean mountain areas. Livestock production and climatic uncertainty in the Mediterranean, EAAP Publication No. 115, Wageningen Academic Publishers.

EUROPEAN REGIONAL FOCAL POINT AND DOMESTIC ANIMAL BIODIVERSITY

(Il focal point regionale europeo e la biodiversità degli animali domestici)

B. BALZER

MSC agr. B. Balzer, Secretariat of the European Regional Focal Point
for Animal Genetic Resources at Federal Office for Agriculture and Food (BLE)
Information and Coordination Centre for Biological Diversity (IBV)
Deichmanns Aue 29 DE – 53179 Bonn – Germany

HISTORY OF THE EUROPEAN REGIONAL FOCAL POINT

In Europe, the awareness of possible erosion of Animal Genetic Resources (AnGR) originated in the 1960s, and from the beginning, the emphasis was put on preservation of endangered breeds. Concerted activities on AnGR in Europe started in 1980, when the European Federation of Animal Sciences (EAAP) established a working group on AnGR.

At the global level, 1980 is also the starting point, since the first expert consultation on AnGR was held in Rome with FAO.

In 1992, the UN Convention on Biological Diversity (CBD) and Agenda 21 formally identified domestic animal diversity as a genuine and important component of global biodiversity. Based on an expert consultation, the FAO thus recommended an expanded priority programme of work associated with shaping and developing a Global Strategy for the management of farm animal genetic resources. The key component of the Global Strategy was the Country-Based Planning and Implementation Infrastructure, which includes five key structural elements:

- Global Focal Point (FAO)
- Regional Focal Points (e.g. ERFP)
- National Focal Points (on country level)
- donor and stakeholder involvement mechanism, and
- Domestic Animal Diversity Information System (DAD-IS).

In this context, Regional Focal Points are intended to assist the countries of a region to design and establish their own most cost-effective management programmes for animal genetic resources and to coordinate common regional and sub-regional needs and activities which include policy development, training, research and field activities.

Discussions which were initiated in 1995 in Prague and continued in 1996 in Lillehammer, expressed the need to establish a Regional Focal Point (RFP) for Europe. During the Workshop for National Coordinators (NCs) at the Vienna EAAP / FAO Meeting in 1997 the National Coordinators continued these discussions. The desire of the National Coordinators to form a Regional Focal Point needed further clarification. The NCs proposed that France with assistance of Poland perform jointly the tasks of an informal Regional Focal Point.

During the Warsaw Workshop of NCs jointly organised by EAAP and FAO in 1998, the structure for the exchange and communication network between countries in Europe was established in accordance with the needs of each country with regard to their own animal genetic resources management considerations. The first ERFP work was to facilitate exchanges between the countries and to develop management tools to support this work. A newsletter was created to disseminate this information among European countries.

The NCs decided that the ERFP must have a light organisational structure taking into account the limited available financial resources in the majority of the countries.



- Two basic decisions for the establishment of ERFP were taken during the meeting in Warsaw:
1. set up a light structure in order to support programmes for the conservation of AnGR in European Countries
 2. respect of national sovereignty in AnGR management and the voluntary participation of the countries in this co-ordinating structure.

With these conditions, the NCs decided that it could be possible to create a communication platform to enable the exchange of experiences and information in the field of the AnGR management.

To facilitate this process, France expressed a willingness to contribute \$76,000 to establish the ERFP if other countries were willing to participate in the creation. France proposed to create a Trust Fund into which this money would be paid. All European countries were invited to participate but financial contribution to the Trust Fund was voluntary.

During the 5th Workshop for NCs in Zurich in 1999, agreement was not immediately reached as countries had to reflect on the proposal for the creation of the European Regional Focal Point (ERFP).

In this context, the conclusions of the Warsaw workshop were still relevant. During this meeting, the NCs agreed that the annual workshop of NCs should be continued and asked France to continue to act as the temporary ERFP for one more year and to investigate the interest amongst European countries regarding their willingness to participate in the establishment of ERFP.

At the end of 1999 approximately 80% of European countries had voted for an ERFP based on light organisational structures, with funding provided by a dedicated Trust Fund financially managed and fully audited by the EAAP in Rome.

After 6 years of discussion, the NCs decided to create the ERFP during the workshop held in The Hague in 2000. A Steering Committee was appointed to set up the ERFP. During the meeting four countries committed themselves to finance the ERFP assuming that at least ten countries would contribute to the initiative. Between August 2000 and August 2001, eleven countries agreed to give financial support to this common European action.

The ERFP became operational during the annual NC Workshop held in Cairo in August 2001.

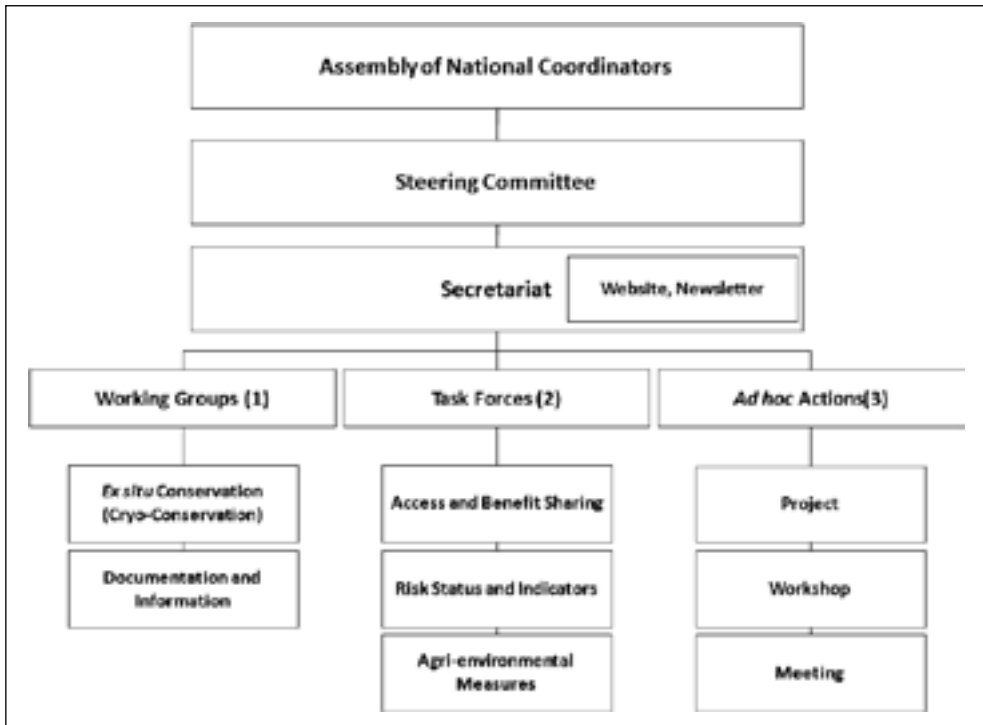
ERFP TODAY

Over the years, the collaboration and coordination facilitated by the ERFP in Europe has developed successfully. ERFP has been involved in facilitating regional communications; providing technical assistance; coordinating training, research and planning activities amongst countries; development of regional policies; assisting in identifying projects; and interacting with government agencies, donors, research institutions and non-government organizations. There are now 45 countries involved. Experience gathered since the establishment of the ERFP led to the adoption of new Terms of Reference in 2010 and a Multi Year Programme of Work (MYPOW) for the period 2010 to 2014.

ERFP still has a light organisational structure. The core of this structure is made up of the Assembly of National Coordinators (representatives from all European countries), the Steering Committee and the Secretariat.

The Member States of ERFP are represented in the Assembly by National Coordinators who are nominated by the respective Ministry. The Assembly of NCs is the main decision making body of ERFP. The Assembly approves the ERFP budget and provides overall technical and policy guidance to the operation of ERFP. It holds the overall responsibility for implementing the MYPOW. The Assembly may establish or terminate Working Groups, Task Forces and Ad hoc actions, takes decisions regarding their general scope and review progress ma-

de by them. It mandates and oversees the Steering Committee and the Secretariat to carry out its decisions.



The Steering Committee (SC) consists of 5 members of the Assembly and a chair person. It plans or executes the activities of the ERFP as decided upon by the Assembly of NCs, evaluates project proposals and makes funding decisions. The SC also mandates the Secretariat in carrying out its decisions and monitors the financial position of the ERFP together with the Secretariat. It may also establish short-term Task Forces as required and represents the ERFP within the mandate of the Assembly.

The responsibilities of the Secretariat are:

- to distribute relevant information on AnGR and to facilitate communication among the NCs;
- to communicate with the Global Focal Point at FAO and other regional focal points;
- to give secretarial support to the Assembly of the NCs and to organise its Annual Meeting;
- to give secretarial support to the SC;
- to execute decisions made by the Assembly and the SC;
- to support the Working Groups, Task Forces and ad hoc actions such as the ERFP-funded projects as appropriate;
- to be responsible for the financial management of the ERFP budget;
- to provide technical and financial reports on a regular basis;
- to maintain and update the ERFP website;
- to publish the ERFP newsletter.

Working Groups consisting of NCs or other experts in the member states are the most important tools in the activities coordinated by the ERFP. Some short-term work may be carried with Task Forces responding to very acute needs. The Assembly may also ask a named group

to carry out ad hoc actions related to the needs of the common ERFP programme or the needs of the Secretariat as issues arise.

The ERFP works with all European organisations. For the scientific aspects, it receives assistance from the European Association of Animal Production Working Group on Animal Genetic Resources (EAAP WG-AGR). The ERFP does not create new structures, but works with existing operational structures in countries and seeks partnerships and collaboration with existing organisations.

OBJECTIVES

The objectives of the ERFP are:

- to support the in situ and ex situ conservation and sustainable use of AnGR in European countries;
- to facilitate the implementation of the Global Plan of Action for AnGR in Europe;
- to assist and enhance the AnGR activities of NCs at the European level;
- to develop and maintain regular contact and exchange of relevant information on AnGR horizontally between European NCs and EAAP and vertically with the Global Focal Point in Rome using existing structures;
- to stimulate the funding and organisation of regional projects, research, workshops and national programmes for AnGR within the European Region;
- to maintain an appropriate liaison with the European Commission, the FAO Commission on Genetic Resources for Food and Agriculture, the Secretariat of the Convention on Biological Diversity and regional and international NGOs. For scientific aspects, it is supported by the European Association of Animal Production's Working Group on Animal Genetic Resources (EAAP WG-AGR);
- to stimulate and coordinate the maintenance and further development of national and regional AnGR databases and to encourage European information networking on AnGR.

IMPLEMENTATION OF THE GLOBAL PLAN OF ACTION

The international community has, in September 2007, adopted the first ever Global Plan of Action for Animal Genetic Resources (GPA), comprising twenty-three Strategic Priorities aimed at combating the erosion of animal genetic diversity and using animal genetic resources in a sustainable fashion. With the adoption of the Global Plan of Action, the ERFP is contributing to global efforts to implement the Plan. As regards these Strategic Priorities for Action the four Priority areas are covered by ERFP's Programme as follows: **Characterization, inventory and monitoring of trends and associated risks**

During the past years, a number of European institutions have developed the European Farm Animal Biodiversity Information System (EFABIS) as a contribution and gateway to transfer data from national information systems / inventories to the global information system DAD-IS at the FAO. EFABIS has been developed as a project and funding ended with the project at the end of 2010. A draft concept for the future of the EFABIS database will therefore be prepared by the ERFP Working Group on Documentation and Information.



Since the assessment of the risk status of AnGR is an essential basis to take informed decisions and initiate activities to support breeds at risk, the ERF Task Force “Risk status and indicators of animal genetic resources” will look at the several concepts and methodologies and will draft a concept for their harmonisation in Europe.

Sustainable use and development

European farmers of local breeds have benefited from economic support under EU agri-environmental measures for some time. For many breeds, these payment schemes have been effective in halting the decline of population numbers. Further actions in this area could be aimed at developing the self-sustainability of local breeds so that they could be maintained without the need for external economic support. In the development of strategies, a combination of production, multi-functional, market and non-market values, including eco-system services, should be a target towards achieving increased profitability within local breeds. By sharing experiences and knowledge, the Task Force for Agri-environmental Measures shall propose more effective and cost-efficient schemes towards sustainable use and conservation of local breeds. A new EU agri-environmental programme after 2013 should hopefully maintain the powerful support for local breeds with encouragement towards higher degrees of self-sustainability.



Conservation

In view of the differences between countries on how cryo-conservation schemes are organised, especially on how breeding associations and artificial insemination centres are involved and European and national (sanitary) legislation governing cryopreservation, the ERFP Working Group on ex situ conservation will be reviewing the available technology and urgent needs of legislation in regional collaboration across countries.



POLICIES, INSTITUTIONS AND CAPACITY BUILDING

Over the past nine years, the collaboration, coordination of work and exchange of information and experience between the different countries and the governmental and non-governmental organisations facilitated by the ERFP in Europe has developed successfully. Experience gathered since the establishment of the ERFP led to the preparation of new Terms of Reference for the organisation of work of ERFP as well as a Multi Year Programme of Work (MYPOW) for the period 2010 to 2014.

Current CBD discussions are expected to adopt an International Regime on Access and Benefit Sharing (ABS). This is likely to consist of a framework

structure, which would require further elaboration for specific aspects of genetic resources, including Animal Genetic Resources (AnGR). In particular, the specific policies and measures which might best constitute components of a specific International Regime for AnGR, need further elaboration. Although the practices for animal genetic resources are very different, a Task Force on ABS of animal genetic resources will be thinking about the political implications and possible benefits of common guidelines or recommendations or even a formalised agreement on AnGR.

ERFP has been funding three projects per year coordinated and carried out by NCs selected after evaluation of the project proposals submitted in the so-called ERFP “Call for Action”. The projects have successfully increased the collaboration between countries and as an outcome there are reports containing reviews and guidelines on relevant topics. The common projects serve also as an initiating platform for joint EU projects. In 2010 the ERFP launched the 8th Call and has given a financial support to a total of 24 projects. The Calls will be replaced by the new Working Groups, Task Forces and especially ad hoc actions. Ad hoc actions are usually decided by the Steering Committee in the form of projects or meetings to solve specific short-term problems ad hoc. Ad hoc actions could therefore be in the form of projects, workshops, meetings or consultancies as decided by the Steering Committee.

With regard to information and communication ERFP currently supports three tools: the ERFP website, the ERFP newsletter and the EFABIS database for AnGR in the European region.

The ERFP website plays an important role in enhancing the activities of ERFP and the dissemination of information. Currently, the website is maintained under contract by the BLE in Bonn.

The ERFP newsletter is published by the Secretariat approximately twice a year.



The EFABIS database has been created to serve as an information tool for the management and conservation of European Animal Genetic Resources. The EFABIS development and maintenance has been supported by EC funding. The project EFABIS-Net ran until October 2010 and was coordinated by EAAP. ERFP currently supports EAAP for the management and improvement of the Database with the amount of 10,000 Euro per year.

FUNDING

Since its establishment, ERFP has been funded through voluntary financial contributions made by donor countries. Voluntary additional financial contributions may also be made by donors for specific programmes or projects co-ordinated by the ERFP. The financial management is carried out by the Secretariat of the European Association of Animal Production (EAAP) in Rome.

To reflect the activities of the ERFP, the annual budget is used on the following items: the Assembly, Steering Committee, Secretariat incl. the website, Working Groups, Task Forces, Ad hoc actions, EFABIS database and the EAAP fee for account keeping.

The budget is decided by the Assembly.

The new funding approach is based on the Gross Domestic Product rating according to the FAO / UN scale, with categories from A to E. Country contributions are listed according to this scale, in the context of the overall required annual budget. The targeted sum of 123,500 Euro is required to ensure that sufficient funds are available in the transition period and to enhance ERFP activities in the future. In the proposed ERFP budget the lowest contribution would be 600 Euro and the highest would be 11,000 Euro.

L'ATTIVITÀ DEL NATIONAL FOCAL POINT ITALIANO NELLA CONSERVAZIONE DELLA BIODIVERSITÀ DEGLI ANIMALI DOMESTICI

(Italian National Focal Point and domestic animal biodiversity)

G. BITTANTE

Coordinatore "Italian National Focal Point FAO for Farm Animal Biodiversity"
Università di Padova

SUMMARY

The Italian National Focal Point of FAO for domestic animal biodiversity has been set up and organized by prof. Donato Matassino and CONSDABI. The impressive amount of work done is illustrated in the paper written by prof. Matassino itself. The participation of Italian NFP to DAD-IS database of FAO for the genetic animal resources is documented by 299 breeds/populations data sheet. Italy is the third Country, after China and France, in terms of number of breeds described. The average level of completeness of the sheets is 48%, i.e. a value similar to the average for European Countries. The number of breeds/populations included is very high for cattle (61), sheep (84), goats (54), asses (15), horses (34) and pigs (45), while it is low for chicken (6) and absent for the other avian species, dogs and for buffaloes. The priority for next years, related to DAD-IS database, is to complete and update the existing data sheets, to implement new breed sheets for avian species, dogs and buffaloes and to implement the new module PED (Production Environment Description) for all breeds/populations. The situation of described Italian farm animal resources is very worrying as about one fourth of the breeds/populations are yet estinta, slightly less than one fourth is judged critical, about one fourth is endangered or unknown and only slightly more than one fourth is not at risk (among them the transboundary breeds of foreign origin). Another priority is the practical adoption of the Italian Plan of Action, coordinated with the Global Plan of Action, according to Interlaken declaration. The priority areas to be covered are: i) the characterization, inventory and monitoring of risks (from the genetic/genomic, phenotypic, environmental and cultural point of view); ii) the sustainable use and development (the promotion of the breeds, the valorization of the products, the environmental/touristic use, etc.); iii) the conservation (including the realization of a virtual cryobank linking all the cryobanks present in Italy), and iv) the policies, institution and capacity building. It is evident that the safeguard of animal resources is based on safeguard of their breeders and that it is necessary to abandon the culture of mere productivity in favor of a more global approach, involving all the stakeholders with a "from field to fork" (and beyond) view.

PREMESSA

Il National Focal Point (NFP) Italiano per la Biodiversità degli animali domestici è nato, si è sviluppato ed ha costituito un punto di riferimento per la passione, l'impegno e la dedizione del suo coordinatore prof. Donato Matassino e del CONSDABI, che egli dirige. Per un sunto dell'attività del CONSDABI si rinvia alla relazione del prof. Matassino in questo testo.

Il NFP italiano partecipa all'European Regional Focal Point (ERFP) che raggruppa quasi tutti i Paesi Europei e che organizza tutta una serie di attività di coordinamento e sostegno dei NFP nazionali, illustrate nella relazione, sempre in questo testo, della dr. Babette Balzer. Questa attività è stata negli ultimi anni coordinata con grande passione e dedizione dal prof.

Andreas Georgudis. Al di là del grandissimo, e a volte oscuro, lavoro di stimolo delle autorità nazionali e locali a favore della conservazione della biodiversità e dei risultati scientifici testimoniati dalle tante pubblicazioni sulle più autorevoli riviste internazionali, in questa sede sarà presa in considerazione soprattutto la situazione attuale della partecipazione italiana alle attività della FAO e saranno delineate le necessità più impellenti che abbiamo di fronte per la salvaguardia della biodiversità zootecnica nel nostro Paese.

La cosa che preme di più evidenziare è che la Commissione sulle risorse genetiche per l'alimentazione e l'agricoltura ha varato il "Piano Globale di Azione per le risorse genetiche animali" che è stato adottato con la cosiddetta "Dichiarazione di Interlaken" (Commission on genetic resources for food and agriculture, 2007). Il piano è incentrato su 23 priorità d'azione strategiche raggruppate in 4 aree di priorità: i) la caratterizzazione, l'inventario e il monitoraggio dei trends e dei rischi associati; ii) l'uso sostenibile e lo sviluppo; iii) la conservazione, e iv) le politiche, le istituzioni e la capacità di realizzare.

Anche l'Italia ha aderito al piano globale d'azione, ma l'adesione comporta il varo di un piano nazionale d'azione, di una serie di linee guida e di interventi mirati e coordinati tra stato e regioni che stentano a concretizzarsi (Commission on genetic resources for food and agriculture, 2009; Hoffmann, Scherf, 2010). A questo si devono aggiungere rivalità tra istituzioni, qualche personalismo e una scarsa sensibilità di fondo del sistema che rendono difficile il compito anche a chi, e non sono pochi, si impegna a fondo in questo compito.

Dove il NFP italiano ha dato un contributo molto significativo è nell'implementazione di DAD-IS.

CONTRIBUTO ITALIANO AL DATABASE DAD-IS DELLA FAO

Domestic Animal Diversity - Information System (DAD-IS) è lo strumento di comunicazione e informazione della FAO (figura 1) che implementa le strategie di gestione delle risorse genetiche animali (AnGR). DAD-IS gestisce la banca dati relativa alle popolazioni animali di interesse agrario, oltre a informazioni, riferimenti e contatti di interesse (<http://dad.fao.org>).

È responsabilità dei National Focal Point implementare e mantenere aggiornata la banca



Figura 1: descrizione di DAD-IS sul sito FAO Animal Genetic Resources (<http://dad.fao.org/cgi-bin/getblob.cgi?sid=-1,411>)

dati. I NFP possono accedere direttamente o tramite database regionali (figura 2). Il NFP italiano ha scelto di partecipare tramite il nodo E-FABIS, cui aderiscono molti paesi europei (<http://efabis.tzv.fal.de/>).

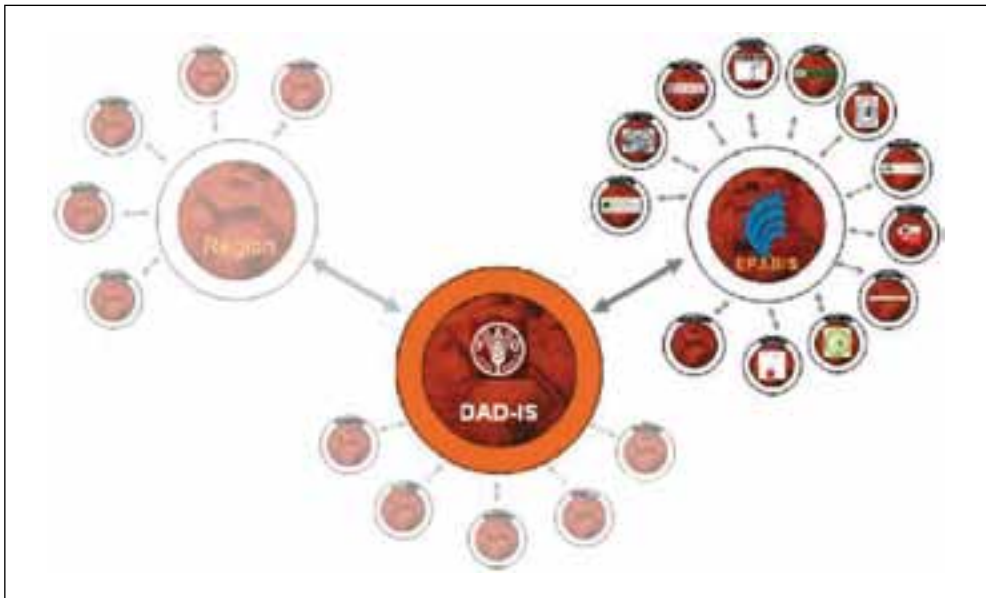


Figura 2: Strutturazione di DAD-IS in relazione ai poli regionali (per l'Europa EFABIS) e ai National Focal Point.

Il data base è composto di schede, una per ciascuna razza-popolazione censita nel Paese (figura 3). Ogni scheda è organizzata in 17 punti, che sono: i nomi della razza, il nome locale, le immagini degli animali, le origini e l'evoluzione, le destinazioni produttive, le informazioni sulle qualità della razza, il mantello, le informazioni morfologiche, le informazioni sulle corna, i dati riproduttivi, le consistenze di animali e allevamenti, le organizzazioni coinvolte, i programmi di conservazione in vivo, quelli ex situ, le pubblicazioni e i siti, ulteriori informazioni riproduttive, i dati su quantità e qualità di latte e i contatti.

Il database mondiale è in continua evoluzione e ha raggiunto, nel 2010, il totale di 13.463 schede: per circa la metà relative a ruminanti, per quasi un quarto a mammiferi monogastrici, per quasi un quarto a popolazioni avicole e per il resto ai camelidi, all'avifauna e ai ratiti (tabella 1). Questi numeri includono anche le schede ripetute da più Paesi relative alle razze transnazionali (transboundary breeds).



Figura 3: Esempio di scheda (parte iniziale) relativa ad una razza/popolazione italiana (Chianina)

L'Europa ha implementato fino al 2010 5698 schede pari al 42% del totale mondiale, percentuale che sale al 50% circa nel caso dei monogastrici e degli avicoli (FAO, 2007).

Tabella 1: Popolazioni di animali di interesse agricolo censite nel database DAD-IS della FAO

Specie:	Italia	Europa	Mondo	Italia/Europa	Italia/Mondo
Ruminanti	199	2465	6857	8,0%	2,9%
Monogastrici	94	1629	3052	5,8%	3,1%
Camelidi	-	5	139	-	-
Avicoli	6	1539	3224	0,4%	0,2%
Avifauna	-	52	158	-	-
Ratiti	-	8	33	-	-
TOTALE	299	5698	13463	5,2%	2,2%

L'Italia ha implementato finora 299 schede, pari a poco più del 5% di quelle europee e al 2% di quelle mondiali (tabella 1). Queste schede sono la testimonianza del grande lavoro e dell'impegno costante del NFP italiano sotto la guida appassionata del prof. Donato Matassino.

Attualmente l'Italia è il terzo Paese al mondo per numero di schede. La Cina è la prima potenza mondiale per biodiversità animale con 584 popolazioni finora censite, molte delle quali, non certo a sorpresa, sono relative a polli e maiali. Il secondo Paese per importanza è la Francia con 372 schede, quasi la metà delle quali relative a razze di polli e poi, a distanza, di pecore. In Europa troviamo, subito dopo l'Italia, il Regno Unito (262 popolazioni, soprattutto polli e ovini), la Russia (240 popolazioni, specie ovini e cavalli), la Spagna (203 schede, soprattutto di bovini e ovini), la Germania (185 razze, principalmente conigli e cavalli), l'Ucraina (163 popolazioni, polli e bovini), i Paesi Bassi (151 schede, specie polli e pecore), la Polonia (117 popolazioni, soprattutto di polli e anatre) e infine la Romania (114 popula-

zioni, soprattutto di polli e bovini). Nel resto del mondo, dopo la Cina, troviamo l'India (215 schede, soprattutto di bovini e ovini), l'Australia (145 razze, specie maiali e pecore), il Brasile (134 schede, soprattutto relative a bovini e polli), l'Indonesia (130 schede, molte di polli e maiali), e il Pakistan (105 popolazioni censite, specie ovicapri). Gli Stati Uniti vengono dopo diversi altri Paesi con 83 popolazioni censite (soprattutto di cavalli e pecore).

La distribuzione tra le diverse specie vede grandi differenze da Paese a Paese che riflettono diverse culture agricole, pastorali e alimentari, ma anche criteri di lavoro e approcci molto diversi tra chi privilegia in senso stretto il concetto di animali agricoli e di risorse genetiche locali concentrandosi sulle razze autoctone usate in agricoltura e chi considera tutte le razze presenti, incluse quelle allevate prevalentemente a scopo ludico o ornamentale.

Tabella 2: Popolazioni di ruminanti censite nel database DAD-IS della FAO

Specie:	Italia	Europa	Mondo	Italia/Europa	Italia/Mondo
Bufalo	-	16	174	-	-
Bovini	61	957	3040	6,4%	2,0%
Yak	-	2	27	-	-
Pecore	84	1138	2371	7,3%	3,5%
Capre	54	332	1183	16,3%	4,6%
Cervi	-	20	62	-	-

Dalla tabella 2 si evidenzia che, per l'Italia, sono presenti molte razze-popolazioni di ruminanti, anche estinte, ed in particolare di bovini, ovini e caprini. Ancora non censite sono invece le popolazioni di bufalo, yak e cervi, pur presenti nel nostro Paese.

Tabella 3: Elenco delle razze-popolazioni bovine italiane presenti nel database DAD-IS della FAO

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

Dall'elenco riportato in tabella 3, si può rilevare come delle 61 razze-popolazioni bovine presenti ben 19 siano classificate come estinte. Altre 19 razze bovine riportate hanno invece un Libro Genealogico ed una Associazione Nazionale degli Allevatori, 17 hanno un Registro Anagrafico gestito dall'A.I.A., due sono sinonimi di altre razze, una è una popolazione meticcias e due devono essere verificate. Delle razze dotate di Libro Genealogico in Italia, 6 razze da carne e 7 a duplice attitudine sono autoctone, mentre 2 razze da carne e 4 da latte e a duplice attitudine sono cosmopolite. Non sono invece state inserite diverse altre razze bovine, sia da carne che da latte, di origine straniera che sono allevate nel nostro Paese con numerosità ridotte e che non hanno un Libro Genealogico o un Registro Anagrafico italiano.

Tabella 4: Elenco delle razze-popolazioni ovine italiane presenti nel database DAD-IS della FAO

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

Passando invece all'esame dell'elenco delle razze-popolazioni ovine (tabella 4), su 84 razze-popolazioni: 18 sono dichiarate estinte, 17 hanno il Libro Genealogico e ben 38 il Registro Anagrafico gestiti dall'ASSONAPA (www.assonapa.com). Inoltre una decina di altre popolazioni richiedono una verifica attenta mentre 4 popolazioni di cui l'ASSONAPA dichiara l'esistenza del registro anagrafico non risultano ancora censite in DAD-IS. Infine nessuna razza di origine estera allevata in Italia, con l'eccezione di alcune popolazioni dell'Alto Adige, è ancora stata censita nel database della FAO, anche se alcune sono sottoposte regolarmente ai controlli funzionali.

Tabella 5: Elenco delle razze-popolazioni caprine italiane presenti nel database DAD-IS della FAO

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

In tabella 5 è invece riportato l'elenco delle 54 razze-popolazioni caprine italiane censite. Di queste 8 hanno un Libro genealogico ufficiale tenuto dall' ASSONAPA (due di origine straniera e 6 autoctone) e ben 32 un Registro Anagrafico della stessa associazione. Tredici popolazioni caprine sono quelle che richiedono una verifica e solo una è dichiarata estinta. Anche in questo caso nessun'altra razza di origine straniera (Saanen e Camosciata a parte) è stata censita.

Tabella 6: Popolazioni di monogastrici censite nel database DAD-IS della FAO

Specie:	Italia	Europa	Mondo	Italia/Europa	Italia/Mondo
Asini	15	54	189	27,8%	7,9%
Cavalli	34	745	1401	4,6%	2,0%
Maiali	45	485	1330	9,3%	3,4%
Conigli	-	305	511	-	-
Cavie	-	-	19	-	-
Cani	-	40	52	-	-

Passando invece ai monogastrici, dai dati di tabella 6 si può rilevare che le nostre 15 popolazioni asinine rappresentano oltre un quarto di quelle europee e un dodicesimo di quelle mondiali. Anche le 34 razze-popolazioni di cavalli e le 45 di maiali sono un numero considerevole. Tutte ancora da inserire invece le nostre razze/popolazioni cunicole, pur essendo il nostro uno dei Paesi a maggior tradizione di allevamento del coniglio. Giustamente le cavie non sono state da noi censite, essendo allevate quasi esclusivamente come animali da affezione e non rivestendo l'importanza alimentare che invece hanno nel Sudamerica. Infine non è ancora censita alcuna razza di cani anche se parecchie di quelle presenti, inclusa qualcuna autoctona, hanno rilevanza ai fini agricoli (cani da pastore, bovani, cani da caccia).

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

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

Delle 15 razze-popolazioni asinine, 7 hanno un Registro Anagrafico (di cui 2 sospesi) gestito dall' AIA (www.aia.it), 4 appartengono a popolazioni non ancora ufficializzate e 4 schede sono di popolazioni estinte (tabella 7).

Tabella 8: Elenco delle razze-popolazioni italiane di cavalli presenti nel database DAD-IS della FAO

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

Per quanto concerne le 34 razze-popolazioni di cavalli (tabella 8), 9 hanno il Libro Genealogico (7 autoctone e 2 straniere), 15 hanno il Registro Anagrafico gestito dall' AIA, 2 sono estinte e 7 non hanno ancora alcun riconoscimento (più una che è un errore di classificazione). Mancano ancora molte razze di origine straniera, tra cui il Puro Sangue Inglese.

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

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

Delle 45 popolazioni suine censite (tabella 9), la metà circa è di animali estinti, 5, tutte di origine estera, dotate di Libro Genealogico, 5, tutte autoctone, fornite di Registro Anagrafico (www.anas.it), 11 sono popolazioni non ufficialmente riconosciute e due sono razze estere che non hanno il libro genealogico in Italia.

Nel database DAD-IS non è registrata alcuna popolazione italiana di camelidi, anche se sono ormai presenti diversi allevamenti di alpaca (tabella 10).

Tabella 10: Popolazioni di camelidi censite nel Database DAD-IS della FAO

Specie:	Italia	Europa	Mondo	Italia/Europa	Italia/Mondo
Cammelli	-	4	16	-	-
Dromedari	-	1	98	-	-
Alpaca	-	-	10	-	-
Guanaco	-	-	3	-	-
Lama	-	-	8	-	-
Vigogna	-	-	4	-	-

Passando dai mammiferi agli uccelli, si può vedere come, tra tutte le specie avicole, solo 6 razze di polli sono state censite finora (tabella 11).

Tabella 11: Popolazioni di avicoli censite nel database DAD-IS della FAO

Specie:	Italia	Europa	Mondo	Italia/Europa	Italia/Mondo
Polli	6	1103	2315	0,5%	0,3%
Faraone	-	10	64	-	-
Tacchini	-	90	179	-	-
Anatre	-	161	363	-	-
Anatre mute	-	10	50	-	-
Oche	-	165	253	-	-

Le sei razze di polli riportate nel database sono elencate nella tabella 12. Come si vede c'è un grande lavoro di catalogazione e caratterizzazione da fare, non solo per tutte le razze di polli mancanti ma anche per quelle di faraone, tacchini, anatre, anatre mute e oche.

Tabella 12: Elenco delle razze-popolazioni italiane di polli presenti nel database DAD-IS della FAO

Ancona
Livorno
Padovana
Polverara-Schiatta
Siciliana
Valdarno

Dai dati di tabella 13 si nota poi che in Italia non è stata censita nessuna razza popolazione appartenente alle specie dell'avifauna rappresentate, nel database della FAO, da piccioni, quaglie, fagiani, pernici, starne e pavoni. Curiosamente l'Indonesia riporta tra gli animali di interesse agricolo anche una popolazione di rondini.

Tabella 13: Popolazioni di avifauna censite nel database DAD-IS della FAO

Specie:	Italia	Europa	Mondo	Italia/Europa	Italia/Mondo
Piccioni	-	32	72	-	-
Quaglie	-	12	52	-	-
Fagiani	-	5	18	-	-
Pernici/Starne	-	3	13	-	-
Pavoni	-	-	1	-	-
(Rondini)	-	-	1	-	-

A conclusione delle specie aviarie, si riporta in tabella 14 la situazione di registrazione dei ratiti, tra i quali, in Italia, bisognerà censire almeno gli struzzi.

Tabella 14: Popolazioni di ratiti censite nel database DAD-IS della FAO

Specie:	Italia	Europa	Mondo	Italia/Europa	Italia/Mondo
Struzzi	-	5	22	-	-
Emu	-	1	5	-	-
Casuari	-	1	2	-	-
Nandu	-	1	3	-	-
Tinamou	-	-	1	-	-

Le schede delle razze italiane non sono complete e in diversi casi sono appena abbozzate. Il livello medio di completezza delle schede per il nostro Paese è del 48%, che è circa uguale alla media europea (47%). Parecchio lavoro resta dunque da fare per completare e aggiornare le schede esistenti, oltre che per implementarne di nuove.

Un altro dato interessante è rappresentato dalle condizioni di criticità delle popolazioni italiane censite nel database DAD-IS della FAO (Pilling, 2010), anche se l'informazione non è disponibile per le popolazioni transnazionali (tabella 15).

Tabella 15: Stato di rischio delle popolazioni zootecniche italiane censite nel database DAD-IS della FAO (escluse quelle transnazionali).

	Critiche	Minacciate	Estinte	Non a rischio	Sconosciute	Totale
Bovini	9	5	18	12	1	45
Pecore	15	15	18	30	3	81
Capre	13	12	1	22	3	51
Asini	6	5	4	-	-	15
Cavalli	9	9	2	6	3	29
Maiali	8	5	22	4	-	39
Polli	-	2	-	1	-	3
TOTALE	60	53	65	75	10	263

Come si può rilevare, circa un quarto delle popolazioni sono estinte, quasi un quarto sono in condizioni critiche, circa un quarto sono minacciate o in condizioni sconosciute e, infine, poco più di un quarto non sono a rischio.

PRIORITÀ DI LAVORO E CONCLUSIONI

Nei riguardi di DAD-IS, oltre alla necessità di integrare e aggiornare le quasi 300 schede esistenti e di inserire nuove schede, soprattutto nel campo degli avicoli, dell'avifauna e dei bufali, diventerà essenziale integrare tutte le schede con il nuovo modulo PED (Production Environment Description) che è in fase di lancio da parte della FAO. Si tratta di un nuovo modulo messo a punto nell'ambito del progetto E-FABIS NET, finanziata dall'Unione Europea, che prevede la descrizione dettagliata dell'ambiente di allevamento dal punto di vista tecnico ed economico, ma anche geografico tramite georeferenziazione dell'area di allevamento.

Oltre all'attività connessa con DAD-IS, deve proseguire la indagine monitoraggio e caratterizzazione delle razze-popolazioni studiate a livello genetico/genomico, fenotipico, ambientale e, anche, culturale (Gandini, Villa, 2003).

Per la conservazione *ex situ*, la priorità è la realizzazione di una criobanca virtuale (Duchev et al., 2010) che censisca, integri e metta *on line* tutte le informazioni delle diverse criobanche fisiche esistenti in Italia (centri genetici, associazioni allevatori, enti locali, centri tori, enti di ricerca, ecc.).

Per la conservazione *in situ*, deve proseguire, con sempre maggior efficacia e coordinamento l'attività di conservazione della popolazione (FAO, 2010), promozione della razza, valorizzazione dei prodotti e valorizzazione in chiave ambientale e turistica degli allevamenti (Rege, 1999; Gandini et al., 2010).

Animal Production and Health Division

GUIDELINES FOR THE MANAGEMENT OF ANIMAL GENETIC RESOURCES FOR FOOD AND AGRICULTURE

FAO has been developing guidelines for the management of animal genetic resources (AGR) for country use since early 1990s. To date, four guidelines are available with three guidelines in preparation, covering identification, sustainable use and development, conservation, and policy, institutions and capacity building. These guidelines should be used by a wide range of stakeholders, including policy-makers, farmers' organizations and Non Governmental Organizations.



GUIDELINES FOR DEVELOPMENT OF NATIONAL FARM ANIMAL GENETIC RESOURCES MANAGEMENT PLANS

- Mainly targeted at policy-makers
- Designed to help countries to start identifying the main elements and objectives of an AGR management plan, and to define the strategic policy structures required to fulfil these objectives
- Taking the form of a step-by-step manual:
 - develop country management capacity
 - conduct resource assessments
 - develop and implement the management strategy
 - evaluate and report on progress

Management Objective	Guidelines Available
Surveying and Monitoring	Guidelines for Surveying and Monitoring of National Breed Populations (in preparation)
Characterization	Guidelines for Phenotypic Characterization of Breeds (in preparation) Management Capacity Building in Preparation
Sustainable Use and Development	Guidelines for Sustainable Use and Development of Breeds (in preparation)
Conservation	Guidelines for Conservation of Breeds (in preparation)

GUIDELINES FOR MANAGEMENT OF SMALL POPULATION AT RISK

- Focus on technical arguments
- Assist decision-making among the various options available
- Offer guidance on how to design and evaluate animal conservation programmes and gene banks
- Take the form of a step-by-step manual:
 - evaluate the present situation by population surveys and surveys
 - choose between the various conservation options available
 - develop technical design for the chosen conservation option
 - prepare a thorough organization, communication and training plan for the project

GUIDELINES FOR ANIMAL RECORDING FOR MEDIUM INPUT PRODUCTION ENVIRONMENT

- Focus on the role of animal recording in development
- Emphasis on the identification of beneficiaries and on opportunities to use animal recording schemes:
 - as a source of information to improve animal production and productivity
 - as a platform for rural economic development
- Planning and conduct of animal recording schemes
- Providing step-wise and detailed guidance on institutional and operational organization of such schemes
- Specific issues involved in managing animal recording schemes
- Discussion of resulting information in medium-input production systems

GUIDELINES FOR MEASUREMENT OF DOMESTIC ANIMAL DIVERSITY (MADCI)

- Detail strategies and procedures for implementation
- Choice of genetic markers
- Sampling of breeds and animals
- Laboratory requirements for genotyping
- Data recording and analysis
- Coordination and management
- Prepared jointly with the International Society for Animal Genetics (ISAG)

... IN PREPARATION ...

- GUIDELINES FOR SURVEYING AND MONITORING OF NATIONAL BREED POPULATIONS
- GUIDELINES FOR PHENOTYPIC CHARACTERIZATION
- GUIDELINES FOR FORMULATION OF BREEDING POLICIES AND STRATEGIES IN LOW-INPUT PRODUCTION SYSTEMS



Figura 4: Linee guida per la gestione delle risorse genetiche animali per l'alimentazione e l'agricoltura della FAO

È evidente che le razze si salvano, non solo in termini di geni, ma nell'insieme dei valori economici, ambientali e culturali solo se si salvano prima i loro allevatori. Per far questo bisogna abbandonare, prima di tutto da parte nostra, tecnici e ricercatori, la cultura della produttività a tutti i costi, che tanti danni ha prodotto finora. Una salvaguardia vera non può prescindere da un coinvolgimento attivo di tutti gli *stakeholders* con un approccio *from field to fork*. E c'è bisogno di molta informazione e coordinamento.

È un lavoro impegnativo ma estremamente importante che bisogna affrontare nella consapevolezza che "la biodiversità è vita, la biodiversità è la nostra vita".

BIBLIOGRAFIA

- 1) Commission on genetic resource for food and agriculture. (2007) Global plan of action for animal genetic resources and the Interlaken declaration. FAO, Rome.
- 2) Commission on genetic resource for food and agriculture. (2009) Preparation of national strategies and action plans for animal genetic resources. FAO, Rome.
- 3) Ducheve, Z., Groeneveld, E., Henning, M., Lichtenberg, H. (2010) CryoWEB, user's guide and reference manual. Applications in Biodiversity Informatics. Institute for farm animal genetics. Friedrich Loeffler Institute, Neustadt.
- 4) FAO. (2007) The state of the world's animal genetic resources for food and agriculture, edited by B. Rischkowsky and D. Pilling. Rome.
- 5) FAO. (2010) Breeding strategies for sustainable management of animal genetic resources. FAO Animal Production and Health Guidelines No 3. Rome.
- 6) Gandini, G., Villa, E. (2003) Analysis of the cultural value of local livestock breeds: a methodology. *J. Anim. Bred. Genet.* 120:1-11.
- 7) Gandini, G., Avon, L., Bothe-Wilhelmus, D., Bay, E., Colinet, F. G., Choroszy, Z., Diaz, C., Duclos, D., Fernandez, J., Gengler, N., Hoving-Bolink, R., Kearney, F., Lilja, T., Maki-Tanila, A., Martin-Collado, D., Maurice-van Eijndhoven, M., Musella, M., Pizzi, F., Soini, K., Toro, M., Turri, F., Viinalas, H., Hiemstra, S.J. (2010) Motives and values in farming local cattle breeds in Europe: a survey on 15 breeds. *Anim. Genetic Resources.* 47:45-58.
- 8) Hoffmann, I., Scherf, B. (2010) Implementing the Global plan of action for animal genetic resources. *Anim. Genetic Resources.* 47:1-10.
- 9) Pilling, D. (2010) Threats to animal genetic resources for food and agriculture, approaches to recording, description, classification and analysis. *Anim. Genetic Resources.* 47:11-22.
- 10) Rege, J. E. O. (ed) (1999) Economic valuation of animal genetic resources. FAO/ILRI. 80pp.

**L'ESPERIENZA DEL CONSDABI – SUB NFPI – FAO
(BIODIVERSITÀ MEDITERRANEA), GIÀ NFPI-FAO (1994-2009)**
*(Experience CONSDABI - SUB NFP.I - FAO [Mediterranean biodiversity]
already NFP.I-FAO [1994-2009])*

D. MATASSINO^{1,2}

¹ Professor Emeritus - Genetic Improvement in Animal Production

² ConSDABI – Sub-National Focal Point Italiano FAO (Biodiversità Mediterranea),
Località Piano Cappelle, 82100 Benevento (Italy)

“La diversità biologica è da considerare una ‘roccia’ di sapienza su cui costruire un futuro sempre più teso a elevare la capacità al costruttivismo del vivente” (MATASSINO D., 2010).

SUMMARY

The anthropic selection has resulted in the loss of biodiversity or biological diversity at rather alarming rates; the threat of genetic erosion and its causes are very different in relation to the considered species. The reduction of biological diversity is one of the most important issue. If on the one hand genetic erosion of the indigenous populations at limited distribution rises, on the other it seems to increase the sensitivity of the operators concerned to reverse this trend. In a future vision, science has the task to be founding of new on the basis of knowledge of the past. In this regard, ConSDABI takes as model the communicative phrase of Mchtalle J.: “The future of the past is in the future, the future of the present is in the past and the future of the future is in the present”. An incontestable need for enhancement of the present, basis for the future, is matched by a huge interest in the past, because any progress is the result of a ‘continuum’ of epistemological events rooted in the various contributions dating back to ancient times until the appearance of the first living beings. On the basis of these brief remarks, it was considered appropriate, with the present note- even if it can be considered a small grain in a ‘magnum’ sea of known and unknown particles - to highlight the experience of ConSDABI gained on the safeguard of animal biodiversity.

IL CONSDABI: ALCUNE TAPPE DALLE ORIGINI A OGGI

Il ConSDABI (Consorzio per la Sperimentazione, Divulgazione e Applicazione di Biotecniche Innovative) può essere considerato un tassello di un disegno complesso già avviato in precedenza che opera per la tutela della biodiversità¹ animale.

Si ricorda che la consapevolezza dell'importanza della conservazione della *‘variabilità genetica’* è viva negli zootecnici pionieri della tradizione accademica italiana e non [Toggia F. (1752 – 1825), Bakewell R. (1725-1795), Grogner L. (1774 – 1837), De Dombasle M. C.J.A. (1777 – 1843), De Gasparin É.P. (1783 – 1862), Baudement E. (1816 – 1863), Lemoigne A. (1821-1900), Cristin A. (1823-1891), Sanson A. (1826 – 1902), Cornevin C. (1846 – 1897), Baldassarre S. (1853 – 1917), Faelli F. (1862-1943), Dechambre P. (1868-1935), Scheunert H. (1879 – 1957), Montemurro O. (1921 - 2010)]. Giuliani R. (1928-1931) evidenzia l'importanza della *‘variabilità’* del *genoma* e dell'*epigenoma* quale fonte per il miglioramento di una razza. Bettini T.M. (1959) sottolinea fortemente la necessità di preservare la riserva di *‘variabilità genetica latente’*² (definita anche *‘potenziale’* o *‘criptica’*), della quale ciascun organismo vivente è portatore.

Negli anni '70, la tutela della biodiversità diventa la tematica di un Progetto Finalizzato (PF) del CNR, dal titolo “*Difesa delle Risorse Genetiche delle Popolazioni Animali*” (1970-1975), proposto e diretto dal prof. G. Rognoni; progetto che sfocia nella istituzione dell' ID-VGA (Istituto per la Difesa e la Valorizzazione del Germoplasma Animale) di Milano, attualmente IBBA (Istituto di Biologia e di Biotecnologia Agraria).

Nel 1979, Matassino D., in occasione del Convegno CNR ‘*Salvaguardia genetica e prospettive per il recupero zootecnico di razze popolazioni autoctone italiane*’, auspica l'istituzione di un ‘*registro anagrafico*’ riportante parametri riproduttivi e produttivi di ciascun Tipo Genetico Autoctono (TGA) o Tipo Genetico Autoctono Antico (TGAA)³ ai fini di una sua migliore utilizzazione e valorizzazione spazio - temporale.

Anche a livello internazionale, si annoverano iniziative a favore della tutela della biodiversità animale antecedenti alla Convenzione di Rio; degni di nota sono: (a) l'attenzione della FAO che, negli anni '60, organizza quattro Conferenze sulla “conservazione, sulla valutazione e sull'impiego della risorsa genetica animale” dedicate, rispettivamente, ad aspetti generali (1966), alla specie bovina (1968), alla specie suina (1971) e al pollame (1973); (b) il I. Congresso mondiale di genetica applicata alle produzioni animali (Madrid, 1974), nell'ambito del quale si svolge una Tavola rotonda “*The Conservation of Animal Genetic Resources*” dedicata alla conservazione del patrimonio genetico animale articolatasi in 8 interventi interessanti sia problematiche di carattere generale (Mason I.L., Maijala K., Turton J.D.) che peculiari di alcuni Paesi (Bowman J.C., Epstein H., Laurans R.) o di alcune specie di interesse zootecnico (polli, ovini e cavalli) (Somes R.G., Sánchez Belda A., Iglesia Hernández P.J.).

Nel 1980, la Commissione di genetica animale dell' *European Association for Animal Production (EAAP)* istituisce un *Working Group* sulle risorse genetiche animali; nel 1988, su accordo FAO-EAAP, viene fondata la *EAAP-Animal Genetic Data Bank (EAAP-AGBD)* presso la Scuola di medicina veterinaria di Hannover. Anche negli anni seguenti, si intensifica sempre più la consapevolezza dell'importanza della tutela della risorsa genetica animale, a livello sia nazionale che internazionale.

Con la Convenzione sulla Diversità Biologica di Rio de Janeiro (luglio 1992), il concetto e le problematiche relative alla *biodiversità* si sono diffuse e moltiplicate in numerose iniziative legislative di ricerca, di programmazione e di gestione del *bioterritorio*⁴ nei diversi Stati e all'interno di questi nelle diverse Regioni.

La ‘*vita*’ del ConSDABI ha inizio quando il Governo Italiano, con DDLL n. 752 dell'8/11/1986 e n. 201 del 10/07/1991, legifera sulla salvaguardia economica e biogenetica delle razze a limitata diffusione, anticipando la Convenzione sulla Diversità Biologica (CBD) definita in Rio de Janeiro. In virtù della notevole ricchezza di germoplasma animale nazionale, l'allora Ministero dell'Agricoltura e delle Foreste (MAF) - oggi Ministero delle politiche agricole, alimentari e forestali (Mipaaf) - nell'ambito dei predetti provvedimenti legislativi istituisce nel 1990, con il supporto dell'Associazione Italiana Allevatori (AIA) e del Comune di Circello (Bn), il Centro nazionale per la Salvaguardia del Germoplasma Animale in Via di Estinzione (CeSGAVE) - oggi ConSDABI - con sede in Circello (Bn) presso l'Azienda Casaldianni. L'istituzione è attuata grazie a un'intesa tra: (a) l'allora MAF nelle persone del sottosegretario on. avv. G. Zarro e del Direttore generale dr. V. Pilo; (b) Università di Napoli “*Federico II*” nella persona del prof. D. Matassino; (c) Comune di Circello nella persona del senatore prof. D. Nava, Sindaco *Pro Tempore*; (d) Associazione Italiana Allevatori nella persona del Presidente *Pro Tempore* dr. P. Villa.

L'inaugurazione del ConSDABI, tenutasi presso l'azienda sperimentale ‘*Casaldianni*’, è contrassegnata dalla manifestazione “*Un'arca per il 2000*” (Fig. 1) articolata in tre giornate: a) 17.IV.90 – ‘Funzioni delle razze in via di estinzione al servizio della vita, della natura e degli uomini’;

- b) 18.IV.90 – ‘Progetto di conservazione delle produzioni animali per lo sviluppo delle zone interne’;
 c) 19.IV.90 – ‘Dibattito culturale sull’istituzione del ConSDABI’.



Figura 1: 17 ÷ 19 aprile 1990, Azienda ‘Casaldianni’ - Inaugurazione ‘ConSDABI’ – Convegno “Un’arca per il 2000”: (a) da sinistra: Sen. prof. D. Nava, prof.i J. Boyazoglu, D. Matassino, On.le avv. G. Zarro, dr. Tirelli, avv. A. Di Maria; (b) da sinistra: prof.i D. Matassino, A. Bosticco, dr. V. Pilo, prof.i F. Salvatore, J. Boyazoglu, G. Rognoni, F. Chiesa, H.A. Jasiorowki; (c) taglio del nastro da parte del dr. F. Tirelli.

A partire dal 1990, l’interesse della FAO nei confronti della tutela della risorsa genetica animale si intensifica notevolmente portando, nel 1994, alla definizione della *Global Strategy for Management of Animal Genetic Resources* (GS.FAO.AnGR, Strategia Globale per la Gestione delle Risorse Genetiche Animali) e prevedendo l’istituzione di: (a) una Commissione sulle Risorse Genetiche per l’Alimentazione e per l’Agricoltura (CGRFA, *Commission on Genetic Resources for Food and Agriculture*); (b) un *National Focal Point* (NFP); (c) un *Regional Focal Point* (RFP).

Questa articolazione può essere considerata il frutto di un’intensa attività svolta dalla FAO, specialmente presso il ConSDABI, grazie a una ricca serie di ‘*viaggi studio*’ e di *workshop*;

tra i partecipanti si ricordano: dr. Keith J. Hammond, prof. Jean Boyazoglu, prof. Andreas Georgudis, dr. Arthur Da Silva Mariante, dr. John Hodges, prof. Salah Galal, dr.ssa Tiina Vares e dr. Milan Zjalidge - tutti operanti presso la FAO. In tale contesto, nel 1994 il Governo Italiano accredita presso la FAO il ConSDABI come *National Focal Point*, nominando nel 1995 il prof. D. Matassino coordinatore.

La regione Campania, data l'importanza della conservazione della biodiversità del territorio regionale, istituisce - nel 1994 - presso il ConSDABI il '*Centro di Fecondazione Artificiale e di Produzione di Embrioni*' (CeFAPE) (Fig. 2).



Figura 2: 1 maggio 1994, Azienda 'Casaldianni' - Incontro Internazionale sulla Biodiversità e inaugurazione del CeFAPE [FAO, Addetti Agricoli delle Ambasciate straniere accreditate presso il Governo Italiano, Accademia dei XL (prof. G.T. Scarascia Mugnozza), Università e Centri di Ricerca stranieri e nazionali].

A partire dal suddetto anno - con cadenza biennale o triennale - il ConSDABI è oggetto di visita degli addetti agricoli delle Ambasciate straniere accreditate presso il Governo italiano.

Nel 1996, i vari Coordinatori dei *National Focal Point* auspicano la fondazione di un *Focal Point Regionale Europeo* (ERFP, *European Regional Focal Point*), diventato operativo nel 2001 per svolgere le seguenti attività: (a) promozione di cooperazione tecnica basata su piani di tutela delle risorse genetiche animali, con particolare riferimento ai tipi genetici transfrontalieri di interesse zootecnico; (b) mobilitazione di risorse finanziarie per progetti europei; (c) comunicazione tra i vari NFP entro l'Europa e tra i vari RFP - FAO a livello globale.

L'Italia (Ministero dell'Agricoltura) si annovera tra i 10 paesi che per primi si sono mostrati concordi, nell'anno 2000, nel fornire un supporto finanziario all'iniziativa.

Nel 1997 viene firmata una convenzione tra il ConSDABI e il Corpo forestale dello Stato al fine di utilizzare le 'Ex Aziende di Stato per le Foreste Demaniali (EX-ASFD)', distribuite su tutto il territorio nazionale, per la tutela della Biodiversità di tipi genetici animali di interesse zootecnico in via di estinzione.

Grazie a un Accordo di Programma (2003÷2032) stipulato con la Provincia di Benevento impegnata nella realizzazione di un 'Polo multifunzionale di Eccellenza Tecnologica per la Biodiversità, per le Biotecnologie e per la Qualità Alimentare', vengono istituiti: il "Centro di Ricerca sulle Risorse Genetiche Animali di interesse zootecnico" e il "Centro di Scienza 'Omica' per la Qualità e per l'Eccellenza nutrizionali", con sede operativa in Benevento, Località Piano Cappelle (Fig. 3).



Figura 3: 14 novembre 2003 , Località Piano Cappelle - Inaugurazione della nuova sede operativa con svolgimento del Convegno "Centro di Genomica e di Proteomica per la Qualità e per l'Eccellenza Nutrizionali": (a) da sinistra: dr. A. Ciervo, On.le dr. C. Nardone, Monsignor M. De Rosa, prof. D. Matassino, dr.ssa G. Varricchio; (b) ingresso nuova sede operativa; (c) da sinistra: prof. D. Matassino, On.le dr. C. Nardone.

Il ConSDABI è sede del *National Focal Point* italiano (NFP.I) FAO fino al settembre 2009, data in cui l'NFP.I per motivi 'non definibili' o per lo meno 'ingiustificabili' dal punto di vista operativo - come ben noto - è stato traslato in altra sede. Tuttavia, da marzo 2010 il Centro è sede del *Sub National Focal Point* (Sub NFP.I) FAO per la tutela della biodiversità mediterranea.

Attualmente, i Soci del ConSDABI sono: l'AIA, la Provincia di Benevento, la Camera di Commercio Industria Artigianato e Agricoltura (CCIAA) di Benevento, il Comune di Circello; i Soci sostenitori sono: l'Associazione Nazionale Allevatori Frisone Italiana (ANAFI) e il prof. Donato Matassino. L'attività a oggi realizzata dal ConSDABI si è resa possibile soprattutto grazie a finanziamenti da parte del Mipaaf che sostiene con notevole munificenza le ricerche sulla base dei DDLL n.: 752 dell'8/11/1986, 201 del 10/07/1991 e 499 del 23/12/1999. Altri Enti finanziatori possono essere distinti in: (a) *locali*: Regione Campania, Provincia di Benevento, Camera di Commercio di Benevento, Comune di Circello (BN), Gruppo di Azione Locale (GAL-Fortore Tammaro), Comunità montana Alto Tammaro; (b) *nazionali e internazionali*: AIA, ARAC, CNR, Unione Europea, ecc..

MISSIONE DEL CONSDABI E SUE PRINCIPALI MOTIVAZIONI

La missione principale del ConSDABI è quella di tutelare la biodiversità animale che, intesa come espressione di una '*diversità di informazione genetica e/o epigenetica*', può essere considerata una vera e propria, se non *unica*, '*ricchezza reale*' (Matassino, 1990).

Perché tutelare la biodiversità animale? La biodiversità va tutelata per garantire '*servizi all'ecosistema*'⁵ (*bioterritorio*) (Matassino D., 2008; Matassino D. e Mazziotta A., 2009); ecosistema che va inserito nella nuova concezione di '*ecologia del paesaggio*' (*landscape ecology*)⁶.

Nell'ambito della concezione di '*servizio dell'ecosistema*', il ConSDABI individua, fra l'altro, 5 principali motivazioni per la tutela della biodiversità (Matassino D. e Pilla A.M., 1976; Matassino D., 1978, 1979, 1990, 1992b, 1996, 1997a e b, 2001a e b, 2005a e b; 2007a e b; Boyazoglu J., 1990; Jasorowski, H.A., 1990; Rognoni G. *et al.*, 1990; Matassino D. *et al.*, 1993, 2010a): (a) *biologica*, (b) *culturale*, (c) *etica*, (d) *giuridica*, (e) *socio-economica*.

Motivazione biologica. Un animale è portatore di informazioni importanti dal punto di vista biologico-evolutivo, molte delle quali sono ancora poco note per definire la sua '*individualità*', specialmente per la '*complessità*' della struttura e della funzione del '*genoma*' anche alla luce dell'importanza che si attribuisce alla componente subatomica e alla dinamica dei fenomeni *biofisici* e *bioenergetici*. La biodiversità può essere considerata uno '*scrigno*' di '*informazioni chimico-fisico-biotiche*' atte a favorire la '*capacità al costruttivismo*'⁷ degli esseri viventi in occasione di cambiamenti, oggi imprevedibili, sia delle condizioni ambientali sia delle esigenze di molecole '*bioattive*' con funzione '*nutrizionale*', '*extranutrizionale*' e '*salutistica*' per l'uomo (Matassino D., 2006; Matassino D. *et al.*, 2007a e b). La riduzione o l'assenza di variabilità genetica comporta una diminuzione (o scomparsa, nei casi estremi) della '*capacità omeostatica*' o di '*autogoverno*' del sistema biologico, con il rischio di perdita di informazioni non più recuperabili (Bettini T.M., 1959; Matassino D. e Pilla A.M. 1976; Matassino D. *et al.*, 1993; Matassino D., 1996).

La biodiversità costituisce – anche - un elemento fondante per la '*bioimitazione*' ('*biomimicry*') o '*biomimetics*' ('*biomimetica*'). Trattasi di un nuovo filone scientifico avente per oggetto la progettazione e la costruzione di sistemi, semplici e/o complessi, prettamente ispirati alla naturalità. L'imitazione della natura nella sua molteplicità di forme e di funzioni conduce a un dinamico progresso nei settori della ingegneria biomedica, della scienza dei materiali e delle superfici, delle nanotecnologie, della robotica, della bioarchitettura, ecc. (Matassino D., 2007a; 2009).

Nell'ambito della motivazione biologica, anche il rapporto '*biodiversità – clima*' riveste un ruolo fondamentale; i mutamenti climatici assumono sempre più importanza in qualità di descrittori atti a fornire utili informazioni per redigere un piano di tutela della biodiversità. A

esempio, grazie alla presenza di varianti genetiche peculiari, alcuni animali presentano una maggiore capacità nel fronteggiare variazioni termiche e cambiamenti dei regimi idrici ristabilendo nuovi equilibri (Lacetera N. *et al.*, 2006; Maróti –Agóts Á *et al.*, 2009).

Nell'ambito della relazione tra un tipo genetico autoctono e la sua “*capacità al costruttivismo*”, di particolare rilievo è la caratterizzazione della stabilità genomica (*Comet test*, *test dei micronuclei*, ecc.) in relazione all'ambiente di allevamento considerato in tutte le sue variabili. Risultati di ricerche ancora in corso (Matassino D. *et al.*, 2007c; 2010) stanno evidenziando, nella specie suina, l'influenza significativa del fotoperiodo sulla stabilità genomica con un valore maggiore nella femmina rispetto al maschio; tale evidenza suggerirebbe una più elevata ‘*capacità al costruttivismo*’ della femmina riconducibile soprattutto a una maggiore sua ‘*attitudine epimeletica*’.

Da non trascurare è il ruolo ‘*scientifico*’ della biodiversità. Le razze che differiscono dalla norma per alcuni caratteri somatici o fisiologici peculiari possono essere di grande interesse per la ricerca di base specialmente per individuare ulteriori sofisticati meccanismi biologici. La variabilità degli animali di interesse zootecnico può costituire una risorsa fondamentale anche per comprendere e per interpretare importanti processi quali, a esempio, la ‘*domesticazione*’ e la ‘*filogenesi*’ tra le ‘*razze*’, e/o ‘*etnie*’ (Mason I.L., 1974).

Motivazione culturale. I TGA e i TGAA possono essere considerati alla stregua di *beni culturali* in quanto costituiscono un patrimonio dallo straordinario valore di documentazione *storico e biologico*; è - pertanto - dovere della collettività tramandarli alle generazioni future (Matassino D., 1996).

Già Bettini T.M. (1988) riporta che: “*Qualsiasi tipo di animale ‘domestico’ è un prodotto culturale, ha la sua origine e la sua storia evolutiva: la sua perdita significa un impoverimento oltre che biologico anche culturale, un patrimonio che l’uomo ha in certa misura creato con la sua intelligenza, trasmessoci attraverso secoli o millenni, frutto di attività creativa al pari di un’opera d’arte o di qualsiasi altra manifestazione di pensiero*”.

Concordando con Marchesini R. (2002), è possibile attribuire alla diversità biologica animale un vero e proprio ruolo di ‘*operatore epistemologico*’ nel senso di propulsore di conoscenza scientifica dei processi propri del funzionamento di un essere vivente; processi che possono essere utilizzati opportunamente per l’innovazione tecnica e biotecnica.

Motivazione etica. La conservazione della *biodiversità* deve essere considerata un ‘*imperativo etico*’ perché la *biodiversità* rappresenta non solo un bene da difendere e da trasmettere alle generazioni future per il miglioramento della ‘*qualità della vita*’ ma – anche - un bene in sé stesso che ha il diritto alla propria esistenza. Infatti, qualsiasi ‘*sistema complesso*’, *identificabile e non identificabile* con il singolo essere vivente, può esplodere o implodere in funzione dell’ ‘*essere*’, del ‘*poter essere*’ e del ‘*dover essere*’; queste *ere*; queste tre diverse condizioni conducono a ‘*canoni etici*’, tra i quali si potrebbe ipotizzare un ‘*federalismo biologico*’ in grado di ‘*riconferire*’ importanza e dignità all’ ‘*autoctonia*’, cioè alla ‘*biodiversità antica autoctona*’ (Matassino D., 2001b; Matassino D., 2001b; Matassino D. e Mazziotta A., 2009).

Motivazione giuridica. Il suddetto ‘*federalismo biologico*’ configura “*un nuovo soggetto nel mondo del diritto per la contestuale presenza di quegli elementi che determinano la rilevanza giuridica di un bene e che consentono di riconoscerne la giuridicità*” “*La biodiversità antica di un TGA/TGAA porta in sé un patrimonio assai particolare che trae la sua ‘giuridicità’ non soltanto dalla natura privatistica del bene ma anche, e forse ancor più, dalla “natura generale dell’interesse alla utilità sociale e alla conservazione del bene stesso*” (Mazziotta A. e Gennaro G., 2002; Mazziotta A e Matassino D., 2008; Matassino D. e Mazziotta A., 2009).

Motivazione socio-economica. La semplice conservazione della risorsa genetica autoctona come *'museo'* è inconcepibile; la tutela della *'diversità biologica'* deve implicare un suo uso produttivo. L'efficienza dell'uso di una risorsa genetica, come fattore di produzione, sarà sempre più una variabile importante, se non determinante, della competizione o dell'integrazione economica fra i sistemi produttivi *bioterritoriali* al fine di realizzare un sistema socio-economico secondo i canoni propri di uno *sviluppo sostenibile* (Matassino D., 1995).

I TGA e i TGAA, per lo più allevati in aree *'marginali'* dove il modello di produzione intensivo non può essere applicato in assenza dei presupposti economici che lo rendano conveniente, sono gli unici a poter esprimere un proprio ruolo zootecnico, in considerazione della propria capacità a produrre, utilizzando quasi esclusivamente le risorse alimentari autoctone pabulari (Matassino D. *et al.*, 1993).

Il *'Prodotto Locale Tipizzato Etichettato'* (PLTE) costituisce un esempio illuminante ove l'utilizzazione della biodiversità, legata alla variegata risorsa endogena di un *'bioterritorio'* o *'bioregione'*, è elemento *insostituibile e fondamentale* (Matassino e Cappuccio, 1998; Matassino D., 1990; Casabianca F. e Matassino D., 2006). Un PLTE può rappresentare un'importante fonte di biomolecole di valore *'nutrizionale'*, *'extranutrizionale'* e *'salutistico'*. La risorsa autoctona rappresenta una fonte preziosa di variabilità indispensabile per implementare *'regimi nutrizionali'* differenziati (*'mete nutrizionali'*) in base alla categoria demografica umana (bambino, adolescente, adulto, ultrasessantenne, ultraottantenne, ultracentenario) e allo *status fisiologico* (gravidanza, allattamento, attività agonistica, ecc.) (Matassino D. *et al.*, 1991; Matassino D., 1992a, 2007c) al fine di contribuire a una *'personalizzazione'* della nutrizione in termini di *'nutrigenetica'* e di *'nutriepigenetica'*. Pertanto, la *'diversità biologica'* è da considerare presupposto indispensabile per raggiungere continui e diversificati traguardi di *'biopoiesi'* e di nuove prospettive di prevenzione e di terapie scaturenti da una sana e razionale utilizzazione dello *'immenso arsenale informativo (biomolecole)'* a disposizione dell'essere umano; arsenale innovato da continue conoscenze scientifiche dinamiche nel tempo e nello spazio. In tale contesto, il ConSDABI partecipa al Gruppo di Lavoro sulla Nutri-genomica istituito dal Comitato Nazionale per la Biosicurezza, le Biotecnologie e le Scienze della Vita (CNBBSV), del quale il prof. Matassino è componente.

Il ConSDABI dà vita a un ampio e innovativo dibattito con la medicina umana, soprattutto con il settore oncologico; dibattito concretizzatosi e concretizzantesi con l'organizzazione e/o con la partecipazione periodica a congressi e a tavole rotonde, nonché con la pubblicazione di memorie critiche e/o contributi divulgativi (Matassino e Occidente, 2003; Matassino D., 2006, 2007c; Matassino D. *et al.*, 2006 a e b, 2009) (Fig. 4).



Figura 4: (a) 4 luglio 2006, Torella dei Lombardi (Av) - Tavola Rotonda “Biotecnologie e alimentazione umana”, nell’ambito del Corso “Biotecnologie e medicina”; da sinistra: prof. i D. Matassino, L. Santi, On.le dr. C. Nardone; (b) 26 settembre 2009, Pioppi (Sa) - Convegno internazionale “I piaceri e i benefici della moderna alimentazione mediterranea, per prevenire le malattie cardio-cerebrovascolari”; da sinistra: prof. i L. Greco, T. Pedicini, R. Raymond, dr.ssa L. Perrone, prof. D. Matassino.

Matassino D. (2007d) ritiene che la *biodiversità* può essere considerata *prodromo indiscusso* su cui costruire il complesso edificio della ‘*bioeconomia*’ o ‘*economia ecologica*’¹⁸.

Sulla base delle predette **5 motivazioni** si realizza la missione del ConSDABI.

Il ConSDABI, sin dalla sua nascita, persegue scopi e obiettivi conformi a quelli che la FAO evidenzia nell’indire l’anno 2010 ‘*anno internazionale della biodiversità*’. Scopi e obiettivi, tra l’altro, confermati e perfettamente in linea, con le tematiche Prioritarie Strategiche previste dal *Global Plan of Action for Animal Genetic Resources* (Piano di Azione Globale per la Risorsa genetica Animale) adottato in occasione della Conferenza internazionale di Interlaken (3÷7 settembre 2007).

I principali e iniziali interventi operativi del ConSDABI sono: (a) conservazione e utilizzazione di ‘*biotipi in via di estinzione*’; (b) conservazione e utilizzazione di soggetti ‘*traslocati*’; (c) produzione di embrioni bovini di razza Piemontese.

Il ConSDABI svolge la sua ‘*missione*’ attuando un programma operativo su TG/TGA/TGAA, con particolare riferimento a quelli dell’ambito mediterraneo, estrinsecantesi in:

- a) *inventario e monitoraggio*;
- b) *conservazione ‘in vivo’* (‘*in situ*’ ed ‘*extra situ*’) o biobanca (www.consdabi.org);
- c) *conservazione ‘in frigidò*’ o criobanca: (i) di DNA contenente attualmente 7.779 aliquote appartenenti a 2.593 soggetti diversi così ripartiti per specie [asinina (207), bovina (868), bufalina (40), caprina (163), equina (154), ovina (561), suina (600)]; (ii) di seme, a oggi, contenente 38.824 dosi, di cui 38.698 di bovini e 126 di suino;
- d) *definizione di piani riproduttivi* miranti all’incremento numerico (uso di biotecniche riproduttive innovative: *splitting*, trasferimento nucleare, ecc.);
- e) *utilizzazione della risorsa genetica* per l’ottenimento di un ‘*Prodotto Locale Tipizzato Etichettato*’ (PLTE);
- f) *valorizzazione della risorsa genetica* grazie all’identificazione e alla caratterizzazione di ‘*biomarcatori molecolari*’ di ‘*unicità genetica*’ (a livello di singolo individuo) e di ‘*specificità*’ a livello di prodotto);

- g) *promozione e incoraggiamento di studi e di ricerche* in collaborazione con Università, Istituti di ricerca e di sperimentazione, Istituzioni pubbliche nazionali e internazionali [Argentina, Austria, Australia, Brasile, Cina, Egitto, ERF (European Regional Focal Point), Francia, Germania, Giappone, Grecia, Olanda, Spagna, Turchia, ecc.);
- h) *divulgazione* del ruolo fondamentale che la biodiversità riveste ai fini del progresso della società; il ConSDABI è attivamente impegnato in tale attività divulgativa attraverso l'organizzazione di seminari, corsi di formazione e *master*, coinvolgenti: scuole di ogni ordine e grado, sistema accademico e scientifico, enti istituzionali e non, imprenditori agricoli e organi di stampa.

Il ConSDABI, quale Componente del 'Polo di riferimento Nazionale dei Centri di Risorse Biologiche e delle Biobanche' istituito dal Comitato Nazionale per la Biosicurezza, le Biotecnologie e le Scienze della Vita (CNBBSV), auspica la realizzazione di 2 o 3 biobanche (per motivi di sicurezza) nazionali destinate alla crioconservazione delle risorse genetiche animali; tale biobanca dovrà essere coordinata dall'Associazione Italiana Allevatori (AIA) in quanto delegata, sulla base delle Leggi 126 "Disciplina della riproduzione bovina" e 127 "Norme per l'esercizio delle stazioni di fecondazione equina" (entrambe del 3 febbraio 1963) e successive loro modifiche (Legge 30 del 15.I.1991, Legge 280 del 3.VIII.1999), alla titolarità del Registro Anagrafico e del Libro Genealogico nei quali sono iscritti i soggetti destinati alla riproduzione.

Alcune integrazioni al suddetto programma operativo del *National Focal Point* si sono concretizzate in:

- a) partecipazione alla stesura della 1. (Loftus e Sherf, 1994) e della 2. (Sherf, 1995) edizione della 'World Watch List for Domestic Animal' della FAO per quanto concerne i TG/TGA/TGAA presenti sul territorio nazionale;
- b) censimento con cadenza annuale, grazie alla collaborazione dell'AIA, della consistenza dei TG/TGA/TGAA con trasmissione dei dati al sistema informatico EFABIS (*European Farm Animal Biodiversity Information System*);
- c) partecipazione con cadenza annuale all'*European Regional Workshop for the National Focal Points for FAO's Global Programme for the Management of Farm Animal Genetic Resources*' nell'ambito del Meeting annuale dell'*European Association for Animal Production* (EAAP); in occasione del 13. *Workshop for European National Coordinators for the Management of Farm Animal Genetic Resources* (Dublino, 25 giugno 2007), il ConSDABI viene invitato a riferire sulla strategia della 'Scienza Omica' ai fini di una valorizzazione della risorsa genetica autoctona di un 'bioterritorio';
- d) stesura periodica di un *report* sullo stato delle risorse genetiche animali a livello nazionale, in collaborazione con il Ministero dell'Agricoltura;
- e) redazione, su mandato governativo, del '*Primo Report sullo stato delle risorse genetiche animali del paese*', consegnato al Mipaaf l'8 settembre 2006;
- f) partecipazione a Sessioni regolari, straordinarie e *Meeting inter-sessioni*, organizzati dalla Commissione sulle risorse genetiche per l'alimentazione e per l'agricoltura (CGRFA, *Commission on Genetic Resources for Food and Agriculture*).

SCIENZA 'OMICA'

Il ConSDABI persegue un approccio sistemico che prevede l'integrazione tra le varie branche (genomica, epigenomica, trascrittomica, proteomica, lipidomica, aromomica) della scienza 'omica', concretizzantesi in linee di ricerca tendenti a studiare le biomolecole non più singolarmente, ma in modo 'olistico', quali componenti di una vera e propria rete di informazione in una visione di vero e proprio sviluppo della 'biologia dei sistemi', nel senso di 'armo-

nico funzionamento delle sue componenti identificabili in quelle di natura biologica in senso lato, di natura interrelazionale tra esseri viventi, nonché di natura economico-fisiologica (Matassino e Occidente, 2003; Matassino *et al.*, 2007 *a e b*). Questo nuovo approccio si sta qualificando principalmente come settore *'biologico-molecolare'*, ove la conoscenza di un *'carattere'* o *'manifestazione fenotipica'* nella sua *'struttura'* e nella sua *'funzione'* è *fondamentale* se non *indiscussa*. Il *'carattere'* è funzione degli effetti di diversi piani organizzativi: *subatomico, submolecolare, molecolare, cellulare, tissutale, organico, organismico, biocenotico, ecosistemico*; ogni piano è caratterizzato da *norme proprie e da norme di vita di relazione con altri piani*. (Bettini, 1969, 1972; Matassino, 1978; Matassino, 1984).

La fig. 5 rappresenta un esempio di applicazione della strategia *'omica'* attuata dal ConSDABI.



Figura 5: Esempio applicativo della strategia *'omica'* (ConSDABI) (ConSDABI, 2005, 2007).

Le principali linee di ricerca *'omica'* condotte dal ConSDABI, afferenti a un totale, a oggi, di circa 40 progetti, interessano:

(a) *tipizzazione genetica*:

- (i) *citogenetica* [determinazione dell'assetto cromosomico per l'identificazione di eventuali modificazioni cromosomiche naturali, sia numeriche sia strutturali; test dei Micronuclci (MN) finalizzato alla valutazione della stabilità genomica]
- (ii) *molecolare* [analisi di *'microsatelliti'* o STRs (*Short Tandem Repeat Sequence*) o SSR (*Simple Sequence Repeat*), SNPs (*Single Nucleotide Polymorphisms*) e CNV (*Copy Number Variation*)¹⁰ per la stima della variabilità genetica intra e inter popolazione e

per la definizione di una ‘*carta molecolare d’identità*’ o ‘*fingerprinting*’ di un animale e/o di un prodotto da esso ottenuto, quest’ultima quale valido supporto ai sistemi di autenticazione e/o di rintracciabilità della filiera alimentare; analisi del polimorfismo a *loci* sede di segmenti di DNA coinvolti nel determinismo delle caratteristiche quali-quantitative di un prodotto alimentare ai fini di una sua utilizzazione nella Selezione Assistita dal Molecolare (SAM) o nell’Introgresione Assistita dal Molecolare (IAM); determinazione del profilo trascrittomico con approccio *microarray* validato da *PCR Real time* per individuare, in un dato momento del ciclo cellulare, simultaneamente segmenti di DNA ‘*non espressi*’ ed ‘*espressi*’ e, per questi ultimi, quelli ‘*differenzialmente espressi*’ per effetto di fattori di natura genetica e/o ambientale]

- (b) tipizzazione di prodotti lattiero-caseari e carnei sotto il profilo: (i) *chimico-fisico (colorimetrico, istochimico e reologico)*; (ii) *proteico e peptidico* mediante tecniche a elevata risoluzione [elettroforesi bidimensionale (*Two – Dimensional Electrophoresis*, 2-DGE) e cromatografia liquida ad alta prestazione (*High Performance Liquid Chromatography*, HPLC)] e tecniche di rilevazione a livello strutturale (*Maldi –Tof Mass Spectrometry*, *Maldi-Tof MS*); (iii) *lipidico* mediante tecniche cromatografiche (*Gas Chromatography*, GC e HPLC); grazie a questi tre profili è possibile individuare indicatori oggettivi di qualità ‘*chimico-fisica*’ e ‘*salutistica*’, nonché ‘*marcatori di razza*’ (a esempio differenze di espressione di proteine coinvolte nel metabolismo energetico tra il suino a mantello ‘*nero*’ e il suino a mantello ‘*bianco*’) e di ‘*processo*’ (a esempio frammenti derivati dalla proteolisi delle frazioni caseiniche del latte e dei prodotti lattiero-caseari);
- (c) *tipizzazione riproduttiva*: (i) controlli *routiniali* ginecologici su TG/TGA/TGAA allevati presso l’Azienda sperimentale ‘*Casaldianni*’; (ii) valutazione di alcuni parametri somatici e cinetici della cellula spermatica in liquido seminale di TG/TGA/TGAA allevati presso l’Azienda sperimentale ‘*Casaldianni*’ con l’ausilio di analisi computerizzata (*Hamilton Thorne Biosciences – IVOS*);
- (d) controllo funzionale della produzione lattea su TG/TGA/TGAA bovini allevati presso l’Azienda sperimentale ‘*Casaldianni*’ eseguito dall’ARAC (Associazione Regionale Allevatori Campania).

I TG/TGA/TGAA interessati dalla tipizzazione sono: (a) *asini* (‘*Laziale*’, Martina Franca, Ragusano, Romagnolo); (b) *bovini* [Agerolese, Bianca Val Padana, Bovino Grigio Autoctono Italiano (Podolica), Bruna italiana, Bruna turca, Burlina, Cabannina, Castana, Frisona Turca, Garfagnina, Grigia della steppa, Marchigiana, Maremmano ‘*Primitivo*’, Modicana, Nera dell’Anatolia, Rossa dell’Anatolia (del Sud e dell’Est), Piemontese, Pontremolese, Reggiana, Varesse-Ottone-Tortone]; (c) *caprini* [Cilentana (Fulva, Grigia, Nera), Valfortorina]; (d) *cavalli* [Bardigiano, Cavallo ‘*Romano*’ della Maremma laziale, Maremmano ‘*Anam*’, Murgese]; (e) *ovini* [Altamurana, Amiatina, Bagnolese, Gentile di Puglia, Laticauda, Leccese]; (f) *suini* [Apulo-Calabrese (Calabrese, Nero Lucano, Nero dei Monti Dauni Meridionali), Casertana, Cinta Casaldianni, Cinta senese, Macchiaiola, Nero Siciliano, Pen Ar Lan].

Il futuro del miglioramento genetico degli animali in produzione zootecnica non può prescindere da una visione sistemica includente anche *fenomeni biofisici e bioenergetici*, dato l’importante ruolo rivestito dalle interazioni subatomiche nella ‘*fenomenologia biochimica*’, fortemente influenzata dalle leggi della cinetica molecolare sempre più al centro del dibattito *epistemologico ed ermeneutico* della biodiversità prospettica. Si rinvia a Matassino D. *et al.* (2011) per tutti gli approfondimenti in merito al suddetto dibattito, specialmente per i risvolti problematici sulla base delle nuove conoscenze del funzionamento della ‘*informazione epigenetica*’, che si concretizza in un numero non definibile di ‘*feni*’ diversi, compatibili con il contesto bioterritoriale ove ciascuno di essi si esprime.

L’attività scientifica e divulgativa del ConSDABI dal 1990 a oggi può essere così sintetizzata: (a) n 225 contributi scientifici; (b) n 226 contributi tecnico-divulgativi; (c) n 645 par-

tecipazioni a Convegni, Congressi, Tavole Rotonde nazionali e internazionali; (d) n 124 interviste; (e) n 763 visite ricevute. Per gli estremi bibliografici si rinvia a www.consdabi.org.

CONCLUSIONI

Il ConSDABI, considerato un *'Polo Multifunzionale*, grazie al percorso *'omico'* sta contribuendo a identificare itinerari: (a) tendenti a riconferire importanza e dignità alla *'autoctonia'* (segnatamente alla *'biodiversità autoctona antica'*), (b) evidenzianti il contributo di un dato *bioterritorio* alla diversificazione *salutistica* del contenuto in molecole bioattive presenti in un alimento, (c) contribuenti all'individuazione e alla definizione di politiche per la *'sicurezza alimentare'*.

Una politica seria di tutela della *'biodiversità'* costituisce un percorso sempre più da perseguire in una visione cosmica ove anche le informazioni a livello subatomico giocano un ruolo basilare per il loro contributo al polifenismo.

Il valore della conoscenza scientifica in chiave *'epistemologica'* ed *'ermeneutica'* permette di evidenziare che solo *"lo scavo lento del pensiero e il pensare adagio costituiscono un valido rimedio al feticismo del pensare rapido e per sommatoria estrinseca"*.

Data la complessa e delicata organizzazione delle funzioni cellulari, al fine della tutela della biodiversità, si rende sempre non più procrastinabile una fattiva e operosa collaborazione interdisciplinare (biologi, fisici, chimici, zootecnici, allevatori, ecc.). In armonia con questo auspicio, il ConSDABI ha vissuto, vive e vivrà grazie alla forza trainante della sua *'struttura umana'*.

Mi piace concludere con la seguente affermazione (Sawhill C., 1936-2000) che dovrebbe costituire uno dei principi ispiratori delle attività di tutela della biodiversità: *"Alla fine la nostra società sarà definita non soltanto da quello che creiamo, ma anche da quello che ci rifiutiamo di distruggere"*.

NOTE

- 1) Il termine *'biodiversità'* viene coniato da Rosen W.G. nel 1985, che fuse in un unico vocabolo l'espressione *'diversità biologica'* ideata da Loveloy T. nel 1980; fusione che ebbe luogo in occasione della pianificazione del *Forum nazionale sulla Biodiversità* svoltosi a Washington nel 1986; il successo del termine è dovuto in particolare all'opera di E.O. Wilson e F.M. Peter intitolata *'Biodiversity'*, pubblicata nel 1988. La percezione intuitiva del concetto di *'biodiversità'* è già presente in Wallace A.R. (1853) e in Hutchinson G.E. (1959). Il vocabolo è entrato nel lessico italiano dopo il 1992 quando nel corso della Conferenza di Rio de Janeiro (1992) lo stato di salute del pianeta Terra è discusso a livello di massime istanze politiche.
- 2) L'esistenza di un *'magazzino di variabilità genetica latente'* era stata ipotizzata e identificata anche già da Darwin C. (1868) in ciò che egli aveva denominato *'gemmule'* nel formulare la teoria della *'pangenesi sessuale'*; secondo Darwin, la proporzione di gemmule (unità di *'ereditarietà'* e di *'sviluppo'*) *'silenti'* poteva essere *'risvegliata'* da qualsiasi mutamento climatico e/o nutrizionale.
- 3) Per TGA viene inteso un tipo genetico presente in un determinato *'bioterritorio'* da almeno 50 anni, mentre per TGAA la suddetta presenza deve risalire a periodi superiori ai 50 anni, se non secoli (Matassino D., 2005c; Legge Regionale sulla biodiversità n. 15/2000- Regione Lazio).
- 4) Il *bioterritorio* o *bioregione* viene definito come *"un modello di gestione sostenibile*

delle risorse naturali di un territorio da parte delle comunità locali” (World Resources Institute, World Conservation Union, FAO, UNESCO, United Nations, 1992). Trattasi di un’area geografica che non ha frontiere amministrative, ma ha caratteristiche omogenee ed è caratterizzata da una notevole quantità di risorse endogene, le quali comprendono tutti gli aspetti materiali e non, gli aspetti culturali e sociali, gli esseri viventi umani e non umani. Il *bioterritorio* è l’insieme di tutte le risorse utilizzabili. Il significato di *bioterritorio* è stato sviluppato sul concetto di *‘ruralità multifunzionale sostenibile’* nel quale l’agricoltura in senso lato è soltanto un piccolo tassello di questo grande mosaico che è la *‘ruralità.’* Ognuno può definire il concetto di *bioterritorio* secondo variabili differenti. Limitare il *bioterritorio* alla razza autoctona o all’area geografica è restrittivo (Matassino D., 2005a).

- 5) *‘Servizio dell’ecosistema’*: concetto ideato da Ehrlich P.R. e Ehrlich A. (1970) e nato dalla consapevolezza della stretta dipendenza della vita della specie umana dai sistemi ecologici; esso viene ripreso dagli stessi Autori nel 1981 in relazione alla problematica della riduzione della biodiversità sul pianeta Terra (Ehrlich P.R. e Ehrlich A. 1981) e poi largamente divulgato da Daily G.C. (1997). Le relazioni tra *‘servizi dell’ecosistema’* e *‘benessere umano’* sono approfonditi nel contesto del *Millennium Ecosystem Assessment* (MEA, 2005).
- 6) *Landscape ecology*: tale espressione si deve al bio-geografo tedesco Troll C. che, nel 1939, intuì per primo alcune proprietà degli ecosistemi e la loro evoluzione verso bio-entità superiori che chiama *‘paesaggi’*.
- 7) *Capacità al costruttivismo*: indica la tendenza degli organismi a partecipare attivamente alla costruzione o alla composizione di un determinato *‘bioterritorio’* nel senso che essi si modificano geneticamente e fenotipicamente fino a instaurare con l’ambiente in cui agiscono e operano un rapporto vitale in grado di realizzare la massima *‘fitness’* o *‘idoneità biologica’*; quest’ultima interpretabile come *“misura di sopravvivenza e di riproduzione”* (Crow J.F. e Rimura M., 1970; Dobzhanski T., 1970; Lewontin R.C., 1974, 1978, 1993, 2004; Matassino, D., 1989, 1996; Maynard Smith J., 1998). Si ricorda che il termine *‘fitness’* viene proposto da Darwin C. (1859) per indicare il *‘vigore’* mostrato da un organismo nell’ambiente in cui vive. La definizione di *‘fitness’* comporta: (a) una *questione ontologica* consistente nella necessità di specificare l’entità biologica sulla quale si effettua la misura (genotipo, organismo, carattere o manifestazione fenotipica); (b) una *questione epistemologica* riguardante la rappresentazione matematico-formale di *fitness* collocata all’interno dell’appropriato quadro teorico..
- 8) Il termine *‘bioeconomia’* fu suggerito a Georgescu-Roegen N. dal cecoslovacco Zeman J.. La *‘bioeconomia’* attinge le sue origini dal famoso e sorprendente principio di Marshall A. (1890): l’economia *“è un ramo della biologia inteso in senso ampio”*. L’*aforisma* viene sviluppato da Georgescu- Roegen N. come *“processo economico integralmente inserito nella biologia umana”* e, direi, non solo in essa.
- 9) *Omica*: suffisso derivato dal greco *‘όμας’* nel significato di: *‘il tutto’, ‘l’insieme’*.
- 10) *CNV*: segmento di DNA di lunghezza ≥ 1 kb presente in numero variabile di copie rispetto a un genoma di riferimento (Redon *et al.*, 2006).

BIBLIOGRAFIA

- 1) Bettini, T.M. (1959). La variabilità genetica delle popolazioni: origine, condizioni di equilibrio, conservazione. *Annali Facoltà di Agraria Portici*, 25, 1-32.
- 2) Bettini, T.M. (1969). L’animale uomo e gli altri animali: gli automi biologici. *Prod. Anim.*, 8 (3), 233-255.

- 3) Bettini, T.M. (1972). Concezioni moderne sulla validità dei cosiddetti gruppi etnici, anche ai fini dello sviluppo zootecnico. *In: 'Riproduzione animale e fecondazione artificiale'*, Edagricole, Bologna, 23-44.
- 4) Bettini, T.M. (1988). Elementi di scienza delle produzioni animali. Edagricole, Bologna.
- 5) Boyazoglu, J. (1990). Salvaguardia e valorizzazione delle popolazioni ruminanti autoctone, con particolare attenzione al bacino del mediterraneo. *Alto Tammaro*, 2 (5), 39-40.
- 6) Casabianca, F., Matassino, D. (2006). Local resources and typical animal product. Proc. of 6th International Livestock Farming System Symposium, Benevento, 26÷29 agosto 2003. *In: R. RUBINO, L.SEPE, A. DIMITRIADOU e A. GIBON (Eds.) 'Livestock farming systems – Product Quality based on local resources leading to improved sustainability'*, European Association of Animal Production (EAAP) publications, 118, Wageningen Academic Publishers, The Netherlands, 9÷26.
- 7) Consdabi, (2005). Il miglioramento dello 'Standard' qualitativo dei prodotti. Opuscolo Divulgativo prodotto nell'ambito del Programma d'iniziativa comunitaria LEADER PLUS - Piano di Sviluppo Locale (PSL) Fortore Tammaro Titerno – Misura 5 'Miglioramento dell'ambiente competitivo a sostegno dello sviluppo rurale' – Intervento 5 G 'Sostegno alle produzioni suinicole delle razze autoctone'.
- 8) ConSDABI, (2007). La Scienza 'omica'. Convegno su: "Agricoltura e Innovazione" nell'ambito della Manifestazione "Futurity - Settimana dell'innovazione utile all'uomo e all'ambiente", promossa dalla Provincia di Benevento, Benevento (MUSA), 28 giugno.
- 9) Crow, J.F., Kimura, M. (1970). An introduction to population genetics theory. Harper and Row, New York.
- 10) Daily, G.C. (1997). Nature's Services: Societal Dependence on Natural Ecosystems. Island Press, Washington, pp 392.
- 11) Darwin, C. (1859). On the origin of species by means of natural selection, or the preservation of favoured species in the struggle for the life. London.
- 12) Darwin, C. (1868). Variation of Plants and Animals Under Domestication (1st American edition), 2 vols., Orange Judd and Co, New York.
- 13) Dobzhansky, T. (1970). Genetics of the evolutionary process, Columbia University Press, New York.
- 14) Ehrlich, P.R., Ehrlich, A. (1970). Population, Resources, Environment: Issues in human Ecology, W.H. Freeman, San Francisco, pp 383.
- 15) Ehrlich, P.R., Ehrlich, A. (1981). Extinction: the causes and consequences of the disappearance of species, Random House, New York, pp.305.
- 16) Giuliani, R. (1928-1931). 'Genetica animale' e "Le basi scientifiche della selezione". Ed. Rivista di Zootecnia, 1928 e 1931, Firenze (Cascine).
- 17) Hutchinson, G.E. (1959). Homage to Santa Santa Rosalia, or Why are there so many kinds of animals? *The American Naturalist*, 93 (870), 145-160.
- 18) Jasiorowski, H. A. (1990). Conservazione genetica delle risorse animali. *Alto Tammaro*, 2 (5), 35-60.
- 19) Lacetera, N., Bernabucci, U., Scalia, D., Basirico, L., Morera, P., Nardone, A. (2006). Heat Stress Elicits Different Responses in Peripheral Blood Mononuclear Cells from Brown Swiss and Holstein Cows. *J. Dairy Sci.*, 89, 4606-4612.
- 20) Lewontin, R.C. (1974). The analysis of variance and the analysis of causes. *American Journal of Human Genetics*, 26, 400-411.
- 21) Lewontin, R.C. (1978). Adaptation. *Scientific American*, 239, 213-230.
- 22) Lewontin, R.C. (1993). Biologia come ideologia. Ed. Bollati Boringhieri, Torino.
- 23) Lewontin, R.C. (2004). Il sogno del genoma umano e le altre illusioni della scienza. Ed. Laterza, Bari - Roma.

- 24) Marchesini, R. (2002). Post-human. Verso nuovi modelli di esistenza. Bollati Boringhieri, Torino.
- 25) Maróti-Agóts, Á., Skogseth, M., Solymosi, N., Bodó, I., Zöldág, L. (2009). Cambiamenti climatici e adattamento allo stress termico” (Climate changes and heat stress adaptation - hsp 70 polymorphisms in Podolic cattles). Proceedings of International Congress “On the tracks of Grey Podolic cattle”, Matera 10 luglio 2009, 227.
- 26) Mason, I.L. (1974). Introduction. Proc. Round Table “*The conservation of animal genetic resources*”, nell’ambito del 1^a World Congr. Appl. Livestock Prod., Madrid, 13-21.
- 27) Matassino, D. (1978). Il miglioramento genetico degli animali in produzione zootecnica. Eserc. Accad. Agr. di Pesaro, Serie III, 9, 33-98.
- 28) Matassino, D. (1979). Salvaguardia e recupero delle popolazioni autoctone italiane. Convegno ‘*Salvaguardia genetica e prospettive per il recupero zootecnico di razze popolazioni autoctone italiane*’- CNR ‘Progetto Finalizzato ‘Difesa delle Risorse Genetiche delle popolazioni animali’, Foligno, 14-15 novembre. L’Informatore Zootecnico, 29 (17), 43, 1982.
- 29) Matassino, D. (1984). Problematiche del miglioramento genetico nei bovini. Atti XIX Simp. Int. di Zootecnia ‘*Nuove frontiere della selezione per gli animali in produzione zootecnica*’. Milano, 15 aprile 1984, 11-19.
- 30) Matassino, D. (1989). Biotecniche innovative delle produzioni animali. Convegno CNR-Ente Fi9). Biotecniche innovative delle produzioni animali. Convegno CNR-Ente Fiera del Levante, Sessione Biotecnologie, mimeografato.
- 31) Matassino, D. (1990). Istituzione di un Centro nazionale per la conservazione del germoplasma degli animali in produzione zootecnica. Alto Tammaro, 2 (5), 58-64.
- 32) Matassino, D. (1992a). Il miglioramento genetico nei bovini per la produzione di lattini finalizzati all’uomo. Atti Conv. ‘Il ruolo del latte nell’alimentazione dell’uomo’, Paestum, 24÷26 ottobre 1991. Quaderni Frisona, maggio 1992.
- 33) Matassino, D. (1992b). Impariamo dalla natura. Atti Conv. ‘*Progetto Ambiente*’. Colle Sannita (BN) Colle Sannita (BN), 14÷15 febbraio. L’Allevatore, 48 (17), 18-19.
- 34) Matassino, D. (1995). La produzione animale in Campania. L’Informatore Agrario, 38 27, 1995.
- 35) Matassino, D. (1996). L’animale autoctono quale bene culturale. Atti Conv. ‘*Ruolo del germoplasma animale autoctono nella salvaguardia del territorio*’, Bari, 17 settembre 1996. Terra Pugliese, 45 (11-12), 3. L’Allevatore, 53 (10), inserto, 1997.
- 36) Matassino, D. (1997a). Biodiversità e allevamento animale. Zoot. Nutr. Anim., 23 (suppl.), 13-24.
- 37) Matassino, D. (1997b). La zootecnia in un parco. Atti Conv. ‘*Il parco come punto d’incontro di problematiche socio-economiche di un territorio, con particolare riferimento alla zootecnia*’, Tignale (BS), 6 giugno 1997, 9-32.
- 38) Matassino, D. (2001a). Zootecnia sostenibile. Presunzione o consapevolezza!. Giornata di Studio su: ‘Biodiversità e territorio’, Firenze, 8 marzo 2001. I Geogofili - I Quaderni, 2001-II, 11-56.
- 39) Matassino, D. (2001b). Etica e biodiversità. Atti VI Conv. Naz. ‘Biodiversità: opportunità di sviluppo sostenibile’, Bari, 6-7 settembre 2001, 1, 27-44.
- 40) Matassino, D. (2005a). Ambiente e biodiversità. Atti Conferenza annuale *International Court of the Environment Foundation (ICEF)* - Accademia dei Lincei: ‘*Le nuove tecnologie a protezione dell’ambiente*’, Roma 1 luglio 2004. ARS, 101, 6-13, 2005. Linea Ecologica, 37 (1), 46-54, 2005.
- 41) Matassino, D. (2005b). Cenni strategici di attività zootecniche. Atti Accademia Nazionale di Agricoltura, 209. Elementi di nuove strategie per l’attività zootecnica, ARS, 102, 9-17, 2005.
- 42) Matassino, D. (2005c). The first Report on Animal Genetic Resources . ftp://ftp.fao.org/docrep/fao/011/.../CountryReports/Italy_ESum.pdf .

- 43) Matassino, D. (2006). Interazioni fra nutrienti ed espressione genica. Tavola Rotonda “*Aspetti genetici: interazioni fra nutrienti ed espressione genica*”, nell’ambito del ‘*Primo Congresso nazionale ARNA*’, Bologna, 23 ÷ 25 marzo 2006. In: Atti Primo Congresso nazionale ARNA, CLUEB, 56.
- 44) Matassino, D. (2007a). Alcune problematiche connesse alla biodiversità. Convegno “*Biodiversità, allevamento sostenibile, biotecnologie e tecnologie innovative*”, Benevento (MUSA), 8 maggio 2007. ARS, Edizione telematica (www.scienzaegoverno.org; Sezione ‘Biodiversità’). La valorizzazione delle razze ovine autoctone dell’Italia meridionale, Progetto Speciale finanziato dal Ministero per le Politiche Agricole, Alimentari e Forestali (D.M. 10743 del 23.12.04) (Atti degli incontri), Mario Adda Editore, Bari, 11-21, 2008.
- 45) Matassino, D. (2007b). The role of National Focal Point. *Conference on the “Suino Nero Siciliano*”, Messina, 11 ottobre 2007, nell’ambito del *6th International Symposium on the Mediterranean Pig*, Capo d’Orlando (ME), 11-13 ottobre 2007. ARS, 115, 41-47, 2007. Proceedings of 6th International Symposium on the Mediterranean pig, Sito web: <http://almadl.cib.unibo.it>.
- 46) Matassino, D. (2007c) Biodiversità-nutriepigenomica. Tavola Rotonda “*Nutrigenomica e salute dell’uomo*” nell’ambito del Secondo Convegno Nazionale ARNA (Associazione Ricercatori Nutrizione Alimenti), Milano, 21-22 ottobre 2007. ARS, Edizione telematica (www.scienzaegoverno.org; Sezione ‘Biodiversità’).
- 47) Matassino, D. (2007d) Biodiversità: fonte di nutrienti strategici di un bioterritorio. Convegno “*Tutela della biodiversità e promozione della salute umana*”, Benevento, 10 dicembre 2007.
- 48) Matassino, D. (2008). Biodiversità animale di interesse zootecnico. Documento per il Comitato Nazionale per la Biosicurezza, le Biotecnologie e le Scienze della Vita (CNBBSV), 7 gennaio 2008.
- 49) Matassino, D. (2009). La “biodiversità” base dell’innovazione. ARS, 120, 47-51 (*I Parte*); ARS, 121, 50-57 (*II Parte*).
- 50) Matassino, D. (2010). Il valore nutrizionale delle carni ovine prodotte con le razze autoctone nei sistemi di allevamento tradizionali. Convegno “*Qualità nutrizionale e rintracciabilità genomica della carne ovina degli allevamenti tradizionali*”, organizzato dal Ministero delle Politiche Agricole, Alimentari e Forestali e dall’Università degli Studi di Bari ‘Aldo Moro’, Lecce 11 giugno 2010 (*Presentazione PowerPoint*).
- 51) Matassino, D., Pilla, A.M. (1976). Genetica e miglioramento degli ovini. Atti II Conv. Naz. ASPA, Bari, 17÷20 maggio, 229-264.
- 52) Matassino, D., Cappuccio, A. (1998). Costs of animal products and standard of living. Proc. of 8th World Conference on Animal Production, Seoul, June 28-July 4 1998. Special Symposium & Plenary Sessions, 559-591.
- 53) Matassino, D., Occidente, M. (2003). Tutela della biodiversità e salute umana’. Simposio Scientifico su: ‘Alimentazione e Cancro’, Napoli, 20 settembre 2002. ARS, 90, 15-23.
- 54) Matassino, D., Mazziotta, A. (2009). Biodiversità in chiave etica. In: “*Scienza ed etica. Percorsi di comunicazione e formazione*” (a cura di Azzaro Pulvirenti R.), Collana Prometheus, Ed. FrancoAngeli, 194-234.
- 55) Matassino, D., Zucchi, G., Di Berardino, D. (1991). Management of consumption, demand, supply and exchanges. Proc. Symp. ‘*On the eve of the 3rd millennium, the European challenge for animal production*’, Toulouse, 11 July 1990. EAAP n. 48, 105-124.
- 56) Matassino, D., Cappuccio, A., Grasso, F., Palazzo, M. (1993). Conservation of animal germplasm at risk of extinction in Italy: the Centre for the defense of animal genetic resources of Circello. FAO UNEP – Animal Genetic Resources Information, n. 12, 27.

- 57) Matassino, D., Occidente, M., Incornato, C. (2010a). Il regime alimentare quale fattore di coevoluzione del genoma umano? ARS, 126, 30-36.
- 58) Matassino, D., Di Luccia, A., Incoronato, C., Occidente, M. (2011). Alcune riflessioni sulla *epistemologia* e sulla *ermeneutica* della problematica della *'biodiversità prospettica'*. ARS, 128 – 129.
- 59) Matassino, D., Incoronato, C., Inglese, F., Occidente, M., Varricchio, G. (2006a). Biomolecole con valenza nutrizionale nei prodotti di origine animale. Atti Convegno 'L'oncologia nel segno dell'umanizzazione: le nuove prospettive della cura grazie ai benefici della natura, l'officina della nostra salute', Benevento, 18 novembre 2005. ARS, 108, 42-49 (I parte); ARS, 109, 52-59 (II parte).
- 60) Matassino, D., Castellano, N., Incoronato, C., Inglese, F. Occidente, M., Varricchio, G. (2006b). Per conoscere meglio le "biomolecole", L'Allevatore, 62 (15-16). Bioalimenti tipici di un Bioterritorio – precisazioni semantiche e sintetiche sul ruolo 'nutrizionale' ed 'extranutrizionale', ARS, 110, 56-60, 2006.
- 61) Matassino, D., Barone, C.M.A., Di Luccia, A., Incoronato, C., Inglese, F., Marletta, D., Occidente, M., Roncada, P. (2007a). Genomica e proteomica funzionali, Atti Convegno 'Acquisizioni della Genetica e prospettive della selezione animale', Firenze, 27 gennaio 2006, I Georgofili – Quaderni 2006 –I, Società Editrice Fiorentina, 201-354.
- 62) Matassino, D., Castellano, N., Gigante, G., Grasso, M., Incoronato, C., Inglese, F., Occidente, M., Pane, F., Petrillo, P., Varricchio, G., Di Luccia, A. (2007b). Report on the 'Omic Science'. 13th Workshop for European National Co-Ordinators for the Management of Farm Animal Genetic Resources, Dublino, 25 agosto 2007. Sito web: www.rfp-europe.org.
- 63) Matassino, D., Castellano, N., Falasca, D., Fornataro, D., Petrillo, P., Rossetti, C.E., Varricchio, G. (2007c). Variation of micronuclei frequency in lymphocytes of 'Casertana' pig Genetic Type (AAGT) in relation to photoperiod. Preliminary results. 6th International Symposium on the Mediterranean pig, Capo d'Orlando (ME), 11÷13 ottobre 2007. Book of Abstracts of the 6th International Symposium on the Mediterranean Pig, 13. Proceedings of 6th International Symposium on the Mediterranean pig, Sitoweb: <http://amsacta.cib.unibo.it/archive/00002513/>.
- 64) Matassino, D., Falasca, D., Fornataro, D., Gramazio, S., Grasso, M., Varricchio, G., Del Grosso, F. (2010b). 'Casertana' pig Ancient Autochthonous Genetic Type (AAGT): photoperiod effect on variation of micronuclei frequency in peripheral blood lymphocytes. Proc. of 19th International Colloquium on Animal Cytogenetics and Gene Mapping, Krakow (Poland), June 6th – 9th, 2010. Chromosome Res, 18, 743.
- 65) Mazziotta, A., Gennaro, G. (2002). La Girgentana, Edizioni Ambiente e Vita – Sicilia, XV-359.
- 66) Mazziotta, A., Matassino, D. (2008). Giuridicità della Biodiversità Antica Autoctona, ARS, website: scienzaegoverno.org.
- 67) Maynard-Smith, J. (1998). Evolutionary genetics. Oxford University Press, Oxford.
- 68) MEA, (2005). Millennium Ecosystem Assessment and human well-being: synthesis. Island Press, Washington.
- 69) Redon, R., Ishikawa, S., Fitch, K.R., Feuk, L., Perry, G.H., Andrews, T.D., Fiegler, H., Shakeri, M.H., Carson, A.R, Chen, W., Cho, E.K., Dallaire, S., Freeman, J.L., González, J.R., Gratacòs, M., Huang, J., Kalaitzopoulos, D., Komura, D., Macdonald, J.R., Marshall, C.R., Mei, R., Montgomery, L., Nishimura, K., Okamura, K., Shen, F., Somerville, M.J., Tchinda, J., Valsesia, A., Woodwark, C., Yang, F., Zhang, J., Zerjal, T., Zhang, J., Armengol, L., Conrad, D.F., Estivill, X., Tyler-Smith, C., Carter, N.P., Aburatani, H., Lee, C., Jones, K.W., Scherer, S.W., Hurles, M.E. (2006). Global variation in copy number in the human genome. Nature, 444, 444-454.

- 70) Rognoni, G., Gandini, G.C., Pagnacco, G., Canavesi, F. (1990). Conservazione delle risorse genetiche in Italia: esperienze e prospettive di lavoro. *Alto Tammaro*, 2 (5), 46-51.
- 71) Wallace, R. (1953). *A narrative of travels on the Amazon and Rio Negro. With an account of the native tribes and observation of the climate, geology and natural history of the Amazon valley.* Reeve and Co., London.

CRIOCONSERVAZIONE DELLE RISORSE GENETICHE ANIMALI IN ITALIA (Cryopreservation of animal genetic resources in Italy)

G. GANDINI¹, F. PIZZI²

¹ Dipartimento di Scienze e Tecnologie Veterinarie per la Sicurezza Alimentare,
Facoltà di Medicina Veterinaria, Università degli Studi di Milano

² Istituto di Biologia e Biotecnologia Agraria - Consiglio Nazionale delle Ricerche, Milano

SUMMARY

The article, after a brief introduction on objectives and methods of cryopreservation of farm animal genetic resources, including some suggestions for future research, presents the results of the census conducted in 2008-09, within the EURECA project, on the state of the art of cryopreservation in Italy of local cattle breeds. For each breed, among others, number of donors and doses of semen and embryos, pedigree information of donors, status of ownership, objectives of collection are presented. The results of a SWOT analysis of the cryopreservation system of farm animal genetic resources in Italy are also given. In addition the virtual cryobank "Network of the Italian cryobanks of farm animal genetic resources (CRIONET-IT)" recently created is presented. CRIONET-IT includes the software CryoWEB adapted to the Italian situation, characterized by the presence of many independent collections, and a website. The aims of CRIONET-IT includes the promotion of collaboration among collections, sharing information among collections and Institutions working in farm animal genetic resources conservation, development of cryoconservation programmes, as indicated by the Strategic Priority 8 of the Global Plan of Action for Animal Genetic Resources, adopted by the International Technical Conference on Animal genetic resources, Interlaken, September 2007.

PREMESSA

La crioconservazione è un importante strumento per la salvaguardia delle risorse genetiche di interesse zootecnico, complementare al mantenimento e allo sviluppo delle razze all'interno dei sistemi di produzione (conservazione *in situ*). La crioconservazione consente di disporre di backup nei casi in cui nelle popolazioni di interesse di salvaguardia si verificano problemi genetici, e diviene strategia di elezione quando le metodologie *in situ* sono inefficaci per mantenere la variabilità genetica ed evitare l'estinzione della razza.

Questa nota, dopo una breve introduzione alla crioconservazione delle risorse genetiche animali di interesse zootecnico e una riflessione su possibili obiettivi di ricerca per rendere questo strumento maggiormente efficiente, presenta lo stato dell'arte della crioconservazione di materiale genetico delle razze bovine locali italiane sulla base di un censimento effettuato nel periodo 2008-09 nell'ambito del progetto EURECA (*Towards self-sustainable European REgional CAttle breeds*) (www.regionalcattlebreeds.eu), cofinanziato dalla Commissione Europea (Hiemstra e coll. 2010). Inoltre, in termini di prospettive di sviluppo, introduce il Network delle Criobanche Italiane delle Risorse Genetiche Animali (CRIONET-IT) recentemente avviato allo scopo di facilitare lo scambio di informazioni tra le raccolte di materiale genetico create negli anni passati in Italia e favorire lo sviluppo di forme di collaborazione e coordinamento tra loro.

OBIETTIVI E METODI DELLA CRIOCONSERVAZIONE DELLE RISORSE GENETICHE ANIMALI

La crioconservazione di materiale genetico delle razze locali di interesse zootecnico può avere diversi obiettivi. Nella creazione di una raccolta e nel completamento di raccolte precedentemente avviate è necessario definire gli obiettivi desiderati perché tipo e quantità di materiale da stoccare sono funzione di questi.

Gli obiettivi sono generalmente definiti nei termini del futuro utilizzo del materiale stoccato (Hiemstra, 2003):

- supporto alle popolazioni conservate in vivo, quale backup nel caso avvengano problemi genetici (per esempio, eccessiva consanguineità), o per aumentare la dimensione effettiva di popolazione attraverso schemi di riproduzione specifici;
- ricostruire la razza nel caso di estinzione o di perdita di una sua parte consistente ;
- creare nuove linee o razze in caso di estinzione della razza;
- backup per re orientare rapidamente la struttura genetica di popolazione (per esempio, recuperare caratteri deterioratisi nel corso della selezione);
- ricerca.

Le diverse strategie nazionali e le dimensioni del budget contribuiscono alla definizione degli obiettivi.

Il materiale biologico (seme, oociti, embrioni, cellule somatiche) si differenzia per l'informazione genetica che porta e per la sua efficacia nel conseguire i diversi obiettivi sopra riportati (Gandini e Oldenbroek, 2007). Il materiale biologico si differenzia anche nei costi di prelievo e di stoccaggio, costi che cambiano con l'introduzione di nuove tecniche o il loro affinamento e che sono anche funzione della disponibilità di infrastrutture e di know-how nell'area geografica in questione. In letteratura vi sono poche informazioni sui costi della crioconservazione (es. Gandini e coll., 2007).

Tipo e quantità di materiale biologico da raccogliere sono funzione degli obiettivi di crioconservazione e dello stato dell'arte delle tecniche di crioconservazione nella specie considerata. Questo aspetto è stato maggiormente analizzato nel caso in cui l'obiettivo è la ricostruzione della razza in estinzione (Boettcher e coll., 2005) e nel caso in cui l'obiettivo è il controllo della deriva genetica (Mewuisen, 2007), mentre non esistono in letteratura analisi approfondite nel caso di altri obiettivi, quali per esempio l'introggressione o la creazione di linee/razze sintetiche.

Altri aspetti da considerare nella creazione e/o gestione di una riserva di materiale genetico includono l'organizzazione del programma nazionale, la gestione dei vincoli sanitari, gli aspetti legali quali proprietà, diritto di accesso e trasferimento tra i Paesi segnatari della Convenzione sulla Diversità Biologica del materiale biologico (Hiemstra, 2003).

SUGGERIMENTI PER LA RICERCA

Come già citato, nelle banche possono essere stoccati differenti materiali biologici: seme, embrioni, oociti, cellule somatiche. L'efficienza e i costi per la raccolta e lo stoccaggio dei differenti materiali variano in funzione della specie e delle condizioni operative.

Per quanto riguarda le cellule somatiche la facilità e i bassi costi di prelievo e i risultati incoraggianti nel loro utilizzo per la clonazione in differenti specie (Galli et al., 2009) suggeriscono la necessità di approfondire le ricerche in questo settore al fine di poter considerare le cellule somatiche come valida alternativa agli altri materiali genetici.

Attualmente gli spermatozoi sono il materiale più comunemente stoccato nelle criobanche, tuttavia in alcune situazioni quali animali allevati allo stato brado o in località distanti

dai centri di Fecondazione Artificiale la raccolta e il congelamento del seme diventa problematica. In questo senso lo studio di tecniche innovative quali l'estrazione e il congelamento di spermatozoi epididimali estratti *post mortem* potrebbe essere di particolare importanza.

Per quanto riguarda lo stoccaggio, l'azoto liquido è il sistema più utilizzato, ma questo sistema presenta dei limiti (necessità di monitoraggio costante, difficoltà di reperimento in particolari condizioni quali paesi in via di sviluppo economico), pertanto si stanno sviluppando ricerche relative a tecniche di conservazione alternative come la liofilizzazione di spermatozoi (Sitaula et al., 2009) e di cellule somatiche (Loi et al., 2008), che però necessitano ulteriori approfondimenti prima di essere utilizzate per la creazione di banche delle risorse genetiche.

Come sopra detto, quantità e tipo di materiale sono funzione degli obiettivi. Per la ricostruzione della razza sono stati analizzati l'uso di seme e di embrioni e di combinazioni di seme e di embrioni (Boettcher e coll., 2005). Sempre per la ricostruzione della razza sono stati investigati i costi associati a queste tre strategie, sia in fase di raccolta che di utilizzo (Gandini e coll., 2007). In alcune specie, quando l'obiettivo è la ricostruzione della razza, la quantità di materiale genetico da congelare può essere elevato e i costi associati considerevoli. E' quindi auspicabile indirizzare la ricerca anche alla identificazione di obiettivi di crioconservazione che richiedano minori costi, come per esempio la creazione di linee/razze sintetiche, che permettano di recuperare le caratteristiche più importanti della razza nel caso della sua estinzione.

CRIOCONSERVAZIONE IN ITALIA

Il materiale conservato: censimento 2008-09

In questo paragrafo si riportano i risultati del censimento delle collezioni italiane di materiale genetico crioconservato delle razze bovine locali italiane. Il censimento, condotto nel periodo 2008-09 nell'ambito del progetto EURECA, si è svolto contattando le istituzioni coinvolte nella crioconservazione delle razze locali e raccogliendo le informazioni relative agli animali donatori (data di nascita, padre, madre) e alle dosi di materiale stoccato (tipo, quantità, obiettivo di stoccaggio, proprietà, sito di stoccaggio). Per ciascuna razza sono state inoltre raccolte informazioni riguardanti l'utilizzo della inseminazione strumentale e i metodi utilizzati per la raccolta e confezionamento del seme.

L'indagine ha riguardato 23 razze bovine locali, elencate in Tabella 1 con le rispettive consistenze e il tipo di materiale genetico crioconservato (seme o embrioni). Per ciascuna razza viene indicata la classificazione del grado di minaccia di estinzione secondo la metodologia della FAO (www.fao.org/dad-is). In base a questa classificazione due razze, (Sardo Bruna, Siciliana), sono considerate "*minacciate*", sei (Agerolese, Garfagnina, Modenese, Pinzgauer, Pisana, Pustertaler) sono classificate "*minacciate con programmi di conservazione attivi*", cinque (Burlina, Cabannina, Calvana, Varzese-Ottonese-Tortonese e Pontremolese) sono considerate "*critiche con programmi di conservazione attivi*" e le restanti "*non a rischio*".

Tabella 1: Le razze bovine locali italiane censite. La numerosità è relativa all'anno 2007, il censimento del materiale genetico al 2008-09

Razza	n. vacche	Grado di minaccia – FAO	seme	embrioni
Agerolese	275	minacciata-mantenuta	si	
Burlina	518	critica-mantenuta	si	
Cabannina	287	critica-mantenuta	si	si
Calvana	426	critica-mantenuta	si	si
Garfagnina	186	minacciata-mantenuta	si	si
Modenese	575	minacciata-mantenuta	si	si
Ottonese Varzese	140	critica-mantenuta	si	si
Pisana	274	minacciata-mantenuta	si	si
Pontremolese	16	critica-mantenuta	si	si
Pustertaler	610	minacciata-mantenuta	si	
Sardo bruna	497	minacciata		
Siciliana	846	minacciata		
Cinisara	2857	non a rischio		
Maremmiana	4899	non a rischio	si	
Modicana	2567	non a rischio	si	
Oropa	5618	non a rischio	si	
Pinzgauer	1883	minacciata-mantenuta	si	
Reggiana	1380	non a rischio	si	si
Rendena	3980	non a rischio	si	
Sarda	3347	non a rischio		
Sardo Modicana	1309	non a rischio		
Valdostana Castana	6310	non a rischio	si	
Valdostana Pezzata Nera	1055	non a rischio	si	

Per gran parte delle razze (78%), con l'eccezione delle razze sarde (Sardo Bruna, Sardo Modicana, Sarda) e di quelle siciliane (Siciliana, Cinisara), sono state stoccate dosi di materiale seminale.

Solamente per otto razze (35%) sono stati stoccati anche embrioni (tabella 1).

La salvaguardia è gestita dall'Associazione Italiana Allevatori (AIA), con la supervisione del MiPAF, attraverso i Libri Genealogici e i Registri Anagrafici. Il censimento delle razze locali viene effettuato dall'AIA con la collaborazione delle Associazioni Provinciali Allevatori. L'AIA elabora per alcune razze piani di accoppiamento con l'obiettivo di controllare la consanguineità. Nessuna razza utilizza il sistema dei contributi ottimali per il controllo della parentela tra i riproduttori.

Nel gennaio 2009 è stato approvato dal MiPAF il nuovo Regolamento del Registro anagrafico delle razze bovine autoctone a limitata diffusione: Agerolese, Burlina, Cabannina, Calvana, Cinisara, Garfagnina, Modenese, Modicana, Mucca Pisana, Pezzata Rossa Oropa, Pinzgauer, Pontremolese, Pustertaler Sprinzen, Sarda, Sardo Bruna, Sardo Modicana, Varzese-Ottonese-Tortonese.

La legge 15 gennaio 1991, n. 30, relativa alla "Disciplina della riproduzione animale", le successive modifiche ed integrazioni disposte con la Legge 3 agosto 1999 n. 280, il Regolamento di attuazione D.M. 19 luglio 2000, n. 403, e il Decreto del Ministro delle Politiche Agricole e Forestali 12 febbraio 2001 pubblicato sulla GU del 19/3/2001 n. 65, stabilisco-

no i criteri generali e gli aspetti organizzativi cui devono fare riferimento le attività relative alla riproduzione animale delle specie bovina, equina, suina e ovi-caprina. Nei regolamenti di attuazione è prevista, per le razze autoctone e per i tipi genetici a limitata diffusione, in deroga, la possibilità di effettuare la raccolta del materiale genetico direttamente in azienda (D.M. 403/2000, art. 20).

Nel corso del censimento è stato chiesto quante delle dosi stoccate sono destinate alla riserva genetica, intesa come materiale genetico destinato unicamente a contrastare la comparsa di problemi genetici nella popolazione quali la perdita di fondatori, eccessiva consanguineità, mutazioni indesiderate o in caso di estinzione. Solo in alcuni casi esiste una gestione ben definita del materiale come riserva genetica, separata da quello per la gestione ordinaria o da materiale storico. E' pertanto opportuno e urgente sviluppare a livello nazionale delle linee guida per la creazione di vere e proprie riserve genetiche e promuovere al più presto la creazione delle stesse.

Le dosi di seme stoccato e il numero dei tori donatori sono riportati nella tabella 2. La maggior parte dei tori (57%) ha meno di 200 dosi di seme stoccato, soltanto pochi soggetti (3%) hanno più di 1000 dosi. Per l'88% dei tori di cui è stoccato il materiale seminale, è stato registrato almeno uno dei genitori. E' auspicabile in futuro avere una buona conoscenza delle genealogie dei donatori utili a guidare un utilizzo appropriato del materiale.

Tabella 2: Numero di dosi e tori stoccate per razza, censimento 2008-09

Razza	Numero dosi	Numero tori	Numero tori con n. dosi		
			<200	200-1000	>1000
Agerolese	9.056	27	9	18	
Burlina	6.014	30	19	11	
Cabannina	3.181	18	14	4	
Calvana	815	4	2	2	
Garfagnina	6.961	27	20	7	
Maremmana	1.500	1			1
Modenese	19.954	54	21	31	2
Modicana	945	2		2	
Ottone Varesino	1.407	8	3	5	
Oropa	4.927	67	64	3	
Pinzgauer	1.883	28	3	8	17
Pisana	6.110	37	26	11	
Pontremolese	2.113	8	5	3	
Pustertaler	1.100	11	11		
Reggiana	16.964	155	135	20	
Rendena	76.642	435	275	160	
Valdostana Castana	71.824	128	37	72	19
Valdostana Pezzata Nera	32.812	71	17	48	6

In alcune razze, tra le quali Cinisara, Sarda, Sardo Modicana, Siciliana, non viene utilizzata la Fecondazione Artificiale (FA), mentre in altre, quali la Modenese, Varesino-Ottone-Tortone e Reggiana, più del 90% delle bovine sono inseminate tramite FA. La presenza di FA facilita la creazione di raccolte di materiale seminale da utilizzare come riserva genetica.

Nelle razze locali italiane il materiale seminale viene frequentemente raccolto direttamente in allevamento in base alla deroga della legge n. 30/91 sopra citata (art.20 del D.M. 403/2000, approvazione del nuovo regolamento di esecuzione della legge 15 gennaio 1991, n. 30, concernente la disciplina della riproduzione animale). In particolare il 66% dei tori oggetto del censimento è stato prelevato in azienda. Questa deroga, che non è presente in tutti i Paesi UE, è molto utile per la creazione di riserve genetiche.

In Italia la maggior parte del materiale seminale (68,6%) viene confezionato in paillettes da 0.5 ml. Tuttavia in alcune razze bovine dell'arco alpino come la Pinzgauer, Pustertaler, Valdostana Pezzata Nera e Castana si utilizzano quasi esclusivamente dosi da 0.25 ml, come in molti Paesi europei.

Le Associazioni Allevatori sono proprietarie dell'85% delle dosi di seme delle razze locali, il 10% sono di proprietà di istituti di ricerca e soltanto il 5% di Centri di Fecondazione Artificiale. Sempre in base alle informazioni raccolte, il 95.5% dei finanziamenti per la crioconservazione delle razze locali proviene da fondi pubblici (Ministeri, Associazioni Allevatori).

Vi sono 9 Centri di stoccaggio, e il materiale genetico di una buona parte delle razze è stoccato in più di un Centro, ma purtroppo senza un reale coordinamento tra Centri sia per quanto riguarda la raccolta che lo stoccaggio.

Infine, nell'ambito del censimento sono anche state analizzate le Forze (Strengths) e le Debolezze (Weaknesses) dei programmi di crioconservazione in Italia, così come le Opportunità (Opportunities) e le Minacce (Threats) associate al contesto nazionale in cui si sono sviluppati i programmi di crioconservazione (analisi SWOT) (Pizzi e coll., 2010).

Le principali tre forze sono rappresentate: i.) dalla presenza di raccolte di materiale genetico (seme e embrioni) per la maggior parte delle razze locali italiane; ii.) dal ruolo attivo delle Associazioni Allevatori e dei centri di FA nella crioconservazione del seme delle razze locali; iii.) dalla possibilità di effettuare, in deroga alla legge, la raccolta del materiale seminale direttamente in azienda.

Tra tre principali debolezze sono: i.) i finanziamenti limitati; ii.) la mancanza di un coordinamento tra le differenti collezioni di materiale genetico; iii.) l'assenza di un database nazionale/regionale del materiale genetico crioconservato.

Tra le principali opportunità per lo sviluppo di programmi di crioconservazione delle razze bovine locali italiane: i.) l'efficiente sistema allevatorio; ii.) l'utilizzo di routine della FA nella maggior parte delle razze locali; iii.) gli incentivi all'uso della FA per alcune razze.

Nel contesto italiano sono presenti alcune minacce che condizionano lo sviluppo della crioconservazione delle razze locali, le principali tra queste: i.) la diminuzione dei fondi pubblici per l'agricoltura, per la gestione delle risorse genetiche animali e per la ricerca; ii.) la limitata strategia nazionale per la conservazione e per la gestione delle risorse genetiche animali; iii.) l'assenza di centri di FA in alcune aree.

VERSO UN NETWORK DELLE COLLEZIONI ITALIANE

La crioconservazione di materiale genetico ha costi elevati e le risorse disponibili per la salvaguardia sono generalmente limitate. E' quindi auspicabile ottimizzare il lavoro di raccolta e di stoccaggio, sia all'interno dei singoli Paesi che a livello internazionale. All'interno dei Paesi ottimizzare significa, tra le altre cose, pianificare a livello nazionale a quali razze dare la priorità di conservazione, definire gli obiettivi di raccolta e quindi tipo di materiale, quantità e criteri di selezione dei donatori, ed evitare duplicazioni di materiale genetico. A livello internazionale ottimizzare significa evitare duplicazioni di materiale nel caso di razze allevate in più Paesi e definire priorità di conservazione soprattutto in presenza di razze simili allevate in Paesi diversi.

Sulla base di queste considerazioni, alcuni Paesi europei hanno recentemente avviato forme di coordinamento delle attività di crioconservazione. Diverse esperienze sono in corso di sviluppo, che vanno dalla centralizzazione della proprietà e dello stoccaggio (per esempio in Olanda) alla centralizzazione dello stoccaggio e della gestione di raccolte effettuate negli anni passati, lasciando proprietà e diritto di veto sulla gestione all'ente che originariamente ha effettuato la raccolta (per esempio in Francia). I database FAO-DAD-IS e EFABIS consentono l'archiviazione di informazioni sul materiale genetico crioconservato delle razze di specie di interesse zootecnico nei diversi Paesi, anche al fine di evitare duplicazioni a livello internazionale e più in generale di stimolare le attività di crioconservazione.

Dal quadro delineato nel paragrafo 2.1 appare evidente la necessità di avviare anche in Italia un coordinamento della raccolta e dello stoccaggio del materiale genetico delle razze locali a rischio di estinzione. Per alcune razze, materiale seminale è stato raccolto e archiviato in passato da due o più enti diversi: a titolo di esempio, materiale della razza bovina Varzese è presente in tre raccolte non coordinate tra loro, quello della razza bovina Reggiana in due raccolte non coordinate tra loro di cui una detiene il 97% del materiale totale. Questa frammentazione e mancanza di coordinamento rende difficile il raggiungimento gli obiettivi di crioconservazione riportati nel paragrafo 1.1..

CryoWEB è un software open-source recentemente creato presso l'Institute of Farm Animal Genetics - Mariensee per l'archiviazione e la gestione delle informazioni relative a banche genetiche di animali domestici (<http://cryoweb.tzv.fal.de/>). Nell'ambito del progetto EFABIS-Net "*An integrated network of decentralized country biodiversity and genebank databases*", cofinanziato dalla Commissione Europea nell'ambito del programma GENRES, CryoWEB è stato installato in quattordici Paesi Europei tra i quali l'Italia (Duchev e coll., 2010). Cryo-WEB prevede in ogni Paese la presenza di un singolo Ente gestore del materiale genetico stoccato in uno o più siti. Considerato il fatto che in Italia vi sono diverse raccolte indipendenti e tra loro non coordinate, e che non vi sono ancora i presupposti per la creazione di una banca nazionale, abbiamo sviluppato un uso di Cryo-WEB atto a favorire lo scambio di informazioni tra le diverse raccolte e incoraggiare lo sviluppo di forme di collaborazione e coordinamento. Il Network delle Criobanche Italiane delle Risorse Genetiche Animali (CRIONET-IT) è quindi una banca virtuale (<http://www.genrescryonet.unimi.it/>) per condividere, tra istituzioni (istituzioni di ricerca, associazioni allevatori, centri di fecondazione artificiale ed enti di conservazione, ecc.) che hanno raccolto e detengono materiale genetico, le informazioni sul materiale crioconservato e per creare un network di istituzioni coinvolte nella crioconservazione delle razze locali. Il sistema è costituito da una singola installazione del sistema Cryo-WEB alla quale i diversi partner fanno affluire i dati relativi alle raccolte di materiale genetico di loro proprietà, o che comunque rappresentano all'interno del Network. In CRIONET-IT sono archiviate informazioni relative a materiale genetico (materiale seminale, embrioni, oociti, cellule somatiche) conservato come back-up da utilizzare in caso di comparsa di problemi genetici nelle razze, quali perdita di linee genetiche, eccessiva consanguineità, o per la ricostruzione della razza in caso di estinzione. CRIONET-IT inoltre archivia informazioni relative a materiale stoccato (es. sangue, bulbo pilifero) come possibile fonte di DNA. CRIONET-IT non archivia informazioni relative a materiale da utilizzare nella gestione ordinaria delle popolazioni. I partner sono responsabili della qualità delle informazioni archiviate e del loro aggiornamento. Il sistema produce diversi report dell'informazione archiviata, alcuni dei quali sono stati appositamente creati per l'uso di Cryo-WEB nel sistema italiano sopra descritto. L'accesso al database è consentito ai soli partner del network. Il sistema include però un sito web di libero accesso che riporta statistiche del materiale genetico "archiviato" nel database, quali tipo e quantità di materiale genetico per donatore, per razza e per specie. Inoltre il sito fornisce informazioni sui partner del Network e sui collaboratori, e intende mettere a disposizione di tutti coloro che operano nella crioconservazione delle risorse gene-

tiche animali documenti e protocolli. Il Network vuole offrire opportunità di collaborazione per una riorganizzazione delle raccolte italiane di materiale genetico relativo alle razze domestiche minacciate italiane, in particolare per ridurre l'attuale frammentazione e per evidenziare i gap presenti, evitare duplicazioni, fornire occasioni per sviluppare protocolli di raccolta e stoccaggio comuni. Tutto ciò in linea con la priorità strategica n. 8 del Global Plan of Action for Animal Genetic Resources, adottato dalla Conferenza Tecnica Internazionale sulle Risorse Genetiche Animali di Interlaken, nel settembre 2007. I partner, a 5 mesi dall'avvio, sono 6, e nuove adesioni sono in corso di definizione.

BIBLIOGRAFIA

- 1) Boettcher, P.J., Stella, A. Pizzi, F., Gandini, G. (2005) The combined use of embryos and semen for cryogenic conservation of mammalian livestock genetic resources. *Genetics, Selection Evolution* 37 : 657-675.
- 2) Duchev, Z., Groeneveld, E., Berger, B., Hiemstra, S.J., Viinalass, H., Dýrmondsson, O., Kompan, D., Oravcova, M., Marguerat, C., Mäki-Tanila, A. and Gandini, G. (2010). Towards uniform gene bank documentation in Europe – the experience from the EFABISnet project. *Proceedings 9th WCGALP Congress, Lepizig*.
- 3) Loi P., Matsukawa, K., Ptak, G., Clinton, M., Fulka, J., Nathan, Y., Arav, A. (2008) Freeze-Dried Somatic Cells Direct Embryonic Development after Nuclear Transfer. *Plos one* 3(8).
- 4) Galli C., Lagutina, I., Lazzari, G. (2010) Turning cells into animals by SCNT: a reproduction challenge. *Proceedings Annual meeting of the Italian Society for Zootechnics Progress, Milan, 20-11-2009*, 91-97.
- 5) Gandini G., Oldenbroek, K. (2007) Strategies for moving from conservation to utilisation. In: Oldenbroek, K. (Ed.) *Utilisation and conservation of farm animal genetic resources*. Pp 232. Wageningen Academic Publishers, Wageningen.
- 6) Gandini G., Pizzi, F., Stella, A., Boettcher, P.J. (2007). The costs of breed reconstruction from cryopreserved material in mammalian livestock species. *Genetics, Selection, Evolution* 39 : 465-479.
- 7) Hiemstra, S.J. (curatore), (2003). Guidelines for the constitution of national cryopreservation programmes for farm animals. Publication n. 1 of the European Regional Focal point on Animal Genetic Resources.
- 8) Hiemstra, S.J., de Haas, Y., Maki-Tanila, A., Gandini G. (curatori) (2010) . Local cattle breeds in Europe: development of policies and strategies for self-sustaining breeds. Wageningen Academic Publishers, The Netherlands.
- 9) Meuwissen, (2007) T.H.E. Operation of conservation schemes. In: K. Oldenbroek (Ed.) *Utilisation and conservation of farm animal genetic resources*. Pp 232. Wageningen Academic Publishers, Wageningen.
- 10) Pizzi, F., Duclos, D., Woelders, H., Maki-Tanila A. (2010) Role and state of cryopreservation in local cattle breeds. In: Hiemstra, S.J., de Haas, Y., Maki-Tanila, A., Gandini G. (curatori). *Local cattle breeds in Europe: development of policies and strategies for self-sustaining breeds*. Wageningen Academic Publishers, The Netherlands,
- 11) Sitaula R., Elmoazzen, H. Toner, M., Bhowmick, S. (2009). Dessication tolerance in bovine sperm: a study of the effect of intracellulars sugars *Cryobiology* 58, 322-330.

SELEZIONE CON CONTROLLO DELLA CONSANGUINEITÀ NELLE RAZZE LOCALI: RISULTATI PRELIMINARI¹

(*Selection and inbreeding control in the local breed: preliminary results*)

G. GANDINI¹, M. DEL CORVO^{1,2}, A. STELLA²

¹ Dipartimento di Scienze e Tecnologie Veterinarie per la Sicurezza Alimentare,
Facoltà di Medicina Veterinaria, Università degli Studi di Milano

² Istituto di Biologia e Biotecnologia Agraria - Consiglio Nazionale delle Ricerche, Milano

SUMMARY

Most local breeds do not benefit from modern breeding techniques. Selection programmes capable of increasing their genetic ability and the profitability for the farmer would be beneficial for their conservation. Breeding goals should respect the conservation value of the breed and selection schemes should take into account maintenance of genetic variation, adaptation to the farming environment and cost feasibility. This note reports some preliminary results of an investigation on genetic progress in simulated demographically structured dairy and dual purpose cattle populations of 500 to 6,000 cows. Dams of sires (DS) and sires of sires (SS) are selected by optimizing genetic contributions (OC) with a penalty on relationship. Generally an inbreeding rate per year of 0.3% was considered. Genetic progress increases by increasing number of breeding females from 500 females (0.174 units of σ_a) to 4,000 females (0.180 units of σ_a) with, on average, a genetic progress 8% higher than with EBV truncation selection. By allowing the use of SS from age 1 to age 10 produces higher genetic gains than using them one year only. By constraint the use of SS from the age of 5 to the age of 10 did not produce additional gains. In dual-purpose populations, young sires were selected among males performance tested males with OC selection or alternatively with truncated selection and these two strategies did not differ in terms of genetic gain and control of inbreeding rate. When inbreeding rate was set to 2% per year, on average the loss of genetic gain was around 10%. Optimisation of selection schemes is discussed. We are currently investigating progeny test schemes and closed nuclei.

SELEZIONE NELLE PICCOLE POPOLAZIONI

La selezione con indici genetici è usata raramente nelle razze locali di poche centinaia/migliaia di femmine, presumibilmente a causa del fatto che può accelerare deriva genetica e consanguineità. Le popolazioni numericamente piccole sono infatti di per sé particolarmente esposte a perdite di variabilità genetica, legate al fenomeno della deriva genetica, e cioè alle fluttuazioni casuali delle frequenze geniche da una generazione alla successiva dovuto ad errori di campionamento dei geni. Inoltre, l'intensità di selezione è funzione della proporzione di animali selezionati tra i candidati, ed è maggiore quanto la proporzione di animali selezionati è inferiore, ma questo d'altra parte riduce la dimensione effettiva di popolazione e quindi accelera la deriva genetica.

Il progresso genetico atteso, $\Delta G = i \cdot r$, dipende non solo dalla intensità di selezione (i) ma anche dalla accuratezza delle stime dei valori genetici degli animali (r). Generalmente stime più accurate si ottengono utilizzando, in aggiunta - ove disponibile - al fenotipo dell'individuo, informazioni su animali parenti. Questa metodologia porta a selezionare animali parenti e questo contribuisce ulteriormente ad accelerare consanguineità e deriva genetica.

Un secondo aspetto che può spiegare la scarsa applicazione della selezione nelle razze locali è il fatto che questa può avere costi elevati. Per esempio, in un classico schema di selezione con prova di progenie il costo unitario della dose di seme è molto diverso se il toro provato produce un piccolo numero di dosi di materiale seminale (poche femmine da inseminare) o elevato (molte femmine da inseminare).

A fronte dei potenziali impatti negativi su variabilità genetica e sui costi, il miglioramento genetico può aumentare la redditività di razza, stimolare l'interesse degli allevatori e conseguentemente allontanare rischi di estinzione (es. Gandini and Oldenbroek, 2006). Per questi motivi è utile approfondire quali siano opportunità e limiti della selezione nelle piccole popolazioni.

Intensità di selezione maggiori, come sopra ricordato, e intervalli di generazione inferiori producono un maggiore progresso genetico annuo, ma anche maggiori incrementi annui di consanguineità. Di conseguenza un compromesso tra risposta alla selezione (ΔG) e incremento di consanguineità (ΔF) deve essere trovato e le due forze devono essere prese in considerazione con segno opposto ($+\Delta G$, $-\Delta F$). Quando disponiamo delle informazioni genealogiche sui candidati, la migliore strategia è quella di controllare la parentela tra gli animali selezionati. Più nello specifico, dobbiamo individuare il set di contributi genetici dei candidati alla prossima generazione in funzione di massimizzare il loro valore genetico e di minimizzare la parentela tra i riproduttori.

Uno dei metodi che adotta questo tipo di approccio è quello dei contributi ottimali (OC) (Meuwissen, 1997). Si tratta di un sistema dinamico, che sceglie gli animali sulla base delle parentele create nelle generazioni precedenti e non richiede quindi schemi regolari. D'altra parte, il metodo dei contributi ottimali richiede buone informazioni genealogiche e un forte controllo sulla riproduzione perché identifica i riproduttori da utilizzare e il numero di figli (accoppiamenti) desiderati da ciascuno.

Analizzando il metodo nel dettaglio si può affermare che l'obiettivo principale è quello di trovare il gruppo di contributi c_i (è cioè il numero di figli dell'animale i candidato a diventare riproduttore) che massimizzi la seguente funzione:

$$\sum_i c_i e b v_i - \sum_i \sum_j c_i c_j f_{ij}$$

dove $e b v_i$ è l'indice dell'animale candidato i , f_{ij} è la parentela tra l'animale candidato i e l'animale candidato j , $\sum_i (\sum_j)$ è la somma su tutti i candidati e c_i (c_j) è il contributo dell'animale i alla generazione successiva.

A sua volta $c_i = 1/2 n_i/N$; dove n_i sono numero di figli del candidato i , N il numero totale di progenie e la proporzione di progenie data dall'animale i (n_i/N) è moltiplicata per 1/2 perché ogni riproduttore (maschio o femmina) contribuisce solo metà dei suoi geni alla progenie.

Il sistema di selezione OC ad oggi è stato valutato solo in schemi relativamente semplici (es. Meuwissen, 1997; Meuwissen and Sonesson, 1998).

Nell'ambito del progetto SELMOL e del progetto "Risorse Biologiche e Tecnologie per lo Sviluppo Sostenibile del Sistema Agro-Alimentare" stiamo svolgendo delle indagini per identificare e confrontare schemi selettivi per razze locali bovine con controllo della consanguineità e con costi di gestione limitati (es. Gandini e coll. 2009).

Questa breve nota riporta alcuni risultati con lo scopo di illustrare a grandi linee il potenziale utilizzo della selezione OC nelle piccole popolazioni bovine, di cui l'Italia è particolarmente ricca.

LE POPOLAZIONI SIMULATE

Metodologia

Nell'ambito del progetto è stato sviluppato un software, prossimamente disponibile su internet, per simulare un ampio spettro di schemi di selezione, in popolazioni bovine e ovi-caprine, con controllo della consanguineità.

Il modello genetico simulato è quello infinitesimale, con selezione con i contributi ottimali (OC) implementato con una penalità sulla parentela tra gli animali selezionati, o alternativamente con selezione di troncamento. L'effetto della consanguineità sulla varianza del campionamento mendeliano non è stato considerato. La selezione è possibile per un carattere latte e/o un carattere carne. La selezione è attuabile sui padri (SS) e sulle madri (DS) di maschi, e sui padri di femmine (SD). Le femmine nate da DS sono scelte preferenzialmente per la rimonta. Vi è la possibilità di variare l'età di utilizzo dei maschi, e quindi di simulare prove di performance e/o di progenie. Il software permette, dopo la selezione, di minimizzare la parentela di accoppiamento. Vi è inoltre la possibilità di simulare l'apporto di miglioramento genetico di un nucleo chiuso alla popolazione fuori nucleo (es. popolazioni ovi-caprine in assenza di controlli funzionali diffusi). Le popolazioni simulabili sono demograficamente strutturate in classi di età.

Risultati

In questa nota, come già anticipato, presentiamo alcuni risultati a titolo di esempio delle potenzialità e limiti della selezione OC in piccole popolazioni bovine a duplice attitudine, con alcuni approfondimenti in popolazioni bovine selezionate per un solo carattere (latte). Una buona percentuale delle razze bovine locali europee, incluse le italiane, sono allevate per la produzione di latte e di carne, con un'enfasi sui due caratteri che può sensibilmente variare tra razze; per esempio la selezione può essere indirizzata a migliorare entrambe le caratteristiche latte e carne, oppure al miglioramento della produzione quali-quantitativa di latte senza perdere le caratteristiche di produzione carne.

In Figura 1 è riportato il progresso genetico atteso annuo, con selezione per un carattere latte e un carattere carne (indice multiple trait aggregato), in funzione della dimensione di popolazione, da 500 a 6.000 femmine controllate. La selezione di SS e DS è fatta con il metodo dei contributi ottimali (OC), oppure alternativamente con selezione troncamento (No-OC), a parità di ΔF (3% anno), corrispondente a circa 1% per generazione. Sedici SD sono scelti tra i giovani maschi (YS, n. 48) nati dalle DS e dagli SS, dopo prova di performance per il carattere carne con una selezione classica di troncamento. Nel caso di selezione OC, gli SS sono selezionati tra gli YS al fine di avere un più ampio spettro di candidati in termini di valore genetico e relazioni di parentela. Con ambedue le strategie di selezione e in tutte le popolazioni simulate il numero delle DS è di 134 (corrispondenti a 48 YS). Per quanto riguarda gli SS, nel caso della selezione di troncamento il loro numero è fissato a 11. Nel caso di selezione OC il numero degli SS viene invece scelto dal sistema al fine di ottimizzare il progresso genetico rispettando il vincolo di ΔF , e in media tra le popolazioni simulate è risultato essere tra 9,5 (500 femmine) e 11,5 (6.000 femmine) circa. In entrambi gli schemi, YS e SS sono utilizzati per un solo anno. L'età media delle madri di vacche è di 4,5 anni, mentre quella delle DS è leggermente superiore.

Il progresso genetico annuo sale all'aumentare della dimensione di popolazione, fino a circa 4000 femmine. Tra 4000 e 6000 femmine il progresso genetico sembra arrestarsi o salire assai più lentamente, dove sembra stabilizzarsi. Stiamo simulando popolazioni di dimensioni maggiori per avere una conferma di questa dinamica, che sembra essere principalmente legato all'intensità di selezione delle DS. Con la selezione di troncamento il progresso genetico

sale da 0,159 (500 femmine) a 0,182 (6000 femmine), con la selezione OC da 0,174 (500) a 0,199 (6000), con una differenza media a favore di OC di 0,013 unità di deviazioni standard genetica additiva (DS 0,002), corrispondente ad un progresso genetico 8% maggiore in media tra le popolazioni simulate.

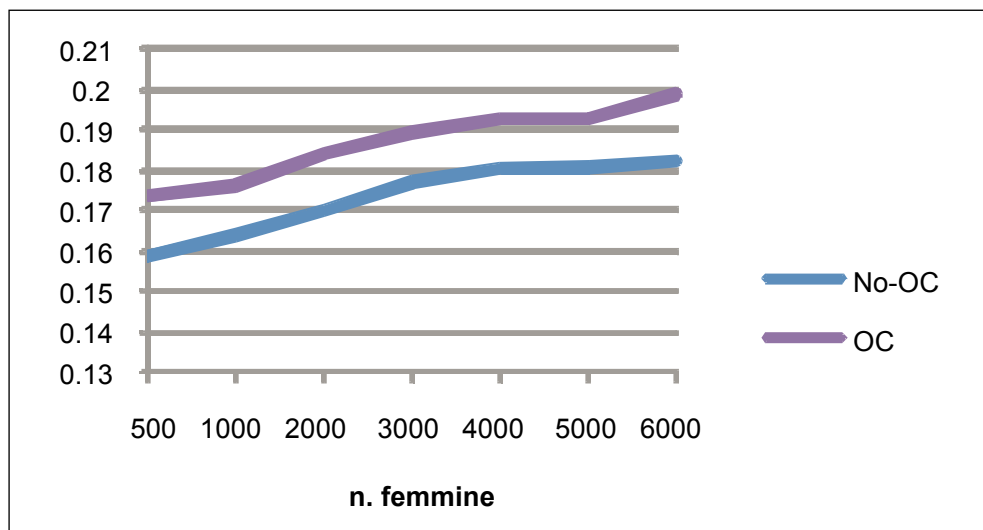


Figura 1: Progresso genetico atteso all'anno, in funzione della dimensione di popolazione e della strategia di selezione di DS e SS (No-OC, OC). Selezione per due caratteri latte-carne.

Negli schemi riportati in figura 1 la selezione degli SD tra i giovani maschi usciti dalla prova di performance avveniva con selezione di troncamento (sulla base dei soli EBV) e i risultati dimostrano che è possibile controllare la consanguineità utilizzando la selezione OC solo sugli SS e DS. Ci siamo però posti la domanda se l'utilizzo della selezione OC anche per la selezione degli SD potesse corrispondere ad un maggiore progresso genetico, ovviamente sempre a parità di F di 3% anno. I risultati sono riportati in figura 2, in popolazioni da 500 a 2000 femmine. Per ciascuna dimensione di popolazione sono state simulate due intensità di selezione degli SD, e cioè la selezione di 8 SD su, rispettivamente, 24 o 56 YS. I risultati dimostrano che il progresso genetico non cambia utilizzando o non utilizzando la selezione OC sulla via SD, anche quando l'intensità di selezione è elevata (8 SD selezionati tra 56 YS). Il controllo del tasso di consanguineità a livello del 3% annuo ha richiesto, nel caso della selezione di troncamento, una penalità sulla parentela lievemente maggiore che nel caso di selezione OC, dimostrando che il tasso di consanguineità è determinato in gran parte dalla selezione degli SS.

Nelle popolazioni zootecniche viene generalmente suggerito di non superare un tasso di consanguineità per generazione di circa 0,5 – 1% (es. Meuwissen e Woolliams, 1994). Nelle precedenti simulazioni il tasso di consanguineità era fissato a 0,3% anno corrispondente a circa 1% per generazione. Abbiamo voluto studiare quale costo in termini di progresso genetico ci possiamo attendere abbassando il tasso di consanguineità da 0,3% a 0,2% all'anno, corrispondente a circa 0,67% per generazione. In figura 3 è riportato il progresso genetico in popolazioni da 500 a 3000 femmine (YS n.48; SD n.8; DS n.134; SS in media n.14), ai due livelli di incremento di consanguineità annuo, di 0,3% e di 0,2%. Osserviamo come la dimi-

nuzione del tasso di consanguineità corrisponde ad una contrazione del progresso genetico di circa 12,6% nel caso di 500 femmine e di 8,9% con 2000 femmine.

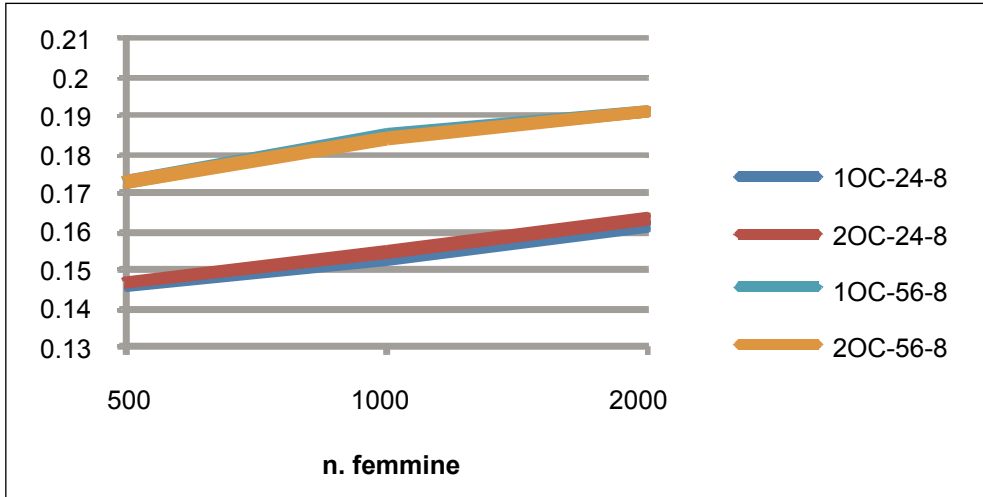


Figura 2: Progresso genetico atteso all'anno, in funzione della dimensione di popolazione e della strategia di selezione degli SD dopo performance test (1OC, 2OC) e della proporzione dei selezionati (24-8; 56-8). Selezione per due caratteri latte-carne.

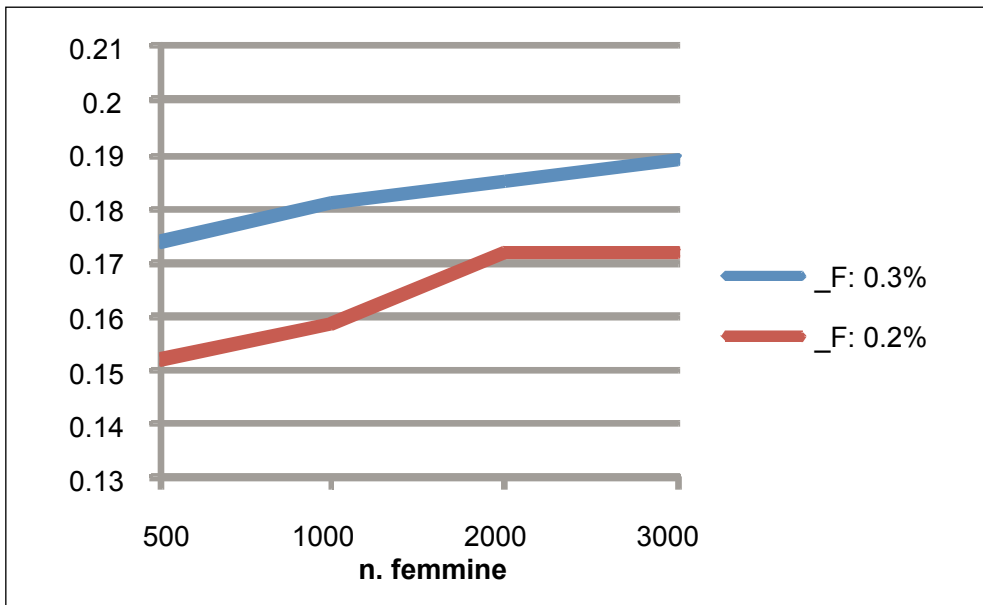


Figura 3: Progresso genetico atteso all'anno, in funzione della dimensione di popolazione e del vincolo posto sul tasso di consanguineità annuo (0,3%; 0,2%). Selezione per due caratteri latte-carne.

Nei precedenti schemi, SD ed SS erano utilizzati un solo anno. Utilizzando come esempio popolazioni selezionate per un solo carattere (latte), con una schema selettivo simile a quello sopra presentato per popolazioni a duplice attitudine (*i.e.*, assenza di prova di progenie e selezione di SS e DS con metodo OC, uso degli YS nati da SS e DS come SD per un solo anno e selezione degli SS tra gli YS), abbiamo analizzato l'effetto di utilizzare gli SS per più di un anno. In particolare abbiamo analizzato: i.) l'uso degli SS per un periodo massimo di 10 anni (NPT1-10), ii.) l'uso degli SS tra una età minima di 5 anni ed una massima di 10 anni (NPT 5-10), questo considerando che a partire dall'età di 5 anni il toro è valutato sulle produzioni delle figlie e quindi il suo EBV avrà una maggiore accuratezza. Le due ipotesi sono confrontate in termini di progresso genetico, sempre ad un F di 3% anno, con l'utilizzo degli SS per un solo anno (NPT 1-1), in popolazioni da 500 a 6.000 femmine (figura 4). In tutte le popolazioni simulate il numero degli YS (SD) è 8, corrispondente a 23 DS. Osserviamo che in tutti i casi, come precedentemente visto in Figura 1 per popolazioni selezionate per due caratteri, il progresso genetico aumenta con la dimensione della popolazione fino a una dimensione di circa 4000 femmine, per poi stabilizzarsi. Più in particolare, lo schema che prevede l'utilizzo degli SS per un solo anno produce, a tutte le dimensioni di popolazione simulate, un progresso genetico inferiore alle due strategie che comportano un uso più prolungato degli SS. Per quanto riguarda queste due strategie, il progresso genetico è abbastanza simile anche se un uso degli SS per un massimo di 10 anni senza alcun vincolo sulla età minima, e quindi sul fatto che l'indice del toro sia stimato sulle produzioni delle sue figlie o su sull'indice dei genitori, sembra garantire un progresso genetico lievemente maggiore. Il sistema OC quindi, quanto più ampia è la rosa dei candidati in termini di valore genetico e parentela media tra candidati, tanto più sembra offrire le migliori performance. Il sistema seleziona circa metà degli SS con età superiore ai 3 anni. In media, tra le popolazioni simulate, la strategia NPT 1-10 garantisce un miglioramento genetico, come media tra le popolazioni simulate, circa l'8% maggiore di quello ottenuto con la strategia NPT 1-1.

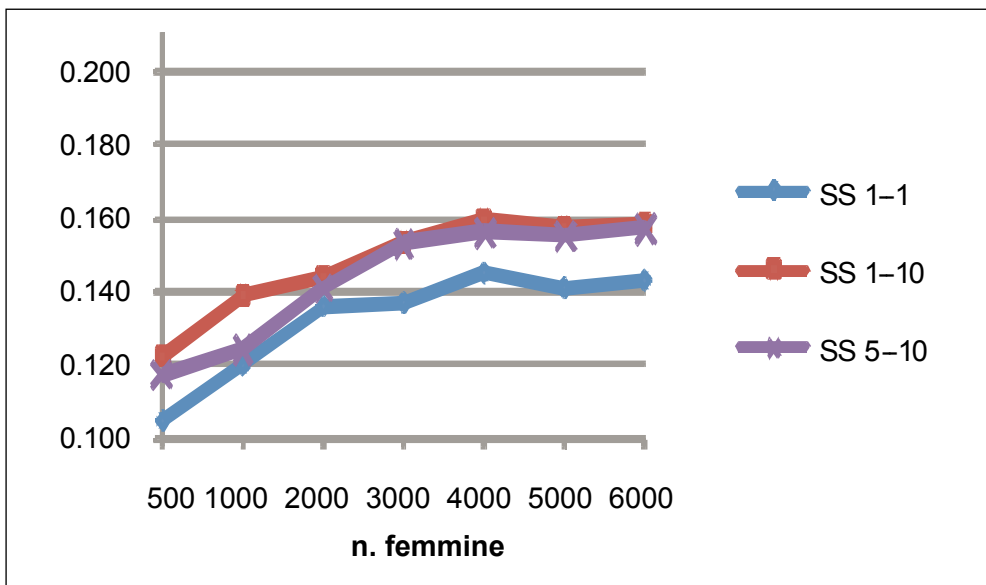


Figura 4: Progresso genetico atteso all'anno, in funzione della dimensione di popolazione e dell'età minima- massima degli SS (1-1; 1-10, 5-10). Selezione per un carattere latte.

Nelle analisi sopra riportate, per il grande tempo di calcolo che la simulazione avrebbe richiesto, non abbiamo provato ad ottimizzare i diversi schemi. Da alcune prove in corso, il processo di ottimizzazione sembra richiedere riflessioni in parte diverse da quelle richieste per una schema di selezione non OC, dove il progresso genetico annuo atteso è stimato a partire dalle intensità di selezione, accuratèzze e dagli intervalli di generazione delle diverse vie di selezione. Un esempio in questo senso è stato già fornito dai risultati riportati in figura 4. La selezione OC opera le scelte in base alla situazione della generazione precedente, e quindi un ampio spettro di candidati potrebbe garantire il migliore progresso genetico.

A titolo di esempio, in popolazioni di 200 e 400 femmine abbiamo confrontato l'uso di un numero di YS crescente da 7 a 125 (400 femmine) e da 7 a 63 (200 femmine), corrispondenti rispettivamente a 20 DS (7 YS) e 342 DS (125 YS). Nella figura 5 osserviamo, come all'aumentare del numero di giovani tori (YS) il progresso genetico aumenta, raggiunge un picco per poi diminuire. Un numero maggiore di YS corrisponde ad una minore intensità di selezione sulle madri di toro (DS). D'altra parte nei padri di toro (SS) aumenta l'intensità di selezione e aumenta lo spettro dei candidati tra i quali scegliere animali che abbassino la parentela tra i riproduttori senza penalizzare troppo il loro indice medio.

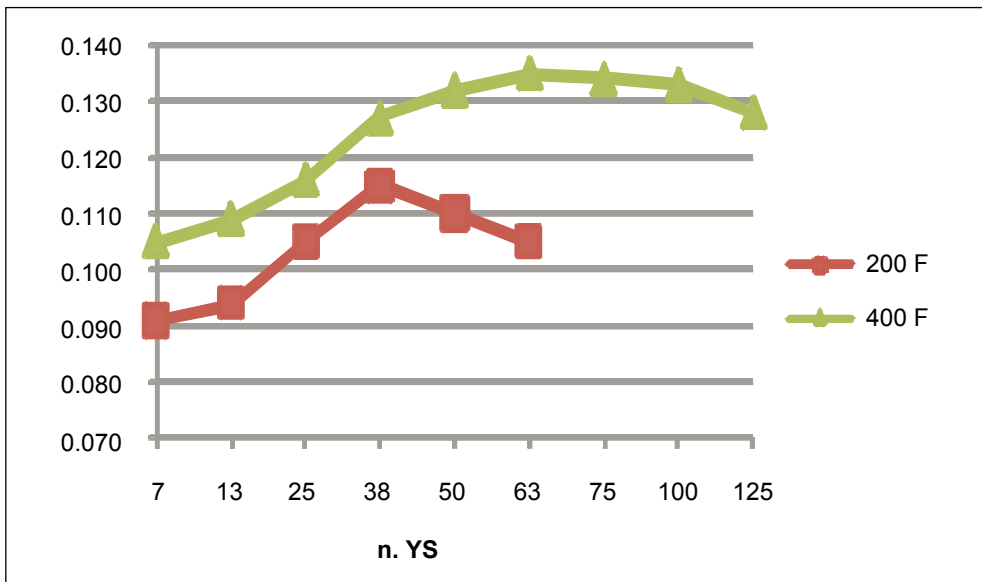


Figura 5: Progresso genetico atteso all'anno, in funzione del numero di YS (e conseguentemente n. DS) in popolazioni di 200 e 400 femmine. Selezione per un carattere latte.

CONCLUSIONI

In Italia sono allevate numerose razze bovine locali per la produzione di latte, generalmente con una certa attenzione a migliorare anche l'attitudine carne o quantomeno a non sacrificarla a fronte dell'incremento della produzione di latte. Per alcune di queste, iscritte ai Libri Genealogici, sono in atto programmi di selezione con indici genetici con selezione tradizionale. Per quelle iscritte ai Registri Anagrafici la selezione non è prevista anche se in alcuni casi i controlli funzionali vengono effettuati.

Sarebbe auspicabile, ove vi siano le condizioni e l'interesse degli allevatori, avviare anche in queste razze programmi di selezione basati sul metodo OC. A questo proposito è opportuno sottolineare che anche in popolazioni di poche centinaia di femmine una certa selezione sui tori viene comunque fatta. Si tratta quindi di sostituire eventualmente l'attuale selezione massale con un selezione OC sulla base di indici genetici e con preciso controllo sui tassi di consanguineità. Un secondo aspetto da sottolineare è quello degli eventuali obiettivi di selezione, che devono rispettare il valore di conservazione delle singole razze e quindi le loro caratteristiche più singolari, in altre parole il mantenimento della variabilità non solo entro razza (con il controllo della consanguineità) ma anche quella tra razze.

Questa nota, per ragioni di spazio, intende fornire solamente alcune riflessioni su opportunità e limiti della introduzione della selezione OC in razze locali bovine italiane, senza affrontare in modo esaustivo l'argomento. Attualmente stiamo simulando altri schemi, in particolare schemi con prova di progenie, e per quanto riguarda la specie ovi-caprina, dove spesso gran parte della popolazione non è sottoposta a controlli funzionali, la selezione in nucleo chiuso e la ricaduta in termini di progresso genetico nella popolazione fuori nucleo che riceve periodicamente gli NYS e gli SS che hanno lavorato nel nucleo, oppure alternativamente un gruppo di giovani maschi prodotti in modo specifico per la popolazione fuori nucleo e gli NYS e gli SS dopo che hanno lavorato nel nucleo. La scelta dello schema dipende principalmente dal numero di maschi richiesti dalla popolazione fuori nucleo.

Infine, il software utilizzato per identificare e confrontare schemi di selezione per razze locali a bassa numerosità è stato ulteriormente sviluppato in modo da potere essere utilizzato da tecnici e ricercatori per simulare popolazioni di numerosità specifica ed identificare lo schema selettivo migliore per una determinata razza in funzione del progresso genetico ottenibile e della semplicità di implementazione in campo, ovviamente sempre ad un tasso di consanguineità annuo prefissato. L'obiettivo è quello di uno strumento per programmare la selezione nelle razze locali. Tutto ciò in linea con la priorità strategica n. 4 del Global Plan of Action for Animal Genetic Resources, adottato dalla Conferenza Tecnica Internazionale sulle Risorse Genetiche Animali di Interlaken, nel settembre 2007

BIBLIOGRAFIA

- 1) Gandini, G., Oldenbroek, K. (2007). Strategies for moving from conservation to utilisation In: K. Oldenbroek (Curatore) Utilisation and conservation of farm animal genetic resources. Pp 232. Wageningen Academic Publishers, Wageningen.
- 2) Gandini, G., Del Corvo, M., Spagnoli, E., Jansen, G., Stella, A. (2009) Genetic progress and inbreeding control in simulated cattle breeds with low population numbers. Atti EAAP, Barcelona.
- 3) Meuwissen, T.H.E., (1997). Maximising the response of selection with a predefined rate of inbreeding. *J. Anim. Sci.* 75: 934-940.
- 4) Meuwissen, T.H.E. e Woolliams, J.A. (1994). Effective sizes of livestock populations to prevent a decline in fitness. *Theoretical Applied Genetics.* 89:1019.
- 5) Meuwissen, T.H.E. and Sonesson, A.K. (1998). Maximising the response of selection with a predefined rate of inbreeding – overlapping generations. *J. Anim. Sci.* 76: 2575-2583.

MARCATORI MOLECOLARI, GENOMA E RISORSE GENETICHE ANIMALI

(Molecular markers, genome and animal genetic resources)

L.COLLI^{1,2}, R.NEGRINI^{1,2}, P. AJMONE MARSAN^{1,2}, GLOBALDIV CONSORTIUM³

¹ Istituto di Zootecnica, Università Cattolica del S. Cuore, via Emilia Parmense, 84, 29122 Piacenza

² Centro di Ricerca sulla Biodiversità e DNA antico – BioDNA – Università Cattolica del S. Cuore, via Emilia Parmense, 84, 29122 Piacenza

³ www.globaldiv.eu

SUMMARY

This short review describes the applications of DNA markers to the characterization of Farm Animal Genetic Resources (FAnGR). In the last fifteen years, the European Community and other Institutions, as FAO and IAEA, have funded a number of international projects on the investigation of FAnGR biodiversity at the continental scale. These projects have identified domestication sites and ancient migration routes, investigated geographic patterns of genetic diversity, located hot spots of diversity and distinctiveness, in some case integrating genetics, socio-economics and environmental information in GIS-based representations. Most of these projects have used “traditional” low throughput molecular markers, as microsatellites and AFLPs. Now we are in the genomic era: whole genome sequences of all farm animal species are or will soon be available. This already marked a quantum leap in the amount of information known on genome polymorphisms, and stimulated the development of high-throughput marker technologies. Nowadays hundred of thousand molecular markers can be genotyped at low cost. Soon whole genome or whole exome sequencing of FAnGR will become affordable. Gigabytes of genomic information need proper tools, skills, and hardware for management and analysis but will shed new light on the origin of biodiversity, on neutral and functional portions of the genome and will permit a more efficient management of diversity and selection programs.

PREMESSA

Molto del materiale descritto in questa rassegna è stato raccolto o prodotto nel corso del progetto finanziato dall’Unione Europea “A Global view of livestock diversity – GLOBALDIV”(www.globaldiv.eu). A questo progetto hanno partecipato Istituzioni Internazionali (FAO, IAEA, EAAP, ILRI) e ricercatori di tutti i continenti, tra i quali alcuni italiani (vedi Ajmone Marsan e GLOBALDIV Consortium, 2010) allo scopo di definire lo stato dell’arte della caratterizzazione molecolare delle risorse genetiche animali ed identificare future linee e strategie di ricerca.

INTRODUZIONE

La diversità genetica di una specie zootecnica dipende dalla variabilità genetica entro e tra razze, linee e popolazioni. Mantenere la massima quantità di variazione nelle risorse genetiche animali è importante per poter applicare in futuro nuove strategie di selezione e per scegliere animali adatti a produrre in condizioni di allevamento ed agro-climatiche diverse. Inoltre la diversità genetica delle specie zootecniche è di grande interesse scientifico, per la comprensione delle basi molecolari della variabilità fenotipica (FAO, 2007) e per la ricostruzione della storia evolutiva degli animali domestici (Groeneveld et al., 2010, Ajmone Marsan et al., 2010).

Negli ultimi 25 anni molte razze locali si sono estinte ed un numero sempre crescente è a rischio di estinzione a causa della diffusione di una zootecnia di tipo industriale basata sull'allevamento di poche razze altamente produttive e dell'abbandono delle aree agricole marginali. Dal punto di vista produttivo, le razze locali non sono competitive nei confronti delle razze industriali, ma hanno caratteristiche di rusticità, di adattamento a clima, malattie e condizioni di allevamento e di qualità dei prodotti che sarebbe utile conservare. La conservazione, tranne che in pochi casi virtuosi, è un costo, e le risorse sono limitate. In queste condizioni bisogna definire delle priorità di azione. In questo scenario il contributo della ricerca attraverso le analisi molecolari è stato importante per la ricostruzione della storia evolutiva e per la caratterizzazione, valorizzazione, gestione genetica e conservazione delle risorse genetiche animali. Come conseguenza, la caratterizzazione delle popolazioni zootecniche a livello genetico/molecolare è diventata un settore di ricerca molto attivo (Groeneveld et al., 2010). L'utilizzo di marcatori molecolari, varianti del DNA che vengono evidenziate in laboratorio con diverse tecnologie, ha cercato di surrogare la mancanza di informazioni sulle basi genetiche dei caratteri fenotipici. Quello che si dovrebbe e vorrebbe conservare è, infatti, la diversità genetica funzionale delle razze, cioè la variabilità dei geni che controllano caratteri espressi dagli animali e che sono o potranno essere utili in futuro. In realtà, poco si sa di questi geni e spesso anche dei caratteri fenotipici di molte razze considerate a rischio di estinzione. Ancora meno dei caratteri che saranno utili in futuro. Si assume quindi che razze che appaiono diverse quando sono analizzate con un pannello di marcatori neutri, lo siano anche per gli alleli che controllano caratteri funzionali. Per questo motivo la stima della variabilità molecolare entro e tra razze e la ricostruzione della storia evolutiva delle specie zootecniche - che permette di comprendere come questa diversità si sia originata e sia stata poi plasmata da diverse forze evolutive - sono informazioni necessarie ai processi decisionali relativi alla conservazione. Le informazioni sulla variabilità genetica entro e tra razze sono utili per una corretta gestione genetica della diversità al fine di evitare la consanguineità eccessiva e permettono l'identificazione di razze originali, con genotipi particolari, da conservare in modo prioritari.

I MARCATORI MOLECOLARI

Un marcatore genetico è una variazione locus-specifica che viene trasmessa da una generazione alla successiva in modo mendeliano. I primi marcatori utilizzati sono stati caratteri fenotipici monogenici (per esempio il colore del mantello in alcune razze). In seguito sono stati impiegati polimorfismi proteici presenti nel sangue (gruppi sanguigni, isozimi) e nel latte (caseine, sieroproteine) per effettuare le prime indagini sulla diversità genetica animale (es. Medjugorac et al., 1994). Le tecnologie di analisi molecolare hanno in seguito permesso lo sviluppo di diverse classi di marcatori genetici che permettono di visualizzare polimorfismi presenti nel DNA, quali variazioni nel numero di ripetizioni in tandem di corte sequenze ripetute (es. CACACACACACA), note come microsatelliti o SSR (Simple Sequence Repeats), e mutazioni puntiformi, note come SNP (Single Nucleotide Polymorphisms). Questi sono stati sviluppati sui due genomi presenti nelle cellule animali (nucleare e mitocondriale) e permettono di identificare mutazioni trasmesse unicamente lungo la linea femminile (mutazioni nel DNA mitocondriale), lungo la linea maschile (mutazioni nel cromosoma Y) e da entrambe le linee (mutazioni negli autosomi). Lo studio della diversità genetica delle specie zootecniche attraverso questi strumenti permette di ricostruire la storia evolutiva e demografica delle razze, capire la struttura genetica, stimare i livelli di consanguineità, gestire la diversità genetica, riconoscere gli effetti della selezione e, nelle razze in cui vengono raccolti sistematicamente dati fenotipici, stimare il valore genetico dei riproduttori. Di seguito diamo una breve sintesi di come questo sia possibile, rimandando la descrizione più tecnica e dettagliata a lavori specialistici.

LA DOMESTICAZIONE E LE MIGRAZIONI

Per la sua elevata variabilità e assenza di ricombinazione il DNA mitocondriale (mtDNA) è largamente impiegato negli studi filogenetici. Il mtDNA è costituito da una molecola di forma circolare che si trasmette unicamente per via matrilineare ed è stato di grande aiuto nell'identificazione delle tracce genetiche della domesticazione. I dati mitocondriali hanno a volte confermato, come nel caso della domesticazione medio-orientale di *Bos taurus* (Troy et al., 2001), a volte contraddetto, come nel caso della domesticazione africana ed estremo-orientale di questa stessa specie (Achilli et al., 2008), i dati archeologici ed archeozoologici raccolti nei siti neolitici dove sono stati rilevati i segni della presenza dei primi animali domestici. Lo studio delle linee materne presenti nei maiali moderni ha, per esempio, dimostrato la loro origine da popolazioni di antenati selvatici diffuse in tutto l'areale della specie (Larson et al., 2005). L'analisi di questa molecola avviene per sequenziamento parziale o totale e analisi SNP di mutazioni informative per la classificazione delle varianti mitocondriali (aplotipi) in gruppi con origine monofiletica (aplogruppi). Il sequenziamento parziale ha frequentemente caratterizzato la displacement-loop (D-loop) o regione di controllo del mtDNA, che è altamente polimorfica; ma il sequenziamento dell'intero genoma mitocondriale permette di comprendere più approfonditamente l'origine degli aplogruppi mitocondriali (Achilli et al., 2008) ed è oggi da considerare il metodo standard per lo studio della linea materna. La variazione del mtDNA è anche particolarmente utile per stabilire le relazioni tra specie domestiche ed antenati selvatici (Bruford et al., 2003).

Nei mammiferi, anche la variazione del cromosoma Y può essere impiegata per tracciare l'origine e stimare la diversità, in questo caso delle linee paterne. Il cromosoma Y contiene quantità relativamente ampie di sequenze ripetute ed è meno variabile del DNA autosomico (Brändli et al., 2005). La difficoltà di identificare sequenze in singola copia ha fino ad ora limitato lo sviluppo di marcatori su questo cromosoma a qualche SNP e pochi microsatelliti. Gli aplotipi Y di pecore (Meadow e Kijas, 2008), capre (Pereira et al., 2009) e cavalli (Lindgren et al., 2004) sono definiti in base a SNP e quelli bovini anche da variazioni a livello di microsatelliti (Ginja et al., 2009; Edwards et al., 2011). I polimorfismi del cromosoma Y sono utili per rivelare introgressioni avvenute per via paterna e per ricostruire le migrazioni degli animali domestici. Come già è avvenuto per l'archeogenetica umana (Soares et al., 2010), lo sviluppo di altri marcatori renderà l'analisi del cromosoma Y estremamente informativa. Allo stesso modo, le regioni non ricombinanti e specifiche del cromosoma W degli uccelli (negli uccelli le femmine sono eterogamiche ZW, mentre i maschi sono ZZ) sono potenzialmente utili per l'analisi filogenetica della linea femminile. Per ora però non è stata identificata alcuna variazione nel cromosoma W nel pollo (Granevitze et al., 2007) o in altre specie di uccelli.

Le nuove tecniche di sequenziamento permettono di studiare il DNA anche di reperti archeozoologici. Recentemente è stato completamente sequenziato il mtDNA di un *Bos primigenius* italiano, antenato selvatico dei bovini attuali (Lari et al., 2011). È ipotizzabile che presto l'analisi del genoma completo di animali fossili diventi possibile, così come è avvenuto per il genoma dell'uomo di Neanderthal (Green et al., 2010), e che in base a questi dati vengano formulate nuove ipotesi sui siti e le dinamiche di domesticazione.

LA STRUTTURA GENETICA DELLE RAZZE

I marcatori molecolari possono essere utilizzati per studiare il genoma a livello di: i) singolo individuo, per verificare paternità, maternità e consanguineità; ii) di famiglia, per stimare le relazioni di parentela genomica tra individui imparentati; iii) di razza, per stimare la struttura genetica, la consanguineità media, la dimensione effettiva della popolazione e per l'asse-

gnazione di animali, o prodotti derivati da singoli animali, alla razza di origine; iv) di specie, per valutare le relazioni ed il flusso genico tra razze e per identificare componenti animali in diete complesse (es. farine di carne). L'efficacia e il campo di applicazione di molte di queste metodiche sono aumentati con l'utilizzo dei pannelli di SNP ad alta densità. Combinando pannelli di SNP e algoritmi di analisi specifici è possibile, ad esempio, identificare gruppi di individui imparentati senza disporre di informazioni relative alla razza d'origine, creando così un sistema di tracciabilità alimentare basato sul DNA e complementare alla etichettatura. Il software Structure (Pritchard et al., 2000), oggi ampiamente usato a tale scopo, impiega un algoritmo basato su una Catena di Markov di tipo Monte Carlo capace di suddividere i genotipi multi locus in un numero predefinito di clusters (k) assumendo che le popolazioni putative corrispondenti ai clusters siano in equilibrio di linkage e di Hardy-Weinberg. Per ogni individuo vengono stimate le frazioni di genoma che appartengono a ciascun cluster attraverso un approccio basato sulla statistica bayesiana e che permette di scegliere tra diversi scenari: presenza o assenza di admixture, linkage, correlazione spaziale, informazioni a priori relative alla popolazione d'origine, frequenze alleliche correlate/indipendenti. Gli algoritmi di clustering possono anche essere impiegati per effettuare l'assegnazione di individui ignoti, confrontandone il genotipo con una serie di popolazioni note di riferimento (Manel et al., 2005, Stella et al., 2008, Toro et al., 2009), o per stimare i livelli di "admixture", cioè del contributo genetico di più di una popolazione parentale, nelle popolazioni di animali domestici.

L'identificazione di popolazioni/razze di origine genetica mista riveste notevole importanza ai fini della caratterizzazione e conservazione delle risorse genetiche animali. Spesso, infatti, il cosiddetto processo di "miglioramento genetico" delle razze ha previsto l'uso di seme di riproduttori dalle elevate performance ma appartenenti a razze diverse (miglioramento per incrocio o crossbreeding), causando quindi una diluizione del genoma originale attraverso l'introggressione principalmente tramite la linea paterna. Ovviamente, una valutazione completa dei livelli di introggressione necessiterebbe di dati derivati dal DNA autosomico, eterosomico e mitocondriale. Nei bovini africani, ad esempio, l'analisi del mtDNA ha mostrato la presenza di linee materne di origine esclusivamente taurina, ma l'analisi di marcatori nucleari ha rivelato una cospicua componente genetica zebuina non identificabile su base mitocondriale. Questo forte contributo di *Bos indicus*, quindi, è derivato dall'uso di riproduttori maschi zebu importati in Africa dalla vicina Asia (MacHugh et al., 1997).

Per essere informativi nelle analisi di "admixture", i marcatori devono presentare alcune caratteristiche precise, quali ad esempio presentare un'ampia differenza nelle frequenze alleliche (es. $> 0,30$) o grandi valori di F_{ST} (es. $> 0,25$) nelle due razze parentali coinvolte. Nella razza bovina Swiss Fleckvieh, un pannello di soli 48 marcatori diagnostici per l'admixture ha permesso di predire la composizione dei genomi con la stessa efficacia di uno SNP-chip 50k.

Un dato di importanza fondamentale per una corretta gestione delle popolazioni zootecniche è la stima delle dimensioni effettive di popolazione, N_e , che rappresenta il numero di individui che si riproducono attivamente ad ogni generazione e che, quindi, trasmettono le proprie caratteristiche genetiche alle generazioni successive. Una definizione più formale di N_e può essere la seguente: il numero di individui il cui incrocio casuale in una popolazione ideale genererebbe la stessa dispersione di frequenze alleliche o livello di inbreeding uguali a quelli osservati nella popolazione reale (Charlesworth, 2009). Solitamente già nelle popolazioni naturali N_e ha valori molto inferiori alle dimensioni demografiche, in quanto non tutti i soggetti in età fertile si riproducono effettivamente. Questo fenomeno assume proporzioni ancora più rilevanti nelle razze di animali domestici, migliorate attraverso schemi di selezione, nelle quali il numero di riproduttori attivi per generazione può ridursi a poche decine a fronte di dimensioni di popolazione di milioni di capi. Altre informazioni demografiche utili per la gestione delle risorse genetiche animali riguardano gli eventi di rapida espansione o contrazione (bottleneck) delle dimensioni di popolazione. Essi possono essere identificati con

vari metodi statistici, tra cui l'analisi della distribuzione del numero di differenze osservate in confronti a coppie tra sequenze mitocondriali (mismatch distribution analysis, Schneider e Excoffier, 1999), il numero di alleli anomalo rispetto a quanto atteso in popolazioni stabili (Cornuet e Luikart, 1996) o altri test specifici, come il D di Tajima e il F_s di Fu (Tajima, 1989; Fu, 1997). Di recente Drummond et al. (2005) hanno proposto l'impiego di un software che, attraverso un approccio bayesiano complesso, permette di stimare quando è vissuto il più recente antenato comune di un gruppo di animali (TMRCA, Time to the Most Recent Common Ancestor), la velocità di evoluzione delle sequenze, i rapporti filogenetici tra gli individui e le passate dinamiche di popolazione. Le dimensioni di popolazione così stimate vengono rappresentate in funzione del tempo in un grafico che prende il nome di "skyline plot" che, ad esempio, ha mostrato l'esistenza di una rapida espansione demografica post-domesticazione in quattro specie di bovini domestici (bovino, bufalo, yak e gajal) ma non nel bufalo selvatico africano (Finlay et al., 2007).

LA DIVERSITÀ GENETICA ENTRO E TRA RAZZE

Nella maggior parte delle specie zootecniche, la razza corrisponde approssimativamente all'unità riproduttiva. Il concetto di razza è recente, ma fin dai tempi della formazione delle razze, il flusso genico tra di esse è stato ridotto, e ciò ha portato all'accumulo di differenze genetiche oggi chiaramente identificabili. Tale differenziamento può essere misurato in vari modi che verranno brevemente descritti di seguito. Un metodo largamente utilizzato prevede il calcolo delle cosiddette "statistiche F " (Wright, 1969), che nella loro formulazione classica, ripartiscono la variazione genetica complessiva di un gruppo di razze in una componente entro-razza, rappresentata dal valore dell'indice F_{IS} (imparentamento medio della sottopopolazione, si veda oltre), ed in una componente tra razze, rappresentata dall'indice di fissazione F_{ST} . L'imparentamento medio della popolazione globale è stimato dal coefficiente F_{IT} . Sono state proposte molte formule per il calcolo di F_{ST} (Chicki e Bruford, 2005; Eding e Bennewitz, 2007, Toro et al., 2009) ma il metodo più diffuso (Weir e Cockerham, 1984) si basa sull'informazione genetica relativa ad un pannello di loci multipli tipizzati in popolazioni di dimensioni differenti. In linea generale, nelle razze domestiche i valori di F_{ST} sono compresi tra 0,05 e 0,3, dove un valore di 0,15 dell'indice di fissazione indica l'esistenza di un significativo differenziamento tra popolazioni/sottopopolazioni (Frankham et al., 2002).

Di particolare interesse ai fini dell'adeguata gestione delle risorse genetiche animali, è la stima del livello medio di consanguineità di una razza, o di una sottopopolazione entro razza, effettuata tramite il calcolo del coefficiente di consanguineità o coefficiente di inbreeding, F_{IS} , già menzionato in precedenza. Esso può essere calcolato attraverso l'analisi dei pedigree, qualora si disponga di precise ed aggiornate registrazioni genealogiche, ma può anche essere desunto esclusivamente da dati molecolari confrontando i livelli di eterozigosi osservati con quelli attesi secondo HW.

Un valore positivo di F_{IS} indica l'esistenza di inbreeding o di sottostrutture di popolazione (effetto Wahlund), mentre valori negativi possono derivare da contributi genetici di gruppi di individui esterni alla razza (crossbreeding). La depressione da inbreeding o la riduzione della fitness di una popolazione a causa dell'inbreeding è causata principalmente dalla presenza di mutazioni deleterie in omozigosi (Charlesworth e Willis, 2009).

Un altro metodo largamente impiegato per misurare la differenziazione tra le razze è l'Analisi della Varianza Molecolare (AMOVA), che permette di scomporre la varianza genetica globale in più fattori gerarchici di interesse, quali ad esempio razze, gruppi di razze, aree geografiche ecc. (Excoffier et al., 1992, Chikhi e Bruford, 2005).

La quantificazione delle differenze tra individui o gruppi di individui può avvenire anche

attraverso il calcolo di distanze genetiche, solitamente basate sulla condivisione qualitativa di alleli o sul confronto tra frequenze alleliche. Esistono differenti formule di calcolo delle distanze genetiche in funzione di modelli evuzionistici specifici. Test empirici effettuati con dati microsatelliti sull'uomo hanno mostrato che la distanza D_A di Nei è un descrittore piuttosto accurato delle reali relazioni filogenetiche tra popolazioni di diversa origine. La distanza standard di Nei, D_S , è lineare rispetto allo scorrere del tempo evuzionistico e, pertanto, permette la stima dei tempi di divergenza. Nel caso di recenti eventi di divergenza (come la formazione delle razze zootecniche) si è visto che è possibile misurare correttamente la divergenza impiegando la distanza di Reynolds, D_R , con dati di tipo microsatellite (Laval et al., 2002) o SNP (Libiger et al., 2009). Nello stimare le differenze genetiche con misure di distanza è opportuno ricordare che queste ultime possono risultare amplificate in popolazioni di piccole dimensioni (su cui la deriva genetica abbia influito fortemente) o caratterizzate da elevati livelli di inbreeding.

La matrice di distanze genetiche rappresenta il punto di partenza fondamentale per una serie di ulteriori applicazioni statistiche grazie alle quali è possibile rappresentare graficamente le relazioni esistenti tra razze (es. analisi multivariate ricostruzioni filogenetiche ecc.).

Le ricostruzioni filogenetiche permettono di semplificare la rappresentazione dei dati genetici riducendone la multidimensionalità ad una rappresentazione bidimensionale in forma di albero (o filogramma) in cui sono evidenziate le relazioni evuzionistiche a vari livelli tassonomici (individui, razze, gruppi di razze, specie ecc.). Uno degli assunti fondamentali delle ricostruzioni filogenetiche è che la diversità si accumuli nel tempo manifestandosi attraverso eventi di divergenza di tipo dicotomico. Esistono metodi di inferenza filogenetica di vario tipo, basati o sul calcolo di misure di distanza genetica, come Neighbour-Joining (NJ) o UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic mean), oppure basati sullo stato di caratteri informativi, come massima parsimonia (MP, Maximum Parsimony), massima verosimiglianza (ML, Maximum Likelihood) o l'analisi Bayesiana (Holder e Lewis, 2003). Generalmente si propende per l'uso di questi ultimi, perché ritenuti capaci di restituire ricostruzioni più "robuste" e quindi più prossime ai reali processi evuzionistici. Nel caso delle popolazioni di animali domestici, però, i livelli di variabilità molecolare sono spesso modesti e non sempre permettono l'uso di questi algoritmi. In tali casi, se si stanno analizzando i DNA mitocondriali, un approccio alternativo molto efficace è la ricostruzione di Median-joining network (Bandelt et al., 1999), in cui le relazioni evuzionistiche sono visualizzate sotto forma di reticolati nei quali gli aplotipi (varianti mitocondriali) possono essere connessi anche attraverso linee alternative (non per forza dicotomie).

Un'ulteriore strategia di analisi coniuga le potenzialità dell'algoritmo filogenetico di Neighbour-joining con la filosofia di base dei network, permettendo di rappresentare i dati genomici sotto forma di neighbor-net (Huson e Bryant, 2006). In questo tipo di raffigurazione i rapporti evuzionistici sono evidenziati al centro del diagramma sotto forma di reticolato, da quale si dipartono i rami corrispondenti ai singoli individui/gruppi le cui lunghezze relative sono proporzionali alle distanze genetiche.

L'esistenza di componenti diverse all'interno della variazione totale di un insieme di dati genetici può essere evidenziata tramite l'analisi di coordinazione delle frequenze alleliche grezze (analisi delle componenti principali) o di distanze genetiche calcolate in base ad esse (analisi delle coordinate principali, multidimensional scaling). Queste tecniche di statistica multivariata consentono di estrarre dal dataset serie successive di coordinate, ordinate in modo gerarchico e che dal punto di vista matematico corrispondono alle combinazioni di variabili che massimizzano la rappresentazione della variazione totale dei dati. Il significato biologico di queste coordinate coincide con l'esistenza di cambiamenti clinali nella variabilità genetica che spesso hanno forti correlazioni con altre variabili di tipo geografico, temporale o genetico (Hanotte et al., 2002; Novembre et al., 2008). Le prime applicazioni di questi me-

todi ai dati di genetica di popolazione risalgono al lavoro pionieristico di Cavalli-Sforza, che suggerì che le variazioni clinali nella variabilità molecolare delle popolazioni umane europee fosse da mettere in relazione con le migrazioni neolitiche dei primi agricoltori che raggiunsero l'Europa dal Vicino Oriente. Solitamente la rappresentazione delle coordinate si avvale di grafici cartesiani in cui le prime due-tre dimensioni (assi) corrispondono alle coordinate dei livelli gerarchici superiori identificati dall'analisi. In alternativa, è possibile trasferire l'informazione relativa alle coordinate direttamente sulla carta geografica grazie ad una procedura di interpolazione. Nelle mappe sintetiche così ottenute, le relazioni di distanza/prossimità genetica tra individui/popolazioni vengono rappresentate attraverso variazioni cromatiche.

Sono numerose le metodiche che permettono di inquadrare l'informazione genetica nel contesto geografico. Quanto è stato appena descritto per l'analisi delle coordinate principali può essere esteso ad altri parametri genetici, quali ad esempio l'eterozigosi o le componenti genomiche identificate da software come Structure. Questo tipo di rappresentazioni su mappa geografica è molto utile nella visualizzazione di fenomeni complessi o per l'identificazione di specifiche ipotesi di lavoro da verificare con indagini successive. L'importanza dell'integrazione della componente geografica nelle analisi genetiche è cresciuta enormemente nel corso degli ultimi anni, tanto da condurre alla nascita di una disciplina specifica, la "landscape genetics", o "landscape genomics" nel caso in cui l'informazione molecolare riguardi l'intero genoma (Manel et al., 2003). In tale contesto, l'informazione genetica viene usata come strumento d'approfondimento degli aspetti ecologici attraverso l'applicazione di algoritmi disegnati specificamente per incorporare esplicitamente il dato geografico nella computazione (Manel et al., 2003; Excoffier e Heckel, 2006). Il primo metodo proposto si basava sul calcolo dell'indice *I* di Moran, per verificare l'esistenza di autocorrelazione spaziale, cioè correlazione tra distanze geografiche e genetiche.

Di recente sono stati sviluppati altri approcci più complessi che possono essere sfruttati per raffinare ulteriormente le analisi, quali l'analisi spaziale della varianza molecolare SAMOVA (Spatial Analysis of Molecular Variance, Dupanloup et al., 2002), l'analisi spaziale delle componenti principali sPCA (spatial Principal Component Analysis, Jombart et al., 2008) o la "nested clade analysis" (Panchal e Beaumont, 2010) che permette di interpretare la topologia degli alberi filogenetici sulla base dell'informazione geografica. Nelle più recenti versioni del software Structure e nel programma Geneland (Panchal e Beaumont, 2010) gli esiti delle procedure di clustering dipendono anche dall'origine geografica degli individui. Per una recente ed aggiornata sintesi delle metodologie e degli strumenti disponibili per l'analisi geografica dei dati molecolari si faccia riferimento a Joost et al. (2010).

Un concetto di estrema importanza nel contesto della conservazione delle risorse genetiche animali è quello di "prioritizzazione". Con questo termine si intende l'assegnazione di priorità di conservazione a quelle entità genetiche il cui mantenimento nel tempo appare di importanza strategica in prospettiva futura. Come è noto, le azioni di conservazione hanno un costo e, a fronte della disponibilità di risorse economiche limitate, è necessario disporre di strumenti per ottimizzarne l'uso concentrando gli sforzi di protezione sui bersagli migliori. Per una trattazione dettagliata dei metodi attualmente disponibili per l'assegnazione delle priorità di conservazione si veda il lavoro di Boettcher et al. (2010).

I SEGNI DELLA SELEZIONE

Le decine di migliaia di marcatori SNP ordinati sui genomi sequenziati permettono di identificare regioni genomiche soggette a selezione e che contengono geni interessanti per le produzioni, la fitness e l'adattamento degli animali. La selezione agisce su specifiche varianti geniche o di regolazione, modificando in modo mirato la diversità entro razza, il livello e

l'estensione del disequilibrio di linkage attorno alle zone sotto selezione e la distanza genetica tra razze selezionate in modo divergente (es. per attitudini produttive differenti). Al contrario, altre forze evolutive, come la deriva genetica, hanno effetti non mirati su loci specifici ma agiscono su tutto il genoma (Luikart et al., 2003). In altre parole, rispetto al comportamento medio del genoma, le regioni sotto selezione si comportano da "outlier" per una serie di parametri di genetica di popolazione. Tra le diverse strategie disponibili per la ricerca dei segnali lasciati sul genoma dalla selezione (Nielsen et al., 2007; Sabeti et al., 2002), il metodo più semplice è basato sul confronto delle frequenze alleliche di popolazioni selezionate per attitudini produttive diverse (Hayes et al., 2008; Prasad et al., 2008). Hayes et al. (2008) hanno confrontato bovini Holstein e Angus ed hanno identificato tracce della selezione in regioni genomiche fiancheggiando geni noti per influenzare le produzioni di latte e carne, come ABCG2 (percentuale di proteine nel latte), DGAT1 (percentuale di grasso nel latte), TG (mazzatura e contenuto in grasso della carne) e STAT1 (produzione di latte). Stella et al. (2010) utilizzando i 37,000 SNP prodotti su 19 razze dal progetto Hapmap Bovino (The Bovine Hapmap Consortium, 2009) hanno identificato circa 700 regioni cromosomiche sotto selezione per la produzione di latte.

Un'altra metodologia robusta ed ampiamente utilizzata nel campo della genetica umana, si basa sull'analisi lungo il genoma dell'indice F_{ST} tra razze (o gruppi di razze). Questo indice stima la proporzione di varianza genetica totale dovuta alla componente tra razze (o gruppi di razze). In presenza di selezione divergente la componente tra razze o gruppi aumenterà fino a raggiungere valori significativamente più elevati rispetto al resto del genoma (Luikart et al., 2003; Weir et al., 2005). Un F_{ST} significativamente più alto di quanto atteso in base a marcatori neutri suggerisce l'esistenza di una selezione direzionale, mentre un valore inferiore all'atteso suggerisce una selezione bilanciata. Le analisi possono essere effettuate con il software FDIST2 (<http://www.rubic.reading.ac.uk/mab/software/fdist2.zip>) (Beaumont e Nichols, 1996, Beaumont e Balding, 2004), oppure on-line con Lositan (<http://popgen.eu/soft/lositan/>) (Antao et al., 2008), o BayeScan <http://www-leca.ujf-grenoble.fr/logiciels.htm> (Foll e Gaggiotti, 2008).

Un altro dei metodi utilizzati è lo studio della lunghezza relativa di aplotipi omozigoti lungo il genoma (Extended Haplotype Homozygosity, EHH; Sabeti et al., 2002; López Herráez et al., 2009). Le mutazioni generalmente sono eventi unici. Se favorevoli, aumentano rapidamente di frequenza nella popolazione che in poche generazioni arriverà ad avere un buon numero di individui omozigoti al locus interessato dalla mutazione vantaggiosa. Il numero di eventi di ricombinazione che avviene nella regione genomica che ospita l'allele favorevole è, pertanto, limitato e negli individui omozigoti l'allele selezionato rimane in un aplotipo significativamente più esteso rispetto alla lunghezza dell'aplotipo in cui si trovano gli alleli non selezionati. Altri metodi proposti sono basati sulla conoscenza dell'allele ancestrale (Deng et al., 2010), altri sono in fase di sviluppo applicati a marcatori o addirittura alla sequenza completa del genoma (Liu et al., 2010; Rubin et al., 2010).

LA SELEZIONE GENOMICA

L'era genomica ed i nuovi strumenti molecolari (SNP-chip) hanno permesso anche l'applicazione di una nuova strategia di selezione, basata sulla stima genomica del valore genetico dei riproduttori. Con i nuovi pannelli di SNP si è in grado di contrassegnare con un marcatore ogni blocco di linkage presente nel genoma. Unendo le informazioni raccolte in passato sul valore genetico di migliaia di riproduttori (popolazione di training) ed il loro genotipo caratterizzato a livello di migliaia di SNP, è possibile attribuire un valore genetico ad ogni allele di ciascun marcatore che contrassegna ogni blocco di linkage. Questa informazione viene poi

utilizzata per predire il valore genetico dei nuovi nati (popolazione di previsione) unicamente sulla base del loro genotipo, senza attendere l'esito delle prove di progenie. La selezione genomica (GS), è per ora applicata unicamente alle razze industriali dei bovini da latte. Secondo Schaeffer (2006), questa strategia permetterebbe di triplicare il progresso genetico per anno e, evitando le prove di progenie, di ridurre i costi di 30 volte. Il processo non è, in realtà, così semplice. Infatti, per ottenere stime accurate occorrono popolazioni di training di diverse migliaia di individui che abbiano una valutazione accurata del loro valore genetico. Inoltre l'accuratezza delle stime dipende anche dalla distanza in termini di numero di generazioni tra la popolazione di training e quella di previsione. La strategia è in fase di sperimentazione in tutto il mondo ma nessun paese ha per ora abbandonato i controlli funzionali. Questi sono necessari per stimare accuratamente il valore dei tori che oggi sono nella popolazione di previsione, ma che domani passeranno nella popolazione di training utilizzata per prevedere la generazione successiva. È pensabile che questa strategia in un prossimo futuro venga applicata anche ai bovini da carne e alle altre specie di interesse zootecnico per la selezione di caratteri difficili o costosi da misurare in condizioni di campo. Come già detto, nelle condizioni attuali non è pensabile l'abbandono completo dei controlli funzionali, per lo meno fino a che non sarà possibile disporre a basso costo della sequenza completa dei genomi degli animali in selezione (Meuwissen e Goddard, 2010).

In Italia il progetto "Ricerca e innovazione nelle attività di miglioramento genetico animale mediante tecniche di genetica molecolare per la competitività del sistema zootecnico nazionale – SELMOL", finanziato dal MIPAAF, ha agito da primo motore per la valutazione e l'adozione della GS nelle più importanti razze da latte italiane.

L'applicazione della GS in sistemi di allevamento diversi da quelli industriali ed in popolazioni con struttura genetica diversa da quella delle razze cosmopolite (che hanno una ridotta dimensione effettiva della popolazione, $N_e < 100$, e raccolta accurata e sistematica di dati genealogici e fenotipici) è incerta. Nelle piccole popolazioni le numerosità non sono sufficienti per una stima genomica accurata. È ipotizzabile che con marcatori ad alta densità o con le sequenze gnomiche complete sarà possibile una stima "across" razze. Questa strategia ha recentemente fornito risultati incoraggianti per la valutazione di riproduttori Jersey utilizzando come popolazione di training una popolazione mista di tori Jersey e Frisoni (Hayes et al., 2009). La distanza genetica tra popolazioni e la non omogeneità dei metodi di stima degli indici genetici sono variabili che possono ostacolare lo sviluppo di sistemi di valutazione genomica across razze. È comunque auspicabile che in razze di piccole dimensioni venga sempre mantenuto un equilibrio tra selezione e conservazione della diversità genetica, per evitare le conseguenze negative indotte da un eccesso di consanguineità. Questo equilibrio può essere mantenuto in modo efficace avendo a disposizione informazioni molecolari che permettano di stimare con accuratezza la parentela genomica e l'omozigosi di razze ed individui.

CONCLUSIONI E PROSPETTIVE

Fino ad ora i microsatelliti sono stati i marcatori più informativi per caratterizzare la costituzione genetica delle razze, stabilire le relazioni tra di esse e, insieme al DNA mitocondriale al cromosoma Y, per descrivere la storia delle specie domestiche e l'uncità a livello di razza. Pannelli di SNP ad alta densità forniscono un'accuratezza sostanzialmente superiore e, per di più, permettono un'analisi sistematica della variabilità adattativa che, ci si aspetta, possa contribuire alla valutazione razionale del valore conservazionistico, permettendo di raggiungere il risultato auspicato agli inizi dell'era degli studi molecolari.

Il sequenziamento dei genomi con tecniche di next-generation sta diventando via via più economico ed è già stato applicato agli animali domestici (Rubin et al. 2010).

L'accumulo di dati di sequenze genomiche genererà grandi quantità di nuovi marcatori genetici e forse permetterà di stimare il ruolo relativo di molti alleli rari che influenzano solamente una piccola parte della popolazione.

Ci aspettiamo che l'identificazione di regioni in autozigosità, possibile risultato di pressioni selettive, permetterà di definire gli effetti della selezione sulla formazione delle razze e, ad uno stadio più avanzato, delineare le conseguenze dell'inbreeding sul singolo individuo. Segnali razza-specifici permetteranno di scoprire introgressioni passate e recenti, mentre la comparazione degli aplotipi su scala genomica migliorerà l'accuratezza dell'inferenza demografica. Tutto questo sposterà l'analisi della diversità genetica dagli eventi genetici neutrali ad una valutazione delle conseguenze funzionali della domesticazione e della formazione delle razze, contribuendo così sostanzialmente alla nostra comprensione della storia dell'agricoltura.

QUINDICI ANNI DI PROGETTI EUROPEI SULLA BIODIVERSITÀ

Oramai da alcune decine di anni la Commissione Europea ha predisposto piani di finanziamento a sostegno della biodiversità agricola all'interno dei quali, con appositi bandi, vengono selezionati singoli progetti di ricerca.

Qui di seguito ne verranno brevemente descritti alcuni che, a giudizio degli autori, hanno rappresentato o rappresentano pietre miliari della ricerca sulla conservazione della biodiversità delle specie zootecniche, sia per la dimensione delle aree geografiche interessate e del numero di razze e popolazioni campionate, sia per la rilevanza dei risultati ottenuti.

Più dettagliate informazioni su progetti in corso d'opera o già conclusi sono ottenibili consultando il Portale Europeo per le Attività di Ricerca e Sviluppo all'indirizzo URL: <http://cordis.europa.eu>.

Uno dei primi progetti finanziati dall'Europa ha avuto come obiettivo principale la creazione e l'aggiornamento continuo di un inventario completo delle risorse genetiche animali di interesse zootecnico. Finanziato nell'ambito del azione Genres nel 1997, tale progetto dal titolo **“Farm animals: a permanent inventory of European farm animal genetic resources, of activities on characterisation, conservation, utilisation of those resources”** (<http://www.eaap.org/content/RESGEN.HTM>) è stato coordinato dall'Associazione Europea per le Produzioni Animali (EAAP). Uno dei risultati di maggior rilievo è stata la connessione tra il database DAD-IS curato dalla FAO e il database EAAP-AGDB reso disponibile in Internet via homepage della Hanover School of Veterinary Medicine (TiHo) all'indirizzo URL: <http://www.tiho-hannover.de/einricht/zucht/eaap/index.htm>.

Nell'ambito della stessa azione Genres è stato finanziato anche il primo rilevante progetto sulla diversità genetica dei bovini europei. Ancora sotto l'acronimo **RESGEN** (CT 98-118), il progetto triennale dal titolo **“Towards a strategy for the conservation of the genetic diversity of European cattle”** ha investigato con marcatori molecolari AFLP e microsatelliti 64 razze bovine provenienti da tutta Europa. I risultati del progetto, a cui hanno partecipato anche gli autori del presente articolo, hanno permesso di gettare luce sulla struttura genetica delle popolazioni bovine europee modellata dalla storia evolutiva, dalla geografia e dalla selezione ad opera dell'uomo.

Nel 1996, il progetto BIO4-CT96-0197 **“Genebanks, the conservation of farm animal genetic resources”** ha fornito l'apparato teorico per la definizione di modelli di prioritizzazione delle razze in possibili piani di crioconservazione delle risorse genetiche.

Dal 1996 al 1999 è stato finanziato il progetto **“Development, optimisation, validation of molecular techniques for the measurement of genetic diversity in domestic ungulates”** (BIOTECH2-BIO4961189) a cui hanno partecipato 6 laboratori europei leader nello studio del genoma di bovini, capre e pecore. Il progetto ha permesso di definire un set di mar-

catori microsatelliti condiviso per lo studio della diversità genetica, ha creato un importante dataset di dati molecolari di popolazioni autoctone delle tre specie di ungulati investigate (<http://139.222.64.94>) e ha creato una banca di materiale genetico, rendendolo disponibile per la comunità scientifica.

La biodiversità dei suini è stata, invece, l'obiettivo principale dei progetti **“Characterisation of genetic variation in the European pig to facilitate the maintenance, exploitation of biodiversity”** (BIO4980188) e **“Pigs: European genebanking project for pig genetic resources”** (Genres CT95 No 12). Gli obiettivi principali sono stati: la caratterizzazione delle risorse genetiche di numerose popolazioni autoctone di paesi europei; la raccolta di performance produttive e di misure fenotipiche; la caratterizzazione qualitativa delle produzioni e la raccolta di germoplasma per l'organizzazione di una criobanca di materiale biologico.

Più recentemente, il progetto **“Characterisation of genetic variation in the European pig to facilitate the maintenance, exploitation of biodiversity”** meglio conosciuto con l'acronimo Pig-Biodiversity (http://www.projects.roslin.ac.uk/pigbiodiv/site_index.html) ha caratterizzato, con 27 marcatori microsatelliti e marcatori AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism), la biodiversità dei suini europei considerando, oltre alle popolazioni autoctone, anche le linee commerciali.

La biodiversità delle specie avicole è stata l'obiettivo principale del progetto triennale AVIANDIV dal titolo completo **“Development of Strategy, Application of Molecular Tools to Assess Biodiversity in Chicken Genetic Resources”** (<http://aviandiv.tzv.fal.de/>). Utilizzando marcatori molecolari microsatelliti e campionando in maniera esaustiva oltre 50 razze avicole, il progetto ha misurato la diversità genetica entro e tra popolazioni locali comparandola con linee commerciali e con l'antenato selvatico del gallo domestico (*Gallus gallus*) originario dell'Asia meridionale.

Il progetto **“Rabbits: inventory, characterisation, evaluation, conservation, utilisation of European rabbit genetic resources”** (Genres CT95 No 60; <http://ec.europa.eu/comm/agriculture/res/gen/60a.htm>) ha svolto un dettagliato censimento delle risorse cunicole europee e una loro caratterizzazione genetica. Il coniglio europeo (*Oryctolagus cuniculus*) è infatti l'unica specie di mammifero addomesticata nell'Ovest Europa le cui popolazioni domestiche tutt'ora convivono con le popolazioni selvatiche.

Di particolare interesse sono stati i risultati prodotti dal progetto biennale FARMCHIP (BIO4980285) **“Digital DNA markers for chip applications in farm animals”** benchè non propriamente dedicato allo studio della biodiversità. Nell'ambito del progetto è stata, infatti, dimostrata l'utilità degli SNP (Single Nucleotide Polymorphisms), una nuova classe di marcatori molecolari che negli anni successivi avrebbe rivoluzionato il mondo della genetica molecolare per il fingerprinting individuale, per la determinazione delle paternità e per la tracciabilità dei prodotti di origine animale.

La mole dei risultati prodotti dalla caratterizzazione molecolare delle popolazioni a rischio di estinzione può essere condensata in un comune denominatore: la presa di coscienza del fatto che la conservazione della biodiversità è un problema complesso che può essere affrontato solo con un approccio multidisciplinare. Di qui l'idea alla base di un progetto innovativo, chiamato **“Sustainable conservation of animal genetic resources in marginal rural areas: integrating molecular genetics, socio-economic, geostatistical approaches –ECONOGENE”** (www.econogene.eu) che prevedesse l'integrazione di diverse discipline per lo studio della biodiversità di capre e pecore. Tale progetto, coordinato dagli autori del presente articolo e finanziato nell'ambito del programma Quality of Life del V Programma Quadro Europeo, (www.econogene.eu), ha visto coinvolti a vario titolo oltre 80 ricercatori per promuovere la conservazione sostenibile delle risorse genetiche ovi-caprine in Europa utilizzando un approccio integrato che ha visto collaborare zootecnici, genetisti, socio-economisti ed esperti di sistemi informativi geografici (GIScience, Geographic Information Science). In to-

tale sono state analizzate 57 razze ovine e 45 razze caprine campionate in 855 allevamenti in Europa e Medio Oriente.

La diversità genetica degli animali campionati è stata valutata attraverso l'analisi di marcatori mitocondriali, genomici e del cromosoma Y. La georeferenziazione ha permesso una descrizione accurata delle condizioni pedo-climatiche delle aziende e quindi dell'ambiente fisico a cui le razze si sono adattate. Le condizioni di organizzazione, strutturali e socio-economiche delle aziende e degli allevatori hanno dato informazioni sul livello di management aziendale e sulle prospettive di sopravvivenza e sviluppo delle aziende stesse.

L'obiettivo della raccolta di questa mole di dati è stata la descrizione accurata delle razze e dell'ambiente in cui sono allevate, informazione chiave per definire strategie di conservazione ed indirizzare le decisioni relative alla prioritizzazione degli interventi di tutela delle popolazioni a rischio.

Più recentemente il progetto "**Heritage Sheep**" (AGRI GENRES 040; <http://www.heritage-sheep.eu>) si è concentrato sulle razze ovine originali dal punto di vista genetico, distribuite in aree geografiche ristrette e ben adattate all'ambiente, definite HSB (Heritage Sheep Breeds). Queste razze, tipicamente locali, sono spesso allevate in modo tradizionale e rivestono un ruolo chiave nell'economia delle aree rurali marginali. L'obiettivo principale di Heritage-sheep è stato quello di stabilire un programma di conservazione a livello europeo che possa garantire la sopravvivenza delle razze HSB e con esse preservare l'ambiente marginale dal degrado causato dall'abbandono e sostenere l'economia delle comunità locali attraverso la valorizzazione dei prodotti tipici e lo sfruttamento sostenibile delle risorse genetiche.

Il progetto **EURECA "Towards self-sustainable European, Regional Cattle breeds"** (012 AGRI GEN RES 870/2004; <http://137.224.129.202/eureca/>) si è proposto di definire linee guida a supporto della gestione dei programmi regionali di conservazione *in situ* ed *ex situ* della biodiversità dei bovini. La ricognizione dei programmi di tutela delle risorse genetiche in corso, l'inventario delle risorse crioconservate disponibili, la creazione di gruppi di lavoro interdisciplinari, l'opera di sensibilizzazione degli organi decisionali attraverso incontri e seminari, la messa in rete di tutte le informazioni utili per la conservazione sostenibile delle razze bovine a rischio di estinzione saranno solo alcuni dei risultati che il progetto si propone di ottenere.

Parallelamente al progetto Eureka, il progetto "**European livestock breeds ark, rescue net**" (**ELBARN**; agri gen res action 066; www.elbarn.net) terminato lo scorso anno, ha promosso la creazione di una rete tra le biobanche di risorse genetiche ed ha creato un database con informazioni relative a 505 differenti razze o popolazioni europee di 13 specie (www.elbarn.net/elbarn/Breeds/tabid/123/Default.aspx).

La necessità di creare una piattaforma informatica integrata per monitorare le risorse genetiche zootecniche è l'obiettivo principale del progetto "**EFABIS - A European Farm Animal Biodiversity Information System**" (QLRT-2001-00026; <http://efabis-devel.tzv.fal.de>). Il network di database creato dai 7 membri partecipanti costituisce un inventario attendibile delle risorse genetiche delle principali specie di interesse zootecnico e fornisce un'infrastruttura informatica per la caratterizzazione scientifica delle diversità animali.

Al progetto "**GLOBALDIV-A global view of livestock biodiversity, conservation**" (AGRI GEN RES 067; www.globaldiv.eu), finanziato nel 2007 con durata triennale, hanno partecipato Istituzioni europee, asiatiche, africane, e sudamericane. Attraverso l'organizzazione di una "summer school internazionale" e la creazione di una serie di newsletter distribuite grazie al sito web, il progetto ha raggiunto lo scopo di disseminare a studenti provenienti da oltre 30 paesi di 5 continenti le più recenti conoscenze nel campo delle tecnologie molecolari per la caratterizzazione, prioritizzazione e salvaguardia delle biodiversità animali. Ma i risultati del progetto sono andati ben oltre, con la pubblicazione di un numero speciale della rivista *Animal Genetics* (Volume 41, Issue Supplement s1, May 2010; scaricabile gratuitamente dal sito web del progetto) nel quale sono stati raccolti 4 contributi di elevato va-

lore scientifico sullo stato dell'arte delle ricerche nel settore della conservazione delle risorse genetiche animali. Un gruppo di lavoro si è inoltre dedicato al difficile compito di riunire in un database unico i numerosi database molecolari sparsi fra istituzioni e laboratori di tutto il mondo. Il risultato di questa meta-analisi consentirà una valutazione della biodiversità a livello globale senza precedenti. Le relazioni prodotte dai 5 gruppi di lavoro (1-Caratterizzazione delle risorse genetiche; 2- Meta-analisi della biodiversità; 3-Aspetti socio-economici della biodiversità; 4-Integrazione dei dati e prioritizzazione delle scelte; 5-Prospettive future) sono state integrate in una serie di linee guida che saranno di estrema utilità per gli operatori del settore che avranno l'arduo compito di organizzare azioni pratiche per la tutela della biodiversità. Nell'ambito del 7° programma quadro della Comunità Europea, lo scorso anno è stato finanziato il progetto quadriennale NEXTGEN “**Next generation methods to preserve farm animal biodiversity by optimizing present, future breeding options**” (EU FP7 Collaborative project- grant agreement n° 244356; www.nextgen.eu), il primo studio nell'area della biodiversità che propone un'analisi comparativa della variabilità intraspecifica analizzando sequenze genomiche complete. Verranno quindi prodotti ed elaborati dati sulla variabilità genetica di bovini, caprini e ovini ad una scala senza precedenti. Specifici obiettivi del progetto sono dedicati a: i) studiare approfonditamente la resistenza a malattie utilizzando come caso studio la razza Ankole in Uganda; ii) applicare l'approccio della landscape genomics in Marocco per l'identificazione di regioni con valore adattativo del genoma di capre e pecore; iii) verrà inoltre studiata la variabilità delle specie selvatiche di capra e pecora da utilizzare come riserva di biodiversità a vantaggio delle specie domestiche. Infine un obiettivo del progetto studierà le potenzialità di un innovativo sistema per la conservazione a lungo termine del materiale genetico in biobanche, utilizzando la liofilizzazione al posto della refrigerazione in azoto liquido.

BIBLIOGRAFIA

- 1) Achilli, A., Olivieri, A., Pellecchia, M., Ubaldi, C., Colli, L., Al-Zahery, N., Accetturo, M., Pala, M., Kashani, BH., Perego, UA., Battaglia, V., Fornarino, S., Kalamati, J., Houshmand, M., Negrini, R., Semino, O., Richards, M., Macaulay, V., Ferretti, L., Bandelt, HJ., Ajmone-Marsan, P., Torroni, A. (2008). Mitochondrial genomes of extinct aurochs survive in domestic cattle. *Current Biology*, 18.
- 2) Ajmone Marsan, P., GLOBALDIV Consortium (2010). A global view of livestock biodiversity, conservation--GLOBALDIV. *Anim Genet.* 41, Suppl 1: 1-5.
- 3) Ajmone Marsan, P., Garcia, JF., Lenstra, JA., Globaldiv Consortium (2010). On the Origin of Cattle: How Aurochs Became Cattle, Colonized the World. *Evolutionary Anthropology*, 19: 148–157.
- 4) Antao, T, Lopes, A, Lopes, RJ, Beja-Pereira, A, Luikart, G (2008). LOSITAN: A workbench to detect molecular adaptation based on a F_{ST} -outlier method. *Bioinformatics* 9, 323.
- 5) Bandelt, HJ., Forster, P., Rohl, A. (1999). Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Molecular Biology, Evolution* 16, 37-48.
- 6) Beaumont, M., Nichols, R. (1996). Evaluating loci for use in the genetic analysis of population structure. *Proceedings of the Royal Society of London Series B* 263, 1619-1626.
- 7) Beaumont, M., Balding, D. (2004). Identifying adaptive genetic divergence among populations from genome scans. *Molecular Ecology* 13, 969-980.
- 8) Boettcher, PJ., Tixier-Boichard, M., Toro, MA., Simianer, H., Eding, H., Gandini, G., Joost, S., Garcia, D., Colli, L., Ajmone-Marsan, P., GLOBALDIV Consortium (2010). Objectives, criteria and methods for using molecular genetic data in priority setting for conservation of animal genetic resources. *Anim Genet.*, 41(Suppl 1): 64-77.

- 9) Brändli, L., Handley, L-JL., Vogel, P., Perrin, N. (2005). Evolutionary history of the greater white-toothed shrew (*Crocidura russula*) inferred from analysis of mtDNA, Y, X chromosome markers. *Molecular Phylogenetics, Evolution* 37, 832-844.
- 10) Bruford, MW., Bradley, DG., Luikart, G. (2003). DNA markers reveal the complexity of livestock domestication. *Nature Reviews Genetics* 4, 900-910.
- 11) Charlesworth, B. (2009). Fundamental concepts in genetics: Effective population size, patterns of molecular evolution, variation. *Nat Rev Genet* 10, 195-205.
- 12) Charlesworth, D., Willis, JH. (2009). The genetics of inbreeding depression. *Nat Rev Genet* 10:783-96.
- 13) Chikhi, L., Bruford, M. (2005). Mammalian Population Genetics, Genomics. In *Mammalian Genomics* (eds. A Ruvinsky, JJ Marshall Graves), pp. 539-583, CABI Publisher.
- 14) Cornuet, J., Luikart, G. (1996). Description, power analysis of two tests for detecting recent population bottlenecks from allele frequency data. *Genetics* 144, 2001-2014.
- 15) Deng, L., Tang, X., Chen, W., Lin, J., Lai, Z., Liu, Z., Zhang, D. (2010). Scanning for Genomic Regions Subject to Selective Sweeps Using SNP-MaP Strategy. *Genomics Proteomics Bioinformatics* 8:256-61.
- 16) Drummond, AJ., Rambaut, A., Shapiro, B., Pybus, OG (2005). Bayesian coalescent inference of past population dynamics from molecular sequences. *Molecular Biology, Evolution* 22, 1185-1192.
- 17) Dupanloup, I., Bertorelle, G. (2001). Inferring admixture proportions from molecular data: extension to any number of parental populations. *Molecular Biology, Evolution* 18, 672-675.
- 18) Eding, H., Bennewitz, J. (2007). Measuring genetic diversity in farm animals. In *Utilisation, conservation of farm animal genetic resources* (ed. K Oldenbroek), pp. 103-130, Wageningen Academic Publishers, Wageningen, The Netherlands.
- 19) Edwards, CJ., Ginja, C., Kantanen, J., Perez-Pardal, L., Tresset, A., Stock, F., European Cattle Genetic Diversity Consortium, Gama, LT., Penedo, MCT., Bradley, DG., Lenstra, JA., Nijman, IJ. (2011). Dual Origins of Dairy Cattle Farming – Evidence from a Comprehensive Survey of European Y-Chromosomal Variation. *PLoS ONE*, 6: e15922.
- 20) Excoffier, L., Heckel, G. (2006). Computer programs for population genetics data analysis: a survival guide. *Nat Rev Genet* 7, 745-758.
- 21) Excoffier, L., Smouse, PE., Quattro, JM. (1992). Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics* 131, 479-491.
- 22) FAO, (2007). *The State of the World's Animal Genetic Resources for Food, Agriculture*. FAO, Rome.
- 23) Finlay, E., Gaillard, C., Vahidi, S., Mirhoseini, S., Jianlin, H., Qi, X., El-Barody, M., Baird, J., Healy, B., Bradley, D. (2007). Bayesian inference of population expansions in domestic bovines. *Biology Letters* 3, 449.
- 24) Foll, M., Gaggiotti, O. (2008). A genome-scan method to identify selected loci appropriate for both dominant, codominant markers: a Bayesian perspective. *Genetics* 180, 977-993.
- 25) Frankham, R., Ballou, JD., Briscoe, DA. (2002). *Introduction to Conservation Genetics*. Cambridge University Press, Cambridge, UK.
- 26) Fu, YX. (1997). Statistical tests of neutrality of mutations against population growth, hitchhiking, background selection. *Genetics* 147, 915-925.
- 27) Ginja, C., Telo da Gama, L., Penedo, M. (2009). Y Chromosome Haplotype Analysis in Portuguese Cattle Breeds Using SNPs, STRs. *J Hered, J Hered*. 100:148-57.
- 28) Granevitze, Z., Blum, S., Cheng, H., Vignal, A., Morisson, M., Ben-Ari, G., David, L, Feldman, MW., Weigend, S., Hillel, J. (2007). Female-specific DNA sequences in the chicken genome. *J Hered*. 98:238-42.

- 29) Green, RE., Krause, J., Briggs, AW., Maricic, T., Stenzel, U., Kircher, M., Patterson, N., Li, H., Zhai, W., Fritz, MH., Hansen, NF., Durand, EY., Malaspinas, AS., Jensen, JD., Marques-Bonet, T., Alkan, C., Prüfer, K., Meyer, M., Burbano, HA., Good, JM., Schultz, R., Aximu-Petri, A., Butthof, A., Höber, B., Höffner, B., Siegemund, M., Weihmann, A., Nusbaum, C., Lander, ES., Russ, C., Novod, N., Affourtit, J., Egholm, M., Verna, C., Rudan, P., Brajkovic, D., Kucan, Z., Gusic, I., Doronichev, VB., Golovanova, LV., Lalueza-Fox, C., De la Rasilla, M., Fortea, J., Rosas, A., Schmitz, RW., Johnson, PL., Eichler, EE., Falush, D., Birney, E., Mullikin, JC., Slatkin, M., Nielsen, R., Kelso, J., Lachmann, M., Reich, D., Pääbo, S. (2010). A draft sequence of the Neandertal genome. *Science*, 328:710-22.
- 30) Groeneveld, LF, Lenstra, JA., Eding, H., Toro, MA., Scherf, B., Pilling, D., Negrini, R., Finlay, EK., Jianlin, H., Groeneveld, E., Weigend, S., Globaldiv Consortium G. (2010). Genetic diversity in farm animals - a review. *Anim Genet.* 41 Suppl 1:6-31.
- 31) Hanotte, O., Bradley, DG., Ochieng, JW., Verjee, Y., Hill, EW., Rege, JEO (2002). African pastoralism: Genetic imprints of origins, migrations. *Science* 296, 336-339.
- 32) Hayes, BJ., Bowman, PJ., Chamberlain, AC., Verbyla, K., Goddard, ME. (2009). Accuracy of genomic breeding values in multi-breed dairy cattle populations. *Genet Sel Evol* 41:51.
- 33) Hayes, BJ., Chamberlain, AJ., MacEachern, S., Savin, K., McPartlan, H., MacLeod, I., Sethuraman, L., Goddard, ME. (2008a). A genome map of divergent artificial selection between *Bos taurus* dairy cattle, *Bos taurus* beef cattle. *Animal Genetics* 40, 176–184.
- 34) Holder, M., Lewis, PO. (2003). Phylogeny estimation: traditional, Bayesian approaches. *Nat Rev Genet* 4:275-84.
- 35) Huson, DH., Bryant, D. (2006). Application of phylogenetic networks in evolutionary studies. *Molecular Biology, Evolution* 23, 254-267.
- 36) Jombart, T., Devillard, S., Dufour, A., Pontier, D. (2008). Revealing cryptic spatial patterns in genetic variability by a new multivariate method. *Heredity* 101, 92-103.
- 37) Joost, S., Colli, L., Baret, PV., Garcia, JF., Boettcher, PJ., Tixier-Boichard, M., Ajmone-Marsan, P.; GLOBALDIV Consortium (2010). Integrating geo-referenced multiscale, multidisciplinary data for the management of biodiversity in livestock genetic resources. *Anim Genet* 41 Suppl 1:47-63.
- 38) Lari, M., Rizzi, E., Mona, S., Corti, G., Catalano, G., Chen, K., Vernesi, C., Larson, G., Boscato, P., De Bellis, G., Cooper, A., Caramelli, D., Bertorelle, G. (2011). The complete mitochondrial genome of an 11,450-year-old aurochs (*Bos primigenius*) from Central Italy. *BMC Evol Biol*, 11:32.
- 39) Larson, G., Dobney, K., Albarella, U., Fang, M., Matisoo-Smith, E., Robins, J., Lowden, S., Finlayson, H., Brand, T., Willerslev, E., Rowley-Conwy, P., Andersson, L., Cooper, A. (2005). Worldwide phylogeography of wild boar reveals multiple centers of pig domestication. *Science*. 307:1618-21.
- 40) Laval, G., SanCristobal, M., Chevalet, C. (2002). Measuring genetic distances between breeds: use of some distances in various short term evolution models. *Genetics Selection Evolution* 34, 481-507.
- 41) Lindgren, G., Backström, N., Swinburne, J., Hellborg, L., Einarsson, A., Sandberg, K., Cothran, G., Vilà, C., Binns, M., Ellegren, H. (2004). Limited number of patrilineages in horse domestication. *Nat Genet*, 36:335-6.
- 42) Libiger, O., Nievergelt, CM., Schork, NJ. (2009). Comparison of genetic distance measures using human SNP genotype data. *Hum Biol*, 81:389-406.
- 43) Liu, GE., Hou, Y., Zhu, B., Cardone, MF., Jiang, L., Cellamare, A., Mitra, A., Alexander, L., Coutinho, LL., Dell'Aquila, ME., Gasbarre, LC., Lacalandra, G., Li, RW., Matukumalli, LK., Nonneman, D., De, A. Regitano, LC., Smith, TPL., Song, J.,

- Sonstegard, TS., Van Tassell, CP., Ventura, M., Eichler, EE., McDanel, TG., Keele, JW. (2010). Analysis of copy number variations among diverse cattle breeds. *Genome Research* 20, 693–703.
- 44) Lòpez Herràez, D., Bauchet, M., Tang, K., Theunert, C., Pugach, I., Li, J., Nandineni, MR., Gross, A., Scholz, M., Stoneking, M. (2009). Genetic Variation, Recent Positive Selection in Worldwide Human Populations: Evidence from Nearly 1 Million SNPs. *Plos ONE* 4, e7888.
 - 45) Luikart, G., England, P., Tallmon, D., Jordan, S., Taberlet, P. (2003). The power, promise of population genomics: from genotyping to genome typing. *Nature Reviews Genetics* 4, 981-994.
 - 46) MacHugh, D., Shriver, M., Loftus, R., Cunningham, P., Bradley, D. (1997). Microsatellite DNA variation, the evolution, domestication, phylogeography of Taurine, Zebu cattle (*Bos taurus*, *Bos indicus*). *Genetics* 146, 1071-1086.
 - 47) Manel, S., Gaggiotti, O., Waples, R. (2005). Assignment methods: matching biological questions with appropriate techniques. *Trends Ecol Evol (Amst)* 20, 136-142.
 - 48) Manel, S., Schwartz, M., Luikart, G., Taberlet, P. (2003). Landscape genetics: combining landscape ecology, population genetics. *Trends Ecol Evol (Amst)* 18, 189-197.
 - 49) Meadows, JR., Kijas, JW. (2009). Re-sequencing regions of the ovine Y chromosome in domestic, wild sheep reveals novel paternal haplotypes. *Anim Genet*, 40:119-23.
 - 50) Medjugorac, I., Kustermann, W., Lazar, P., Russ, I., Pirchner, F. (1994). Marker-derived phylogeny of European cattle supports demic expansion of agriculture. *Anim Genet*. 25 Suppl 1:19-27.
 - 51) Meuwissen, T., Goddard, M. (2010). Accurate prediction of genetic values for complex traits by whole-genome resequencing. *Genetics*. 185:623-31.
 - 52) Nielsen, R., Hellmann, I., Hubisz, M., Bustamante, C., Clark, AG. (2007). Recent, ongoing selection in the human genome. *Nature* 8, 857-868.
 - 53) Novembre, J., Johnson, T., Bryc, K., Kutalik, Z., Boyko, A., Auton, A., Indap, A., King, K., Bergmann, S., Nelson, M., Stephens, M., Bustamante, C. (2008). Genes mirror geography within Europe. *Nature* 456, 98-101.
 - 54) Panchal, M., Beaumont, MA. (2010). Evaluating nested clade phylogeographic analysis under models of restricted gene flow. *Syst Biol* 59:415-32.
 - 55) Pereira, F., Queirós, S., Gusmão, L., Nijman, IJ., Cuppen, E., Lenstra, JA.; Econogene Consortium, Davis, SJ, Nejmeddine, F, Amorim, A (2009). Tracing the history of goat pastoralism: new clues from mitochondrial, Y chromosome DNA in North Africa. *Mol Biol Evol*, 26:2765-73.
 - 56) Prasad, A., Schnabel, R., McKay, S., Murdoch, B., Stothard, P., Kolbehdari, D., Wang, Z., Taylor, J., Moore, S. (2008). Linkage disequilibrium, signatures of selection on chromosomes 19, 29 in beef, dairy cattle. *Animal Genetics* 39, 597-605.
 - 57) Pritchard, JK., Stephens, M., Donnelly, P. (2000). Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155, 945-959.
 - 58) Rubin, CJ., Zody, MC., Eriksson, J., Meadows, JRS., Sherwood, E., Webster, MT., Jiang, L., Ingman, M., Sharpe, T., Ka, S., Hallbook, F., Besnier, F., Carlborg, O., Bed'hom, B., Tixier-Boichard, M., Jensen, P., Siegel, P., Lindblad-Toh, K., Andersson, L. (2010). Whole-genome resequencing reveals loci under selection during chicken domestication. *Nature* 464, 587-591.
 - 59) Sabeti, PC., Reich, DE., Higgins, JM., Levine, HZP., Richter, DJ., Schaffner, SF., Gabriel, SB., Platko, JV., Patterson, NJ., McDonald, GJ., Ackerman, HC., Campbell, SJ., Altshuler, D., Cooper, R., Kwiatkowski, D., Ward, R., Lander, ES. (2002). Detecting recent positive selection in the human genome from haplotype structure. *Nature* 419, 832–837.

- 60) Schaeffer, LR. (2006). Strategy for applying genome-wide selection in dairy cattle. *J Anim Breed Genet* 123:218-23.
- 61) Schneider, S., Excoffier, L. (1999). Estimation of past demographic parameters from the distribution of pairwise differences when the mutation rates vary among sites application to human mitochondrial DNA. *Genetics* 152, 1079-1089.
- 62) Soares, P., Achilli, A., Semino, O., Davies, W., Macaulay, V., Bandelt, HJ., Torroni, A., Richards, MB. (2010). The archaeogenetics of Europe. *Curr Biol* 20:R174-83.
- 63) Stella, A., Panzitta, F., Gandini, G., Boettcher, PJ. (2008). Use of linked loci as individuals or haplotypes for marker-assisted breed assignment. *Animal Genetics* 39, 8-14.
- 64) Stella, A., Ajmone-Marsan, P., Lazzari, B., Boettcher, P. (2010). Identification of selection signatures in cattle breeds selected for dairy production. *Genetics* 185:1451-61.
- 65) Tajima, F. (1989). The effect of change in population size on DNA polymorphism. *Genetics* 123, 597-601.
- 66) The bovine HapMap Consortium (2009). Genome-Wide survey of SNP variation uncovers the genetic structure of cattle breeds. *Science* 324, 528-532.
- 67) Toro, M., Fernández, J., Caballero, A. (2009). Molecular characterization of breeds, its use in conservation. *Livestock Science* 120, 174-195.
- 68) Troy, CS., MacHugh, DE., Bailey, JF., Magee, DA., Loftus, RT., Cunningham, P., Chamberlain, AT., Sykes, BC., Bradley, DG. (2001). Genetic evidence for Near-Eastern origins of European cattle. *Nature* 410, 1088-1091.
- 69) Weir, BS., Cardon, LR., Anderson, AD., Nielsen, DM., Hill, WG. (2005). Measures of human population structure show heterogeneity among genomic regions. *Genome Research* 15, 1468-1476.
- 70) Weir, BS., Cockerham, CC. (1984). Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution* 38, 1358-1370.
- 71) Wright, S. (1969). *Evolution, the genetics of populations. Vol.2: The theory of gene frequencies.* University of Chicago, Chicago, USA.

RECUPERO E CONSERVAZIONE DELLA RAZZA BURLINA (*"In situ" conservation: the Burlina cow*)

M. DE MARCHI, D. PRETTO, M. BATTAGIN, M. PENASA, M. CASSANDRO

Dipartimento di Scienze Animali, Università degli Studi di Padova

SUMMARY

The Burlina is a native, Italian, dairy cattle breed reared in North-East Italy; it is a small sized animal with black spotted coat, well adapted to difficult environmental conditions as marginal mountain areas; thanks to its good grazing characteristics. The origin of Burlina is still uncertain; the most probable hypothesis is that of Chiodi (1965), who suggested that Burlina came from the Jutland peninsula and arrived in North Italy with the Cimbri population in the 11th century.

Burlina spread in the mountain area of Veneto region (mainly Treviso province) where it has always been reared and appreciated by local farmers. The number of reared animals drastically decreased from 15000 in 1930 to 2300 in 1972. In 1980, Burlina has been enrolled in the Italian Herd Book of local breeds. Several actions have been developed to safeguard the Burlina breed, especially in the 1980s, aiming to increase the number of reared animals and the within population variability and to minimize the crosses with other breeds.

The interest in Burlina has increased because it can exploit mountain pasture better than high-specialized cattle breeds, and thus is more able to preserve pastures in the unstable and fragile mountain environment. Moreover, traditionally, from Burlina milk a typical cheese called Morlacco has been produced. The strong link among product, breed and environment is a crucial point for the valorization of that breed.

The conservation programme aiming to decrease the additive genetic relationship and the inbreeding coefficients is established and planned following the pedigree information and carried out by the animal breeder association.

A genetic characterization was carried out using microsatellite markers; the obtained results helped to clarify the genetic diversity and distinctiveness of Burlina population. In particular, the low genetic distance between Burlina and Holstein Friesian suggested that crosses between them took place in the past, while crosses with Brown Swiss seemed to be less frequent. However, analyses of marker genotypes, showed a cluster with only Burlina individuals, which demonstrates the genetic distinctness of this breed. The Burlina breed showed the highest variability among the analyzed breeds and its inbreeding coefficient was low. Molecular data and pedigree information are integrated for planning of conservation programme.

The valorization of Burlina breed in the mountain area of Treviso province is related to typical cheese called Morlacco; a project aimed to produce the Morlacco cheese only from Burlina milk has been developed. In low-input management level the strategy of production of single-breed cheese linked to the regional cow's incentive can be compensate the profitability of Burlina herds respect to other cosmopolitan breeds allowing the safeguarding of the Burlina breed.

STORIA E CARATTERISTICHE DELLA RAZZA

La Burlina è una razza autoctona a duplice attitudine allevata nelle aree pedemontane del Veneto. Le ipotesi sulla sua origine sono molteplici quella più accreditata è quella del prof. Chiodi che associa la Burlina alle razze pezzate del Nord Europa per la somiglianza morfolo-

gica con le bovine della Frisia orientale, dell'Olanda e della Danimarca (Chiodi, 1927). Oltre alle caratteristiche somatiche, ad avvalorare la teoria di Chiodi si aggiunge l'analisi storica del periodo di diffusione della razza. Sembra che la Burlina sia stata introdotta nel territorio Veneto dai Cimbri e dai Teutoni nel 100 a.C.. Queste due popolazioni, originarie dell'attuale penisola dello Jutland, dopo essere state sconfitte dalle legioni romane presso i Campi Raudi (Vercelli) si insediarono prima nel territorio di Asiago e successivamente nel complesso montuoso del Grappa. Isolate in questo territorio dai presidi militari Romani, mantennero intatti i loro usi e costumi, la loro lingua e le loro tradizioni. Rifacendoci al concetto di coevoluzione, si può confermare quanto detto da Chiodi: la sorte subita dagli abitanti di questi luoghi è probabilmente quella occorsa ai loro animali (Chiodi, 1927).

Alla fine del 1800 il patrimonio zootecnico veneto si attestava su circa 100.000 bovini, ripartiti tra le razze Grigio Alpina, allevata per la produzione di latte, carne e per la forza lavoro, Rendena, allevata per la produzione di latte e carne, e Burlina, caratterizzata da una buona produzione di latte ma anche da una grande capacità di adattarsi a condizioni di allevamento variabili. In questi anni la distinzione tra le razze non era precisa, soprattutto nelle zone dove venivano allevate insieme.

Nel 1910 iniziò un periodo di grandi difficoltà per la Burlina; vennero avanzate le prime proposte di sostituzione delle razze "di piccola taglia" con quelle più redditizie, come la Bruna Alpina; questo unito ai grandi danneggiamenti della prima guerra mondiale portò ad un rapido decremento della popolazione di razza Burlina.

Nel 1926 il Comitato Zootecnico Provinciale impostò un programma che prevedeva l'eliminazione dei riproduttori non ritenuti idonei per il miglioramento del patrimonio bovino dell'epoca. Molti allevatori si opposero a questa disposizione e costituirono un Consorzio per la ricostituzione della Burlina. Nel 1929 vennero stanziati premi e contributi indirizzati alla diffusione della Bruna Alpina vietando l'utilizzo di tori non approvati dalle Commissioni Zootecniche Provinciali. Nonostante i tentativi di eliminazione della razza, nel censimento del 1930 la consistenza raggiungeva i 15.000 capi distribuiti nell'alta pianura, nelle zone collinari e nelle Prealpi trevigiane e vicentine.

Nel 1931, durante il Convegno di Padova per lo Sviluppo e il Miglioramento del Patrimonio Zootecnico delle Tre Venezie e, più tardi nel 1942, durante il Convegno di Merano, venne esaminata la situazione della razza e, visti gli scarsi risultati ottenuti dopo anni di lavoro ricostruttivo, selettivo e di controllo, si decise di procedere alla sua graduale sostituzione con la Bruna Alpina. Ufficialmente la Burlina era stata eliminata ma la sua presenza fu consentita dal Secondo Conflitto Mondiale: questo, come il precedente, frenò l'applicazione delle direttive ufficiali con il conseguente rallentamento di ogni attività promozionale e di controllo.

Nel dopoguerra furono applicati i regolamenti che vietavano l'uso di tori non approvati



dalle Commissioni Zootecniche Provinciali e vennero concessi nuovi contributi per l'acquisto ed il mantenimento di riproduttori, maschi e femmine, delle razze riconosciute. Nel Convegno Zootecnico delle Tre Venezie del 1954 non furono adottate misure particolari per la Burlina in quanto, con il miglioramento delle risorse economiche degli allevatori, sarebbe stato nel loro stesso interesse preferire razze più produttive.

Con la promulgazione della Legge n. 126/1963, applicata dal 1972, sulla disciplina della riproduzione bovina, si vietò l'uso di tori non abilitati nelle stazioni di monta e presso i nuclei di selezione; questo contribuì alla drammatica contrazione del numero di animali allevati.

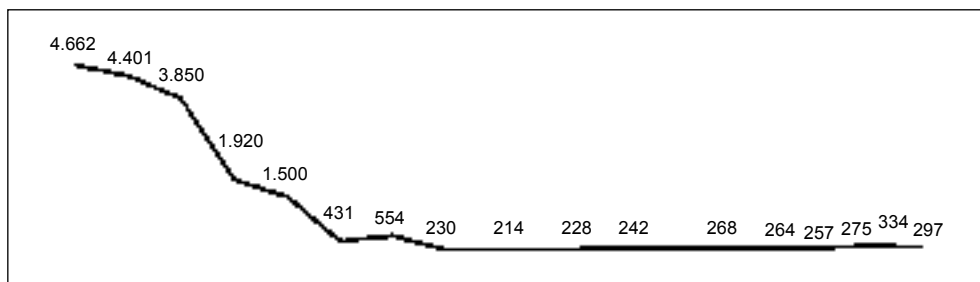


Figura 1: Andamento della popolazione Burlina in provincia di Treviso (Veneto Agricoltura, 2007; AIA, 2008).

Negli anni '80, grazie ai provvedimenti internazionali sulla conservazione della biodiversità, la Burlina, che era considerata ormai una razza reliquia, venne introdotta nel Registro delle Razze Autoctone. Il suo recupero faceva parte del "Progetto Finalizzato alla Difesa delle Risorse Genetiche delle Popolazioni Animali". Nel 1983 (dopo 11 anni) vennero ripresi i controlli funzionali, le valutazioni morfologiche e l'individuazione dei tori con le migliori caratteristiche di razza, da inviare ai centri di selezione per la produzione di materiale seminale. L'Ente di Sviluppo Agricolo del Veneto (ESAV) introdusse un piano di recupero con l'obiettivo di aumentare la popolazione femminile, ridurre la parentela fra gli individui e l'incrocio con altre razze (Bittante et al., 1992).

In Figura 1 si riporta l'andamento della popolazione Burlina in provincia di Treviso dagli anni '50 ad oggi. Ad oggi la popolazione Burlina conta circa 375 capi controllati distribuiti in 22 allevamenti e allevati per la maggior parte in provincia di Treviso.

Gli allevamenti sono localizzati nella zona pedemontana del Grappa, cioè nei comuni dell'area dei colli Asolani. Si tratta di aziende a stabulazione fissa, con sistema di mungitura a lattodotto. La monta naturale è ancora assai praticata e ogni azienda ha almeno un toro Burlino nella mandria. Nel periodo estivo le vacche sono alpeggiate sulle zone impervie e poco produttive del monte Grappa. Si sfruttano in tal modo le caratteristiche di rusticità, frugalità e buona adattabilità della razza a pascoli poveri.

La Burlina è un animale di taglia media, con mantello nero pezzato e con pelle sottile, elastica, facilmente staccabile dai tessuti sottostanti. La testa è leggera, allungata, il profilo rettilineo o leggermente concavo, gli occhi vivaci, le orecchie grandi, le narici lunghe, il musello e le mascelle larghe, le corna leggere, incurvate, dirette in avanti e in alto. Anteriormente l'animale si presenta armonico e ben sviluppato, il collo è leggero con giogaia sviluppata, il garre-



se non aperto e non acuminato, le spalle aderenti e poco muscolose, il petto largo, gli arti poco muscolosi, i piedi con unghioni solidi e ben sviluppati con zoccolo che si allarga uniformemente verso il contorno plantare. La linea dorsale è diritta, la spina dorsale non molto pronunciata e i lombi sono larghi. La groppa è tendenzialmente quadrata, leggermente inclinata, la coda ben attaccata con fiocco abbondante. Gli arti posteriori hanno appiombi regolari, cosce poco muscolose, garretti asciutti, leggeri e stinchi corti e leggeri, i piedi ben sviluppati, così come le pastoie e la corona. La mammella è globosa, con quarti uniformi, capezzoli lunghi e vene sviluppate.

Da un punto di vista produttivo la Burlina non può essere paragonata alle razze cosmopolite mentre da un punto di vista riproduttivo mostra delle performance nettamente migliori (tabella 1). Quest'ultimo aspetto, unitamente al forte legame col territorio e al fatto che la razza è parte del patrimonio zootecnico veneto, fa assumere alla Burlina un ruolo importante nella zootecnia locale.

Tabella 1: Prestazioni produttive e riproduttive di bovine di diverse razze sottoposte a controllo funzionale in provincia di Treviso (AIA, 2008)

	Frisona Italiana	Bruna Italiana	Pezzata Rossa Italiana	Burlina
<i>Prestazioni produttive</i>				
- Lattazioni, n	2,44	2,67	2,89	3,59
- Latte, kg/lattazione	9.052	7.683	7.002	4.954
- Grasso, %	3,61	3,98	3,76	3,60
- Proteina, %	3,30	3,54	3,48	3,29
<i>Prestazioni riproduttive</i>				
- Età al primo parto, mesi	27,4	28,4	29,5	28,4
- Età media al parto, mesi	47,2	51,0	53,0	60,7
- Mediana Parto/concepimento, d	147	147	100	92
- Inseminazioni/gravidanza, n	2,6	2,5	2,0	1,8

CARATTERIZZAZIONE GENETICA

In uno studio condotto da Dalvit et al. (2008) è stato caratterizzato geneticamente un campione di 80 vacche di razza Burlina della provincia di Treviso. Questo studio svolto analizzando il polimorfismo di 12 marcatori di tipo microsatellite ha coinvolto due popolazioni cosmopolite quali la Frisona e la Bruna Italiana. In questo studio la Burlina ha mostrato un'alta variabilità genetica fra i loci analizzati (0,675) e un ridotto coefficiente di inbreeding (0,007).

Tabella 2: Distanze genetiche fra le razze Burlina, Frisona Italiana e Bruna Italiana misurate attraverso pair-wise FST (Dalvit et al., 2008)

Razza	Frisona Italiana	Bruna Italiana
Burlina	0,0471	0,1027
Frisona Italiana		0,1009

L'analisi delle distanze genetiche ha evidenziato una maggior somiglianza delle razze Burlina e Frisona rispetto alla razza Bruna evidenziando una chiara admixture fra Burlina e Friso-

na (tabella 2); questo è testimoniato anche dal fatto che negli anni '70 è stato frequentemente utilizzato l'incrocio con la razza Frisona.

Pacini et al. (2008) hanno svolto su un campione di circa 200 vacche una determinazione delle variante B della k-caseina sviluppando una metodologia PCR-TTGE (Temporal Temperature Gradient Gel Electrophoresis), questa variante della K-caseina è nota per svolgere un ruolo determinante nella caseificazione del latte. La frequenza dell'allele B della k-caseina è risultata di 0,368.

Un recente studio condotto da Penasa et al. (2010) ha valutato la variabilità genetica della popolazione Burlina utilizzando l'approccio quantitativo classico. Sono stati stimati i parametri genetici per la produzione di latte, i contenuti di grasso e proteina, e il punteggio di cellule somatiche utilizzando 13.576 singoli controlli rilevati su 666 vacche in 10 allevamenti della provincia di Treviso dal 1999 al 2009. L'ereditabilità è risultata moderata per i caratteri produttivi (18% per la produzione di latte, 28% per la percentuale di grasso e 35% per la percentuale di proteina) e bassa per il punteggio di cellule somatiche (5%). Le correlazioni genetiche tra i caratteri hanno evidenziato valori bassi e statisticamente non diversi da zero, fatta eccezione per la correlazione tra grasso e proteina (0,63, con un intervallo di confidenza compreso tra 0,47 e 0,76). Lo studio ha rivelato l'esistenza di variabilità genetica per i caratteri analizzati, anche se contenuta per le cellule somatiche. Tale variabilità, nell'ambito di una razza a limitata diffusione potrebbe essere sfruttata per fini selettivi solo se associata ad un monitoraggio continuo del livello di consanguineità nella popolazione. Pertanto, è necessario scegliere con attenzione i riproduttori da utilizzare e tale scelta dovrebbe essere basata su indici combinati in grado di ottimizzare la risposta alla selezione e il contenimento della consanguineità come suggerito da diversi autori (Brisbane e Gibson, 1995; Meuwissen e Sonesson, 1998; Sørensen et al., 2008).

LA VALORIZZAZIONE DEI PRODOTTI

Tradizionalmente nella pedemontana della provincia di Treviso il latte della vacca Burlina era utilizzato per la produzione di un formaggio fresco denominato Morlacco. Il Morlacco è il prodotto della trasformazione del latte crudo, intero o parzialmente scremato; è un formaggio a pasta cruda, molle o semidura. In base alla durata della maturazione si distinguono due tipologie: fresco e stagionato. Il Morlacco fresco presenta crosta bianca, pasta tenera e compatta, il colore varia dal bianco all'avorio, sono presenti occhiature piccole, sparse e poco regolari. È un formaggio dal sapore salato, aromatico e leggermente acidulo. Il Morlacco stagionato ha la crosta morbida, corrugata sullo scalzo, il colore varia da paglierino ad aranciatto-rosso. La pasta è tenera, il sottocrosta da molle a filante. Le caratteristiche organolettiche si accentuano con la stagionatura, la cui durata va da un minimo di 7 giorni per la tipologia fresco ad almeno 45 giorni per la variante stagionata.

Il Morlacco del Grappa di malga è un prodotto identificato come Presidio Slow Food. Esso riunisce i "malgari" del Monte Grappa che producono il formaggio solo con il latte munto durante l'alpeggio. Questa identificazione è un motivo in più per ritornare a praticare la monticazione degli animali e dare visibilità ad un prodotto tradizionale che merita di essere tutelato.

La possibilità di legare questo formaggio alla razza Burlina rappresenta oggi l'unica naturale possibilità per salvaguardare questa razza. In accordo con questo è stato avviato un progetto regionale che ha coinvolto l'associazione provinciale allevatori della provincia di Treviso, associazione produttori latte del Veneto e il Dipartimento di Scienze Animali dell'Università di Padova con l'obiettivo di valorizzare la produzione di formaggio Morlacco di sola razza Burlina. Tale progetto si inserisce nell'ambito delle attività di valorizzazione della razza Burlina a cornice delle attività di conservazione della stessa.

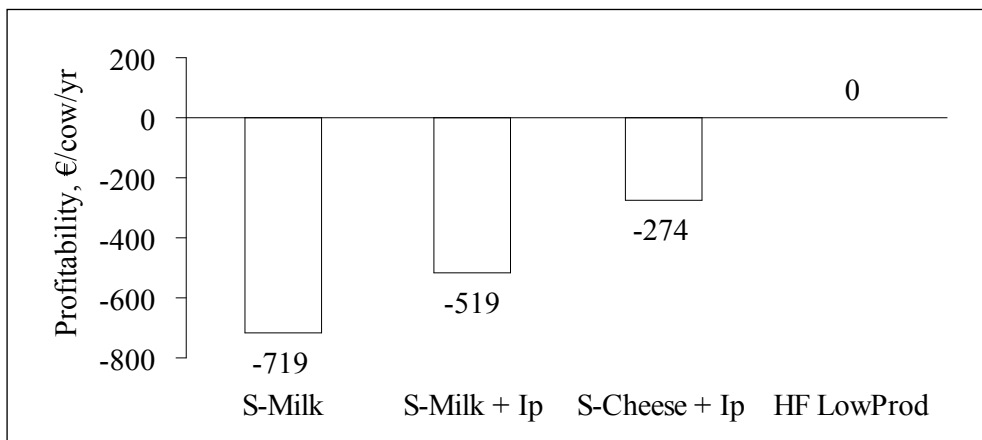


Figura 2: Differenza in redditività fra le razze Burlina (BU) e la Frisona Italiana (HF) in relazione a differenti scenari di pagamento del latte e alla presenza di incentivi regionali: latte alimentare per industria (S-Milk), S-Milk più incentivo regionale per le vacche BU (S-Milk + Ip), latte per la produzione di formaggio Morlacco di sola vacca Burlina più incentivo regionale per le vacche BU (S-Cheese + Ip), e S-Cheese + Ip e allevamento di HF nelle stesse condizioni di allevamento della BU (7,900 kg) (HF LowProd). (Pretto et al., 2009)

Pretto et al. (2009) hanno sviluppato un sistema per la valutazione della redditività dell'allevamento della razza Burlina in provincia di Treviso svolgendo una comparazione dei costi e ricavi di allevamento e valutando diversi scenari di remunerazione economica del latte. Come mostrato dalla Figura 2 l'allevamento della razza Burlina in ambienti marginali e in presenza di contributi regionali per la salvaguardia delle popolazioni a limitata diffusione è paragonabile all'allevamento della razza Frisona. Come riportato da Pretto et al. (2009) il contributo pubblico dato agli allevatori nella forma di 200 euro UBA\anno rappresenta una misura non sufficiente a rendere competitiva questa razza nei confronti delle razze cosmopolite ma tuttavia rappresenta l'unico incentivo per gli allevatori custodi.

Oltre alla valorizzazione del latte della razza Burlina sono stati condotti alcuni lavori volti alla caratterizzazione e valorizzazione dei vitelloni di razza Burlina. In merito a questo Cozzi et al. (2009) le performance durante l'ingrasso di vitelloni provenienti da alcune razze autoctone (Grigia Alpina, Burlina e Rendena) e una razza duplice attitudine la Pezzata Rossa Italiana allevati nelle medesime conduzione di allevamento e dieta. I vitelloni di razza Burlina mostrarono delle performance produttive e di qualità della carne simili a quelle delle altre razze e della razza Simmental. Un'altra indicazione interessante riportata da Cozzi et al. (2009) ha riguardato la maggiore resistenza delle razze autoctone, e fra queste la Burlina, alle patologie endemiche, questa testimoniata dal minor numero di trattamenti sanitari.

PIANO DI CONSERVAZIONE

Nel 1980 la razza Burlina è stata inserita nel registro delle razze locali. Da quel momento sono stati raccolti tutti i dati produttivi e riproduttivi degli allevamenti sottoposti a controllo funzionale e sono stati annualmente riportati dall'Associazione Italiana Allevatori. All'inizio del progetto di conservazione i tori presenti nelle zone di allevamento della provincia di Treviso furono incrociati con le vacche di razza Burlina pure o meticce cercando di ricosti-

tuire la razza attraverso un incrocio di ritorno. Gli animali che sottostavano allo standard di razza e la loro genealogia sono stati registrati permettendo la creazione di un dataset costituito da 2.177 individui (1.619 femmine e 567 maschi). Circa l'80% di questo dataset presenta complete informazioni parentali, la popolazione base presente prima del 1980 era costituita da 153 animali e più del 60% dei soggetti presenti nel dataset è nato dopo il 2000. Nel dataset sono inoltre registrate le informazioni genealogiche di 790 animali meticcici di razza Burlina (520 femmine e 270 maschi) allevati nei medesimi allevamenti degli animali allevati in purezza. Le informazioni riguardanti il pedigree degli animali sono periodicamente analizzate da parte del Dipartimento di Scienze Animali dell'Università di Padova per fornire all'Associazione Allevatori di Treviso le informazioni necessarie alla pianificazione dei piani di accoppiamento.

CONCLUSIONI E PROSPETTIVE

La popolazione Burlina nel corso degli anni si è contratta al punto di rientrare nella categoria a rischio di scomparsa, secondo la griglia della FAO. L'idea di salvare la razza ed i relativi custodi, rappresenta oggi l'obiettivo primario delle attività di ricerca e assistenza tecnica legate a questa razza. Alla base della valorizzazione di questa razza si è affermata la strategia di valorizzare il latte mediante la produzione del formaggio Morlacco di sola Burlina. Parallelamente, data la limitata consistenza della razza, l'attività di conservazione prevede un attivo piano di monitoraggio della variabilità genetica ed una accurata gestione degli accoppiamenti al fine di contenere il più possibile l'incremento di consanguineità nella popolazione. Il Dipartimento di Scienze Animali dell'Università di Padova ha svolto studi di caratterizzazione molecolare della struttura della razza utilizzando marcatori microsatelliti evidenziando la possibilità di distinguere le razze Burlina, Frisona e Bruna, e riuscendo pertanto a individuare gli animali frutto di incrocio; inoltre, non sono stati riscontrati livelli elevati di consanguineità tali da comprometterne il recupero. Questi studi consolidati nel programma di conservazione hanno permesso nel 2010 la definizione dei primi indici di conservazione per ciascun riproduttore basati sul valore di parentela media di ciascun soggetto rispetto alla popolazione e sulle caratteristiche produttive e qualitative degli stessi, al fine di individuare i riproduttori che possano garantire la massima variabilità genetica senza pregiudicarne le caratteristiche produttive.

Gli sforzi e le numerose iniziative che si stanno svolgendo e proponendo per la razza Burlina hanno lo scopo di mantenere una risorsa genetica che potrebbe rivelarsi preziosa in futuro e già oggi utili per la salvaguardia di un territorio, la pedemontana del Grappa, ricco di storia e tradizioni.

Il fine ultimo è quello di invertire il trend di diminuzione del numero di capi coinvolgendo tutti gli allevamenti di Burlina. Gli allevatori svolgono il ruolo di custodi di un patrimonio genetico unico e per questo deve essere dato loro un riconoscimento legato alla valorizzazione del latte che producono. Mantenere una razza significa mantenere anche i suoi prodotti e il territorio in cui è allevata. L'auspicio è che questa organizzazione delle attività di conservazione possa essere percorsa non solo per la Burlina presente nella pedemontana trevigiana ma in tutto il Veneto e in tutte le realtà zootecniche italiane.

BIBLIOGRAFIA

- 1) AIA,(2008). Associazione Italiana Allevatori. Controlli della produttività del latte in Italia. Statistiche Ufficiali.

- 2) Bittante, G., Xiccato, G., Debattisti, P., Carnier, P. (1992). Prestazioni produttive e riproduttive di bovine di razza Burlina, Frisona e meticce allevate in ambiente pedemontano. *Zootecnica e Nutrizione Animale*. 18:125-137.
- 3) Brisbane, J.R., Gibson, J.P. (1995). Balancing selection response and rate of inbreeding by including genetic relationships in selection decisions. *Theoretical Applied Genetics*. 91: 421-431.
- 4) Chiodi, V. 1927. La razza bovina “Burlina” o “Binda” degli Altipiani di Asiago e dei Tredici Comuni. *Rivista di Zootecnia*. 4:1-15.
- 5) Cozzi, G., Brscic, M., Contiero, B., Gottardo, F. (2009). Growth, slaughter performance and feeding behaviour of young bulls belonging to three native cattle breeds raised in the Alps. *Livestock Science*. 125: 308-313.
- 6) Pretto, D., De Marchi, M., Dalvit, C., Cassandro, M. (2009). Comparing profitability of Burlina and Holstein Friesian cattle breeds. *Italian Journal of Animal Science*. 8(3):65-67.
- 7) Dalvit, C., De Marchi, M., Dal Zotto, R., Zanetti, E., Meuwissen, T., Cassandro, M. 2008. Genetic characterization of the Burlina cattle breed using microsatellites markers. *Journal of Animal Breeding and Genetics*. 125:137-144.
- 8) Meuwissen, THE, Sonesson, A.K. (1998). Maximizing the response of selection with a predefined rate of inbreeding: overlapping generations. *Journal of Animal Science*. 76: 2575-2583.
- 9) Pacini, F., Andrighetto, C., Lombardi, A., Dal Zotto, R., De Marchi, M., Cassandro, M. Lomabardi, A. (2008). Detection of B κ -casein variant (CSN3*B) in Burlina dairy cattle by PCR-TTGE. *Dairy Science Technology*. 88:217-223.
- 10) Penasa, M., Cecchinato, A., Battagin, M., De Marchi, M., Pretto, D., Cassandro, M. (2010). Bayesian inference of genetic parameters for test-day milk yield, milk quality traits, and somatic cell score in Burlina cows. *Journal of Applied Genetics*. 51: 489-495.
- 11) Sørensen, M.K., Sørensen, A.C., Baumung, R., Borchersen, S., Berg, P. (2008). Optimal genetic contribution selection in Danish Holstein depends on pedigree quality. *Livestock Science*. 118: 212-222.
- 12) Veneto Agricoltura. (2007). Conservazione e valorizzazione della razza Burlina. Scheda di divulgazione.

RECUPERO E CONSERVAZIONE “IN SITU”: IL CASO DELLA CINTA SENESE (“*In situ*” conservation: the Cinta Senese pig)

R. BOZZI, C. PUGLIESE

Sezione di Scienze Animali – DIBA, Università degli Studi di Firenze

SUMMARY

Cinta Senese is a white belted pig breed originated in Tuscany (Italy), near the town of Siena, where its presence is well documented since 14th century. In the last century after a period of high risk for the breed many activities to characterize and recover the breed have been carried out by various actors. Since 1980 the Tuscany Region instituted a new regional herd-book and provided economic incentives to breeders in order to compensate the lower profitability of the local breed compared to commercial genotypes. In 1997 registration started again at the national level with the National Herd-book held by the National Pig Breeders Association. At the same time various research activities have been carried out on Cinta Senese and the main topics regarded inbreeding management, effective size, monitoring of reproductive parameters, quality of products among others. This intense activity allowed to obtain a PDO label for meat produced with the breed.

The Cinta Senese breed represents one of the most interesting examples of the link among rustic breeds, outdoor management and typical products. The research clearly showed that meat from Cinta Senese is substantially different from that produced with the improved genotypes and the cured products of the former showed specific peculiarity in terms of quality reaching high prices in the market. Nevertheless many aspects deserve attention for research in the future in order to allow the survival of the breed.

At present the main objective of genetic management is to maintain an high genetic variation with no specific selection activities. However, the breed showed a positive demographic trend and the population seems stabilized in terms of number of heads, thus the need to identify selection objectives and strategies will arise. Such strategies must take into account both breed characteristics and market trends.

ORIGINE E STORIA RECENTE

La razza Cinta Senese è stata ufficialmente riconosciuta con la creazione del Libro Genealogico nel 1934 ma la sua storia è molto più antica e tracce di questa popolazione si ritrovano a partire dagli inizi del 1300 in molti affreschi dell'epoca di cui il più noto è senza dubbio quello del Lorenzetti situato nel Palazzo Pubblico di Siena raffigurante gli effetti del Buon Governo. Nonostante questa storiografia così importante e remota la razza ha subito nel secolo scorso numerose vicissitudini che hanno portato alla sua quasi totale scomparsa. Se infatti alla fine degli anni '50 si stimavano oltre 150.000 capi di Cinta Senese (Raimondi, 1954), nel 1986 un censimento della Regione Toscana identificava solo 81 scrofe e 3 verri. Risale a quegli anni il primo intervento di recupero della razza con un finanziamento della stessa Regione Toscana che ha portato poi a specifiche leggi regionali ed alla creazione di un Registro Anagrafico (RA) tenuto all'epoca dall'Associazione Provinciale Allevatori (APA) di Siena. Il rinnovato interesse ha portato alla riapertura della sezione per la Cinta Senese del Libro Genealogico suino (D.M. del 7/8/97) ed in seguito, con il D.M. 20871 del 6/3/2001, è stato costituito il Registro Anagrafico dei tipi genetici suini autoctoni che comprendeva anche la Cin-

ta Senese. Nel registro sono ad oggi riportate le norme tecniche per l'iscrizione di un soggetto relative ai soli caratteri morfologici di razza non essendo prevista attività di selezione ma il solo controllo della consanguineità. La Regione Toscana ha comunque continuato a supportare l'attività di conservazione e valorizzazione delle popolazioni autoctone e, di conseguenza, della razza Cinta Senese, promulgando una prima legge regionale toscana al riguardo (L.R. 50/97) e, successivamente, la L.R. 64/04 tuttora in vigore.

Alle leggi nazionali e regionali, affiancate dall'erogazione di premi per le razze autoctone a rischio di estinzione, ha fatto seguito un'intensa attività di ricerca sviluppata dall'allora Dipartimento di Scienze Zootecniche dell'Università di Firenze, volta appunto alla salvaguardia e valorizzazione della razza. Il primo progetto di ricerca venne finanziato nel 1989 dall'ex Ente Toscano Sviluppo Agricolo e Forestale (ETSAF) e prevedeva l'impiego della razza come incrociante per la produzione del prosciutto toscano DOP; si sono in seguito susseguiti programmi di ricerca finanziati a livello regionale (ARSIA – Regione Toscana), nazionale (PRIN) e internazionale (INTERREG) che hanno mostrato le positive peculiarità di questa razza, in modo particolare se allevata con sistemi di allevamento non tradizionali e che hanno certificato la qualità delle produzioni. L'interesse suscitato è stato ampio tanto che l'attenzione si è spostata dalla semplice salvaguardia della razza alla valorizzazione dei prodotti con risultati senza dubbio importanti tra i quali dobbiamo annoverare l'ottenimento della DOP per la carne fresca prodotta da suini iscritti al Registro Anagrafico del tipo genetico Cinta Senese.

GESTIONE GENETICA DELLA RAZZA

La gestione genetica della popolazione di Cinta Senese è stato, insieme alla valorizzazione delle produzioni, uno dei punti di forza per il recupero della razza. Le attività legate alla conservazione partono negli anni '80, momento di minimo storico per la razza, grazie all'APA di Siena, al CNR, all'Università di Milano e all'allora Dipartimento di Scienze Zootecniche dell'Università di Firenze, ed hanno subito poi un deciso impulso nel 1999 con l'avvio del progetto ARSIA sulla razza e con l'impegno dell'Associazione Nazionale Allevatori Suini (ANAS) nella registrazione delle informazioni anagrafiche. Da allora è proseguita l'attività di gestione ed è via via migliorato il servizio agli allevatori. Le linee guida dei piani di gestione sono da sempre riconducibili a:

- utilizzazione di un numero sufficiente di verri;
- identificazione periodica di un numero di verri tra loro poco parenti da utilizzare come genitori della successiva generazione;
- fornire agli allevatori uno strumento facile ed immediato per l'uso dei verri in azienda.

Nel corso degli anni, dati anche la rapida crescita della razza e l'avvicinarsi di allevamenti con numero ridotto di animali, è stato necessario adattare la strategia di gestione alle situazioni contingenti; nondimeno il principio generale è stato rispettato tanto che si è avuto un aumento del numero dei maschi impiegati e soprattutto una riduzione della consanguineità media di popolazione. L'obiettivo generale del programma di gestione è stato infatti quello di diminuire la consanguineità in tutti gli allevamenti e di evitare il suo aumento a livelli elevati negli anni a venire.

La scelta degli animali da destinare alla riproduzione è ovviamente un momento cruciale per il futuro della razza e nel caso della Cinta Senese è stata, ed è attualmente, prevista un'attenta valutazione morfologica dei giovani riproduttori, privilegiando la scelta 'entro famiglia' piuttosto che quella 'tra famiglie', selezionando cioè i migliori riproduttori di ogni famiglia e non dando preferenza a linee particolari al fine di conservare in attività tutte le linee familiari presenti nella razza.

Lo strumento con cui è stata gestita la razza nel corso degli anni è appunto il Registro Anagrafico, tenuto dall'ANAS, che stabilisce i requisiti morfologici e produttivi minimi e le caratteristiche di esclusione dei soggetti. Le norme tecniche prevedono infatti che un soggetto non possa essere iscritto quando:

- è assente la fascia bianca o interessa più del 50% del corpo;
- sono presenti setole rosse o rosso-giallastre;
- presenta mantello striato od agouti;
- presenta di zone depigmentate al di fuori della cintura;
- presenta le orecchie portate dritte;
- non possiede almeno 10 mammelle normali.

Oltre al registro, sul sito ANAS, sono state rese consultabili, attraverso una semplice interfaccia grafica, molte delle informazioni necessarie per una gestione rapida ed efficace del controllo della consanguineità. Si possono infatti fare ricerche per soggetto e ipotizzare anche accoppiamenti tra verri e scrofe per conoscere in anticipo il coefficiente di consanguineità della nidiata e, cosa ancora più importante, una volta fornita una lista di maschi e femmine disponibili sapere quali saranno gli accoppiamenti che consentiranno di mantenere il livello di consanguineità della generazione futura più basso possibile.

CONSISTENZE E SITUAZIONE ATTUALE

La razza, dal momento in cui è iniziata la sua valorizzazione, ha subito un lento aumento del numero dei riproduttori fino alla metà degli anni '90, dopodiché, grazie anche all'introduzione del R.A. si è osservato (grafico 1) un brusco aumento del numero dei riproduttori stabilizzatosi a partire dal 2003. In totale, l'archivio anagrafico delle popolazioni di Cinta Senese, consta di circa 18.000 informazioni. Attualmente risultano iscritte all'ANAS 170 aziende diffuse principalmente in Toscana e Umbria, ma con qualche sporadico allevamento fuori zona (grafico 2).

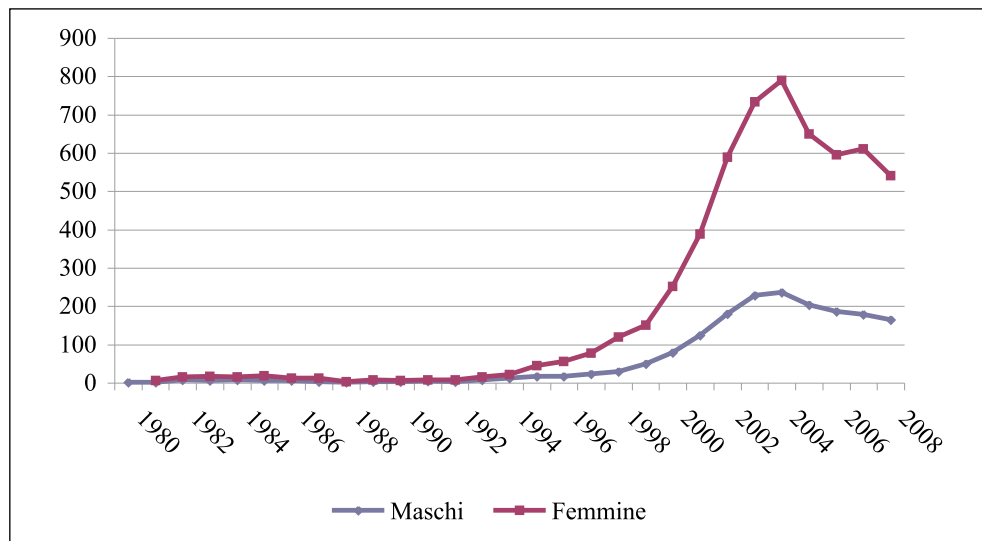


Grafico 1: Numero maschi e femmine

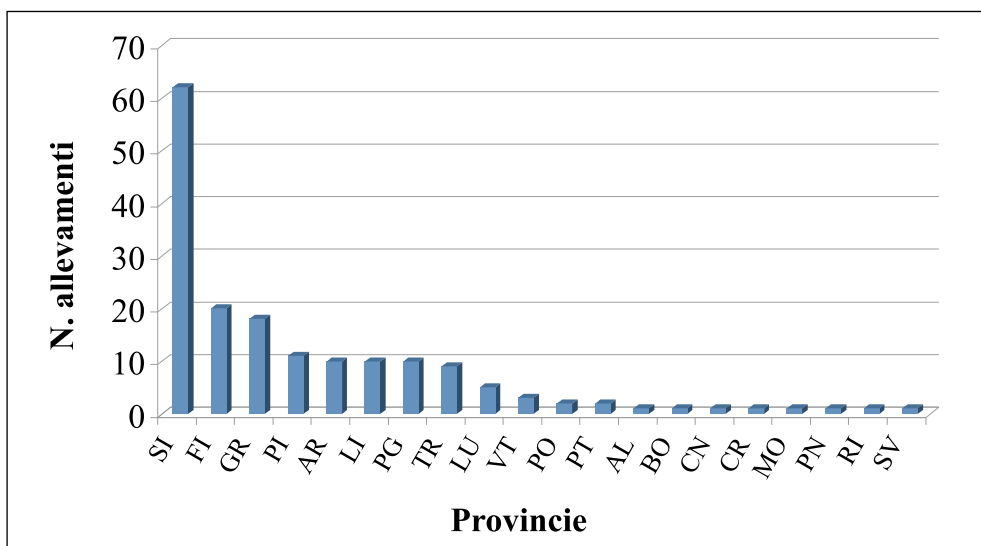


Grafico 2: Aziende per provincia

La provincia di gran lunga più rappresentata è quella di Siena, culla di origine della razza con oltre 60 allevamenti. L'età media dei maschi e delle femmine in riproduzione di Cinta Senese risulta pari a 2,7 e 2,6 anni rispettivamente; si ha inoltre un uso massiccio di animali giovani (oltre 1200 maschi e quasi 4000 femmine entro i 2 anni di età) e sono pochissimi i riproduttori che hanno funzionato oltre i 6 anni di età (qualcosa di più per le scrofe). L'intervallo di generazione per la Cinta Senese è risultato pari a 2,6 anni e si ha una sostanziale omogeneità dell'intervallo nel corso degli anni. La gestione del Registro Anagrafico ha fatto sì che la completezza delle informazioni sia andata via via aumentando e già a partire dai primi anni '90 si ha più del 90% di informazioni alla 3° ed oltre il 50% alla 6° generazione. Una tale completezza dell'informazione ha permesso di ottenere stime dell'aumento annuale di consanguineità pienamente attendibili.

La popolazione di Cinta, dopo i primi anni in cui comparivano soggetti, con coefficienti di consanguineità decisamente elevati (oltre il 50%), ha ad oggi una popolazione con livelli di consanguineità contenuta e solo pochissimi esemplari superano la soglia del 35%. Osservando il grafico 3, che riporta l'andamento della consanguineità media di razza per la Cinta Senese, si può notare come la situazione, dopo un incremento marcato fino alla metà degli anni '90 (dovuto anche all'aumentato numero di informazioni disponibili), è andata migliorando raggiungendo un valore medio di consanguineità che oscilla intorno al 15% e con una deviazione standard che, a partire dal 2004, risulta inferiore al 10% (grafico 3).

Anche l'andamento del numero effettivo di popolazione fornisce una conferma al recupero numerico della razza (tabella 1); il dato infatti, seppur calcolato utilizzando metodi che non tengono conto della varianza della numerosità della progenie, è indicativo, in termini generali, del costante aumento del valore a prescindere dal tipo di calcolo impiegato e lascia aperta la strada a futuri programmi che possano prevedere anche una attività selettiva tesa alla valorizzazione delle produzioni (Crovetti et al., 2008).

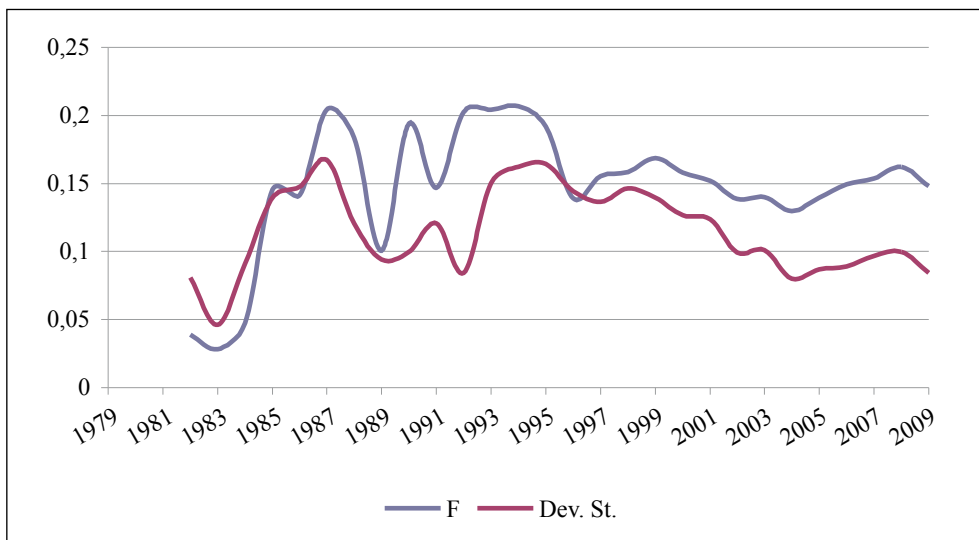


Grafico 3: Andamento consanguineità

Una prima conclusione permette di osservare che per la razza Cinta Senese il piano di salvaguardia e valorizzazione della popolazione ed al tempo stesso di controllo della consanguineità, abbia egregiamente lavorato portando ad una popolazione attuale stabile e sotto controllo.

Tabella 1: Numero effettivo di popolazione di Cinta Senese per anno di nascita

Anno	Ne via ΔF	Ne via num. genitori
1993	5	19
1994	12	33
1995	19	49
1996	-	52
1997	82	71
1998	62	96
1999	88	148
2000	75	241
2001	-	376
2002	-	554
2003	-	698
2004	-	729
2005	86	621
2006	35	569
2007	41	551
2008	26	503

INTERVENTI DI VALORIZZAZIONE

Al quadro generale di salvaguardia della razza si sono da subito affiancati numerosi progetti di caratterizzazione e valorizzazione delle produzioni. Dopo una prima importante esperienza di ricerca, agli inizi degli anni '90, in cui la razza era stata utilizzata come incrociante della Large White insieme ad altri tipi genetici di larga diffusione (Franci et al., 1994a,b; 1995; 1996; 1997) i primi risultati sulla Cinta Senese in purezza hanno riguardato lo studio dei dati storici della razza (Campodoni et al., 1997), seguiti subito dopo una caratterizzazione morfologica (Campodoni et al., 1998a) e poi da un'analisi della situazione degli allevamenti della razza (Pugliese et al., 2000). Particolare attenzione è stata rivolta allo studio dei parametri riproduttivi della razza (Campodoni et al. 1998b; Bozzi et al. 2002; Franci et al., 2007a) dato che uno dei principali problemi delle razze rustiche è proprio il limitato numero di suinetti per nidiata, ed è stato osservato che esiste la possibilità di migliorare tale parametro non solo con un management più adeguato ma anche attraverso un'adeguata scelta dei riproduttori (i.e. selezione). In parallelo alle ricerche sugli aspetti genetici e riproduttivi sono stati portati avanti numerosi studi volti ad una caratterizzazione del prodotto in particolar modo per ciò che concerne la componente adiposa che maggiormente differenzia il prodotto della razza da quello di razze a più ampia diffusione (Franci et al., 2005; Pugliese et al., 2005; Franci et al., 2007b). Infine in questi ultimi anni sono stati affrontati aspetti legati alla caratterizzazione genetica molecolare, in particolar modo per i polimorfismi collegati alla qualità della carne (Fontanesi et al., 2005; Crovetto et al., 2007a; Bozzi et al., 2008) evidenziando la ridotta presenza di alleli negativi e la possibilità quindi di una loro eradicazione senza compromettere il livello di eterozigosi della popolazione. Sempre per una valorizzazione delle produzioni della razza, unica via percorribile per una salvaguardia sostenibile, è stato proposto un protocollo di tracciabilità su base molecolare per la discriminazione dei prodotti ottenuti con la sola Cinta Senese come richiesto peraltro dalla DOP prima ricordata.

ALLEVAMENTO E QUALITÀ DEI PRODOTTI

La razza suina Cinta Senese, che costituisce uno degli esempi più interessanti del buon esito di un'operazione di salvaguardia del germoplasma animale autoctono, testimonia il forte collegamento fra razze rustiche, allevamento estensivo e prodotti tipici. La razza viene infatti allevata, di regola, in condizioni estensive, spesso con utilizzo di pascolo in bosco, che consentono di sfruttare risorse altrimenti inutilizzate, di disperdere le deiezioni sul territorio, di fornire un prodotto che assume una connotazione di "naturalità" e "genuinità".

I suini di questa razza vengono allevati con modalità estremamente diversificate che vanno da sistemi che, pur realizzati all'aperto, prevedono il totale apporto alimentare con concentrati aziendali o del commercio, a sistemi più estensivi che sconfinano nel brado dove l'ingrasso viene effettuato tramite le risorse spontanee prodotte dal bosco (castagne e ghiande). Se l'ingrassamento a base di concentrati è obbligato per i suini che vengono finiti nella stagione primaverile ed estiva, per cui il periodo della macellazione da solo identifica una determinata tipologia di prodotto, negli altri momenti dell'anno, la situazione alimentare può diversificarsi in funzione del rapporto reciproco fra *pabulum* spontaneo e concentrati somministrati ad integrazione. Questo rapporto deriva da scelte che l'allevatore effettua in relazione alle richieste del mercato, al carico animale, all'ampiezza della superficie a disposizione ed alla produttività del bosco, a sua volta fortemente condizionata del clima.

Gli studi si sono concentrati in particolare sulla caratterizzazione differenziale dei prodotti freschi e stagionati in funzione del sistema di allevamento-alimentazione con confronti fra pascolo su querceto, pascolo su castagneto e allevamento in ambiente confinato con alimen-

tazione a base di mangime commerciale. Dai risultati è emerso un forte effetto del sistema di allevamento/alimentazione sui parametri chimici, in particolare sulla qualità dei lipidi, sia sulla carne da consumo fresco che sui prodotti stagionati, prosciutto in particolare. Molto più attenuato l'effetto di tali fattori sui parametri fisici del muscolo a conferma di come su tali caratteristiche siano altri i parametri maggiormente interessanti, quali ad esempio il rapporto peso/età di macellazione, come emerso in altre prove sperimentali.

Dal grafico 4, dove vengono riportati in dettaglio i parametri fisico-chimici del muscolo fresco, emerge come non siano emerse differenze significative tra i diversi sistemi di allevamento ad eccezione della percentuale di grasso intramuscolare per la quale i suini allevati in querceto hanno fornito i valori più elevati (Pugliese et al., 2006). Dato che gli animali avevano lo stesso peso di macellazione le differenze riscontrate nella percentuale di grasso intramuscolare possono, verosimilmente, attribuirsi alla differente fonte alimentare.

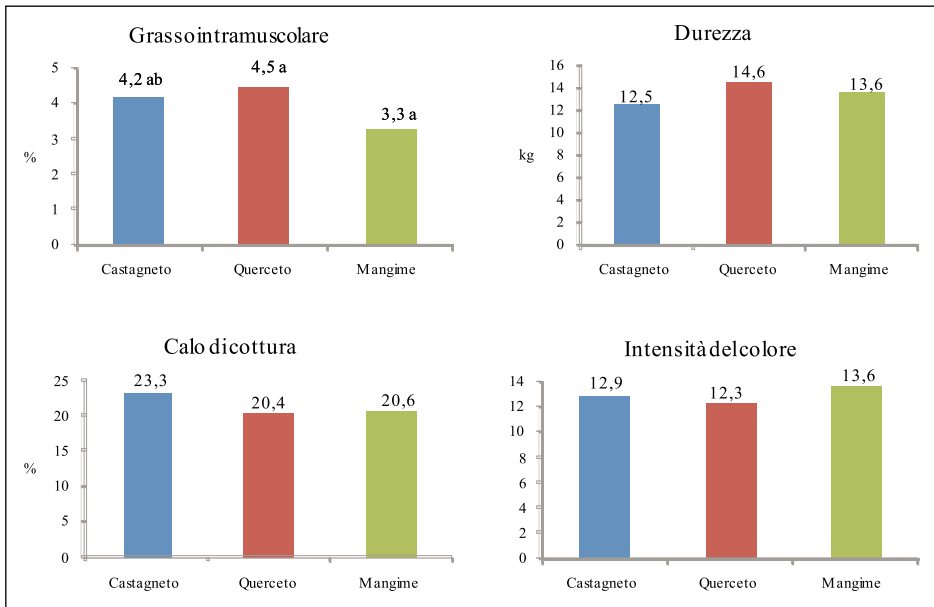


Grafico 4: Parametri fisico-chimici del muscolo Longissimus lumborum

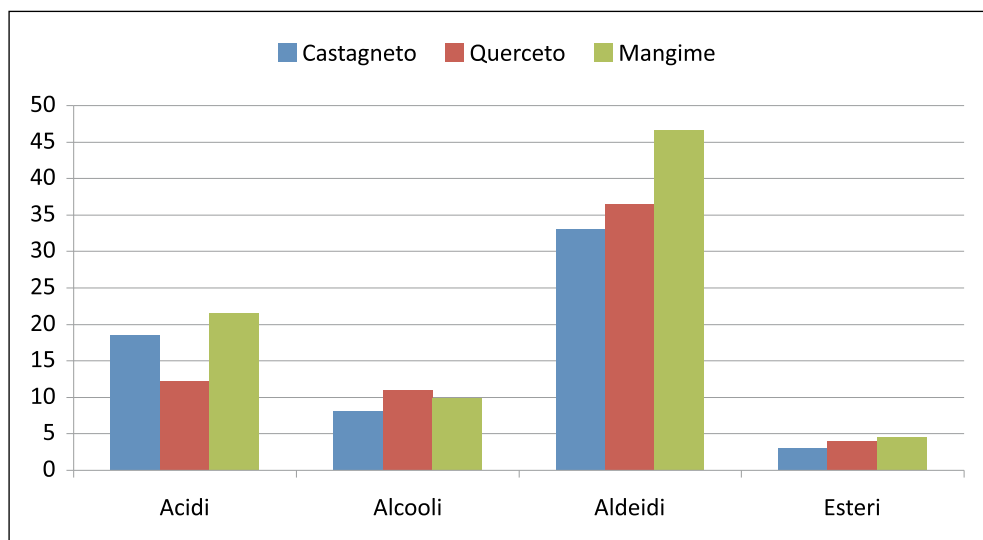
Altra peculiarità importante del binomio razza-allevamento riguarda la particolare composizione acidica del prodotto più pregiato: il prosciutto (Tabella 2). Il pascolo in bosco non modifica la percentuale di acidi grassi polinsaturi ad eccezione del pascolo su castagneto che, congiuntamente con l'alimentazione a base di mangime, ha comportato una maggiore percentuale di acidi grassi polinsaturi della serie omega-6 (Pugliese et al., 2009a).

Tabella 2: Composizione acidica del grasso sottocutaneo del prosciutto di Cinta Senese

% su totale acidi grassi	DIETA			
	Castagneto	Querceto	Mangime	DSR
Lipidi	72,62a	81,69b	78,80a	1,74
Acido palmitico	21,48ab	21,10a	22,12b	0,69
Acido stearico	10,24	9,62	10,4	1,03
Acido oleico	48,42a	50,76b	46,24c	0,90
Acido linoleico ω -6	13,64a	12,25b	14,61a	0,90
Acidolinolenico ω -3	1,0	0,80	0,84	1,17
Acidi grassi saturi	33,26ab	32,30a	34,20b	1,33
Acidi grassi monoinsaturi	51,35a	53,93b	49,48c	0,96
Acidi grassi polinsaturi	15,38a	13,77b	16,28a	1,01
Acidi grassi polinsaturi ω -6	14,37a	12,98b	15,44a	0,98
Acidi grassi polinsaturi ω -3	1,01	0,8	0,84	0,17

L'alimentazione a base di ghianda o castagna favorisce un innalzamento del livello di acido oleico che, oltre a rappresentare un elemento di tracciabilità alimentare, viene indicato come la molecola maggiormente correlata, in senso positivo, con le caratteristiche organolettiche dei prodotti essendo il precursore di diverse molecole aromatiche.

Sempre dallo stesso confronto sono emerse infatti differenze significative nella composizione degli aromi del prosciutto (grafico 5). Il pascolo in bosco, in particolare quello su querceto, ha indotto infatti un aumento significativo degli aromi appartenenti alla famiglia delle aldeidi che, come noto, rappresentano le molecole volatili maggiormente coinvolte nello sviluppo di aromi favorevoli (Pugliese et al., 2009a).

*Grafico 5: Principali famiglie di composti aromatici del prosciutto di Cinta Senese*

La specificità dei prodotti di Cinta Senese risulta evidente anche attraverso un'analisi di tipo sensoriale (Tabella 3). Anche in questo caso il prodotto è fortemente caratterizzato dal binomio razza-allevamento risultato non influente per il colore e la consistenza del grasso e al contrario decisamente caratterizzante la quantità di grasso visibile, con gli animali allevati su castagneto e querceto con valori più elevati e, per la marezzatura della fetta, più evidente nei soggetti di Cinta Senese allevati su querceto. Relativamente ai parametri del magro, il pascolo su castagneto ha conferito una maggiore uniformità di colore alla parte magra e, nel complesso, una maggiore gradevolezza del prodotto (Pugliese et al., 2009b).

Tabella 3: Analisi sensoriale del prosciutto di Cinta Senese

	DIETA			DSR
	Castagneto	Querceto	Mangime	
Grasso				
giallo	0,30	0,30	0,35	0,64
rosa	2,43	2,49	2,34	1,04
grasso esterno	3,02b	3,45a	2,53c	0,88
marezzatura	2,05a	2,76b	1,97a	1,20
consistenza	2,83	2,78	2,78	0,94
Magro				
uniformità	2,93a	2,62ab	2,45b	1,08
consistenza	3,70	3,57	3,67	0,84
succosità	3,64	3,47	3,37	0,94
aromi estranei	0,16	0,16	0,28	0,37
salato	3,68	3,97	4,01	0,98
gradevolezza	3,98a	3,59ab	3,53b	0,91

La caratterizzazione del prodotto più pregiato, il prosciutto, passa giocoforza attraverso un confronto con i prosciutti ottenuti dal genotipo più diffuso sul territorio nazionale, la Large White. I risultati di seguito riportati mettono in evidenza le differenze della Cinta Senese rispetto ai genotipi di più larga diffusione e con una lunga storia di selezione alle spalle.

In particolare i risultati si riferiscono ad una prova di comparazione tra la Cinta Senese e la Large White, a parità di condizioni ambientali e di alimentazione, dalla quale è emersa una netta e prevedibile inferiorità della prima per quanto riguarda la performance *in vita* (Acciaioli et al., 2002) e le percentuali di tagli pregiati (Franci et al., 2003) (grafici 6–7).

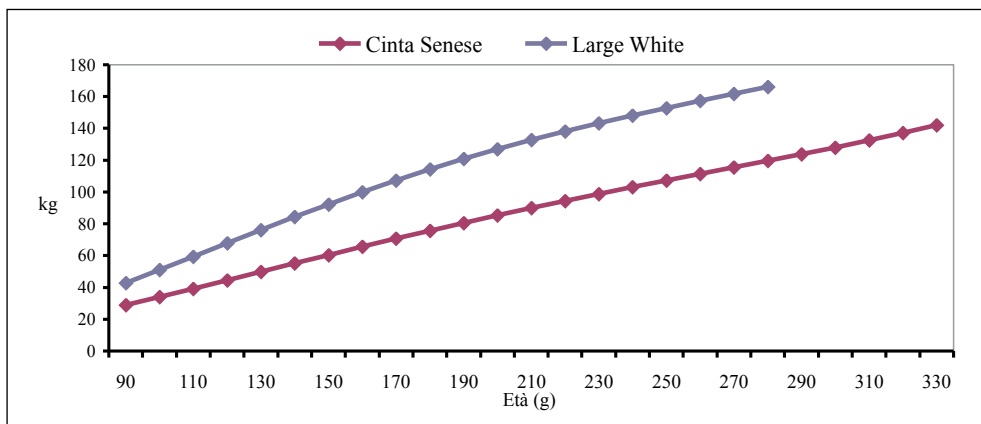


Grafico 6: Evoluzione del peso vivo

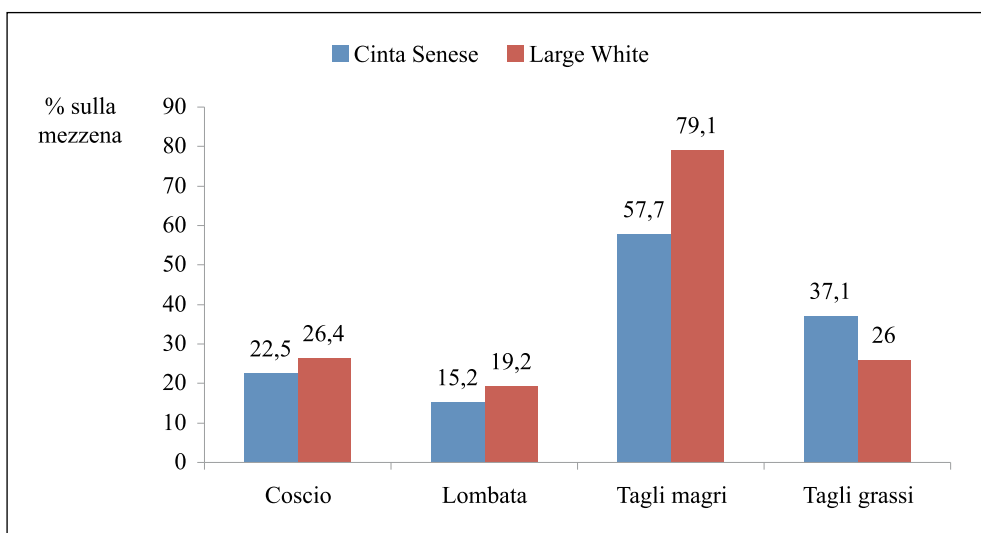


Grafico 7: Composizione della mezzena

La Cinta Senese è risultata invece vincente rispetto alla razza migliorata per le migliori caratteristiche della carne sia fresca, come evidenziano le minori perdite di cottura, il più elevato valore di rosso (a*) e la maggiore percentuale di grasso intramuscolare (grafici 8–10), (Franci et al., 2005), che trasformata, come testimoniano i minori cali di salagione e le maggiori percentuali di acido oleico e PUFA omega-3 riscontrate nel tessuto adiposo del prosciutto (grafici 11–13), (Franci et al., 2007b).

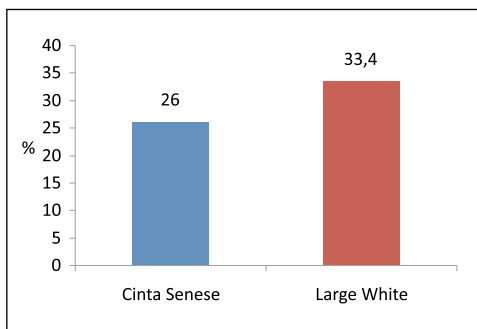


Grafico 8: Calo di cottura Longissimus

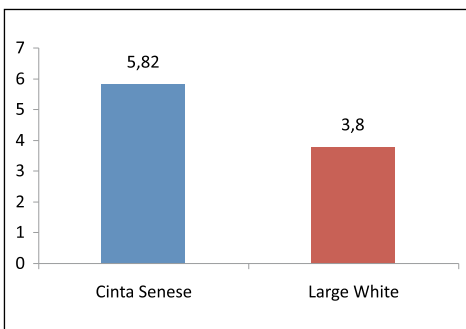


Grafico 9: Coordinata a Longissimus*

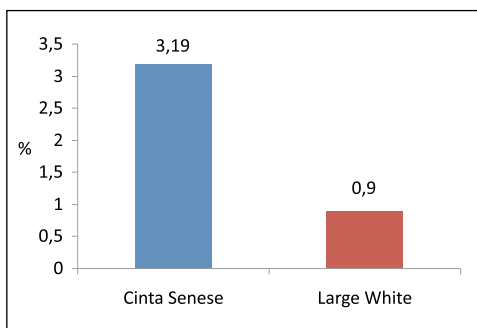


Grafico 10: Grasso intramuscolare

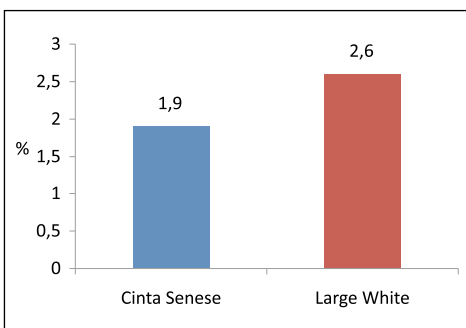


Grafico 11: Calo di salagione

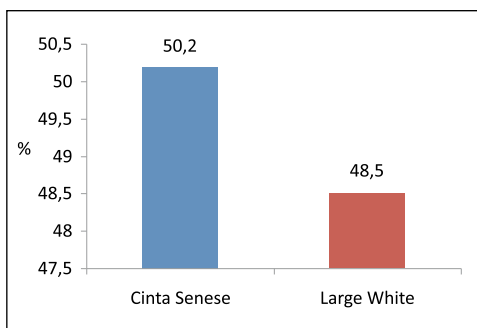


Grafico 12: Acido oleico

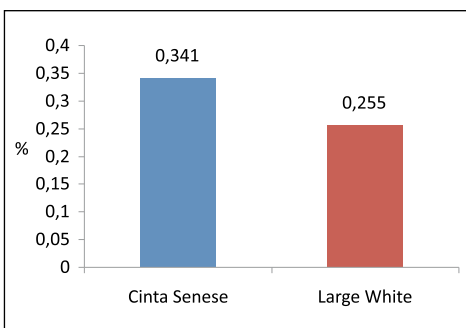


Grafico 13: Polinsaturi ω-3

CONCLUSIONI

La razza Cinta Senese, dopo un periodo pieno di vicissitudini che ha portato alla sua quasi scomparsa nella metà del secolo scorso, ha ad oggi raggiunto, pur nel contesto delle razze a numerosità limitata, una notevole importanza. La Cinta Senese può essere considerata uno degli esempi riusciti di conservazione e valorizzazione di popolazioni autoctone; in questi ultimi 20 anni, grazie al contributo di tutti gli operatori della filiera, a cominciare dagli allevatori che la avevano conservata in pochi nuclei, passando per le associazioni coinvolte, la ricerca

universitaria e, non ultimi, i finanziatori sia pubblici che privati, la razza ha infatti superato il rischio di estinzione ed è entrata in una fase di possibile attività selettiva.

Si tratta adesso di: continuare nell'opera di caratterizzazione delle produzioni, che dovranno sicuramente riguardare una nicchia, seppur consistente, del mercato dei prodotti trasformati; di proseguire nell'importante lavoro di controllo della consanguineità; di porsi degli obiettivi futuri che, non snaturando le caratteristiche peculiari della razza, portino a un ulteriore valore aggiunto del prodotto.

BIBLIOGRAFIA

- 1) Acciaioli, A., Pugliese, C., Bozzi, R., Campodoni, G., Franci, O., Gandini, G. (2002). Productivity of Cinta senese and Large White x Cinta senese pigs reared outdoor on woodlands and indoor. 1. Growth and somatic development. "Italian J. of Animal Science". Vol.1, 171-180.
- 2) Bozzi, R., Buttazzoni, L., Pugliese, C., Franci, O. (2002). Genetic parameters for teat number and litter size in Cinta senese pigs. Proceedings of the 7th World Congress on Genetic Applied to Livestock Production. 30, 91-94. Montpellier, August 19-23.
- 3) Bozzi, R., Crovetto, A., Nardi, L., Pugliese, C., Sirtori, F., Franci, O. (2008). Study of genes related to meat quality in Cinta Senese Pig Breed. Atti del 6th International symposium on the Mediterranean Pig Capo D'Orlando (ME). 41-45. <http://amsacta.cib.unibo.it/archive/00002513/03/> ISBN 2035-4088.
- 4) Campodoni, G., Gandini, G., Franci, O., Acciaioli, A., Bozzi, R. (1997). Analisi storica ed attuale della razza Cinta Senese. Atti XII Congresso Nazionale ASPA, 129-130. Pisa 23-26 giugno.
- 5) Campodoni, G., Acciaioli, A., Bozzi, R., Pugliese, C., Franci, O. (1998a). Caratterizzazione della razza suina cinta senese: primi risultati sull'accrescimento e sullo sviluppo morfologico. "Rivista di Suinicoltura", 7, 79-83.
- 6) Campodoni, G., Bozzi, R., Pugliese, C., Acciaioli, A., Franci, O. (1998b). Indagine su alcuni parametri riproduttivi della razza suina Cinta Senese. Atti del IV Congresso Nazionale "Biodiversità: Germoplasma locale e sua valorizzazione". Alghero, 8-11 Settembre. 1113 – 1116.
- 7) Crovetto, A., Bozzi, R., Nardi, L., Franci, O., Fontanesi, L. (2007a). Assessment of variability of genes associated with meat quality traits in Cinta Senese pigs. "Italian Journal of Animal Science", 6 (Suppl. 1), 101,
- 8) Crovetto, A., Nardi, L., Bozzi, R., Franci, O. (2007b). Proposal of genetic traceability for Cinta Senese products. "Italian Journal of Animal Science". vol. 6 (Suppl. 1), 98-100.
- 9) Crovetto, A., Bozzi, R., Nardi, L., Gallo, M., Buttazzoni, L., Franci, O. (2008). Pedigree analysis of Cinta Senese breed. Atti del 6th International symposium on the Mediterranean Pig. Capo D'Orlando (ME). 35-40. <http://amsacta.cib.unibo.it/archive/00002513/03/> ISBN 2035-4088.
- 10) Fontanesi, L., Bozzi, R., Tazzoli, M., Crovetto, A., Davoli, R., Franci, O., Russo, V. (2005). Genetic characterization of Cinta Senese pig breed: analysis of polymorphisms in four genes affecting performance and phenotypic traits. Proceedings of the International Workshop "The Role of Biotechnology". Villa Gualino, Torino, 5-7 march, 173-174.
- 11) Franci, O., Pugliese, C., Acciaioli, A., Poli, B.M., Geri, G. (1994a). Confronto fra progenie di verri Large White, Landrace Italiana, Landrace Belga, Duroc, Cinta senese e scrofe Large White a 130 e 160 kg di p.v. 1. Rilievi in vita e alla macellazione. "Zootecnica e Nutrizione Animale", 20, 129-142.
- 12) Franci, O., Pugliese, C., Bozzi, R., Parisi, G., Acciaioli, A., Geri, G. (1994b). Confronto fra progenie di verri Large White, Landrace Italiana, Landrace Belga, Duroc, Cinta

- senese e scrofe Large White a 130 e 160 kg di p.v. 2. Composizione della carcassa e caratteristiche del coscio. "Zootecnica e Nutrizione Animale", 20, 177-186.
- 13) Franci, O., Bozzi, R., Pugliese, C., Poli, B.M., Parisi, G., Balò, F., Geri, G. (1995). Confronto fra progenie di verri Large White, Landrace Italiana, Landrace Belga, Duroc, Cinta senese e scrofe Large White a 130 e 160 kg di p.v. 3. Caratteristiche fisico-chimiche del magro e del grasso della coscia. "Zootecnica e Nutrizione Animale", 21, 237-247.
 - 14) Franci, O., Poli, B.M., Pugliese, C., Bozzi, R., Parisi, G., Balò, F., Geri, G. (1996). Confronto fra progenie di verri Large White, Landrace Italiana, Landrace Belga, Duroc, Cinta senese e scrofe Large White a 130 e 160 kg di peso vivo 4. Caratteristiche chimico-fisiche del prosciutto toscano. "Zootecnica e Nutrizione Animale", 22, 149-158.
 - 15) Franci, O., Baldini, P., Bozzi, R., Bellatti, M., Pugliese, C., Acciaioli, A., Geri, G. (1997). Confronto fra progenie di verri Large White, Landrace Italiana, Landrace Belga, Duroc, Cinta senese e scrofe Large White a 130 e 160 kg di p.v. 5. Caratteristiche tecnologiche e sensoriali del prosciutto toscano. "Zootecnica e Nutrizione Animale", 23, 67-79.
 - 16) Franci, O., Campodoni, G., Bozzi, R., Pugliese, C., Acciaioli, A., Gandini, G. (2003). Productivity of Cinta senese and Large White x Cinta senese pigs reared outdoor on woodlands and indoor. 2. Slaughter and carcass traits. "Italian J. Of Animal Science", 1, 59-65.
 - 17) Franci, O., Bozzi, R., Pugliese, C., Acciaioli, A., Campodoni, G., Gandini, G. (2005). Performance of Cinta Senese pigs and their crosses with Large White. 1. Muscle and subcutaneous fat characteristics. "Meat Science", 69, 545-550.
 - 18) Franci, O., Gandini, G., Bozzi, R. (2007a). Why and to how to select a local porcine breed: the case of the Cinta Senese. 5th International Symposium on "Porc Méditerranéen". Tarbes, 16-19 November. Option Méditerranéennes, Serie A: Séminaires Méditerranéennes, Numéro 76. 13-21.
 - 19) Franci, O., Pugliese, C., Acciaioli, A., Bozzi, R., Campodoni, G., Sirtori, F., Pianaccioli, L., Gandini, G. (2007b). Performance of Cinta Senese pigs and their crosses with Large White 2. Physical, chemical and technological traits of Tuscan dry-cured ham. "Meat Science", 76, 597-603.
 - 20) Pugliese, C., Bozzi, R., Campodoni, G., Acciaioli, A., Franci, O. (2000). Indagine conoscitiva sugli allevamenti bradi di razza Cinta Senese in Toscana. "Rivista di Suinicoltura", 5, 73-76.
 - 21) Pugliese, C., Bozzi, R., Campodoni, G., Acciaioli, A., Franci, O., Gandini, G. (2005). Performance of Cinta Senese pigs reared outdoors and indoors. 1. Meat and subcutaneous fat characteristics. "Meat Science", 69, 459-464.
 - 22) Pugliese, C., Sirtori, F., Pianaccioli, L., Franci, O., Acciaioli, A., Bozzi, R., Campodoni, G. (2006). Effect of rearing system on meat quality and on fatty acid composition of subcutaneous fat in Cinta Senese pigs. EAAP publication no. 119, 289-293. Wageningen Pers
 - 23) Pugliese, C., Sirtori, F., Ruiz, J.S., Martin, D., Parenti, S., Franci, O. (2009a). Effect of pasture on chestnut or acorn on fatty acid composition and aromatic profile of fat of Cinta Senese dry-cured ham. "Grasas y Aceites", 60, 271-276.
 - 24) Pugliese, C., Sirtori, F., D'Adorante, S., Parenti, S., Rey, A., Lopez-Bote, C., Franci, O. (2009b). Effect of pasture on oak and chestnut plantation on the chemical and sensorial traits of cured lard of Cinta Senese pigs. "Italian Journal of Animal Science", 8, 131-142.
 - 25) Raimondi, R. (1954). Gli aspetti attuali della suinicoltura italiana. L'Italia Agricola, 7, 1-16.

**RECUPERO E CONSERVAZIONE “IN SITU”:
IL CASO DEGLI OVINI GENTILE DI PUGLIA E SOPRAVISSANA**
(“In situ” conservation: the Gentile di Puglia and Sopravissana sheep)

F. PANELLA¹, F.M. SARTI¹, E. LASAGNA¹, S. CECCOBELLI²

¹ Sezione di Scienze zootecniche – DBA, Università degli Studi di Perugia

² Dipartimento di Scienze animali, Università degli Studi di Padova

SUMMARY

The old Merino-derived Italian breeds Gentile di Puglia and Sopravissana had a strong effect in the establishment of the technological, social and economic characteristics of the rural populations living in the Centre and South of Italy. As a matter of fact the seasonal transhumance migration of these breeds made a real contribution in shaping their social development. Moreover, the presence of thousands of sheep from May to October had a definite effect on the present botanical composition of the mountain pasture and consequently the current landscape of the Appennine environment. The products of Gentile di Puglia and Sopravissana are high quality wool, “romanesco” and “canestrato” cheese, and lambs named “pasqualini”, “natalini”, “mulacchi”, “abbacchio”; all these products have their own characteristics and can therefore be recognized for their real typicality. During the last half century, these two breeds, which had a population of over 5.000.000 heads, suffered a dramatic drop; only a few thousands heads currently survive.

For this reason, a number of projects are being planned to save these breeds from extinction, by monitoring the residual populations, setting up conservation flocks and applying new severe morphological standards. In this context, the E.U. decided to financially support the two breeds by Italian regional funding. In the present situation several breeders try to pass off as Sopravissana or Gentile di Puglia other sheep; a molecular tool was therefore implemented to genetically define these breeds.

CENNI STORICI ED ETNO-SOCIOLOGICI

In Italia ancora esistono due antiche razze di derivazione merinos: Sopravissana e Gentile di Puglia. La loro consistenza, una volta assai numerosa, ha subito, negli ultimi 50 anni, una drammatica riduzione (tabella 1), tantoché oggi questi tipi genetici vanno annoverati tra quelli “minacciati di estinzione”.

Tabella 1: Consistenze delle razze Gentile di Puglia e Sopravissana

ANNO	Gentile di Puglia	Sopravissana
1960	1.070.000	1.200.000
1963	-	988.311
1967	1.326.336	830.287
1971	1.118.795	800.319
1974	811.000	502.850
1984	365.000	339.330
1988	110.100	190.050
1995	13.000	6.060
2000	5.400	2.000
2010	3.001	5.613

Le principali ragioni di questo decremento sono state: l'uso delle fibre sintetiche che ha determinato il basso valore economico della lana, la selezione di nuove razze specializzate per produrre latte o carne, l'utilizzazione agraria di ampi territori una volta destinati a pascolo e lo spopolamento delle aree montane.

La Gentile di Puglia si originò nella regione omonima nel 1435 quando, sotto la dominazione spagnola, le pecore locali furono incrociate con arieti merinos importati dalla Spagna; in breve, la razza si diffuse anche in Basilicata, Calabria, Molise, Abruzzo e Campania.

La Sopravissana si originò nel 1700; alcuni arieti merinos Rambouillet furono regalati al cardinale Adani che li inviò sull'Appennino marchigiano, vicino alla città di Visso, dove furono utilizzati per incrociare la popolazione ovina locale chiamata "Vissana". Iniziò così il lungo processo di merinizzazione della *Vissana* con la creazione di un nuovo tipo genetico denominato "Sopravissana", ufficialmente riconosciuto come razza solo nel 1942. L'importanza che l'allevamento ovino aveva assunto nel territorio di Visso è attestato dalla decisione del comune, all'indomani dell'Unità d'Italia, di sostituire nel proprio stemma le chiavi decussate pontificie con una pecora. La nuova razza si propagò anche in Umbria, Lazio, Toscana e Abruzzo (Panella F. et al., 2006).



Per secoli questi tipi genetici hanno fortemente influenzato la connotazione paesaggistica delle aree in cui erano presenti ed anche i loro prodotti acquistano grande popolarità e tipicità; inoltre, la transumanza, che era il loro principale sistema di allevamento, ebbe un'effetto decisivo nel determinare gli usi e i costumi delle popolazioni che li allevavano.

La storia di queste razze è stata scandita in maniera decisiva dall'evoluzione che il mercato della lana, loro prodotto per eccellenza, ha subito nei secoli.

L'esigenza di esaltare la produzione di lana nella triplice attitudine richiesta un tempo alle razze ovine, come la *Vissana* nell'Appennino centrale o la *Carfagna* nell'Italia sud-orientale, rispondeva alla necessità di sostenere l'industria

della lana che rivestiva grande importanza, soprattutto nelle aree montane, in assenza di altre opportunità produttive (Sarti F.M. et al., 2008).

In particolare, nella Sopravissana, poche famiglie, come i Piscini e i Rosi di Visso, riuscirono ad adeguarsi alle nuove dimensioni che aveva assunto l'economia pastorale, grazie all'impegno nel miglioramento genetico rivolto soprattutto ad estendere e a migliorare il vello in peso e in qualità.

Analogamente, nella Gentile di Puglia, si presentarono situazioni di mercato favorevoli offerte dal miglioramento della qualità della lana, ottenuta dagli incroci con arieti *Merinos* e *Rambouillet* fra il Settecento e l'Ottocento, e dalla liberalizzazione del commercio, grazie all'abolizione (21 maggio 1806) della Dogana della Mena delle pecore di Foggia nel periodo napoleonico.

Paradossalmente, proprio quando la *Sopravissana* e la *Gentile di Puglia* erano finalmente in grado di fornire in quantità e qualità il prodotto più importante e remunerativo dell'allevamento ovino, la lana, i mutati orientamenti del mercato e la diversa utilizzazione agricola dei territori di transumanza ne decretarono il declino.

Oltre alla lana, altri prodotti sono storicamente entrati nella tradizione alimentare delle popolazioni interessate dall'allevamento di queste due razze. In particolare, per quanto concerne il latte, va osservato che era, e tuttora lo è, usato per produrre formaggi di grande tipicità, segnatamente, per la Sopravissana, il romanesco, la cui fama ha raggiunto i mercati di tutto il mondo e, per la Gentile di Puglia, il canestrato dalle caratteristiche organolettiche eccellenti e peculiari. Oggi questi prodotti vengono fatti con latte di razze più specializzate ed allevate in forme manageriali diverse, hanno quindi per gran parte perso la loro tipicità.



Per quanto riguarda la carne, il prodotto tradizionale, un agnello macellato tra i 45 e i 60 giorni di età ad un peso di circa 15 kg, veniva chiamato nella Gentile di Puglia “natalino” o “pasqualino” in relazione al periodo di macellazione, o “mulacchio” perché trasportato a dorso di mulo durante la transumanza che precedeva la macellazione; l’agnello della Sopravissana veniva definito “abbacchio” perché sacrificato con un colpo di bastone (bacchio) alla base della nuca.

VALORE SOCIO-AMBIENTALE

Conservazione del paesaggio

Al momento attuale, il paesaggio, oltre ad avere un valore estetico, presenta anche una valenza economica, dato che offre buone opportunità di reddito nell’ambito del turismo ecologico e naturalistico.

La pecora gioca un ruolo fondamentale nel modellare e conservare il paesaggio tipico dell’Appennino; va a questo proposito ricordato che le specie presenti hanno grande importanza nel definire la composizione botanica del pascolo a causa delle loro diverse modalità di utilizzazione dello stesso. Di solito i bovini strappano l’erba a circa 2 cm dal suolo usando la lingua, al contrario, la pecora bruca usando le labbra e quindi taglia il cotico erboso in modo assai omogeneo. Inoltre, i bovini richiedono un grande spazio individuale, mentre le pecore pascolano molto vicine l’una all’altra ed utilizzano il pascolo in maniera completa ed uniforme. Un’altra differenza è che le feci dei bovini, molto grandi e persistenti, possono causare un incremento della flora nitrofila. Negli ultimi 20 anni, durante i quali la Sopravissana e la Gentile di Puglia sono state sostituite da razze più specializzate, i pastori si sono confrontati con molti problemi causati dal difficile adattamento di queste nuove razze all’ambiente montano e ciò ha portato all’abbandono della transumanza ed alla diffusione di sistemi di allevamento stanziali.

I pascoli montani, quindi, abbandonati ed utilizzati da specie diverse da quella ovina, hanno cambiato la loro composizione botanica e, conseguentemente, il paesaggio è diventato diverso e meno attrattivo; solo le due razze originarie sarebbero capaci di restaurare le antiche condizioni ambientali (Panella F. et al., 2006).

La cultura tradizionale

Come già detto, la transumanza ha caratterizzato il management tradizionale di questi due tipi genetici.

La Gentile di Puglia durante questa “migrazione” percorreva più di 200 km lungo i “tratturi”, larghi 60 passi napoletani (circa 111,11 metri), che partivano dalla Puglia per arrivare sulle montagne dell’Appennino abruzzese.

Nella Sopravissana la transumanza veniva condotta dal Lazio all’Umbria e alle Marche percorrendo le antiche vie consolari quali la Flaminia e la Salaria.

L’influenza che questo tipo di allevamento ha avuto sulle popolazioni umane interessate alle due razze è stata molto simile. Tale pratica, infatti, riduceva i confini socioculturali tra diverse aree geografiche attraverso le finalità comuni e le opportunità economiche dell’impresa pastorale.

Ogni anno, una moltitudine di greggi e pastori andavano e venivano, dividendo e ricomponendo piccole e grandi comunità, influenzandone così le caratteristiche etniche e sociali. Nei villaggi con forte tradizione pastorale, il matriarcato era assai diffuso, infatti era la donna il capo della famiglia che definiva contratti e amministrava le poche risorse finanziarie lasciate dal marito.

La transumanza divideva l’anno in due metà, ognuna con un suo diverso modo di vita.

La partenza alla fine di settembre era un momento triste perché le famiglie si dividevano; successivamente, l’inverno, in Maremma o nel Tavoliere di Puglia, lontano dalla terra nativa, era un periodo assai difficile da sopportare.



Finalmente, in giugno, si ritornava a casa e durante l’estate si svolgevano i principali eventi della vita sociale: pagamento dei debiti, promesse di matrimonio, arruolamento dei pastori per la nuova stagione, manutenzione delle case, ecc. Anche le nascite avvenivano per lo più in questo periodo, tantoché chi nasceva in momenti diversi era chiamato “il figlio del prete”.

Al momento attuale solo alcune greggi praticano ancora la transumanza, ma in modo assai diverso; gli animali sono trasportati sulle montagne con mezzi meccanici e sono custoditi da pastori che provengono da diverse nazioni, principalmente dai Balcani (Panella F. et al., 2006).

STUDI IN FUNZIONE DELLA SALVAGUARDIA

Le vicende socioeconomiche sopra descritte hanno determinato evidenti modifiche anche sulla composizione etnologica dei soggetti ritenuti ascrivibili alle due razze; gli allevatori, infatti, cercando di colmare il vuoto economico lasciato dal deprezzamento della lana, hanno potenziato le altre attitudini attraverso l’incrocio con tipi genetici più produttivi, segnatamente: Sarda e Comisana, per il latte e razze italiane (Bergamasca) o esotiche (Ile de France, Merinos precoce, Wüttemberg, Berichonne du Cher) per la carne.

Gli oltre 1.500.000 soggetti iscritti alle due razze erano, negli anni ’70, estremamente disformi, con propensioni produttive talora antitetiche e, per grandissima parte, assai poco rispondenti a quanto previsto dagli standard. In questa situazione il MAF (oggi MiPAF) pro-

pose nel 1987 un'indagine sul territorio che mirava a formalizzare quantitativamente la consistenza delle due razze e dei relativi inquinamenti genetici (Pollidori P. et al., 1989), i cui risultati sono riportati in tabella 2.

Tabella 2: Prevalenti tipi genetici incrociati su Gentile di Puglia e Sopravissana

Wüttemberg
Ile de France
Merinos precoce
Comisana
Barbaresca
Comisana x Massese
Massese
Merinos P x Ile de France
Pagliarola
Bergamasca
Sarda x Massese
Trimeticcio
Bergamasca x Ile de France
Fabrianese
Ile de France x Berrichon
Merinos x Berrichon
Suffolk x Bergamasca

Sulla scorta di quanto riscontrato si ritenne opportuno di:

- lasciare nei libri genealogici delle razze Gentile di Puglia e Sopravissana solo gli individui con una morfologia rispondente agli standard;
- costituire una nuova razza, con attitudine alla produzione della carne, in cui comprendere tutti i soggetti provenienti da incrocio con le razze estere di derivazione merinos. Questa popolazione che, data la sua origine meticciasca, era inizialmente piuttosto disomogenea, è stata poi sottoposta ad un lavoro selettivo che ha portato alla costituzione della “Merinizata italiana”;
- non considerare tutti i meticci con razze da latte o con tipi genetici da carne che non avessero origine merinos.

Prima azione concreta è stata, pertanto, quella di condurre nel biennio 2000-2001, avvalendosi della collaborazione delle APA competenti, una ricognizione volta ad individuare i soggetti, ed i relativi allevamenti, che potessero essere ancora morfologicamente ascrivibili alle due razze e che, quindi, rappresentassero un punto di partenza idoneo per il loro recupero (Sarti F.M., 2000; Banetta A., 2003).

Per quanto riguarda la Gentile di Puglia, la popolazione residua individuata, era di poco superiore a 4.000 capi, ripartiti per provincia e categoria così come riportato in tabella 3, in cui si osserva che la consistenza degli allevamenti variava da 150 a 900 capi. Le province in cui risultavano presenti greggi “in purezza” erano tre: CB, FG ed IS; il numero effettivo (N_e) di questa popolazione, pari a 413,4, portava a stimare un rapporto N_e/N pari a 0,10 e lasciava considerare la possibilità di sostenere la razza mediante strategie di conservazione “in situ” (Matassino D. et al., 1996).

Tabella 3: Consistenza (n) degli ovini di razza Gentile di Puglia

Allev	Prov.	Gregge	CATEGORIA			
			Arieti		Pecore	
			Giovani	Adulti	Giovani	Adulte
1	IS	500	2	10	73	415
2	CB	160	1	3	23	133
3	CB	750	3	16	110	621
4	FG	150	1	3	22	124
5	FG	750	3	16	110	621
6	FG	900	3	19	132	746
7	FG	500	2	10	73	415
8	FG	350	1	8	51	290
9	FG	210	1	4	31	174
Totale		4270	17	89	625	3539

Relativamente alla Sopravissana, l'indagine portava ad individuare circa 1.500 capi in otto allevamenti come risulta dalla tabella 4:

Tabella 4: Consistenza (n) degli ovini di razza Sopravissana

Allev	Prov.	Gregge	CATEGORIA			
			Arieti		Pecore	
			Giovani	Adulti	Giovani	Adulte
1	MC	272	-	-	22	250
2	AQ	155	2	8	35	110
3	RI	100	1	2	24	73
4	RI	44	-	1	32	11
5	RI	37	1	-	1	35
6	TR	400	2	8	45	345
7	AP	163	2	1	30	130
8	RI	55	-	2	2	51
Totale		1226	8	22	191	1015

da cui si evince che le aziende del campione esaminato presentavano una consistenza molto variabile delle greggi, passando dai 37 a 400 capi. Per quanto riguardava le consistenze nelle diverse categorie si osservava il basso numero di arieti, sia giovani (8) che adulti (22), rispetto a quello delle femmine (1206). Il numero effettivo, calcolato sulla struttura demografica di questa popolazione, era pari a 117,1 ($Ne/N = 0,09$) e presupponeva, quindi, anche per questa razza, la possibilità di conservare *in situ* la popolazione. Nel caso di questa razza è stato, peraltro, possibile risalire anche ad eventuali passaggi di arieti da un'azienda all'altra (fig.1), verificando così che delle otto greggi, solo tre non erano in qualche modo geneticamente connesse con le altre, tale stato di fatto risultava piuttosto negativo qualora si fosse voluto intraprendere uno scambio di arieti tra allevamenti.

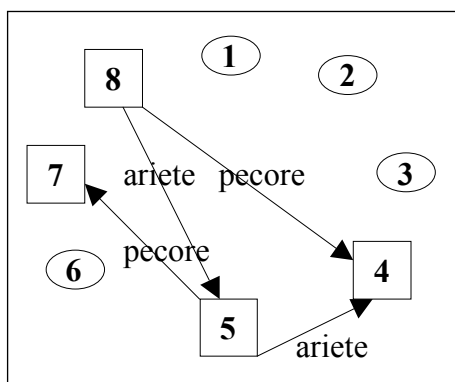


Figura 1: Connessioni genetiche tra allevamenti

Sulla base di questa indagine e della situazione morfologica riscontrata, sembrò opportuno riconsiderare gli standard che presentavano imprecisioni ed ambiguità. In particolare, per quanto concerne i difetti morfologici, furono pertanto formulati dei nuovi, più severi, “standard di conservazione” (tabelle 5 e 6).

Tabella 5: Tollerabilità dei difetti riportata nello standard ufficiale ed in quello di conservazione della razza GdP

DIFETTO	Standard Ufficiale	Standard di Conservazione
Deficienza di ciuffo fronte	SI	SI
Vello pigmentato	SI	SI
Regioni inferiori del tronco scoperte di lana	SI	NO
Estese pliche cutanee sul tronco	SI	NO
Presenza di abbondante pagliolaia	SI	NO
Corna nelle pecore	SI	NO

Tabella 6: Tollerabilità dei difetti riportata nello standard ufficiale ed in quello di conservazione della razza Sopravissana

DIFETTO	Standard Ufficiale	Standard di Conservazione
Deficienza di ciuffo fronte	SI	SI
Rivestimento di lana in faccia	SI	SI
Rivestimento di lana sugli stinchi	SI	SI
Presenze di pliche cutanee	SI	SI
Pigmentazione dello scroto	SI	NO
Assenza di corna nei maschi	SI	NO
Presenza di corna nelle femmine	SI	NO
Accenno di corna nelle femmine	SI	NO
Profilo montonino nelle femmine	SI	NO

Questi nuovi standard sono stati ufficialmente riconosciuti da ASSO.NA.PA. nel 2009.

Poichè è innegabile che nella attuale situazione economica, aiuti “tout court” alla salvaguardia saranno sempre meno disponibili e che, pertanto, diverrà condizione essenziale basare la sopravvivenza dei tipi genetici minacciati sulla eventuale “tipicità” dei loro prodotti, alcuni studi si sono occupati di accertare, in questo senso, la peculiarità delle due razze.

CARNE

Prove di macellazione condotte su 16 agnelli di entrambi i sessi e di età compresa fra i 30 ed i 45 giorni (Sarti F.M., 2001), consentivano di affermare che i soggetti delle due razze avevano carni di ottima qualità, soprattutto se si considera che la quantità di parte edibile (muscolo) determinata sul coscio risultava elevata.

Tabella 7: Caratteristiche qualitative delle carcasse e delle carni

	Razza	
	GdP	Sop.
PV (g)	14.197	13.818
RESA CARCASSA (%)	58,3	54,0
RESA COSCIO (%)	34,9	35,0
RESA MUSCOLO (%)	61,4	64,4

LATTE

Da un lavoro condotto su 71 pecore, primipare e pluripare di razza Sopravissana, presenti in 6 allevamenti delle province di MC, PG, RI e Roma (Antonaci A., 2004), risultava (tabella 8) una produzione di latte che, pur di limitata quantità, aveva caratteristiche qualitative eccellenti. Mediamente la percentuale di grasso superava il 7,5%, quella delle proteine era di circa il 6%, inoltre, il valore del linear score della mammella, nonchè gli ottimi valori dinamografici indicavano un basso livello di stress della ghiandola mammaria che lasciava presupporre un contenuto tenore in cellule somatiche e, di conseguenza, una notevole longevità degli animali.

Tabella 8: Produzione e caratteristiche qualitative del latte di pecore Sopravissane

Parametri		$\bar{X} \pm S$	Min	Max
Produzione lattea	g/d	398±215	40	600
Grasso	%	7,59±2,48	1,86	15,4
Proteine	%	5,94±0,44	4,17	9,75
Lattosio	%	4,70±0,51	2,68	5,74
Materia utile	g/d	49,54±23,22	11,61	129,52
Linear score		3,46±1,98	-2,64	10,31
R	Min	20'20''±4'38''	12'18''	28'9''
k ₂₀	Min	1'18''±0'14''	01'9''	4'18''
a ₂₀	Mm	46,07±16,71	2	73,36

LANA

Poiché la principale caratteristica produttiva delle due razze è rappresentata da un'elevata quantità di lana (vello serrato) e da una particolare finezza del filamento, fu condotta un'indagine su 191 (28 arieti e 163 pecore) soggetti di razza Gentile di Puglia (Sarti F.M. et al., 2006) e su 130 (15 arieti e 115 pecore) di razza Sopravissana (Bececco I., 2002) volta a verificare la qualità della fibra, i cui risultati sono riportati in tabella 9.

Tabella 9: Caratteristiche del filamento lanoso nelle due razze

	Tipo di fibre (%)		
	Fine	Croisè	Da materasso
GdP	73,0	26,7	0,3
Sop.	71,9	26,2	1,9

L'ottima qualità osservata faceva intravedere la possibilità, qualora si fosse registrato un ritorno di interesse verso questo prodotto, di ottenere dalle due popolazioni residue lana eccellente.

INTERVENTI A SOSTEGNO

Sulla scorta di quanto sopra, considerata la loro numerosità, nonché le peculiarità morfologiche e produttive, gli organi competenti (CE, MIPAF, ASSONAPA) hanno deciso di annoverare le due razze tra i tipi genetici oggetto di tutela (Regolamento CE n.445/2002). La CTC dell'ASSONAPA (nel 2009) ha di conseguenza deciso di chiudere i LL. GG. e di aprire, contestualmente, i relativi RR. AA. Alcune regioni si sono poi attivate per varare misure a sostegno come riportato nella successiva tabella 10.

Tabella 10: Interventi regionali per la salvaguardia delle antiche razze ovine di origine merinos

REGIONE	RAZZA			
	GENTILE DI PUGLIA		SOPRAVISSANA	
	CATEGORIE	EURO/UBA	CATEGORIE	EURO/UBA
BASILICATA	-	Da definire	-	-
LAZIO	-	-	Arieti-pecore	200
MARCHE	-	-	Arieti-pecore	200
PUGLIA	Arieti-pecore	150		
UMBRIA	-	-	Arieti-pecore	130

Oltre all'apporto istituzionale si ricordano anche altre iniziative, vanno a tal proposito citati i progetti di ARA Abruzzo e del Parco Nazionale del Gran Sasso e Monti della Laga, in collaborazione con il Consorzio Arienne, che hanno, con qualche successo, cercato di creare più favorevoli riscontri commerciali tra gli allevatori di razze di derivazione merinos e l'industria laniera.

Un'altra circostanza favorevole, quantomeno per la Sopravissana, è stata l'inserimento degli agnelli di questa razza tra quelli considerati nell'IGP "Agnello del Centro Italia", presentato alla UE nel Giugno 2010.

Relativamente al settore caseario, la dislocazione territoriale delle aziende rende difficile convogliare il prodotto in pochi, ma significativi, centri di commercializzazione; risulta quindi impossibile l'organizzazione di una filiera commerciale ben definita. Si assiste pertanto ad iniziative individuali che, comunque, dietro il rinato interesse per le due razze, hanno mostrato una certa efficacia, tanto che i loro prodotti sono talora oggetto di fraudolente, ma non perseguibili, imitazioni.

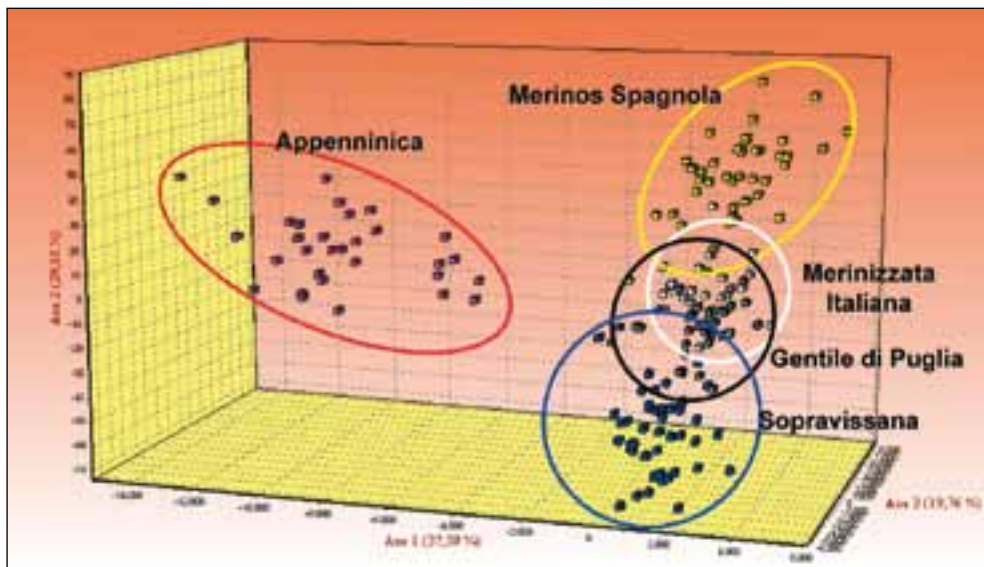


Figura 2: caratterizzazione genetica delle razze analizzate

Tutto ciò ha portato ad una concreta riconsiderazione dei due tipi genetici, tanto che gli esperti incaricati della iscrizione ai Registri Anagrafici devono agire con la massima competenza e severità. Molti allevatori, infatti, attratti dalle iniziative sopra ricordate, tentano di “tradurre” soggetti di altre razze (prevalentemente Merinizzata Italiana) in capi appartenenti alle due antiche popolazioni. Ciò ha indotto a verificare, anche con metodi di indagine molecolare, se fosse possibile una distinzione tra i tre tipi genetici.

Un'indagine basata sullo studio di 30 microsatellidi raccomandati dalla FAO, volta a definire geneticamente la Gentile di Puglia, la Sopravissana e la Merinizzata Italiana, in un campione che comprendeva anche soggetti di razza Appenninica e Merinos spagnola, come loro probabili progenitrici (Lasagna E. et al., 2010) ha evidenziato (figura 2) come i tre tipi genetici risultino ben separati ad un'analisi di corrispondenza fattoriale. Questi risultati, oltre all'esame morfologico, rappresentano un ulteriore mezzo per evitare confusioni tra la recente Merinizzata italiana e le due antiche razze oggetto di tutela.

BIBLIOGRAFIA

- 1) Antonaci, A. (2004) Conservazione della razza Sopravissana attraverso le sue produzioni tipiche: il caso del latte. Tesi di laurea
- 2) Banetta, A.* (2003) Studio sulle caratteristiche produttive della popolazione ovina residua Gentile di Puglia al fine della sua salvaguardia. Tesi di laurea.
- 3) Bececco, I. (2002) La razza Sopravissana: situazione attuale. Tesi di Laurea.
- 4) Lasagna, E., Bianchi, M., Ceccobelli, S., Landi, V., Martinez Martinez, A., Vega Pla, J.L., Panella, F., Delgado Bermejo, J.V., Sarti, F.M. (2010) Genetic relationships and population structure in three Italian Merino-derived sheep breeds. *Small Ruminant Res.*, in press, doi:10.1016/j.smallrumres.2010.11.014.
- 5) Matassino, D., Cappuccio, A., Grasso, F. (1996) Importanza del focal point per la conservazione e la valorizzazione degli animali in produzione zootecnica. Atti Convegno "La conservazione della biodiversità in Umbria: situazione attuale e prospettiva", 103-145.
- 6) Panella, F., Sarti, F.M., Lasagna, E., Renieri, C., Antonini, M. (2006) The old Italian Merino-derived breeds and their role in landscape conservation in typical product and in the maintenance of traditional culture. *Livestock farming systems-Product quality based on local resources leading to improved sustainability*, Wageningen, Wageningen Academic Publishers, 247-252, 9076998639.
- 7) Pollidori, P., Panella, F., Morbidini, L. (1989) Indagine conoscitiva sulla situazione delle razze ovine merinizzate. *Economia montana*, XXI, 4, 27-32.
- 8) Sarti, F.M., Bogani, D., Lasagna, E., Panella, F. (2001) La salvaguardia del patrimonio genetico della razza Sopravissana: qualità delle carni. - Atti del Convegno Nazionale "Parliamo di...Zootecnica e sviluppo sostenibile". Fossano (CN), 11-12 ottobre, 99-104.
- 9) Sarti, F.M., Giacchè, L., Panella, F. (2008) L'importanza delle razze Gentile di Puglia e Sopravissana nella connotazione sociale, culturale e ambientale di alcuni distretti dell'Italia Centro-meridionale. XVIII Congresso Nazionale S.I.P.A.O.C., Trezzo sull'Adda (MI), 17-20 Settembre 2008, Milano, Settembre 2008, 98-100, Supplemento *Large Animal Review*.
- 10) Sarti, F.M., Lasagna, E., Panella, F., Lebboroni, G., Renieri, C. (2006) Wool quality in Gentile di Puglia sheep breed as measure of genetic integrity. *Italian journal of animal science* (1594-4077), Novembre, 4, 5, 371-376, www.aspajournal.it
- 11) Sarti, F.M., Panella, F. (2000) Riconoscimento in alcuni allevamenti dell'Italia centrale per identificare la popolazione ovina residua di razza Sopravissana. - Convegno Nazionale "Parliamo di...allevamenti nel 3° millennio. Fossano (CN), 12-13 Ottobre 2000.

* Dedicato ad Alessandro Banetta, prematuramente scomparso, dalla cui tesi di laurea è tratta parte di questo documento.

**RECUPERO E CONSERVAZIONE “IN SITU”:
IL CASO DELLA CAPRA GIRGENTANA**
(*“In situ” conservation: the Girgentana goat*)

D. MARLETTA, S. BORDONARO

DACPA Dipartimento di Scienze Agronomiche Agrochimiche e delle Produzioni Animali
Sezione di Scienze delle Produzioni Animali - via Valdisavoia, 5 - 95123 Catania

SUMMARY

Girgentana is an ancient Sicilian goat breed reared in Southern Italy for milk and kid meat production. For a long time Girgentana represented the only specialized dairy goat in Sicily; folds were within the villages so that the milk, mainly destined to infants and old people, could be easily sold door-to-door. At the end of the last century, on account of sanitary regulations that inhibited animal breeding within urban areas, breed consistency severely decreased. In 1983 the population consisted of 30.000 Girgentana goats, ten years later only 524 heads were reared. Nowadays Girgentana and its traditional breeding system are threatened with extinction and the breed counts about 635 recorded heads. The European Union financially supports Girgentana's breeders by regional funding but the price is not enough to bridge the economic gap. Further safeguard strategies are required with the final aim of regaining the genetic, zootechnical and economic value of this ancient breed.

The first step of the conservation and exploitation of domestic animal biodiversity goes through the comprehensive knowledge of the existing genetic variability, the partitioning of this variability within breed and the characterization of its productions and breeding system.

Several studies were carried out on Girgentana to characterize its productive performances and its genetic patrimony, as well as to assess its origin and genetic relationships, in order to provide information for safeguard and preservation purpose.

INTRODUZIONE

La capra sin dalla domesticazione, avvenuta circa 10000 anni fa in Medio Oriente (Pringle, 1998), è stata utilizzata dall'uomo per la produzione di latte, carne, pelle e fibra. Oggi l'allevamento della capra rappresenta ancora un'importantissima risorsa economica nei Paesi in via di sviluppo (FAO, 2007) mentre nei Paesi sviluppati esso è in gran parte relegato nelle aree marginali, dove può ancora svolgere un ruolo nelle attività agricole a basso impatto. In Italia si contano circa 960.000 caprini (ISTAT, 2009), in gran parte meticci, concentrati nelle isole maggiori e nelle regioni meridionali. L'attitudine prevalente è la produzione del latte utilizzato in gran parte per la trasformazione casearia, anche se recentemente i consumatori hanno mostrato un rinnovato interesse verso il latte alimentare, altamente digeribile e ricco in sostanze minerali. In questo contesto anche la produzione del capretto da latte assume rilevanza economica.

Il comparto caprino si caratterizza per una certa arretratezza tanto che, rispetto al numero di animali allevati esiguo è il numero di capre sottoposte ai controlli funzionali: solo meno di 73000 lattazioni vengono regolarmente monitorate (AIA, 2009).

Le razze caprine italiane ufficialmente riconosciute sono otto: tra queste vi è la Girgentana, antica razza dotata di libro genealogico fin dal 1973 e assai apprezzata per le sue qualità morfologiche e produttive anche all'estero ma, in quest'ultimo caso, più nei parchi zologici che nelle attività zootecniche. La Girgentana è una capra di taglia media, con testa

piccola, fine e leggera, orecchie medio piccole con portamento eretto, occhi vivaci ed espressivi (foto 1). Il profilo fronto-nasale è di tipo camuso, la barba è presente sia nei maschi che nelle femmine. Nella zona frontale, prevalentemente nei maschi, si nota un ciuffo di folti



pli, spesso arruffati. Le corna, presenti in ambo i sessi e molto sviluppate nei maschi, costituiscono un importante carattere distintivo: sono elegantemente attorcigliate a spirale, erette e turrette, quasi verticali, mai eccessivamente divergenti e pressoché unite alla base. Il mantello è bianco, con pelo ruvido medio tendente al lungo; la testa è spesso caratterizzata da una numerosa picchiettatura. L'apparato mammario è molto ampio, con mammella ben attaccata.

CENNI STORICI ED ETNO-SOCIOLOGICI

Per i suoi tratti morfologici peculiari la Girgentana ricorda da vicino una capra asiatica, diffusa nell'Afghanistan settentrionale, che presenta alte corna a "cavaturaccioli", barba molto lunga ed estesa a tutta la gola, colore grigio-bruno. Tuttavia la Girgentana, la cui origine più prossima sembrerebbe essere la regione Medio-orientale del Bacino del Mediterraneo, è stata anticamente introdotta in Sicilia dalla Grecia e poi lungamente allevata e selezionata nella Sicilia centro occidentale, nella provincia di Agrigento o "Girgenti" da cui trae la sua denominazione e dove si registra la maggiore densità numerica.

Negli anni '70 la Girgentana contava circa 9000 capi distribuiti tra Sicilia (83%) e Calabria (17%). Nel gennaio 1983 fu stimata una consistenza di circa 30000 capi, ma nei successivi dieci anni essa si ridusse drasticamente sino a soli 524 capi, di cui 380 capre e 144 tra becchi e capretti, allevati in purezza (Giaccone et al., 1994). Questa severa contrazione numerica fu da imputare principalmente alla necessità di trasformazione imposta al tradizionale sistema di allevamento e di commercializzazione del latte, ma anche a talune caratteristiche morfo-fisiologiche della razza, quali la limitata capacità di adattamento a condizioni pedo-climatiche difficili.

A seguito di questo declino oggi questa pregiata razza è a rischio di estinzione: i capi iscritti al Libro Genealogico sono in totale 635 di cui 600 femmine adulte (dati Assonapa 2010). Il maggior numero dei capi è allevato in Sicilia nelle province di Agrigento (55%), Palermo (21%), Catania (15%), pochi capi si contano ad Enna e Messina. Piccoli nuclei sono presenti a Perugia e Potenza.

Nel 2009 le capre sottoposte ai controlli funzionali della produttività sono state 524 (AIA, 2010). La capra Girgentana è una buona produttrice di latte (tab 1) (AIA, 2009): le migliori *performances* si registrano in provincia di Agrigento con una produzione media giornaliera di 2,4 kg in 270 gg.

Tabella 1: Produzioni di latte nella razza Girgentana nelle province Siciliane (AIA, 2009)

Province	N.	Kg di latte	Giorni di lattazione	Produzione giornaliera
Agrigento	315	352	186	1,90
Palermo	101	248	185	1,34
Messina	3	257	207	1,24
Catania	105	492	226	2,17

Buona la qualità del latte tradizionalmente destinato al consumo diretto, tanto che non si ha notizia di prodotti caseari storici di solo latte di Girgentana. L'età media al primo parto è circa 15 mesi. Buoni sono i valori di fertilità (0,95), prolificità (1,8) e fecondità su base annua (1,71).

STUDI FINALIZZATI ALLA DETERMINAZIONE DELLE ORIGINI, DELLA ORIGINALITÀ E VARIABILITÀ GENETICA

L'analisi del DNAm_t, utilizzato quale marcatore molecolare per definire l'origine di questa razza e le sue relazioni genetiche, ha rivelato in Girgentana la presenza di numerosi aplotipi riconducibili principalmente al gruppo filogenetico A della capra domestica, ma ha evidenziato anche alcuni aplotipi molto divergenti, prossimi a quelli delle capre selvatiche, che sembrerebbero costituire una nuova linea materna di DNAm_t nella capra domestica o testimoniare una storica introgressione da capre selvatiche. Il confronto con gli aplotipi di capre domestiche asiatiche, Pakistane e Indiane, e capre selvatiche riportati in database di sequenze nucleotidiche non ha permesso di formulare conclusioni nette sull'origine filogenetica di questa razza (Sardina et al., 2006).

Diversi altri studi, che hanno utilizzato i marcatori microsatelliti, hanno messo in evidenza l'originalità genetica di questa antica razza, che costituisce sempre un cluster ben distinto dalle altre razze e popolazioni incluse nei vari *dataset*, piccoli ampi o ampissimi che essi siano (Iamartino et al., 2005; Criscione et al., 2007).

Questa tendenza a formare gruppi omogenei e distinti se da un lato risulta condizionata dall'elevato grado di consanguineità, che caratterizza una razza a ridotta consistenza (Portolano et al., 2004), dall'altro testimonia anche un notevole grado di originalità genetica della razza Girgentana, come confermato anche da altre evidenze sperimentali ottenute analizzando una serie di 27 SNPs localizzati in geni responsabili di taluni caratteri morfologici, di alcune fasi del metabolismo, e della resistenza alle malattie (Pariset et al., 2006) e in 32 SNPs analizzati nel *cluster* delle caseine (Criscione et al., 2007). In termini di relazioni filogenetiche uno studio condotto all'interno di un set ampio di razze, che comprendeva 45 razze e popolazioni rare o tradizionali allevate in 15 Paesi Europei e del medio Oriente, ha evidenziato una interessante relazione tra questo tipo genetico e capre allevate in Grecia e in Albania (Canon et al., 2006).

La caratterizzazione di diversi marcatori SNPs nelle regioni promotore ma anche nelle regioni codificanti di alcuni geni delle proteine del latte hanno evidenziato in Girgentana peculiari assetti che confermano come essa detenga un interessante patrimonio genetico (Pappalardo et al., 2001; Marletta et al., 2004; Marletta et al., 2005; Gigli et al., 2008; Sardina et al., 2009).

Un'indagine condotta sul latte ha rivelato una peculiare distribuzione delle frazioni proteiche: nel latte di Girgentana le sieroproteine venivano espresse secondo tre livelli quantitativi (basso, medio, alto) e in diversi campioni il contenuto di α -lattoalbumina ha superato quello di β -lattoglobulina (Chianese et al., 2000).

Per quanto attiene la produzione di carne particolarmente è apprezzato nel mercato locale è il capretto da latte macellato a circa 30-40 giorni (Todaro et al., 2002).

PECULIARITÀ DEL SISTEMA DI ALLEVAMENTO

La condizione di rischio di estinzione interessa non solo un interessante patrimonio genetico, ma coinvolge anche un sistema di allevamento tradizionale molto antico. Fino agli anni '70 l'allevamento della capra Girgentana ha rappresentato in Sicilia l'unico esempio di allevamento caprino specializzato. Come raccontano gli anziani una volta solo l'allevatore di Girgentana poteva fregiarsi del titolo di "capraio", in contrapposizione al meno prestigioso ruolo di pastore

o, in dialetto, “picuraru”. Mentre le capre venivano allevate, in ragione del 10% circa della consistenza, in greggi misti con ovini per la produzione di formaggi e ricotta, la Girgentana veniva allevata in greggi solo caprini in allevamenti piccoli e medi, allo stato semi-stabulato, per la produzione di latte alimentare. Il sistema di allevamento tradizionale prevedeva il ricovero in capri-



li ricavati da locali adattati, attigui all’abitazione dell’allevatore, all’interno dei centri urbani o in aree immediatamente limitrofe. Questi ambienti erano spesso forniti di strutture di legno per l’alloggio degli animali in box singoli, costruite su predelle fessurate anch’esse in legno (foto 2).

La vendita del latte, prevalentemente destinato al consumo diretto, avveniva mungendo le capre porta a porta. L’adeguamento alle nuove norme in materia di sanità ed in particolare il conseguente divieto di stabulazione delle capre entro i centri abitati, oltre che la

diffusione del latte UHT, determinarono in molti casi l’abbandono dell’allevamento della capra Girgentana soprattutto da parte degli allevatori più anziani che non sono stati sostituiti da nuovi.



Del tutto peculiare rimane ancora oggi il rapporto che lega l’allevatore alle sue capre: un rapporto così armonioso che gli permette di percepire chiaramente una gamma di segnali che, opportunamente interpretati, contribuiscono a migliorare lo stato di benessere dell’animale. L’estinzione della capra Girgentana comporterebbe anche la scomparsa di questo speciale legame e delle antiche tecniche di cura e di toletta esclusivamente dedicate a questo splendido esemplare, come l’uso dei ferri e dell’acqua calda per correggere il difettoso sviluppo delle corna, l’usan-

za di regolare il loro ciuffo (foto 3) o la periodica ‘lucidatura’ delle corna.

INIZIATIVE DI SALVAGUARDIA E VALORIZZAZIONE

Negli ultimi decenni si è assistito a vari livelli ad una serie di iniziative atte a riconoscere alla razza Girgentana un importante valore economico, sociale e culturale. A livello istituzionale il P.S.R. (Programma di Sviluppo Rurale) Sicilia misura 214/1 Azione D “*allevamento di razze minacciate di abbandono*” ha previsto un contributo pari a 200 € UBA/anno per gli allevatori che si impegnano ad allevare capi di razza Girgentana per almeno cinque anni alle condizioni previste dal bando. L’entità del premio è tuttavia largamente inferiore al mancato reddito, stimato in circa in € 316,67/UBA.

Diverse organizzazioni a vari livelli si sono riproposte la salvaguardia e la valorizzazione della capra Girgentana. Tra queste la A.I.A.P.C.A.GI. (Associazione Italiana Allevatori e Produttori della Capra Girgentana) nata allo scopo di rispondere alle esigenze, di conservazione e valorizzazione di questa pregiata razza. La A.I.A.P.C.A.GI., associata all’AIA, annovera tra i propri soci fondatori allevatori professionali ed amatoriali, tecnici del settore e ricercatori di diversi Istituti Sperimentali, delle università e intrattiene rapporti di stretta collaborazione con il Con-

SDAbi, Focal Point della FAO per l'Italia. Data la consistenza estremamente ridotta il progetto di recupero di questa razza prevede quale obiettivo prioritario l'aumento della consistenza fino ad un limite che, in termini di numero effettivo di popolazione, garantisca un adeguato contenimento del tasso di consanguineità. E' prevista l'istituzione di una banca dati che possa individuare il maggior numero di soggetti allevati, tra quelli non iscritti al Libro Genealogico, allevati all'estero o al di fuori del sistema allevatorio (parchi zoologici, fattorie didattiche ecc), per realizzare interventi atti ad incrementare la variabilità genetica. Questa antica razza autoctona siciliana può ancora contribuire notevolmente a uno sviluppo sostenibile dell'agroecosistema in cui essa è inserita, pertanto l'auspicio è che tutte le attività di recupero si svolgano principalmente nell'areale di origine e maggiore diffusione della razza Girgentana, in cui essa si è evoluta ed adattata e in cui ha realizzato uno stretto legame con l'ambiente, le tradizioni e la cultura.

Per questo motivo, per evitare l'estinzione di questa razza, non meno importanti sono le iniziative anche a carattere individuale avviate a livello locale, specie nella provincia di Agrigento, dall'assessorato regionale Risorse Agricole e Alimentari, in collaborazione con Slow Food e l'Associazione Regionale Allevatori della Sicilia, che mirano al rilancio della razza attraverso la caratterizzazione e valorizzazione del latte e dei formaggi mono-razza. In particolare l'assessorato ha stimolato gli allevatori a puntare sulla produzione di vecchi e nuovi formaggi di capra, caciotta e robiola. Il latte di Girgentana si caratterizza per la elevata digeribilità e per il sapore gradevolmente dolce. La robiola di sola Girgentana rappresenta una versione "classica" della robiola, prodotta secondo tradizione, esclusivamente con latte caprino e quindi molto digeribile, a basso contenuto calorico e con un elevato contenuto in calcio e sali minerali. Ad oggi però un unico piccolo caseificio produce la robiola di Girgentana: una piccola azienda che si trova in provincia di Agrigento, ma riceve richieste da diverse regioni d'Italia. Il suo è attualmente solo un prodotto di nicchia, commercializzato a livello locale e con un piccolo canale di distribuzione nazionale che comprende l'alta ristorazione: la produzione di un formaggio di Girgentana di altissima qualità, molto apprezzato dai consumatori e destinato alla migliore ristorazione, potrebbe ridare dignità anche economica agli allevatori, e permettere di incrementare il numero dei capi allevati. Inoltre anche il consumo del latte di capra sta recentemente assumendo una dimensione interessante e la Girgentana, una volta ricostituita una buona consistenza numerica, potrebbe giocare un ruolo nella produzione di latte fresco di alta qualità, in accordo con la sua più antica e riconosciuta attitudine. Una maggiore diffusione del latte e dei prodotti caseari di Girgentana potrebbero contribuire a ridare importanza e sostenibilità economica all'allevamento, portando gradualmente all'auspicata autosostenibilità economica della razza.

Tuttavia ad oggi l'allevamento della Girgentana non può prescindere dal contributo economico previsto per capo allevato. Il recupero della razza richiede pertanto una maggiore attenzione da parte degli Organismi pubblici e allevatoriali. L'intervento che più di ogni altro nel breve periodo può contrastare il trend negativo della consistenza è il passaggio dal libro genealogico di Girgentana al registro anagrafico, recentemente proposto dalla Commissione Tecnica Centrale (CTC). Tale passaggio permetterà la registrazione di nuovi soggetti a genealogia sconosciuta che rispettino lo standard, presentando chiari caratteri di razza. L'ingresso di un congruo numero di nuovi capi nella popolazione permetterà di incrementare il numero dei riproduttori, specie maschi, impiegati nei piani di riproduzione con un sicuro incremento della variabilità genetica.

BIBLIOGRAFIA

- 1) AIA, (Associazione Italiana Allevatori) www.aia.it
- 2) Canon, J., Garcia, D., Garcia-Atance, M. A., Obexer-Ruff, G., Lenstra, J. A., Ajmone-Marsan, P., Dunner, S. and The ECONOGENE Consortium (2006). Geographical partitioning of goat diversity in Europe and the Middle East. *Animal Genetics*, 37: 327–334.

- 3) Chianese, L., Portolano, B., Troncone, E., Pizzolongo, F., Ferranti, P., Addeo, F., Alicata, M.L., Pilla, F., Calcagna, G. (2000). The qualità of Girgentana goat milk. Proceedings 7th International Conference on Goats, 15-18 May 2000 Tour, France. Tome II, pp. 946-949.
- 4) Criscione, A., Marletta, D., Ådnøy, T., Bordonaro, S., Guastella, A. M., Lien, S., D'Urso, G. (2007). Characterization of biodiversity in six goat breeds reared in Southern Italy by means of microsatellite and SnPs markers. *Italian Journal of Animal Science*, 6 (Suppl.1): 95-97.
- 5) Criscione, A., Ådnøy, T., Bordonaro, S., Vegarud, G.E., Marletta, D., Lien, S. (2007). Casein haplotypes in six goat breeds reared in Southern Italy. *Proc. 5th International Symposium FIL-IDF on "The challenge to sheep and goat milk sectors"* 18-20 Aprile 2007 Alghero. Italy p.75.
- 6) FAO. (2007). The State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture, edited by B. Rischkowsky & D. Pilling. Rome.
- 7) Giaccone, P., Portolano, B., Bonanno, A., Alicata, M.L., Todaro, M. (1995). Aspetti quanti-qualitativi della produrine lattea nella popolazione caprina Derivata di Siria. *Zoot. Nutr. Anim.* 21:97-109.
- 8) Giaccone, P., Portolano, B., Bonanno, A., Leto, G. (1994). Aspetti quantitativi della produzione lattea ed analisi della variabilità ambientale in caprini di razza Girgentana, *Tecn. Agric.* 4:3-18.
- 9) Gigli, I., Maizon, D.O., Riggio, V., Sardina, M. T. and Portolano, B. (2008) Casein Haplotype Variability in Sicilian Dairy Goat Breeds. *J. Dairy Sci.*, 91:3687–3692.
- 10) Iamartino, D., Bruzzone, A., Lanza, A., Blasi, M., Pilla, F. (2005). Genetic diversity of Southern Italian goat populations assessed by microsatellite markers. *Small Ruminant Research*. 57: 249-255.
- 11) ISTAT, (Istituto Nazionale di Statistica) www.agri.istat.it
- 12) Marletta, D., Bordonaro, S., Guastella A.M., Criscione A., D'Urso G. (2005). Genetic polymorphism of the calcium sensitive caseins in Sicilian Girgentana and Argentata dell'Etna goat breeds. *Small Ruminant Research*, 57: 133-139.
- 13) Marletta D., Bordonaro S., Guastella, A.M., D'Urso, G. (2004). Genetic polymorphism at CSN1S2 locus in two endangered sicilian goat breeds. *J. Anim. Breed. Genet.* 121: 52–56.
- 14) Pappalardo, M., Gallo, D., Cosenza, G., Pastore, N., Senese, C., Rubino, R., Marletta, D., Ramunno, L. (2001). Molecular analysis of the goat β -lactoglobulin gene: preliminary results. Proc. XIV Congress ASPA, Firenze, 12-15 June, pp. 61-63.
- 15) Pariset, L., Cappuccio, I., Ajmone Marsan, P., Dunner, S., Luikart, G., England, P.R., Obexer-Ruff, G., Peter, C., Marletta, D., Pilla, F., Valentini, A. (2006). ECONOGENE Consortium. Assessment of population structure by single nucleotide polymorphisms (SNPs) in goat breeds *Journal of Chromatography B*, 833:117–120.
- 16) Portolano, B., Finocchiaro, R., Todaro, M., Vankaam, J.H.B.C.M. (2004). Demographic characterization and genetic variability of the Girgentana goat breed by the analysis of genealogical data. *Italian Journal of Animal Science*, 3:41-45.
- 17) Pringle H. 1998. Neolithic agriculture: reading the signs of ancient animal domestication. *Science*, 282:1448.
- 18) Sardina, M., Ballester, M., Marmi, J., Finocchiaro, R., van Kaam, J., Portolano, B., Folch, J. (2006). Phylogenetic analysis of Sicilian goats reveals a new mtDNA lineage. *Animal Genetics*, 37(4):376-378.
- 19) Sardina, M. T, Rosa, A.J.M., Braglia, S., Scotti, E., Portolano, B. (2009). Identification of SNPs in the promoter of beta-lactoglobulin gene in three Sicilian goat breeds *Italian Journal of Animal Science*, 8 (suppl 2): 147-149.
- 20) Todaro, M., Corrao, A., Barone, C.M.A., Schinelli, R., Occidente, M., Giaccone, P. (2002). The influence of age at slaughter and litter size on some quality traits of kid meat. *Small Ruminant Research*, 44: 75–80.
- 21) Yahyaoui, M.H., Angiolillo, A., Pilla, F., Sanchez, A., Folch, J.M. (2003). Characterization and genotyping of the caprine kappa-casein variants. *Journal of Dairy Science*, 86: 2715-2720.

RECUPERO E CONSERVAZIONE *IN SITU*:
L'ESEMPIO DEL CAVALLO DEL VENTASSO
("In situ" conservation: the del Ventasso horse)

P. ZAMBONELLI

Università di Bologna - Dipartimento di Protezione e Valorizzazione Agroalimentare (DIPROVAL)
Sezione Allevamenti Zootecnici - Via Fratelli Rosselli, 107 - Villa Levi - Coviolo - 42123 Reggio Emilia
Tel. 0522 290 511 Fax 0522 290 523 - e-mail paolo.zambonelli@unibo.it

SUMMARY

The Ventasso Horse is a native Italian breed selected for saddle, and its name comes from Mount Ventasso, located in province of Reggio Emilia. The breeding area is a mountainous territory located for the most part in the Appennino Tosco-Emiliano National Park. In the last decades, the decreasing of economic interest in Ventasso Horses has been reflected in the reduction of its effective number and in the use of stallions of different breeds (Maremmano, Lipizzan, Thoroughbred, Anglo-Arab) utilized to improve the athletic performance. According to the FAO-UNEP, the small number of Ventasso Horse population, about 300 individuals, was placed in the list of endangered breeds. To preserve it from extinction is important to join the efforts of all the people and the Institutions involved in the rearing and valorization of these animals. The organization of breeders' association, the valorization of the horse as one of the leading variety of the Tosco-Emiliano National Park, the genetic characterization of this breed and the interest of local and regional Institutions are important steps aimed to increase the numeric consistency of Ventasso Horses and to guarantee a future of this breed.

ORIGINE E CARATTERISTICHE DEL CAVALLO DEL VENTASSO

Il Cavallo del Ventasso è l'unica popolazione equina autoctona della provincia di Reggio Emilia e una delle poche della Regione Emilia Romagna. Il nome internazionale di questa razza è *Ventasso Horse* e la sua denominazione deriva dal Monte Ventasso, situato in provincia di Reggio Emilia nell'alta Val d'Enza, su un cui versante è presente la Valle dei Cavalieri, toponimo che indica la presenza radicata nel tempo di cavalli. Sono stati trovati infatti documenti risalenti ai tempi dei Serenissimi Farnese (1545-1731), del Duca Ferdinando di Borbone (1765-1802), a quelli del Ducato di Maria Luigia d'Austria (1814-1847). Anche dopo l'Unità d'Italia e fino agli anni "40 del XX Secolo queste terre hanno continuato a fornire cavalli per l'esercito oltre che per un uso locale come animali da lavoro in montagna e, più recentemente, da trekking, così come è stato anche nelle epoche precedenti. Con l'avvento massiccio dei mezzi a motore sia per le attività agricole che per l'esercito si è assistito alla perdita di interesse per questa razza e ciò ha causato l'inizio del suo decremento numerico (Consiglio Nazionale delle Ricerche, 1997).

Dopo la seconda Guerra Mondiale la selezione di questa razza fu effettuata nella stazione di monta di Ramiseto e nell'allevamento Borzacchi-Bertoldi dove venivano utilizzati stalloni derivati inglesi e maremmani "migliorati". Negli anni '60 nell'allevamento Bertoldi è stato utilizzato uno stallone lipizzano ed un altro stallone maremmano "migliorato" da cui discendono gran parte delle fattrici più anziane che costituiscono l'attuale base del cavallo del Ventasso (Consiglio Nazionale delle Ricerche, 1997).

Attualmente la zona d'origine e principale luogo di allevamento dei Cavalli del Ventasso è inclusa nel Parco Nazionale dell'Appennino Tosco-Emiliano, istituito nel 2001.

ALLEVAMENTO, STANDARD DI RAZZA E REGISTRO ANAGRAFICO

Gli animali di questa popolazione sono allevati prevalentemente in provincia di Reggio Emilia anche se alcuni allevamenti sono presenti pure nelle confinanti provincie di Parma e di Massa-Carrara. Gli allevamenti sono tipicamente di dimensione molto ridotta, essendo costituiti da uno a pochi capi mentre solo il già citato allevamento Bertoldi, ora denominato “del Lago”, ospita un discreto numero di cavalli.

Nel periodo che va dalla tarda primavera all’inizio dell’autunno questi cavalli vengono solitamente allevati all’aperto in pascoli situati a quote discretamente elevate, visto che la cima del Monte Ventasso arriva a 1727 m sul livello del mare. Le caratteristiche morfologiche e l’adattamento all’allevamento



Fattrice con puledro dell’allevamento “del Lago” di Ramiseto (RE) - (Foto Paolo Zambonelli, Daniele Bigi)



Cavalli del Ventasso dell’Allevamento Zampolini di Collagna (RE) al pascolo (Foto Paolo Zambonelli e Daniele Bigi)

brado in montagna fanno sì che il Cavallo del Ventasso sia un animale rustico, resistente e frugale. L’attitudine di questi animali è quindi quella dell’equitazione da campagna anche se attualmente alcune linee sono allevate e selezionate per gli sport equestri.

La popolazione Cavallo del Ventasso è compresa nel Registro anagrafico delle razze equine e asinine a limitata diffusione, prima denominato Registro anagrafico delle popolazioni equine riconducibili a gruppi etnici locali, (http://www.aia.it/tecnico/equini/a_ra.htm) istituito nel 1991 e regolato attualmente dal Disciplinare emanato con il DM 552 del 12/01/2009 e successive modifiche.

I mantelli tipici per questa popolazione sono: baio, sauro, grigio, morello. I dati biometrici espressi in centimetri distinti per maschi e femmine sono: altezza al garrese (152-164; 150-162), circonferenza toracica (175; 170), circonferenza dello stinco (19,0; 18,5), lunghezza spalla (63; 60). E’ importante sottolineare che una taglia marcatamente diversa dallo standard comporta l’esclusione dal registro anagrafico.

Il Registro Anagrafico è gestito dall’Associazione Provinciale Allevatori di Reggio Emilia in cui la Sezione Equini si occupa della gestione dell’iscrizione dei nuovi soggetti e della tenuta dei passaporti.



*Diversi mantelli presenti nei Cavalli del Ventasso
(Foto Maria Ludovica Cabassi, Allevamento “del Lago”)*

Sul collo di questa cavalla dell’allevamento Venturi di Busana (RE) è visibile il tatuaggio con il marchio che caratterizza questa popolazione e il numero di iscrizione al Registro Anagrafico.

La consistenza numerica storica della popolazione si può ricavare dal sito Domestic Animal Diversity Information system della FAO (<http://dad.fao.org/>) in cui sono ricompresi in modo organico le consistenze rilevate dal 1992 in poi. Le numerosità qui riportate sono molto diverse anche da un anno all’altro probabilmente perché le fonti utilizzate sono diverse. Dati di consistenza limitati agli anni 1999 e 2008 sono reperibili dal sito del Registro Anagrafico Equini. Nel 1999 risultavano in totale 245 animali, (4 stalloni, 68 fattrici e 173 puledri) allevati in 65 aziende mentre nel 2008 risultavano 342 animali (9 stalloni, 84 puledri, 47 fattrici e 202 puledre) distribuiti in 83 allevamenti. Questi dati sono in accordo con le numerosità rilevate sul campo da Bigi e Zambonelli negli anni 2004/05 (Comunicazione personale) e confermano che c’è un leggero andamento crescente sia della numerosità che degli allevamenti interessati a questi cavalli. Il numero complessivo tuttavia risulta sempre piuttosto limitato tanto che questa popolazione è compresa nella categoria “in via di estinzione” (FAO-UNEP 2000). Tale categoria è caratterizzata da una struttura della popolazione compresa tra 100 e 1000 riproduttrici femmine e 5-20 riproduttori maschi. Si capisce quindi che per passare alla categoria non a rischio di estinzione il passo è ancora lungo in



(Foto Paolo Zambonelli, Daniele Bigi)

quanto la consistenza, specialmente per quanto riguarda le femmine, deve essere ancora incrementata di molte unità.

Risulta evidente da quanto riportato finora che per pensare di preservare questa razza-popolazione è necessario che vengano adottate delle misure utili per far fronte alle criticità evidenziate che richiedono il coinvolgimento di tutti i soggetti interessati nell'allevamento e nella valorizzazione del Cavallo del Ventasso.

PROGETTI DI SVILUPPO E DIFFUSIONE DEL CAVALLO DEL VENTASSO

Il Cavallo del Ventasso è considerato già da tempo una risorsa per il territorio di origine di questi animali. Basta pensare che è dal 1985 che a giugno, nel comune di Ramiseto in provincia di Reggio Emilia, viene organizzata una fiera dedicata proprio a questi cavalli. Si tratta di un momento di confronto, di scambio di idee e di giochi equestri effettuati tra gli allevatori che sono interessati al mantenimento della razza. Questa manifestazione è stata promossa inizialmente dal Comune di Ramiseto che ha deciso anche di ideare un logo con un'immagine stilizzata di questi animali, diventato poi l'emblema del territorio. Tale simbolo è posto sui cartelli che accolgono i visitatori sulle principali strade di accesso alla Valle dei Cavalieri. Per incrementare ancora il legame e la consapevolezza di portare avanti un discorso comune è stata poi costituita nel 2003 l'Associazione Allevatori del Cavallo del Ventasso che è aperta a tutti quelli che allevano questi cavalli e il cui scopo è quello di mantenerne un'identità in quanto portatori di un patrimonio culturale e genetico unico derivato dall'adattamento al territorio di origine.

Con l'istituzione del Parco Nazionale dell'Appennino Tosco-Emiliano nel 2001 è stato dato un ulteriore slancio alla promozione di questi cavalli. Si è pensato quindi sia di potenziare le attività a cui erano dediti questi animali sia di individuare nuovi utilizzi.

Puntando sulle loro qualità di pregio quali resistenza e robustezza si è cercato di potenziare il turismo equestre per favorire le aree disagiate di montagna, promuovendone l'uso per trekking, centri agrituristici, maneggi, attività per le quali il cavallo del Ventasso è particolarmente portato. Ad esempio sono stati incentivati gli interventi di recupero di pascoli nel ramisetano, ormai invasi da rovi e arbusti a causa dell'abbandono delle tradizionali attività agricole; inoltre, la presenza di storiche vie di comunicazione e l'ambiente di particolare interesse naturalistico e paesaggistico hanno suggerito di ripristinare itinerari specificatamente dedicati agli appassionati del mondo equestre per effettuare il trekking nel Parco Nazionale. Nella zona passano l'Ippovia dell'Emilia Romagna lunga circa 230 km e l'Ippovia di Comano, recentemente realizzata recuperando antiche mulattiere, che arriva in Lunigiana.

Alcuni soggetti di questa popolazione hanno partecipato alle edizioni 2008, 2009 e 2010 di Fieracavalli a Verona grazie a un progetto portato avanti dal Parco Nazionale dell'Appennino Tosco-Emiliano, dall'Associazione Allevatori di Reggio Emilia, dall'Associazione Allevatori Cavallo del Ventasso, dalla Comunità Montana dell'Appennino Reggiano e dal Comune di Ramiseto. I cavalli che hanno partecipato alla manifestazione sono stati presentati nel padiglione dedicato al cavallo italiano, all'interno della rassegna denominata "Carosello Italiano", che vede sfilare tutte le principali razze e popolazioni di cavalli italiani.

Recentemente, nel 2009, è stato costituito un Reparto a Cavallo del Corpo Forestale dello Stato avente sede a Ramiseto, istituito grazie all'impegno congiunto del Corpo Forestale dello Stato, del Parco Nazionale e del Comune di Ramiseto. L'utilizzo del cavallo da parte del Corpo Forestale è avvenuto da sempre, fin dal 1822 anno della fondazione, e, dopo una flessione dell'utilizzo per parecchi decenni a causa dell'utilizzo di mezzi a motore, ha registrato un nuovo sviluppo negli ultimi anni grazie ad una maggiore sensibilità ambientale del Corpo Forestale e con l'estensione delle aree naturali protette e dei Parchi Nazionali su tutto il ter-

ritorio italiano. Il “gruppo ippomontato” opera nel territorio dei Comuni del Parco Nazionale, il quale ne sostiene l’utilizzo mettendo a disposizione i cavalli e le risorse necessarie per l’effettuazione dei servizi, tra cui anche la partecipazione con funzioni di rappresentanza ad eventi e manifestazioni. L’utilizzo di Cavalli del Ventasso nei servizi di vigilanza consentirà di promuovere e far conoscere sempre di più questa popolazione.

Ogni programma di salvaguardia necessita anche di uno studio della struttura genetica della popolazione che si intende preservare. A tale scopo è stata condotta negli anni 2004-2007 una ricerca che ha consentito di caratterizzare geneticamente la popolazione utilizzando sia marcatori del genoma nucleare (microsatelliti) che marcatori del DNA mitocondriale (Bigi *et al.*, 2006; Bigi *et al.*, 2007; Zambonelli *et al.*, 2006). La ricerca è descritta in dettaglio nella sezione dedicata all’illustrazione degli interventi a salvaguardia della biodiversità animale attuati dalla Regione Emilia-Romagna alla quale si rimanda. In sintesi, le analisi condotte hanno permesso di osservare che la variabilità genetica valutata con i marcatori nucleari non è inferiore a quella osservata in altre razze equine italiane aventi numerosità più consistenti e quindi non vi è un rischio di consanguineità. Questo aspetto è derivato dal fatto che per parecchi decenni sono stati effettuati accoppiamenti nelle stazioni di monta locali con stalloni appartenenti ad altre razze come Maremmano, Lipizzano, Puro Sangue e derivati Anglo-Arabi. L’albero filogenetico ottenuto nelle ricerche condotte ha confermato l’andamento temporale degli accoppiamenti effettuati in quanto le razze più simili al Cavallo del Ventasso sono risultate quelle usate più di recente come l’Anglo-Arabo, il Puro Sangue inglese e il Trotatore. Un po’ più distanti geneticamente sono invece il Lipizzano e il Maremmano, che in effetti sono stati utilizzati come riproduttori nei primi decenni del dopoguerra. L’analisi del DNA mitocondriale ha invece evidenziato che esistono diverse linee genetiche di derivazione materna presenti nella popolazione attuale tra cui una, individuata finora solo in questa razza, è quella prevalente. Questo elemento suggerisce che il genoma mitocondriale di questi animali contiene ancora elementi riconducibili alle più antiche progenitrici locali e supporta il fatto che sono stati fatti quasi esclusivamente ac-



Cavalli del Ventasso in dotazione al Corpo Forestale dello Stato di Reggio Emilia (Foto fornite dal CFS-RE)



Cavalli del Ventasso in dotazione al Corpo Forestale dello Stato di Reggio Emilia (Foto fornite dal CFS-RE)

coppiamenti con stalloni di altre razze mentre le fattrici erano animali del posto. In sintesi, gli accoppiamenti con vari stalloni hanno consentito di mantenere elevata la diversità genetica di questi cavalli a scapito però di una perdita molto elevata di tipicità. Questa tipicità resta invece probabilmente espressa a livello del DNA mitocondriale che, essendo collegato direttamente al metabolismo energetico, può in parte giustificare le doti di resistenza e robustezza che caratterizzano i Cavalli del Ventasso. Ovviamente questa ipotesi dovrebbe essere supportata da evidenze sperimentali. La selezione attuata utilizzando riproduttori di altre razze è stata effettuata anche per ottenere alcune linee che avessero una dote più spiccata per gli sport equestri. Tale indirizzo selettivo ha fatto sì che si siano ottenuti animali con caratteristiche morfologiche piuttosto distanti da un tipo che si può definire “originario” tanto che alcuni degli animali hanno delle valutazioni morfologiche che li pongono all’estremo degli standard di razza attualmente definiti dal Registro Anagrafico. Nel prossimo futuro per preservare le caratteristiche originarie ancora presenti in questi animali gli allevatori e coloro che gestiscono oggi questa popolazione equina dovrebbero puntare ad un incremento dell’uso di stalloni locali e la corrispondente riduzione di altri riproduttori oltre che l’incremento numerico della popolazione per evitare che si creino problemi dovuti alla consanguineità.

CONCLUSIONI

La popolazione attuale di Cavalli del Ventasso, pur se numericamente ridotta, presenta delle caratteristiche degli animali e di gestione dell’allevamento che fanno ben sperare sul suo futuro. I Cavalli del Ventasso rappresentano un importante punto di riferimento per caratterizzare la zona montana in cui sono allevati e di questo ne sono consapevoli sia gli allevatori e le loro Associazioni sia gli enti locali. Tutte le iniziative sopra descritte dovrebbero avere innanzitutto l’obiettivo di aumentare sempre più l’interesse verso questi animali in modo da consentirne uno sviluppo dell’allevamento e della consistenza numerica. L’aumento dell’interesse dovrebbe essere basato su due concetti fondamentali. Il primo è la consapevolezza che questi animali hanno un interesse culturale notevole e cioè che il loro allevamento ha un valore intrinseco che va al di là delle logiche di mercato su cui si basano solitamente gli allevatori di cavalli in quanto rappresentano un patrimonio specifico del territorio. Il secondo è la valorizzazione delle caratteristiche genetiche presenti che identificano ancora questa razza. Ovviamente i due aspetti sono strettamente collegati tra di loro: se è vero che molte delle attuali razze di cavalli presenti in Italia sono derivate da accoppiamenti effettuati nel tempo con animali provenienti da razze selezionate estere è anche vero che esistono ancora peculiarità genetiche che le contraddistinguono e che sarebbe bene non andassero perdute in quanto rappresentano spesso il risultato di particolari adattamenti degli animali all’ambiente in cui sono stati allevati. Tale ambiente è spesso impossibile da ricreare e pertanto questi cavalli rappresentano un’unicità che deve essere salvaguardata. Il concetto di razza in senso genetico si estende perciò a quello di “razza culturale”, concetto già indicato da Silvestrelli (Bonavolontà e Silvestrelli, 1989) come fondamentale per la definizione delle caratteristiche di una popolazione equina in quanto l’evoluzione non è determinata solo dall’adattamento degli animali ad un territorio, ma anche dalle interazioni che gli stessi animali hanno avuto con i loro allevatori. È quindi compito di chi gestisce oggi l’allevamento di questi animali definire quale è il connubio ideale di tutte le caratteristiche che devono consentire ai Cavalli del Ventasso di poter continuare ad esistere e svilupparsi come una popolazione ben definita.

RINGRAZIAMENTI

Si ringraziano per la collaborazione tutti gli allevatori di cavalli del Ventasso che hanno permesso la realizzazione delle ricerche, l'Associazione Allevatori Cavallo del Ventasso, l'Associazione Provinciale Allevatori di Reggio Emilia, l'Assessorato Agricoltura della provincia di Reggio Emilia, la Fondazione Manodori, il comune di Ramiseto, il Parco Nazionale dell'Appennino tosco-emiliano, il servizio agricoltura della Comunità Montana dell'Appennino reggiano, il Corpo Forestale dello Stato.

BIBLIOGRAFIA

- 1) Bigi, D., Zambonelli, P., Perrotta, G., Blasi, M. (2006) Genetic characterization of the Ventasso Horse compared with other horse breeds reared in Italy by means of microsatellites. *Proceedings of 30th International Conference of Animal Genetics*, August 20-25, 2006. Porto Seguro, Brazil. Abstract A301.
- 2) Bigi, D., Zambonelli, P., Perrotta, G., Blasi, M. (2007) The Ventasso Horse: genetic characterization by microsatellites markers. Proceedings of the ASPA 17th National Conference, Alghero, May 29th-June 1st, 2007. *Italian Journal of Animal Science* 6 (Supplement 1):50-52.
- 3) Bonavolontà, G., Silvestrelli, M. (1989) *Il Maremmano*. Edizioni Equestri.
- 4) Consiglio Nazionale delle Ricerche, (1997) *Atlante etnografico delle popolazioni equine ed asinine italiane per la salvaguardia delle risorse genetiche*. A cura di Gustavo Gandini e Giuseppe Rognoni. Città Studi Edizioni. Milano.
- 5) FAO – UNEP, (2000) World watch list for domestic animal diversity. 3rd Edition. (<http://www.fao.org/docrep/009/x8750e/x8750e00.HTM>).
- 6) Zambonelli, P., Bigi, D. (2006). Maternal lineages of Ventasso Horse detected by mitochondrial D-loop sequence analysis. *Proceedings of 30th International Conference of Animal Genetics*, August 20-25. Porto Seguro, Brazil. Abstract A435.

RECUPERO E CONSERVAZIONE “IN SITU” DI ALCUNE RAZZE AVICOLE (“*In situ*” conservation: some poultry breeds)

C. CASTELLINI¹, M. DE MARCHI², M. GUALTIERI³

¹ Dipartimento Biologia Applicata Borgo 20 Giugno, 74 Perugia

² Dipartimento di Scienze animali - Viale dell'Università 16, Legnaro (PD)

³ Dipartimento di Biotecnologie Agrarie, Sez. Scienze animali, Via delle Cascine, 5 Firenze

SUMMARY

In Italy there is a large number of chicken breeds and the current situation of these breeds is critical because of 61% of the Italian chicken breeds are extinct, 13.3% are endangered and 6,7% are involved in conservation programmes (Zanon & Sabbioni, 2001). With the increase of marginal areas release and the starting of industrial chicken breeding only few chicken breeds were selected and used for production. As a consequence, many pure-breeds are now at the risk of being lost. These local breeds may, however, represent a resource of genes for future breeding and research purposes. Indeed, those local breeds showed a good environmental adaptability and diseases resistant; for these reasons the local chicken breeds could be interesting in organic system production, in marginal rural areas and in some local production. Moreover the local breeds could be used as an interesting alternative of broiler production in the future. Recently, the local chicken breeds are involved in national and international conservation programmes. Here some examples of interesting in situ programmes are presented, that are developed in collaboration between breeders, regional governments and university researchers.

INTRODUZIONE

La diversità genetica animale si può evolvere soltanto *in situ* permettendo alle popolazioni un adattamento continuo all'ambiente. Nelle specie avicole tale sistema è particolarmente importante considerando che le attuali tecniche di riproduzione non permettono il congelamento degli oociti.

Le produzioni avicole rappresentano una delle principali fonti di proteine animali in Italia e nel mondo. Il processo di industrializzazione del comparto ha aumentato notevolmente la produttività degli animali e ridotto i costi di produzione. La selezione genetica è stato ed è uno degli elementi determinanti di questo incremento. Questi animali, molto più produttivi dei precedenti, richiedono al contempo condizioni ambientali, management, piani alimentari, profilattici e terapeutici molto sofisticati.

Accanto ai vantaggi economici questo processo ha determinato alcune conseguenze negative sugli animali (riduzione della biodiversità, del benessere e dello stato di salute degli animali) e sulla struttura organizzativa del settore con un'eccessiva concentrazione degli attori.

L'avicoltura industriale è nelle mani di grandi aziende spesso multinazionali e la globalizzazione ha ulteriormente ridotto il numero di attori. Nel 2000 il 95% della produzione avicola mondiale proveniva da 5 linee di broiler, altrettante di ovaiole e 4 linee di tacchini (Greger, 2006). Ad oggi sono stati fatti ulteriori accorpamenti: Aviagen, leader mondiale della genetica avicola che distribuisce parent e grand-parent in più di 100 paesi del mondo, ha acquisito nel 2005 anche la Hy-line International (<http://www.aviagen.com>). Dal 2009 controlla anche la Kabir Ltd. ed è in partenariato con la Sasso (<http://www.worldpoultry.net>). Questa struttura produttiva di fatto ostacola l'accesso al mercato di aziende medie-piccole e/o di tipi genetici diversi.

A livello mondiale (United Nations, FAO, 2009) sono state descritte molte razze avicole estinte e molte altre sono in situazione critica; inoltre la stessa organizzazione sottolinea che nelle zone rurali dei paesi in via di sviluppo il patrimonio genetico locale sarebbe più adattato delle comuni razze moderne.

Negli USA, dove esistono banche dati storiche, la percentuale di razze avicole a rischio di estinzione è aumentata in 4 anni dal 51 al 63% (American Livestock Breeds Conservancy, 2009). Inoltre, delle 150 razze di polli descritte, anche se non completamente estinte, solo poche sono facilmente accessibili.

BIODIVERSITÀ

Tutte le razze/popolazioni che non concorrono alla formazione degli ibridi industriali sono in forte riduzione numerica o in pericolo di estinzione.

Il sequenziamento genomico del pollo (Francham et al., 2004) ha evidenziando che le linee commerciali hanno perso il 90% dei loro alleli in rapporto ai polli autoctoni. La ridotta variabilità genetica di questi ceppi riduce le possibilità di adattamento a nuovi scenari come: patologie riemergenti o sconosciute, condizioni ambientali meno controllate, ricerca di prodotti differenti. Una conferma di ciò è data dal fatto che le performance di broiler ottenute in condizioni ambientali ottimali peggiorano notevolmente in ambienti meno controllati. Secondo alcuni autori (Greger, 2006) anche la recrudescenza di alcuni ceppi patogeni (vedi influenza aviaria) è da mettere in rapporto con la limitata immuno-reattività di questi tipi genetici. In natura la sensibilità/resistenza verso un agente patogeno è in genere variabile: alcuni soggetti si ammalano mentre altri possono presentare un'immunità di origine genetica; al contrario, la ridotta diversità genetica dei genotipi avicoli moderni rende questi animali particolarmente suscettibili a qualsiasi mutazione microbica. Animali che per una combinazione genica particolare riescono ad essere allevati senza l'uso di farmaci e accorgimenti ambientali sofisticati costano meno all'allevatore, all'ambiente (Boggia et al., 2010) e al consumatore.

È ampiamente riportato che la selezione dei polli per la velocità di accrescimento ha reso disponibile per l'organismo una maggior quantità di risorse per la produzione modificando il loro comportamento (Schütz e Jensen, 2001) riducendo principalmente le attività cinetiche energeticamente più dispendiose. L'elevato accrescimento ponderale di questi animali e lo squilibrio dovuto al notevole peso del petto favorisce problemi posturali, zoppie e lesioni fisiche. Miopatie, problemi cardio-circolatori e immunitari sono ampiamente riportati in bibliografia (Dransfield et al., 1999). Animali a rapido accrescimento presentano spesso nel muscolo pettorale fibre ipertrofiche (Chartrin et al., 2005; Branciarri et al., 2010).

Tali problemi sono controllabili finché gli animali sono molto giovani (40-50 giorni) ma diventano particolarmente rilevanti quando tali genotipi vengono utilizzati in sistemi di allevamento estensivi che richiedono tempi di allevamento più lunghi, attività di razzolamento e adattamento a condizioni climatiche meno controllate. In tali condizioni gli animali ad accrescimento rapido sono sconsigliabili mentre al contrario, le razze a lento accrescimento hanno un'attitudine pascolativa elevata (Bokkers et al., 2003; Lewis et al., 1997) e preferiscono stare all'aperto (Gordon et al., 2002; Castellini et al., 2003).

Gli ostacoli al mantenimento e alla diffusione della diversità avicola sono molteplici:

- Difficoltà di reperimento - La ricostituzione della biodiversità avicola passa attraverso una sua maggiore accessibilità. Gli allevatori, attraverso iniziative di conservazione e tutela, devono diffondere i propri genotipi tentando di inserirli all'interno di sistemi di produzione che li possano valorizzare (free-range, biologici). L'obiettivo è quello di arrivare alla tavola del consumatore che rappresenta la principale modalità di salvaguardia della diversità genetica "non assistita".

- Culturali - Gli allevatori necessitano di know-how per migliorare la produttività, ridurre l'omozigosi dei propri animali e valorizzarne i prodotti. Allo stesso tempo i consumatori dovrebbero essere informati e sensibilizzati predisponendo percorsi di valorizzazione. La riduzione numerica dei soggetti ha focalizzato l'attenzione degli allevatori verso le caratteristiche morfologiche distintive degli animali non considerando la produttività. Razze che fino a 20 anni fa presentavano performance soddisfacenti hanno ridotto notevolmente le proprie prestazioni.
- Economici – Queste razze presentano una produttività minore rispetto ai genotipi commerciali e quindi costi di produzione non competitivi.
Va anche considerato che il tempo sta lavorando contro la conservazione. Razze e geni vengono progressivamente persi e una loro ricostituzione futura potrebbe essere molto difficile.

RAZZE AUTOCTONE

Le razze autoctone si sono adattate ad ambienti specifici nel corso di migliaia di anni. Il loro potenziale come produttori di cibo o di variabilità genetica è del tutto sconosciuto.

Le razze avicole locali possono fornire un'interessante alternativa alle linee commerciali, fornendo prodotti di diversa qualità di grande interesse per i mercati locali e regionali (De Marchi et al., 2005). Alcune razze avicole mostrano particolari caratteristiche qualitative della carne e delle uova (De Marchi et al., 2005; Zanetti et al., 2010, Castellini et al., 2006) che ne distinguono e caratterizzano i prodotti da quelli convenzionali e possono essere allevate anche in ambienti marginali considerati i caratteri di rusticità.

CASI DI STUDIO

Le razze avicole venete

Il progetto Conservazione e Valorizzazione delle razze avicole venete (Co.Va)

Il Veneto è una delle prime regioni d'Italia per quanto riguarda il numero di razze avicole locali ancora esistenti. Circa la metà di queste razze sono originate dalla zona del Polesine ed è questo motivo a spingere la nascita nel 1917 della prima Stazione Sperimentale di Pollicoltura di Rovigo. Le attività inizialmente svolte dal centro di Rovigo seguite da quelle di conservazione e valorizzazione svolte da Veneto Agricoltura hanno consentito la salvaguardia di 11 razze avicole appartenenti a specie diverse. A testimonianza di questo nel 2000 è stato attivato un importante progetto mirato alla salvaguardia delle razze avicole venete. Il progetto prende in considerazione alcune delle razze che per aspetti storici, socio-culturali e potenzialità produttive, sono state giudicate interessanti e meritevoli di tutela e valorizzazione (De Marchi et al., 2005a).

Lo scopo principale del progetto è il mantenimento in purezza della risorsa genetica, massimizzando la variabilità genetica, e la valorizzazione dei prodotti derivanti da queste razze. Questo progetto di conservazione *in situ* coinvolge quattro diverse specie avicole (pollo, anatra, faraona e tacchino) e diversi "nuclei di conservazione" situati in diverse zone ed ambienti della regione Veneto: montagna (Feltre, BL), collina (Montebelluna, TV) e pianura (Ceregnano, RO e Padova).

Le razze avicole coinvolte

Le razze di pollo coinvolte all'avvio del progetto erano cinque: Pépoi, Robusta Lionata, Robusta Maculata, Ermellinata di Rovigo, Padovana. Nel 2006 è stata inclusa nel progetto

una sesta razza di pollo, la Polverara con due diverse varietà: Nera e Bianca, che differiscono solo per il colore del piumaggio. Il progetto comprende inoltre due razze di anatre, Germanata Veneta e Mignon, due razze di tacchino, Ermellinato di Rovigo e Comune Bronzato, e una razza di faraona la Camosciata. Le caratteristiche delle razze sono mostrate in Tabella 1.

Diversi studi sono stati svolti per la caratterizzazione delle carni in particolare analizzando le razze di pollo. Come riportato da De Marchi et al. (2006) e Zanetti et al. (2010) le razze Padovana, Ermellinata e Pépoi mostrano delle caratteristiche qualitative delle carni che ben si distinguono dalle comuni linee di broiler commerciali permettendo la valorizzazione delle stesse in alcune nicchie gastronomiche e ristorative locali.

Il piano di conservazione

Il programma di conservazione delle razze avicole Venete prevede la conservazione *in-situ* delle risorse genetiche. Ogni Centro di Conservazione è diviso in 3 zone: zona di cova, box degli adulti e box della rimonta. La zona di cova, che è attiva da febbraio a maggio, è composta da un incubatoio e dai locali di svezamento. I box degli adulti, casette per il riposo con ampio paddock esterno, sono solitamente due, uno per le femmine e uno per i maschi. Di solito quelli per le femmine hanno dimensione doppia rispetto a quelli per i maschi. I box della rimonta, utilizzati da aprile a ottobre, sono simili ai box degli adulti ma sono divisi in due zone, una per ogni famiglia. Tutte le strutture sono protette dall'attacco di predatori e presentano elevate densità di alberi per aumentare il benessere animale.

Tabella 1: Peso degli animali adulti, colore dei tarsi e della pelle, peso e colore dell'uovo delle razze coinvolte nel progetto Co.Va.

Specie	Razza	Peso adulti (kg)		Colore		Uovo	
		Maschi	Femmine	Tarsi	Pelle	Colore guscio	Peso (g)
Pollo	Pépoi	1,3-1,5	1,0-1,1	gialli	gialla	rosato	40-45
	Robusta Lionata	4,0-4,5	2,8-3,3	gialli	gialla	rosato	55-60
	Robusta Maculata	4,0-4,5	2,8-3,3	gialli	gialla	rosato	55-60
	Ermellinata di Rovigo	3,0-3,5	2,2-2,6	gialli	gialla	rosato	55-60
	Padovana	1,8-2,3	1,5-2,0	ardesia	bianca	bianco	50-60
Faraona	Camosciata	1,8	1,8-2,0	aranciati	scura	rossastro	45
Anatra	Mignon	0,8	0,8	giallo	giallo	bianco	45-50
	Germanata Veneta	3,0	2,7	arancio	bianca	bianco	70
Tacchino	Ermellinato di Rovigo	10-12	4-6	carnicino	bianca	rosato	70-80
	Comune Bronzato	6-7	3,0-3,5	scuro	bianca	rosato	70-85

Le attività di allevamento e di conservazione sono svolte con le stesse modalità in tutti i centri di conservazione. In ogni centro per ogni razza sono presenti circa 34 femmine e 20 maschi, queste numerosità dovrebbero garantire nell'ipotesi di una popolazione selezionata casualmente, una numerosità effettiva di 50 individui e un tasso di inbreeding inferiore all'1% (Meuwissen e Woolliams, 1994). I riproduttori maschili sono divisi in due gruppi sulla base delle informazioni genetiche mentre i riproduttori femminili sono collocati in un unico gruppo. La sostituzione completa dei riproduttori maschili e femminili è biennale.

La stagione riproduttiva inizia a febbraio grazie all'utilizzo di un programma d'illuminazione. Il primo gruppo di maschi è inserito per circa 3 settimane nel gruppo di femmine. In seguito è interrotta la raccolta delle uova per due settimane per consentire lo svuotamento del-

la sacca spermatica delle femmine, che sono quindi pronte per essere fecondate dal secondo gruppo di maschi per altre 3 settimane. Ogni periodo di riproduzione termina quando si sono raggiunti 90 pulcini per famiglia (180 pulcini per razza). Alla schiusa i pulcini vengono marcati e al termine della stagione riproduttiva (fine aprile) sono messi in un unico box. Fra ottobre e novembre è svolta la selezione dei giovani riproduttori. Per rendere tale fase la più completa possibile è prevista anche la raccolta e successiva analisi dei dati riguardanti i parametri produttivi e riproduttivi come il peso alla maturità e dei dati di deposizioni e incubazioni di uova. Gli indici usati per la selezione dei riproduttori sono quattro: gruppo di origine, standard morfologici di razza, performance produttive e performance riproduttive. Il primo indice è molto importante, infatti, è fondamentale che il 50% dei maschi e delle femmine provenga dai due gruppi. I giovani riproduttori devono inoltre rispettare i requisiti degli standard di razza come colore del piumaggio e dei tarsi, la morfologia complessiva e le dimensioni. Infine sono valutati i parametri produttivi e riproduttivi. A dicembre tutti i riproduttori adulti selezionati sono pesati ed è effettuato il prelievo del sangue sui maschi per l'analisi del DNA. Infine nel mese di gennaio tutti i riproduttori maschi di ogni razza sono scambiati fra i centri di conservazione secondo uno schema definito.

La caratterizzazione genetica

La caratterizzazione genetica delle razze avicole venete ha interessato maggiormente la specie pollo. Inizialmente è stata svolta la caratterizzazione utilizzando i marcatori molecolari tipo AFLP come riportato da De Marchi et al. (2006). Questa prima caratterizzazione di 99 individui appartenenti alla specie Ermellinata di Rovigo, Padovana, Pépoi, Robusta Maculata e Lionata e ad una linea commerciale ha utilizzato tre coppie di primers. I risultati oltre a fornire delle informazioni iniziali sulle caratteristiche genetiche delle razze hanno anche permesso la definizione dei gruppi di riproduttori da utilizzare nel piano di conservazione. Successivamente la caratterizzazione genetica di queste razze si è svolta utilizzando dei marcatori tipo microsatellite (Zanetti et al., 2010). In questo lavoro sono stati analizzati 337 animali provenienti da 6 razze, Ermellinata di Rovigo, Robusta Maculata, Robusta Lionata, Pépoi, Padovana, Polverera e una linea commerciale. Lo studio ha utilizzato 20 marcatori microsatellite e ha permesso la caratterizzazione genetica delle razze coinvolte da molti anni nel progetto di conservazione e ha evidenziato le problematiche della razza Polverera entrata nel progetto di conservazione solo nel 2006.



Ermellinata di Rovigo



Padovana

LA VALDARNESE

Anche se le prime notizie bibliografiche con la denominazione di Valdarno bianca risalgono all'inizio del '900, la segnalazione più significativa proviene dalla mostra avicola di Cremona del 1953, che ne costituì il primo riconoscimento ufficiale come razza a sé stante. In effetti, proprio negli anni '50 questa razza raggiunse il massimo della sua produttività e notorietà, grazie in particolare alla costituzione e attività del "Gruppo avicolo del Valdarno", caratterizzato da un Centro di selezione, 2 grandi incubatoi e numerosi pollai di moltiplicazione. In questi anni ebbe inizio un piano di selezione della razza sotto il controllo dell'Ispettorato provinciale dell'Agricoltura di Arezzo e con il successivo contributo della Stazione Sperimentale di Pollicoltura di Rovigo. All'epoca, nei mercati più importanti del Valdarno si commercializzavano mediamente ogni settimana 20-30.000 capi, con minimi nei mesi di gennaio-marzo e massimi da settembre a dicembre, per i mercati di Milano, Roma, Genova e Firenze (Aleandri et al., 1965).

A partire dagli anni '60, in concomitanza con la scomparsa della mezzadria e con il progressivo espandersi dell'avicoltura intensiva, iniziò il declino dell'allevamento della Valdarnese bianca, aggravato dalla ripresa dell'allevamento della Livorno bianca, favorito questo dal facile reperimento dei pulcini prodotti da incubatoi specializzati. Lo stesso Gruppo Avicolo del Valdarno cessò la propria attività dopo 9 anni di vita (Pignattelli, 2001).

Ciononostante, una parte dei pollicoltori della zona ha continuato su piccola scala ad allevare la Valdarnese per mantenere una tradizione radicata e garantire la sopravvivenza della razza, coadiuvato per alcuni anni dall'attività del Conservatorio delle razze avicole in pericolo di estinzione della Regione Veneto (Arduin, 2001). Un primo riconoscimento è arrivato con l'inserimento del "Pollo del Valdarno" nell'Elenco dei prodotti agroalimentari tradizionali della Toscana (l'art. 8 DL 173/98). Nel 2000, grazie soprattutto dell'Associazione Agricoltori Custodi di Loro Ciuffenna (AR) con il supporto finanziario della Regione Toscana tramite l'ARSIA e il coordinamento dell'Università di Firenze, è stato elaborato il progetto "Riconoscimento, salvaguardia e valorizzazione del Pollo del Valdarno", finalizzato al rilancio di questa pregiata produzione locale, perfettamente inserita nel territorio di origine, e alla conservazione di germoplasma autoctono. Nel 2008, a 5 anni dalla registrazione della razza nel Repertorio Regionale delle risorse genetiche animali della Toscana (istituito con L.R. 50/97), ne è stato attivato il Registro Anagrafico sotto la responsabilità dell'Associazione Allevatori di Arezzo. Ad oggi la Valdarnese bianca rimane l'unica razza avicola dotata di tale strumento, importante per la sua sopravvivenza e per l'eventuale certificazione di prodotti da essa derivati e identificati da un marchio.

DESCRIZIONE MORFOLOGICA

Lo standard di razza, ai fini del riconoscimento ufficiale, è stato definito sulla base delle notizie storiche confrontate con le caratteristiche morfologiche e produttive dei soggetti derivati da quelli mantenuti presso il Conservatorio delle razze avicole di Rovigo (Sacchi, 1960; Aleandri e Zavagli, 1965; Pignattelli, 2001; Gualtieri, 2002).

In esso vengono enfatizzati alcuni dettagli che consentono di operare distinzioni rispetto a soggetti portatori di caratteristiche morfologiche proprie della razza Livorno bianca o di ceppi commerciali da uova presenti anche in allevamento rurale, ad esempio il colore della livrea (bianco, non candido), la forma della coda e soprattutto il caratteristico impennamento tardivo dei pulcini. Pelle e tarsi sono gialli, cresta e bargigli sono molto sviluppati specie nel gallo, la cresta è eretta e con 5-6 denti nel gallo, piegata nella gallina. La taglia tipica è la seguente: all'età di circa 1 anno il gallo pesa da 2,900 a 3,300 kg e la gallina da 2,000 a 2,500 kg.

Inoltre le uova hanno il guscio lievemente ruvido, di colore bianco avorio opaco.

In base allo standard, i soggetti valutati dagli esperti di razza vengono inanellati all'età di 4 mesi le femmine e a 6 mesi i maschi. Ad oggi sono state formate e registrate 29 famiglie (costituite da 1 gallo e 8-10 galline). Alcune galline manifestano spiccata attitudine alla cova e tale caratteristica è stata mantenuta nella formazione delle famiglie.

A supporto della selezione morfologica è stato avviato lo studio dei marcatori molecolari microsatelliti, allo scopo di individuare i soggetti geneticamente vicini a quelli derivati direttamente dal citato nucleo del Conservatorio delle razze avicole di Rovigo. Un primo studio, effettuato nel 2001 su 5 degli allevamenti più significativi, per un totale di 41 campioni di sangue, ha permesso di individuare le prime famiglie geneticamente vicine al gruppo del Conservatorio, a conferma della sopravvivenza di soggetti portatori delle caratteristiche genetiche della razza.



Più recentemente (Strillacci et al., 2009) l'analisi dei microsatelliti su soggetti provenienti da 10 aziende ha permesso di iniziare a valutare, oltre alla distanza da altri due tipi genetici diffusi in allevamento nella zona (Livorno bianca e Golden Comet), il grado di eterozigotità in funzione della possibile organizzazione di piani di accoppiamento.

ATTITUDINI PRODUTTIVE

La razza è utilizzata fondamentalmente per la produzione di carne, anche se una parte non trascurabile delle uova deposte viene destinato al consumo diretto a livello familiare (Gualtieri, 2002). I soggetti da carne, macellati di norma non prima dei 4 mesi di età presentano caratteristiche qualitative apprezzate dai consumatori e nettamente differenziate da quelle dei soggetti prodotti in allevamenti intensivi. Analisi chimiche della carne (Gualtieri, osservazioni personali) hanno mostrato valori di proteina più alti di oltre 1 punto percentuale rispetto ai polli provenienti da allevamento intensivo (dati di riferimento INRAN). In altre analisi il grasso è risultato caratterizzato da una migliore composizione acidica (rapporto polinsaturi/monoinsaturi) (Pignattelli, 2001).

La gallina può deporre 140-170 uova l'anno, raramente un numero maggiore in quanto conserva l'attitudine alla cova. Le uova, di peso elevato (60-68 g), presentano contenuti di proteina e glucidi e di grassi e colesterolo rispettivamente maggiori e minori rispetto alle uova convenzionali (Pignattelli, 2001).

INIZIATIVE PER LA VALORIZZAZIONE DELLA RAZZA

I primi passi sono stati individuati nella creazione del già citato presidio Slow Food e nella registrazione di un marchio volontario dell'Associazione Agricoltori Custodi (successivamente ceduto all'Associazione degli allevatori della Valdarnese bianca) il cui disciplinare di produzione riportava tra le norme più importanti le seguenti:

- origine certificata dei riproduttori (iscrizione nel Registro Anagrafico);
- area di produzione costituita esclusivamente dai territori compresi nei comuni del Valdarno superiore;

- tecniche di allevamento, compresa l'alimentazione, nel rispetto della tradizione locale;
- preferenza del ricorso alla medicina alternativa per la prevenzione e controllo delle malattie;
- età minima di macellazione;
- procedure di controllo del rispetto del disciplinare.

Sono in particolare le norme relative al sistema di allevamento e di alimentazione quelle ispirate al desiderio dei promotori dell'iniziativa di salvaguardare la peculiarità della produzione, nel rispetto delle caratteristiche biologiche e comportamentali di un pollo definito tipicamente come "ribelle alla clausura e soggetto a impennamento tardivo, da allevare libero per evitare episodi di cannibalismo", con la definizione di superfici minime per capo (10m²). D'altronde l'allevamento all'aperto, con importante utilizzazione del pascolo naturale, favorisce la pigmentazione della cute che ha reso famoso questo tipo di polli e la colorazione della cresta e dei bargigli. Inoltre si inserisce perfettamente, grazie anche all'utilizzazione di piccoli ricoveri rustici e quasi sempre costruiti con materiali naturali, se non addirittura nascosti da coperture di erica e perciò mimetizzati con la macchia circostante, nell'ambiente naturale. Con analogo spirito, nell'alimentazione, non solo è bandito il ricorso a mangimi derivati da prodotti OGM, ma è considerato estremamente importante per l'integrazione del pascolo l'impiego di granelle derivate da produzioni locali, sebbene riconsiderata in un'ottica di miglioramento e incremento delle produzioni che assicurino la necessaria validità economica.

Il lavoro svolto complessivamente svolto sulla Valdarnese bianca ha apportato un notevole contributo non solo al recupero di un'antica razza, ma anche alla sua valorizzazione come avvenuto per altre produzioni locali (fagiolo zolfino, ecc.), alla salvaguardia delle risorse genetiche autoctone e della biodiversità nonché al mantenimento delle tradizioni e delle culture locali relative alla cucina e alla gastronomia, senza trascurare il recupero e la valorizzazione delle aree marginali.

IL PROGETTO ANCONA

Origine

Si trattava senza dubbio di una razza a larghissima diffusione in Italia. Permangono molti dubbi sulla vera origine della razza che, pur essendo della stessa taglia della Livornese, se ne differenzia per numerosi caratteri, tra cui il temperamento più calmo e la presenza di tarsi di colore giallo variegato di nero-verdastro.

Prende il nome della città omonima non tanto perché originaria della sola provincia marchigiana, ma perché da questa parti intorno al 1848 alla volta dell'Inghilterra, dove fu sottoposta a selezione morfologica volta ad ottenere animali dal piumaggio macchiettato. L'America, dove questa razza fu oggetto di allevamento, ricevette i primi esemplari intorno al 1888.



La testa è mediamente lunga e il tronco è lungo e largo alle spalle. La cresta nello standard italiano è semplice, diritta, a cinque punte, ben sviluppata. Nel maschio è diritta con lobo posteriore molto sviluppato; nelle galline è leggermente piegata di lato senza ricoprire l'occhio. Presenta un becco forte e leggermente arcuato di colore giallo con striature nere

sulla parte superiore. Gli occhi, rosso arancio, sono grandi e sporgenti. Il colore degli orecchioni è bianco, tollerato se crema, a mandorla; bargigli rossi, mediamente grandi e allungati; faccia rossa e liscia. Collo mediamente lungo con abbondante mantellina. Le ali sono larghe e grandi, portate orizzontali e ben aderenti al corpo. Petto largo e un po' prominente. La coda è grande, con abbondante piumaggio, aperta e mediamente alta con un angolo di 45/50° nel gallo e di 40/45° nella gallina. Le zampe si presentano mediamente lunghe e ben evidenti; tarsi di media lunghezza, senza piume, quattro dita, gialli con picchiettatura scura da ardesia a nera.

Caratteristiche produttive

È una razza leggera a spiccata attitudine alla produzione di uova, a guscio bianco, del peso di 50-55 g. La produzione media annuale di uova è circa 180, ma può raggiungere punte di 250. Il peso del gallo è di 2,0-2,5 kg, della gallina di 1,8-2,2 kg.

La Sezione di Scienze Zootecniche del Dipartimento di Biologia Applicata della Facoltà di Agraria di Perugia ha conservato negli ultimi quaranta anni questa razza. Le sperimentazioni avviate dal Dipartimento e proseguite con diversi progetti hanno condotto, anche nella produzione della carne, all'ottenimento di un prodotto eccellente, risultato di un sistema d'allevamento estensivo a basso impatto ambientale che migliora il benessere e le caratteristiche qualitative delle produzioni.

Le sperimentazioni (Dal Bosco et al., 2011) hanno mostrato che la razza, accanto agli elementi molto positivi (adattamento, spiccata rusticità, attitudine esplorativa che gli permette di ingerire consistenti quantità d'erba, insetti e lombrichi), presenta accrescimenti troppo limitati e deve quindi essere appesantita con razze più pesanti. È comunque importante conservare l'attitudine pascolativa degli animali perché il razzolamento determina un'integrazione importante di sostanze bioattive (tocoferoli, caroteni, polifenoli e acidi grassi polinsaturi in special modo quelli della serie n-3).

CONCLUSIONI

La biodiversità avicola deve essere conservata per diverse ragioni che sono state brevemente esaminate nel lavoro e necessiterebbe di interventi pubblici. Indipendentemente da questo, è necessario attivare idonei percorsi di valorizzazione delle razze autoctone per permettere ai prodotti di arrivare direttamente alla tavola del consumatore; tale strada potrebbe rappresentare un'altra importante modalità di salvaguardia della diversità genetica.

RINGRAZIAMENTI

Si desidera ringraziare Enrico Zanetti, Cecilia Mugnai, Alessandro Dal Bosco e Martino Cassandro per i contributi forniti.

BIBLIOGRAFIA

- 1) Aleandri, M. e Zavagli, V. (1965). Caratteristiche tradizionali ed elementi di sviluppo della pollicoltura nel Valdarno. Atti del "Convegno per la valorizzazione dei prodotti tipici dell'agricoltura toscana", Accademia dei Georgofili, Firenze.
- 2) American Livestock Breeds Conservancy. (2009). Conservation Priority List Ed. Jennifer Kendall. <<http://albc-usa.org/cpl/wtchlist.html>>.

- 3) American Poultry Association. (1998). American Standard of Perfection. Mendon, MA: American Poultry Association, Inc.
- 4) Arduin, M. (2001). Il recupero delle razze autoctone. "L'Allevatore", 3.3.2001, 7.
- 5) Aviagen the World's Leading Poultry Breeding Company Erich Wesjohann Group, 2009. <<http://www.aviagen.com/>>.
- 6) Boggia, A., Paolotti, L., Castellini, C. (2010). Environmental impact evaluation of conventional, organic and organic-plus poultry production systems using life cycle assessment. *WPSJ* 66: 95-114.
- 7) Bokkers, EAM e Koene, P. (2003). Behaviour of fast- and slow-growing broiler to 12 weeks of age and the physical consequence. *Applied Animal Behaviour Science*, 20: 59-72.
- 8) Branciarri, R., Mugnai, C., Mammoli, R., Miraglia, D., Ranucci, D., Dal Bosco, A., Castellini, C. (2009). Effect of genotype and rearing system on chicken behavior and muscle fiber characteristics. *J Anim Sci.* 87: 4109-4117.
- 9) Castellini, C., Dal Bosco, A., Mugnai, C. e Bernardini, M. (2003). Performance and behaviour of chickens with different growing rate reared according to the organic system. *Italian Journal Animal Science*, 1: 291.
- 10) Castellini, C., Dal Bosco, A., Mugnai, C., Pedrazzoli, M. (2006). Comparison of two chicken genotypes organically reared: oxidative stability and other qualitative traits. *It J. Anim. Sci* 5: 29.
- 11) Chartrin, P., Berri, C., Lebihan-Duval, E., Quentin, M., Baéza, E. (2005). Lipid and fatty acid composition of fresh and cured-cooked breast meat of standard, certified and label chickens. *Archive fur Geflügelkunde*, 5.
- 12) Dal Bosco, A., Mugnai, C., Castellini, C. (2011). Performance and meat quality of pure Ancona and Cornish x Ancona chickens organically reared. *Arch Geflügelkunde*, 1: 7-12.
- 13) De Marchi, M., Cassandro, M., Lunardi, E., Baldan, G., Siegel, P.B. (2005). Carcass characteristics and qualitative meat traits of the Padovana breed of chicken. *Int. J of Poultry Sci.* 4: 233-238.
- 14) De Marchi, M., Cassandro, M., Targhetta, C., Baruchello, M., Notter, D.R. (2005a). Conservation of poultry genetic resource in the Veneto region of Italy. *Ani. Gen. Res. Inf.* 37: 63-74.
- 15) De Marchi, M., Dalvit, C., Targhetta, C., Cassandro, M. (2006). Assessing genetic diversity in the indigenous Veneto chicken breeds using AFLP markers. *Journal of Animal Genetics* 37:101-105.
- 16) Dransfield, E. e Sosnicki, A.A. (1999). Relationship between muscle growth and poultry meat quality. *Poultry Science*, 78: 743.
- 17) Francham, R., Ballou J.D., Briscoe, D.A. (2004). *A Primer of Conservation Genetics*, Cambridge University Press.
- 18) Gordon, S.H., Forbes, J.M., Walker, A.W. (2002). Management factors affecting the use of pasture by table chickens in extensive production systems. *Proceedings of the UK Organic Research Conference, Organic Centre Wales, Aberystwyth, 26-28 March*, 269.
- 19) Greger, M. (2006) *Bird Flu: A Virus of Our Own Hatching*. Herndon, VA: Lantern Books.
- 20) Gualtieri, M, Pignattelli, P., Cristalli, A. (2006). Pollo di razza Valdarnese bianca. In "Risorse genetiche animali autoctone della Toscana". Ed. ARSIA, Regione Toscana, p. 37-45
- 21) Gualtieri, M. (2002). Relazione finale sul progetto ARSIA "Riconoscimento, salvaguardia e valorizzazione del pollo del Valdarno".
- 22) <http://www.sasso.fr/sasso-actualites.php?produit=selection-avicole&lg=fr>
- 23) <http://www.worldpoultry.net/news/cobb-europe-acquires-kabir-breeds-3529.html>
- 24) Lewis, P.D., Perry, G.C, Farmer, L.J., Patterson, R.L.S. (1997). Responses of two genotypes of chicken to the diets and stocking densities typical of UK and label rouge production systems; Performance. Behaviour and carcass composition. *Meat Science*, 47: 501.

- 25) Meuwissen, T.H.E. e Woolliams, J.A. (1994). Theoretical and Applied Genetics, 89: 1019-1026.
- 26) Pignattelli, P. (2001). Il consumatore ha scelto la Valdarno bianca. "Avicoltura", 1, 12-18.
- 27) Sacchi, R. (1960). Il pollo Valdarno ha un avvenire. "Avicoltura", 11, 41-45.
- 28) Schütz, K.E. e Jensen, P. (2001). Effects of resource allocation on behavioural strategies: a comparison of red junglefowl (*gallus gallus*) and two domesticated breeds. Poultry Ethology, 107: 753.
- 29) Strillacci, M.G., Marelli, S.P., Cozzi, M.C., Colombo, E., Polli, M., Gualtieri, M., Cristalli, A., Pignattelli, P., Longeri, M., Guidobono Cavalchini, L. (2009). Italian autochthonous chicken breeds conservation: evaluation of biodiversity in Valdarnese bianca breed (*Gallus gallus domesticus*). Avian Biology Research, 2, 4:229-233.
- 30) United Nations Food and Agriculture Organization. FAO United Nations, (2009). <<http://www.fao.org/>>.
- 31) Zanetti, E., De Marchi, M., Dalvit, C., Cassandro, M. (2010). Genetic Characterization of Local Italian Breeds of Chickens Undergoing In-Situ Conservation. J Poultry Sci. 89: 420-427.
- 32) Zanetti, E., De Marchi, M., Dalvit, C., Molette, C., Remignon, H., Cassandro, M. (2010). Carcass characteristics and qualitative meat traits of three Italian local chicken breeds. Brit. Poultry Sci. 6: 629-634.
- 33) Zanon, A., Sabbioni, A. (2001). Identificazione e salvaguardia genetica delle razze avicole italiane. Ann. Fac. Med. Vet. di Parma. 21, 117-134.

INTERVENTI REGIONALI A FAVORE DELLE RAZZE AUTOCTONE ITALIANE MINACCIATE

(Regional measures for autochthonous endangered italian breeds)

F. PANELLA¹, F. ZERBINI¹, P. AJMONE MARSAN², R. BOZZI², C. CASTELLINI², E. CIANI², P. CREPALDI², R. DAVOLF², M. DE MARCHI², G. GANDINI², M. GUALTIERI², N. MACCIOTTA²,
D. MARLETTA³, D. MATASSINO³, P. ZAMBONELLI².

GRUPPO DI LAVORO ASPA SULLA BIODIVERSITÀ ANIMALE

¹ Reperimento ed elaborazione dati, stesura del testo

² Reperimento dati

³ Reperimento dati e revisione del testo

SUMMARY

The Italian regions support endangered breeds by 176 actions (42 actions in sheep, 39 in cattle, 30 in horses, 28 in coats, 14 in asses, 12 in avians, 10 in swins). The most active regions are Veneto (22 breeds avian enclose), Piedmont, Tuscany and Emilia Romagna (14 breeds), Sicily (12 breeds), Latium (11 breeds), Lombardy and Sardinia (10 breeds).

About cattle the Northern regions mostly support alpine or prealpine breeds by rural development programs (PSR); the amount per UBA is around 200 euros. Among central regions only Tuscany (5 breeds) and Latium (1 breed) finance these species (from 200 up to 400 euros/UBA). In the South only 2 breeds are funded (160 – 200 euros/UBA) but in the Islands 3 autochthonous populations are supported both in Sardinian and Sicily.

About sheep have to be noted that in Piedmont (7 breeds) and Liguria (3 breeds) the premium per UBA is 150 – 400 euros. In the Centre, the Tuscany supports very endangered breeds (up to 400 euros/UBA) and in the South Basilicata, Campania and Sicily fund (200 euros/UBA) 2 breeds each.

The goat supported (130 – 200 euros/UBA) are spread all along the Italy, Islands enclosed. The horses and asses are mainly supported in the Centre and in the South; the amount (PSR) is between 130 and 400 euros/UBA.

The same situation is in the swine; as a matter of fact the most part of the black rural breeds are supported in the South, Islands enclosed.

The avians are safeguarded only in Veneto, that is traditionally involved on this topic, and in Tuscany that is concerned with an autochthonous breed.

About the risk level, according both to the FAO and EAAP categories, the species where the most endangered breeds are mainly supported are cattle and sheep; on the contrary, in swine and donkey many financed breeds are not at risk.

PREMESSA

L'indagine di seguito riportata vuole fare il punto della situazione sull'impegno delle diverse amministrazioni regionali italiane a favore di tipi genetici autoctoni, che fanno riferimento essenzialmente alla normativa riportata nel "Council Regulation" 1257/99 nel "Commission Regulation 817/2004", relative al supporto dello sviluppo rurale. Il rilevante numero di razze e la limitatezza delle risorse disponibili hanno, come si vedrà nel prosieguo, indotto a scelte che potrebbero anche non essere condivise, ma che sono comunque dettate da necessità contingenti.

INTERVENTI REGIONALI

I risultati della ricerca vengono qui commentati, per semplicità espositiva, suddivisi per zone ritenute omogenee (nord, centro, sud) in particolare:

Nord: Valle D'Aosta, Piemonte, Lombardia, Trentino Alto Adige, Friuli Venezia Giulia, Veneto, Liguria, Emilia Romagna.

Centro: Toscana, Marche, Umbria, Lazio.

Sud: Abruzzo, Molise, Campania, Puglia, Basilicata, Calabria, Sardegna, Sicilia.

Come si può osservare dalla tabella 1 il numero totale di interventi a sostegno sono 176, le specie oggetto di maggiore attenzione sono quelle ovina (42) e bovina (39 interventi), seguono gli equini (30), i caprini (28), gli asinini (14), le specie avicole (12) ed infine i suini (10).

Le specie che annoverano razze, o popolazioni, "tutelate" nel maggior numero di regioni sono gli ovini (16) e gli equini (15), quindi i bovini (13), i caprini (12), i suini e gli asinini (9) ed infine gli avicoli, la cui salvaguardia è essenzialmente affidata al Veneto ed alla Toscana. La regione in cui gli interventi a sostegno della biodiversità riguardano il maggior numero di tipi genetici è il Veneto, con 22 razze/popolazioni finanziate, di cui ben 11 avicole. Notevole impegno viene inoltre profuso dal Piemonte, dalla Toscana e dall'Emilia Romagna (14), dalla Sicilia (12), dal Lazio (11), dalla Lombardia e dalla Sardegna (10). Tale situazione induce a rilevare che non si riscontrano differenze sostanziali tra il nord, il centro ed il sud, anche se alcune regioni denunciano scarso interesse al recupero, o al mantenimento, di tipi genetici autoctoni; in particolare si sottolineano la situazione dell'Abruzzo, che non ha attivato nessuna misura a favore delle razze minacciate e del Molise, che "finanzia" solo due razze (1 equina e 1 caprina).

In termini generali, si osserva come vi sia una notevole associazione tra ricchezza di biodiversità e connotazione ambientale (orografica, pedoclimatica) del territorio. La presenza di confini naturali, che spesso delimitano determinati ambienti, hanno infatti favorito, per isolamento geografico, la formazione di tipi genetici assai particolari; al contrario in zone caratterizzate da una notevole uniformità ambientale la variabilità genetica, e quindi morfofunzionale, risulta più limitata.

Questi territori, inoltre, decisamente più vocati per tecniche produttive intensive ad alto reddito, sono quelli in cui le razze originarie più hanno risentito della concorrenza di tipi genetici specializzati, andando spesso incontro alla definitiva scomparsa. Per facilità di consultazione si puntualizza che nelle tabelle relative agli interventi regionali (tabelle 2-19), oltre alla specie ed alla razza, viene indicato il tipo di libro (TL), che può essere o Libro Genealogico (LG) o Registro Anagrafico (RA), il tipo di intervento (PSRF: misura PSR già finanziata; PSRA: misura PSR attivata, ma ancora non finanziata), il premio (€/UBA) e la consistenza (N).

Bovini

Passando in rassegna le regioni Settentrionali si osserva che gran parte delle razze oggetto di tutela sono dislocate nelle valli prealpine ed alpine. In tutti i casi le risorse finanziarie destinate alla tutela vengono reperite nei PSR regionali con misure già finanziate (PSRF). Poco più della metà delle razze bovine (Valdostana Pezzata Nera e Castana, Padana, Rendena, G. Alpina, Bruna, Reggiana, Romagnola) dispongono di LG, mentre altre (Pustertaler Sprinzen, Pezzata Rossa d'Oropa, Varzese, Cabannina, Pinzgauer, Burlina) sono iscritte ad un R.A.

Sempre relativamente ai bovini, in alcuni casi si tratta di razze decisamente topopolite come la Valdostana Castana, che viene allevata solo in Valle D'Aosta, la Pezzata Rossa d'Oropa, presente solo in Piemonte, la Pinzgauer solo in Friuli, la Burlina e la Bruna da carne in Veneto, la Reggiana e la Romagnola in Emilia Romagna. Altre si propagano in un territorio

transregionale e beneficiano dell'intervento di più PSR, tra queste la Valdostana Pezzata Nera (Valle D'Aosta, Piemonte), la Pustertaler Sprinzen (Piemonte, Friuli Venezia Giulia), la Bianca Val Padana (Lombardia, Emilia Romagna), la Varzese-Ottonese-Tortonese (Piemonte, Lombardia, Liguria, Emilia Romagna). Nella maggior parte dei casi sono premiate tutte le categorie, altre volte, invece, vengono finanziati i riproduttori (tori e vacche) e le rimonte (torelli e manze), altre volte ancora solo i riproduttori.

La Valle D'Aosta è l'unica regione che non finanzia singoli animali, ma "nuclei di allevamento". L'entità del finanziamento è, per gran parte delle razze, di 200 euro/UBA, solo in un caso questa cifra viene superata (Grigio Alpina in Friuli Venezia Giulia: 240 euro/UBA); altre volte l'importo è minore (Rendena e Bruna-carne in Veneto 180 euro/UBA, Cabannina in Liguria, tutti i bovini in Emilia Romagna 150 euro/UBA).

Facendo riferimento alle regioni centrali, si osserva come la specie bovina non sia compresa nell'azione di salvaguardia di Marche ed Umbria, mentre la Toscana tutela ben 5 tipi genetici: Mucca Pisana, Calvana, Pontremolese, Garfagnina e Maremmana; quest'ultima, come ovvio, è oggetto di intervento anche nella regione Lazio ed è l'unica a disporre di LG. Anche in questa regione il finanziamento viene effettuato con fondi PSRF ed è di 200 euro/UBA, tranne che per la Pontremolese e la Garfagnina che vengono "premiati" con 400 euro /UBA.

Tra le regioni meridionali solo Campania (Agerolese) e Calabria (Podolica) finanziano popolazioni bovine con 180-200 euro/UBA rispettivamente. Maggiore è l'attenzione per queste specie nelle isole in cui vengono "premiati" i riproduttori iscritti al RA della razza Sarda (200 euro/UBA), Sardo-Modicana (200 euro/UBA) e Sardo-Bruna (160 euro/UBA). In Sicilia vengono finanziati, sempre attraverso il PSR, i riproduttori iscritti al LG di razza Modicana e quelli iscritti ai RA di razza Cinisara e Siciliana.

Ovini

Relativamente agli ovini va innanzitutto osservato che, fatta eccezione per Appenninica, Delle Langhe e Laticauda, che dispongono di un LG, tutti gli altri tipi genetici hanno un RA. Esaminando la situazione delle regioni settentrionali va doverosamente posto in risalto il consistente numero di tipi genetici tutelati che si registra in Piemonte (7) e, se si fa riferimento all'estensione territoriale, anche in Liguria (3). Gli unici tipi genetici che vengono aiutati in più di una regione sono la Pecora Delle Langhe (Piemonte e Liguria), l'Alpagota (Friuli Venezia Giulia e Veneto) e l'Appenninica (Emilia Romagna, Marche ed Umbria). Come nella specie bovina, anche per gli ovini gli interventi di salvaguardia gravano sui fondi dei PSR, riguardano i riproduttori e sono, in genere, di 200 euro/UBA, fanno eccezione la Liguria (370 euro/UBA), il Friuli Venezia Giulia (400 euro/UBA) e l'Emilia Romagna (150 euro/UBA).

Tra le regioni centrali spicca, come per i bovini, la Toscana in cui vengono tutelate 4 razze/popolazioni (Appenninica, Garfagnina Bianca, Romagnola e Zerasca) e le Marche con 3 razze (Appenninica, Fabrianese e Sopravissana). La Sopravissana viene tutelata in 3 diverse regioni (Lazio, Marche ed Umbria). Il premio è di 200 euro/UBA, fatta eccezione per la Garfagnina Bianca e la Pomaracina (400 euro/UBA).

Nelle regioni meridionali vi sono interventi a favore di 7 tipi genetici ovini: 2 in Campania (Bagnolese e Laticauda), 3 in Puglia (Altamurana, Gentile di Puglia e Leccese), 2 in Basilicata (Gentile di Puglia e Leccese) e 2 in Sicilia (Barbaresca e Noticiana); il premio/UBA varia da 125 euro a 200 euro (Sicilia).

Caprini

Gli interventi di salvaguardia nella specie caprina risultano più saltuari; in particolare nelle regioni settentrionali si osserva un certo interesse solo in Valle D'Aosta (1 popolazione), in Piemonte (3 popolazioni), in Lombardia (5 popolazioni) e in Trentino Alto Adige (2 po-

polazioni); talora vengono finanziati dei nuclei di allevamento, altre volte sole capre o tutti i riproduttori. Tranne che nel Trentino Alto Adige (370 euro/UBA) l'ammontare del premio è di 200 euro/UBA.

Nelle regioni centrali spicca, per singolarità, l'Umbria, in cui viene finanziata la Capra Girgentana, decisamente non autoctona con 130 euro/UBA; unica altra regione il cui PSR prevede finanziamenti per questa specie è il Lazio (Bianca Monticellana, Cilentana Grigia e Ca-pestrina; 200 euro/UBA).

Maggiore interesse si riscontra al sud in cui tutte le regioni finanziano capre autoctone quali: la Grigia Molisana, la Cilentana, la Garganica, la Jonica, la Nicastrese, la Calabrese, le 2 sarde (Sarda e Sarda primitiva), la Girgentana, l'Argentata dell'Etna; il premio è in genere di 200 euro anche se il PSR della Campania prevede 130 euro.

Equini

Per quanto riguarda gli equini si rilevano delle azioni finanziate nei PSR di molte regioni.

In particolare in quelle settentrionali le razze più considerate sono il Cavallo Agricolo Italiano da Tiro Pesante Rapido ed il Norico (Trentino Alto Adige, Friuli Venezia Giulia, Veneto ed Emilia Romagna), mentre un interesse più contenuto, in relazione alla più limitata area di diffusione, si osserva per il Bardigiano (Liguria ed Emilia Romagna), per il Cavallo del Ventasso e Del Delta (Emilia Romagna) e per il Maremmano che viene tutelato in una regione, quale il Veneto, piuttosto lontana dalla sua zona di origine.

Tutte queste razze hanno LG, fatta eccezione per i cavalli Del Ventasso e Del Delta. L'ammontare del finanziamento in Emilia Romagna è di 150 euro, mentre in tutte le altre regioni è di 200 euro/UBA.

Nel Centro alcune regioni, come la Toscana (Cavallo di Monterufoli e Maremmano), il Lazio (Maremmano, Romano, Tolfetano,) e le Marche (Cavallo del Catria) finanziano razze o popolazioni autoctone, altre volte vengono finanziate razze originarie di regioni piuttosto lontane (Murgese in Umbria). Il Cavallino di Monterufoli, il Cavallo del Catria e il Tolfetano sono provvisti di RA. L'entità del premio varia da 400 euro/UBA in Toscana per il Cavallino di Monterufoli, a 130 euro/UBA in Umbria e nelle Marche.

Ben orientate alla salvaguardia di cavalli sicuramente autoctoni appaiono le azioni delle regioni meridionali; si citano a tal proposito il Pentro (Molise), il Napoletano ed il Persano (Campania), il Murgese (Basilicata e Puglia), il Cavallino della Giara e il Cavallo del Sarcidano (Sardegna) nonché il Sanfratellano (Sicilia); in Sicilia si riscontra l'unico caso di tutela di un tipo genetico esotico, anche se storicamente presente nella regione (Purosangue Orientale). L'entità del premio è sempre di 200 euro/UBA.

Asinini

I tipi genetici asinine, tutti con RA, vengono tutelati in due sole regioni settentrionali: L'Emilia Romagna (Asino Romagnolo: 150 euro/UBA) e la Liguria che ha fissato un premio di 200 euro/UBA per l'Asino dell'Amiata; quest'ultimo tipo genetico viene finanziato anche in alcune regioni del Centro quali: la Toscana (200 euro/UBA) ed il Lazio (200 euro/UBA) che eroga lo stesso finanziamento anche all'Asino di Martina Franca. Sempre nel Centro, va osservato quanto deciso dall'Umbria che finanzia (130 euro/UBA) l'Asino di Martina Franca e il Sardo, popolazioni che, pur non autoctone, sono storicamente presenti nel territorio regionale. Come per gli equini, anche per gli asinini, si osservano nelle regioni meridionali interventi a favore di tipi genetici autoctoni che hanno lunghe e radicate tradizioni in quei contesti sociali ed ambientali; si notano infatti: l'Asino di Martina Franca (Puglia e Basilicata), l'Asino Sardo e dell'Asinara (Sardegna), il Ragusano ed il Pantesco (Sicilia).

Suini

Gli interventi a favore di popolazioni suine nelle regioni del Nord sono limitati all'Emilia Romagna che finanzia (150 euro/UBA) i riproduttori di Mora Romagnola (RA) e di Nero di Parma (ibrido). Nel centro l'unica razza autoctona che viene tutelata è la Cinta Senese (Toscana-200 euro/UBA e Umbria-130 euro/UBA), il PSR del Lazio prevede, inoltre, 200 euro/UBA per i riproduttori dell'Apulo Calabrese che, per disposizione ANAS (Associazione Nazionale Allevatori Suini), risulta "ceppo dominante" comprendente il Maiale Nero dei Monti Lepini ed il Maiale Nero dei Reatini, che sono chiaramente autoctoni della regione. Anche per questa specie si osserva nelle regioni meridionali un notevole interesse per tipi genetici decisamente autoctoni; è questo il caso del Nero della Basilicata (non finanziato) e della Casertana che prevede, per le scrofe, 80 euro/UBA in una misura ancora non finanziata; vanno, inoltre, segnalati: Apulo-Calabrese (varietà Calabrese), il Suino Sardo ed il Suino Nero Siciliano tutelati con un premio pari a 200 euro/UBA.

Avicoli

Come già in precedenza riferito, molto particolare risulta la situazione degli avicoli; oltre che in Toscana (la Valdarnese Bianca), vengono infatti considerati con particolare interesse nel Veneto, che tutela 5 *Gallus gallus domesticus*, 1 *Numidia meleagris*, 1 *Anas platyrhynchos* e 2 *Meleagris gallopavo*. Va a questo proposito ricordato che questa regione vanta un impegno storico, anche a livello istituzionale, nelle azioni di salvaguardia delle specie avicole.

CRITICITÀ

Nella tabelle che seguono vengono riportati, per tutte le specie ad eccezione degli avicoli, il numero di riproduttori maschi (M) e femmine (F), il numero effettivo (Wright, 1931) in condizioni di selezione massale (Santiago e Caballero, 1997), incremento atteso della consanguineità (ΔF) per anno (Bisma et al. 2000) seguono lo stato di rischio secondo FAO "RFAO" (Lotus et al. 1993) e secondo EAAP "REAAP" (Simon et al., 1993), di cui vengono riportate le rispettive categorie:

FAO:

- 1) CRITICAL
- 2) ENDANGERED
- 3) NOT AT RISK

EAAP:

- 1) CRITICALLY ENDANGERED
- 2) ENDANGERED
- 3) MINIMALLY ENDANGERED
- 4) POTENTIALLY ENDANGERED
- 5) NOT ENDANGERED

In particolare, nei bovini (tabella 21) si osserva che 15 delle razze/popolazioni oggetto di intervento regionale, pur di limitata consistenza, vengono ritenute, sia per la FAO che per l'EAAP, non a rischio; 5 (Bianca V. P., Burlina, Varzese-Ottone-Tortonese, Pinzgauer, Valdostana P. N.) vengono considerate minacciate per la FAO e, seppure a diversi livelli di criticità, anche per EAAP, altre 5 (Agerolese, Cabannina, Garfagnina, Mucca Pisana, Pontremolese) sono in situazione fortemente critica. Non si hanno dati per due tipi genetici (Bruna Alpina da carne e Siciliana).

Relativamente agli ovini (tabella 22) non è stato possibile ottenere informazioni su 5 popolazioni (Brianzola, Fiammese Tingola, Noticiana, Plezzana, Zerasca.); 18 tipi genetici non sono a rischio, né secondo la FAO né secondo EAAP, mentre 9 risultano potenzialmente minacciati (Altamura, Cornella Bianca, Corteno, Vicentina) o minacciati (Garessina, Garfagnina, Lamon, Saltasassi, Savoiarda).

Nei caprini (tabella 23) non si dispone della consistenza relativa a Sempione e Livo. Per quanto concerne gli altri tipi genetici, 15 non vengono classificati a rischio, 6 minacciati e solo 2 (Grigia Molisana e Jonica) fortemente minacciati.

Per quanto concerne gli equini (tabella 24) non si dispone di dati relativi al Cavallo Bardigiano; 8 razze/popolazioni non sono “a rischio”, 6 risultano minacciate e 3 versano in una situazione demograficamente critica (Cavallo del Delta, Napoletano, Sarcidano).

Tutte i tipi genetici asinini (tabella 25) non sono a rischio tranne l’Asino Romagnolo, che risulta minacciato sia secondo FAO che EAAP.

Relativamente ai suini (tabella 26) non è stato possibile reperire informazioni sul Nero di Parma, le altre popolazioni non sono a rischio secondo FAO, mentre, se si considerano le categorie EAAP, solo l’Apulo Calabrese e la Cinta Senese non risultano a rischio.

Nella tabella 27 si riportano, separatamente nelle diverse specie, la percentuale di razze/popolazioni oggetto di interventi regionali in relazione a quelle presenti negli archivi DAD-IS per le diverse categorie di rischio FAO (Bittante, 2011).

Sorprende il trend negativo della percentuale dei tipi genetici tutelati in relazione alla gravità della condizione di rischio. Solo il 13,3% delle razze “critiche” è, infatti, finanziata contro il 30,2% delle razze minacciate ed il 72,0 % di quelle non a rischio. Anche più strano potrebbero sembrare i valori percentuali superiori a 100; va però ricordato che i criteri adottati nella scelta dei tipi genetici da finanziare non fanno riferimento ai parametri FAO o EAAP, ma alla normativa europea che risulta meno restrittiva, prevedendo i seguenti limiti di numerosità: Bovini: 10.000, Ovicaprini: 10.000, Equidi: 5000, Suini: 15.000, Avicoli: 25.000.

CONCLUSIONI

La situazione italiana, in relazione all’impegno concreto rivolto alla salvaguardia delle risorse genetiche animali, risulta piuttosto variegata. Al di là di interventi che alcune regioni hanno deciso per tipi genetici originari di aree geografiche piuttosto lontane, si può asserire che, nella maggior parte dei casi, le risorse finanziarie sono state rivolte, anche con entità diverse a seconda delle differenti situazioni demografiche, a razze/popolazioni sicuramente originarie e di consolidata tradizione allevatoriale.

Vale a conclusione di questa diesamina porsi un quesito sulla efficacia che potranno avere, a lungo termine, i soli interventi per il mantenimento dei riproduttori o se invece sarà opportuno rivolgere l’attenzione anche alla possibilità di predisporre convenienti azioni a sostegno delle produzioni tipiche in funzione di un, pur parziale, autosostentamento. A questo proposito opportuna risulta l’uso della terminologia PLTE (*Prodotto Locale Tipizzato Etichettato*), dal momento che, come riferito da Matassino (2007) nei Paesi mediterranei, dove esistono realtà bioterritoriali con specifici e consolidati fattori legati alla tradizione ‘*locale*’ - sia nella fase della produzione agricola che in quella della trasformazione e del consumo - la qualità è legata soprattutto alla vocazionalità del *bioterritorio* e alla tradizionalità del processo produttivo.

Tabella 1: Numero di interventi di salvaguardia nelle diverse regioni italiane

REGIONE	SPECIE							TOTALE
	BOVINI	OVINI	CAPRINI	SUINI	EQUINI	ASININI	AVICOLI	
V. D'AOSTA	2	1	1	-	-	-	-	4
PIEMONTE	4	7	3	-	-	-	-	14
LOMBARDIA	3	2	5	-	-	-	-	10
TRENTINO	2	1	2	-	2	-	-	7
FRIULI V.G.	4	3	-	-	2	-	-	9
VENETO	4	4	-	-	3	-	11	22
LIGURIA	3	3	-	-	1	1	-	8
EMILIA-R.	4	3	-	2	4	1	-	14
NORD	26	24	11	2	12	2	11	88
TOSCANA	5	4	-	1	2	1	1	14
UMBRIA	-	1	1	1	3	2	-	8
MARCHE	-	3	-	-	1	-	-	4
LAZIO	1	1	3	1	3	2	-	11
CENTRO	6	9	4	3	8	5	1	36
ABRUZZO	-	-	-	-	-	-	-	-
MOLISE	-	-	1	-	1	-	-	2
CAMPANIA	-	2	3	1	2	-	-	8
PUGLIA	-	-	3	1	1	2	-	7
BASILICATA	-	2	2	1	1	1	-	7
CALABRIA	1	3	1	-	-	-	-	5
SUD	1	4	9	3	5	3		25
SARDEGNA	3	-	2	1	2	2	-	10
SICILIA	3	2	2	1	2	2	-	12
ISOLE	6	2	4	2	4	4		22
TOTALE	39	42	29	10	30	14	12	176

Tabella 2: Azioni di salvaguardia nella regione VALLE D'AOSTA

SPECIE	RAZZA	TL	TI	CATEGORIA	PREMIO (€/UBA)	N
BOVINI	Valdostana Castana	LG	PSRF	NUCLEO	200.00	11093
BOVINI	Valdostana Pezzata Nera	LG	PSRF	NUCLEO *	200.00	1026
OVINI	Rosset	RA	PSRF	NUCLEO	200.00	1842
CAPRINI	Valdostana	RA	PSRF	NUCLEO	200.00	1843

* vengono finanziati dei nuclei di allevamento in funzione della loro numerosità

Tabella 3: Azioni di salvaguardia nella regione PIEMONTE

SPECIE	RAZZA	TL	TI	CATEGORIA	PREMIO (€/UBA)	N
BOVINI	Bara' Pustertaler	RA	PSRF	TUTTE	200,00	4923
BOVINI	Varzese-Ottonese-Tortonese	RA	PSRF	RIP.+RIM.	200,00	156
BOVINI	Pezzata rossa d'Oropa	RA	PSRF	TUTTE	200,00	5749
BOVINI	Valdostana Pezzata Nera	LG	PSRF	TUTTE	200,00	1026
OVINI	Delle Langhe	LG	PSRF	TUTTE	200,00	3108
OVINI	Frabosana	RA	PSRF	TUTTE	200,00	5176
OVINI	Garessina	RA	PSRF	TUTTE.	200,00	115
OVINI	Saltassassi	RA	PSRF	TUTTE	200,00	48
OVINI	Sambucana	RA	PSRF	TUTTE	200,00	3450
OVINI	Savoiarda	RA	PSRF	TUTTE	200,00	88
OVINI	Tacola	RA	PSRF	TUTTE	200,00	6794
CAPRINI	Roccoverano	RA	PSRF	RIP-	200,00	2861
CAPRINI	Sempione	RA	PSRF	RIP.	200,00	32
CAPRINI	Vallesana	RA	PSRF	RIP.+RIM.	200,00	284

Tabella 4: Azionio di salvaguardia nella regione LOMBARDIA

SPECIE	RAZZA	TL	TI	CATEGORIA	PREMIO (€/UBA)	N
BOVINI	Bianca Val Padana	LG	PSRF	RIP-RIM	200,00	897
BOVINI	Cabannina	RA	PSRF	RIP-RIM	200,00	272
BOVINI	Varzese-Ottonese-Tortonese	RA	PSRF	RIP-RIM	200,00	156
OVINI	Brianzola	RA	PSRF	PECORE	200,00	-
OVINI	Corteno	RA	PSRF	PECORE	200,00	305
CAPRINI	Bionda Dell'Adamello	RA	PSRF	CAPRE	200,00	3053
CAPRINI	Frisa	RA	PSRF	CAPRE	200,00	984
CAPRINI	Livo	RA	PSRF	CAPRE	200,00	-
CAPRINI	Orobica	RA	PSRF	CAPRE	200,00	1615
CAPRINI	Verzaschese	RA	PSRF	CAPRE	200,00	2189

Tabella 5: Azioni di salvaguardia nella regione TRENTO ALTO ADIGE

SPECIE	RAZZA	TL	TI	CATEGORIA	PREMIO (€/UBA)	N
BOVINI	Grigio Alpina	LG	PSRF	TUTTE	200,00- *	17524
BOVINI	Rendena	LG	PSRF	TUTTE	200,00 *	7500
OVINI	Fiemmesingola	RA	PSRF	TUTTE	370,00 *	-
CAPRINI	Bionda dell'Adamello	RA	PSRF	TUTTE	370,00 *	3053
CAPRINI	Pezzata Mochena	RA	PSRF	TUTTE	370,00 *	206
EQUINI	CAITPR	LG	PSRF	TUTTE	200,00 *	6304
EQUINI	Norico	LG	PSRF	TUTTE	200,00 *	1719

* da 1 a 2,5 UBA/Ha

Tabella 6: Azioni di salvaguardia nella regione FRIULI VENEZIA GIULIA

SPECIE	RAZZA	TL	TI	CATEGORIA	PREMIO (€/UBA)	N
BOVINI	Pustertaler Sprinzen	RA	PSRF	TUTTE	240,00	4923
BOVINI	Grigio Alpina	LG	PSRF	TUTTE	240,00	17524
BOVINI	Pinzgauer	RA	PSRF	TUTTE	240,00	2045
OVINI	Alpagota	RA	PSRF	TUTTE	400,00	3733
OVINI	Istrian o Carsolina	RA	PSRF	TUTTE	400,00	1287
OVINI	Plezzana	RA	PSRF	TUTTE	400,00	-
EQUINI	CAITPR	LG	PSRF	TUTTE	200,00	6304
EQUINI	Norico	LG	PSRF	TUTTE	200,00	1719

Tabella 7: Azioni di salvaguardia nella regione VENETO

SPECIE	RAZZA	TL	TI	CATEGORIA	PREMIO (€/UBA)	N
BOVINI	Bruna linea carne	LG	PSRF	TUTTE	180,00- +	-
BOVINI	Burlina	RA	PSRF	TUTTE	200,00 +	670
BOVINI	Rendena	RA	PSRF	TUTTE	180,00 +	7500
OVINI	Alpagota	RA	PSRF	TUTTE	200,00 *	3733
OVINI	Brogna	RA	PSRF	TUTTE	200,00 *	1721
OVINI	Lamon	RA	PSRF	TUTTE	200,00 *	354
OVINI	Vicentina o Foza	RA	PSRF	TUTTE	200,00 *	146
EQUINI	CAITPR	LG	PSRF	TUTTE	200,00	6304
EQUINI	Cavallo Maremmano	LG	PSRF	TUTTE	200,00	3254
EQUINI	Norico	LG	PSRF	TUTTE	200,00	1719
AVICOLI	Anatra Germanata Veneta	-	PSRF	NUCLEO	200,00	
AVICOLI	Ermellinata di Rovigo	-	PSRF	NUCLEO	200,00	
AVICOLI	Faraona Camosciata	-	PSRF	NUCLEO	200,00	
AVICOLI	Padovana	-	PSRF	NUCLEO	200,00	
AVICOLI	Polverara	-	PSRF	NUCLEO	200,00	
AVICOLI	Robusta Lionata	-	PSRF	NUCLEO*	200,00	
AVICOLI	Robusta Maculata	-	PSRF	NUCLEO	200,00	
AVICOLI	Tacchino Comune Bronzato	-	PSRF	NUCLEO	200,00	
AVICOLI	Tacchino Ermellinato di Rovigo	-	PSRF	NUCLEO	200,00	

+ minimo 5 UBA

* minimo 2 UBA

** minimo 2 UBA

*** nucleo minimo 50 maschi e 10 femmine; impegno minimo quinquennale

Tabella 8: Azioni di salvaguardia nella regione LIGURIA

SPECIE	RAZZA	TL	TI	CATEGORIA	PREMIO (€/UBA)	N
BOVINI	Cabannina	RA	PSRF	RIP.	150,00	272
BOVINI	Cabannina	RA	PSRF	RIP.	200,00 +	272
BOVINI	Ottonese-Varzese-Tortonese	RA	PSRF	RIP.	200,00	156
OVINI	Brigasca	RA	PSRF	RIP.	200,00	3101
OVINI	Delle Langhe	LG	PSRF	RIP.	200,00	3108
OVINI	Marrana	RA	PSRF	RIP.	290,00	-
EQUINI	Bardigiano	LG	PSRF	RIP.	200,00	-
ASININI	Amiata	RA	PSRF	RIP.	200,00	269

+: in stalle con allevamenti in purezza e documentata prod. di latte

Tabella 9: Azioni di salvaguardia nella regione EMILIA ROMAGNA

SPECIE	RAZZA	TL	TI	CATEGORIA	PREMIO (€/UBA)	N
BOVINI	Bianca Val Padana	RA	PSRF	RIP+RIM	150,00	897
BOVINI	Varzese-Ottonese-Tortonese	RA	PSRF	RIP+RIM	150,00	156
BOVINI	Reggiana	LG	PSRF	RIP+RIM	150,00	2046
BOVINI	Romagnola	LG	PSRF	RIP+RIM	150,00	15416
OVINI	Appenninica	LG	PSRF	RIP	150,00	7984
OVINI	Cornella Bianca	RA	PSRF	RIP	150,00	418
OVINI	Cornigliese	RA	PSRF	RIP	150,00	962
SUINI	Mora Romagnola	RA	PSRF	RIP	150,00	885
SUINI	Nero di Parma	R IBRIDI	PSRF	RIP	150,00	-
EQUINI	Bardigiano	LG	PSRF	RIP	150,00	-
EQUINI	CAITPR	RA	PSRF	RIP	150,00	6304
EQUINI	Cavallo del Delta	RA	PSRF	RIP	150,00	20
EQUINI	Cavallo del Ventasso	RA	PSRF	RIP	150,00	56
ASININI	Asino Romagnolo	RA	PSRF	RIP	150,00	82

Tabella 10: Azioni di salvaguardia nella regione TOSCANA

SPECIE	RAZZA	TL	TI	CATEGORIA	PREMIO (€/UBA)	N
BOVINI	Calvana	RA	PSRF	RIP.	200,00	446
BOVINI	Garfagnina	RA	PSRF	RIP.	400,00	151
BOVINI	Maremmana	LG	PSRF	RIP.	200,00	9212
BOVINI	Pontremolese	RA	PSRF	RIP.	400,00	25
OVINI	Appenninica (*)	LG	PSRF	RIP.	200,00	7984
OVINI	Garfagnina Bianca	RA	PSRF	RIP.	400,00	249
OVINI	Pomarancina	RA	PSRF	RIP.	400,00	1061
OVINI	Zerasca	RA	PSRF	RIP.	200,00	1
SUINI	Cinta Senese	RA	PSRF	RIP.	200,00	2296
EQUINI	Cavallo Maremmano	LG	PSRF	RIP.	200,00	3911
EQUINI	Cavallino di Monterufoli	RA	PSRF	RIP.	400,00	47
ASININI	Asino dell'Amiata	RA	PSRF	RIP.	200,00	269
AVICOLE	Valdarnese Bianca(**)	RA	PSRA	RIP.		

(*) dal 2010

(**) a partire dal 2011

Tabella 11: Azioni di salvaguardia nella regione UMBRIA

SPECIE	RAZZA	TL	TI	CATEGORIA	PREMIO (€/UBA)	N
OVINI	Appenninica	LG	PSRF	RIP.	130,00*	7984
OVINI	Sopravissana	RA	PSRF	RIP.	130,00	5613
CAPRINI	Girgentana	RA	PSRF	RIP.	130,00	906
SUINI	Cinta Senese	RA	PSRF	RIP.	120,00	2296
EQUINI	CAI TPR	LG	PSRF	RIP.	130,00	6304
EQUINI	Cavallo Maremmano	LG	PSRF	RIP.	130,00	3911
EQUINI	Murgese	LG	PSRF	RIP.	130,00	3807
ASININI	Asino di Martina Franca	RA	PSRF	RIP.	130,00	297
ASININI	Asino Sardo	RA	PSRF	RIP.	130,00	256

dal 2011

Tabella 12: Azioni di salvaguardia nella regione MARCHE

SPECIE	RAZZA	TL	TI	CATEGORIA	PREMIO (€/UBA)	N
OVINI	Appenninica	LG	PSRF	RIP.	200,00	7984
OVINI	Fabrianese	LG	PSRF	RIP.	200,00	3485
OVINI	Sopravissana	RA	PSRF	RIP.	200,00	5613
EQUINI	Cavallo Del Catria	RA	PSRF	RIP.	130,00	233

Tabella 13: Azioni di salvaguardia nella regione LAZIO

SPECIE	RAZZA	TL	TI	CATEGORIA	PREMIO (€/UBA)	N
BOVINI	Maremmana	LG	PSRF	RIP.	200,00	9212
OVINI	Sopravissana	RA	PSRF	RIP.	200,00	5613
CAPRINI	Bianca Monticell.	RA	PSRF	RIP.	200,00	1141
CAPRINI	Capestrina	RA	PSRF	RIP.	200,00	452
CAPRINI	Grigia Ciociara	RA	PSRF	RIP.	200,00	229
SUINI	Apulo-Calabrese	LG	PSRF	RIP.	200,00	3388
EQUINI	Cavallo Maremmano	LG	PSRF	RIP.	200,00	3911
EQUINI	Cav. Romano della Maremma Laziale				200,00	
EQUINI	Cavallo Tolfetano	RA	PSRF	RIP.	200,00	110
ASININI	Asino dell' Amiata	RA	PSRF	RIP.	200,00	269
ASININI	Asino di Martina Franca	RA	PSRF	RIP.	200,00	297

N.B. I cavalli di razza CAITPR e Pony d' Esperia allevati in provincia di Roma sono registrati rispettivamente dall'APA di Rieti e di Frosinone

Tabella 14: Azioni di salvaguardia nella regione MOLISE

SPECIE	RAZZA	TL	TI	CATEGORIA	PREMIO (€/UBA)	N
CAPRINI	Grigia Molisana	RA	PSRF	CAPRE	200,00	590
EQUINI	Pentro	RA	PSRF	FATTRICI	200,00	163

Tabella 15: Azioni di salvaguardia nella regione CAMPANIA

SPECIE	RAZZA	TL	TI	CATEGORIA	PREMIO (€/UBA)	N
BOVINI	Agerolese	RA	PSRF	VACCHE	180,00	84
OVINI	Bagnolese	RA	PSRF	PECORE	170,00	12250
OVINI	Laticauda	LG	PSRF	RIP.	170,00	3478
CAPRINI	Cilentana fulva	RA	PSRF	CAPRE	130,00	1583
CAPRINI	Cilentana grigia	RA	PSRF	CAPRE	130,00	744
CAPRINI	Cilentana nera	RA	PSRF	CAPRE	130,00	3446
SUINI	Casertana	RA	PSRA	SCROFE	80,00	144
EQUINI	Napoletano	RA	PSRF	FATTRICI	200,00	12
EQUINI	Persano-Salernitano	RA	PSRF	FATTRICI	200,00	30

Tabella 16: Azioni di salvaguardia nella regione PUGLIA

SPECIE	RAZZA	TL	TI	CATEGORIA	PREMIO (€/UBA)	N
OVINI	Altamura	RA	PSRA	RIP.	150,00	101
OVINI	Gentile di Puglia	RA	PSRA	RIP.	150,00	3001
OVINI	Leccese	RA	PSRA	RIP.	125,00	1173
CAPRINI	Garganica	LG	PSRA	RIP.	185,00	936
EQUINI	Murgese	LG	PSRA	RIP.	200,00	3807
ASININI	Asino di Martina Franca	RA	PSRF	RIP.	200,00	297

La regione Puglia ha predisposto i seguenti interventi di assistenza tecnica per la specie equina:

- salvaguardia e valorizzazione delle razze equine autoctone pugliesi (cavallo Murgese e Asino di Martina Franca);
- impiego di materiale seminale crioconservato di Asino Catalano per amplificare la variabilità genetica nella razza Asino di Martina Franca

Tabella 17: Azioni di salvaguardia nella regione BASILICATA

SPECIE	RAZZA	TL	TI	CATEGORIA	PREMIO (€/UBA)	N
OVINI	Gentile di Puglia	RA	PSRA	RIP.		3001
OVINI	Leccese	RA	PSRA	RIP.		1173
CAPRINI	Garganica	LG	PSRA	CAPRE		936
CAPRINI	Jonica	LG	PSRA	CAPRE		710
SUINI	Nero di Basilicata	RA	PSRA	SCROFE		152
EQUINI	Murgese	LG	PSRA	RIP.	130,00	3807
ASININI	Asino di Martina Franca	LG	PSRA	RIP.	-	297

Tabella 18: Azioni di salvaguardia nella regione CALABRIA

SPECIE	RAZZA	TL	TI	CATEGORIA	PREMIO (€/UBA)	N
BOVINI	Podolica	LG	PSRF	RIP.	200,00	23370
CAPRINI	Capra Nicastrense	RA	PSRF	RIP.	200,00	3274
CAPRINI	Rustica Calabrese	RA	PSRF	RIP.	200,00	16404
SUINI	Apulo Calabrese	RA	PSRF	RIP.	200,00	3388

Tabella 19: Azioni di salvaguardia nella regione SARDEGNA

SPECIE	RAZZA	TL	TI	CATEGORIA	PREMIO (€/UBA)	N
BOVINI	Sarda	RA	PSRF	RIP.	200,00	14045
BOVINI	Sardo-Bruna	RA	PSRF	RIP	160,00	20989
BOVINI	Sardo-Modicana	RA	PSRF	RIP	200,00	2989
CAPRINI	Sarda	LG	PSRF	RIP	200,00	11831
CAPRINI	Sarda Primitiva	RA	PSRF	RIP	200,00	3114
SUINI	Suino Sardo	RA	PSRF	RIP	200,00	726
EQUINI	Cavallo del Sarcidano	RA	PSRF	RIP	200,00	27
EQUINI	Cavallino della Giara	RA	PSRF	RIP	200,00	64
ASININI	Asino dell'Asinara	RA	PSRF	RIP	200,00	4
ASININI	Asino Sardo	RA	PSRF	RIP	200,00	256

Tabella 20: Azioni di salvaguardia nella regione SICILIA

SPECIE	RAZZA	TL	TI	CATEGORIA	PREMIO (€/UBA)	N
BOVINI	Modicana	LG	PSRF		200,00	4793
BOVINI	Cinisara	RA	PSRF		200,00	5437
BOVINI	Siciliana	RA	PSRF		200,00	-
OVINI	Barbaresca Siciliana	RA	PSRF		200,00	1953
OVINI	Noticiana	RA	PSRF		200,00	-
CAPRINI	Argentata dell'Etna	RA	PSRF		200,00	2141
CAPRINI	Girgentana	LG	PSRF		200,00	906
SUINI	Suino Nero Siciliano	RA	PSRF		200,00	3222
EQUINI	Cavallo Sanfratellano	-	PSRF	RIP.+RIM.	200,00	432
EQUINI	Puro Sangue Orientale	-	PSRF	RIP.+RIM.	200,00	1467
ASININI	Asino Pantesco	-	PSRF	RIP.+RIM.	500,00	-
ASININI	Asino Ragusano	-	PSRF	RIP.+RIM.	200,00	306

Tabella 21: Situazioni di rischio nella specie BOVINA

SPECIE	RAZZA	M	F	Ne	ΔF	RFAO	REAAP
BOVINA	Agerolese ¹	5	76	13,14	0,038	1	1
BOVINA	Bara' Pustertaler ¹	273	1477	645,15	0,001	3	5
BOVINA	Bianca Val Padana ¹	10	545	27,50	0,018	2	3
BOVINA	Bruna linea carne	-	-	-	-	-	-
BOVINA	Burlina ¹	6	387	16,54	0,030	2	2
BOVINA	Cabannina ¹	5	181	13,62	0,037	1	1
BOVINA	Calvana ¹	27	305	69,45	0,007	3	5
BOVINA	Cinisara ⁸	209	3950	555,79	0,001	3	5
BOVINA	Garfagnina ¹	3	102	8,16	0,061	1	1
BOVINA	Grigio Alpina ²	49	9053	136,46	0,004	3	5
BOVINA	Maremmiana ³	181	5181	505,04	0,001	3	5
BOVINA	Modicana ⁸	128	3400	324,55	0,002	3	5
BOVINA	Mucca Pisana ¹	205	6	16,32	0,031	1	2
BOVINA	Varz.-Ottoneuse-Tortonese ¹	14	93	34,07	0,015	2	4
BOVINA	Pezzata rossa d'Oropa ¹	84	4456	230,85	0,002	3	5
BOVINA	Pinzgauer ⁴	19	1099	52,30	0,010	2	4
BOVINA	Podolica ³	196	15374	541,89	0,001	3	5
BOVINA	Pontremolese ¹	3	15	7,00	0,071	1	1
BOVINA	Reggiana ⁵	188	1823	477,19	0,001	3	5
BOVINA	Rendena ⁶	60	4157	165,61	0,003	3	5
BOVINA	Romagnola ³	346	7943	928,36	0,001	3	5
BOVINA	Sarda ¹	419	12765	1135,91	0,000	3	5
BOVINA	Sardo-Bruna ¹	313	18702	861,97	0,001	3	5
BOVINA	Sardo-Modicana ¹	91	2058	244,01	0,002	3	5
BOVINA	Siciliana ⁸	38	3000	105,07	0,005	3	5
BOVINA	Valdostana Castana ⁷	450	4873	1153,48	0,000	3	5
BOVINA	Valdostana Pezzata Nera ⁷	20	593	54,17	0,009	2	4

¹ (AIA);² (A.N.AN.Bo. Ra. Ga.);³ (ANABIC);⁴ (Federazione Sud Tirolese Allevatori Razze Bovine);⁵ (A.N.A.Bo.Ra. Re.);⁶ (A.N.A.R.E.);⁷ (A.N.A.Bo. Ra. Va.);⁸ (A.R.A.S.).

Tabella 22: Situazioni di rischio nella specie OVINA*

SPECIE	RAZZA	M	F	Ne	ΔF	RFAO	REAAP
OVINA	Appenninica	488	6406	1269,68	0,0004	3	5
OVINA	Alpagota	48	2365	131,73	0,0038	3	5
OVINA	Altamurana ¹	9	92	22,95	0,0218	2	3
OVINA	Bagnolese	435	11808	1174,72	0,0004	3	5
OVINA	Barbaresca Siciliana ¹	75	2000	202,41	0,0025	3	5
OVINA	Brigasca	41	3052	113,28	0,0044	3	5
OVINA	Brianzola	-	-	-	-	-	-
OVINA	Brogna	39	1589	106,58	0,0047	3	5
OVINA	Cornella Bianca	30	374	77,76	0,0064	3	4
OVINA	Cornigliese	47	862	124,80	0,0040	3	5
OVINA	Corteno	26	279	66,59	0,0075	3	4
OVINA	Delle Langhe	233	2753	601,49	0,0008	3	5
OVINA	Fabrianese	195	2880	511,38	0,0010	3	5
OVINA	Fiemmese Tingola	-	-	-	-	-	-
OVINA	Frabosana	168	4724	454,25	0,0011	3	5
OVINA	Garfagnina Bianca	13	226	34,42	0,0145	2	3
OVINA	Garessina	3	100	8,16	0,0613	1	1
OVINA	Gentile di Puglia	249	2481	633,61	0,0008	3	5
OVINA	Istriana o Carsolina	176	1004	419,30	0,0012	3	5
OVINA	Lamon	10	309	27,12	0,0184	2	2
OVINA	Latacauda	214	3084	560,32	0,0009	3	5
OVINA	Leccese	69	1099	181,79	0,0028	3	5
OVINA	Noticiana ¹	0	4500	-	-	-	-
OVINA	Plezzana	-	-	-	-	-	-
OVINA	Pomarancina	61	991	160,90	0,0031	3	5
OVINA	Rosset	102	1740	269,79	0,0019	3	5
OVINA	Sambucana	127	2935	340,85	0,0015	3	5
OVINA	Saltasassi	-	48	-	-	1	1
OVINA	Savoiarda	6	78	15,60	0,0321	2	1
OVINA	Tacola	62	6450	171,95	0,0029	3	5
OVINA	Vicentina o Foza	33	85	66,56	0,0075	3	4
OVINA	Zerasca	-	-	-	-	-	-

* (ASSO.Na.Pa.)

¹ (A.R.A.S.)

Tabella 23: Situazioni di rischio nella specie CAPRINA*

SPECIE	RAZZA	M	F	Ne	ΔF	RFAO	REAAP
CAPRINA	Argentata dell'Etna ¹	50	3000	137,70	0,0036	3	5
CAPRINA	Bianca Monticell.	36	1087	97,57	0,0051	3	5
CAPRINA	Bionda dell'Adamello	143	2523	378,92	0,0013	3	5
CAPRINA	Capestрина	14	438	37,99	0,0132	2	4
CAPRINA	Capra Nicastrese	175	3033	463,27	0,0011	3	5
CAPRINA	Cilentana fulva	56	1527	151,25	0,0033	3	5
CAPRINA	Cilentana grigia	24	720	65,03	0,0077	3	4
CAPRINA	Cilentana nera	138	3308	370,93	0,0013	3	5
CAPRINA	Frisa	107	824	265,17	0,0019	3	5
CAPRINA	Garganica	12	924	33,17	0,0151	3	5
CAPRINA	Girgentana ¹	28	800	75,75	0,0066	3	4
CAPRINA	Grigia Ciociara	19	205	48,69	0,0103	2	4
CAPRINA	Grigia Molisana	6	551	16,62	0,0301	2	1
CAPRINA	Jonica	4	706	11,14	0,0449	1	1
CAPRINA	Livo	-	-	-	-	-	-
CAPRINA	Orobica	63	1152	167,25	0,0030	3	5
CAPRINA	Pezzata Mochena	11	177	29,00	0,0172	2	3
CAPRINA	Roccamerano	137	2672	364,89	0,0014	3	5
CAPRINA	Rustica Calabrese	661	15606	1775,59	0,0003	3	5
CAPRINA	Sarda	259	11572	709,32	0,0007	3	5
CAPRINA	Sarda Primitiva	90	2491	243,21	0,0021	3	5
CAPRINA	Sempione	-	-	-	-	-	-
CAPRINA	Valdostana	115	1728	301,91	0,0017	3	5
CAPRINA	Vallesana	18	247	46,98	0,0106	2	4
CAPRINA	Verzaschese	111	1875	293,43	0,0017	3	5

* (ASSO.Na.Pa.)

¹ (A.R.A.S.)

Tabella 24: Situazioni di rischio nella specie EQUINA

SPECIE	RAZZA	M	F	Ne	ΔF	RFAO	REAAP
EQUINA	Bardigiano ¹	-	-	-	-	-	-
EQUINA	CAITPR ¹	433	3339	1073,22	0,0005	3	5
EQUINA	Cavallino della Giara ¹	11	53	25,51	0,0196	2	4
EQUINA	Cavallino di Monterufoli ¹	9	38	20,37	0,0245	2	3
EQUINA	Cavallo Del Catria ¹	178	55	117,65	0,0042	3	5
EQUINA	Cavallo del Delta ¹	6	14	11,76	0,0425	2	2
EQUINA	Cavallo del Sarcidano ¹	3	24	7,47	0,0670	1	1
EQUINA	Cavallo del Ventasso ¹	9	47	21,15	0,0236	2	3
EQUINA	Cavallo Maremmano ¹	125	2635	334,15	0,0015	3	5
EQUINA	Cavallo Sanfratellano ¹	91	1600	241,09	0,0021	3	5
EQUINA	Cavallo Tolfetano ¹	20	90	45,82	0,0109	2	4
EQUINA	Murgese ³	321	1018	683,33	0,0007	3	5
EQUINA	Napoletano ¹	5	7	8,17	0,0612	1	1
EQUINA	Norico ¹	352	1367	783,78	0,0006	3	5
EQUINA	Pentro ¹	10	153	26,28	0,0190	2	4
EQUINA	Persano-Salernitano ¹	9	21	17,64	0,0283	2	3
EQUINA	Pony d'Esperia ¹	57	397	139,56	0,0036	3	5
EQUINA	Puro Sangue Orientale ²	15	40	30,55	0,0164	2	4

¹ (AIA)² (A.R.A.S. Istituto Incremento Ippico)³ (Prof.ssa Elisa Pieragostini)**Tabella 25: Situazioni di rischio nella specie ASININA**

SPECIE	RAZZA	M	F	Ne	ΔF	RFAO	REAAP
ASININA	Asino dell' Amiata ¹	48	221	110,42	0,0045	3	5
ASININA	Asino dell' Asinara ¹	-	-	-	-	-	-
ASININA	Asino di Martina Franca ²	65	164	130,34	0,0038	3	5
ASININA	Asino Pantesco ³	12	37	25,37	0,0197	2	4
ASININA	Asino Ragusano ³	60	1400	161,10	0,0031	3	5
ASININA	Asino Romagnolo ¹	64	18	39,34	0,0127	2	4
ASININA	Asino Sardo ¹	58	198	125,61	0,0040	3	5

¹ (AIA)² (Prof.ssa Elisa Pieragostini)³ (A.R.A.S. Istituto Incremento Ippico)

Tabella 26: Situazioni di rischio nella specie SUINA*

SPECIE	RAZZA	M	F	Ne	ΔF	RFAO	REAAP
SUINA	Apulo-Calabrese	78	418	184,05	0,0027	3	5
SUINA	Casertana ¹	18	41	35,02	0,0143	3	2
SUINA	Cinta Senese	153	888	365,44	0,0014	3	5
SUINA	Mora Romagnola	56	211	123,91	0,0040	3	4
SUINA	Nero di Basilicata ¹	12	60	28	0,018	2	4
SUINA	Nero di Parma	-	-	-	-	-	-
SUINA	Suino Nero Siciliano ²	54	850	142,17	0,0035	3	3
SUINA	Suino Sardo	27	101	59,65	0,0084	3	3

* (ANAS)

¹ (CONSDABI)² (A.R.A.S.)**Tabella 27: Criticità nelle diverse specie (Categorie FAO)**

SPECIE	CRITICHE (cat. 1)	MINACCIATE (cat. 2)	NON A RISCHIO (cat. 3)
Bovina	55,6	100	125
Ovina	6,6	20	63,3
Caprina	7,7	41,7	77,3
Equina	22,2	77,8	133,3
Asinina	-	20	400
Suina	-	150	600
Totale	13,3	30,2	72,0

BIBLIOGRAFIA

- 1) Bisma, P., Van Arendonk, J.A.M., Woolliams, J.A. (2000). A general procedure to predict rates of inbreeding in populations undergoing mass selection. *Genetics* 154: 1865-1877.
- 2) Bittante, G. (2011). La Salvaguardia della Biodiversità Zootecnica: *Iniziativa generali ed azioni intraprese in Italia a tutela delle razze minacciate*, 28-40.
- 3) Lotus, R., Sherf, B. (1993) World Watch List for domestic animal diversity. 1st ed, FAO, Rome.
- 4) Matassino, D. (2007). Progetti per lo sviluppo dei territori. Convegno: “*Clima e Sostenibilità - Sostenibilità per nuove forme di occupazione nei territori rurali*”, promosso da CNR-Ibimet, Roma, 27 giugno 2007. *ARS*, 114, 85-89.
- 5) Santiago, E., Caballero, A. (1997) *Genetics*, Vol. 139: 1013, 1030.
- 6) Simon, D. L., Buchenauer, D. (1993) Genetic Diversity of European Livestock Breeds. *EAAP publications*. Vol. 66. Wagenigen.
- 7) Wright, S. (1931), *Genetics*, Vol. 16: 97-159.

**CONTRIBUTO PRELIMINARE ALLO SVILUPPO DI UNA STRATEGIA
NAZIONALE E DI UN PIANO DI AZIONE PER LE RISORSE GENETICHE ANIMALI**
(Suggestions on a National plan for animal genetic resources)

G. GANDINI¹, P. AJMONE MARSAN, R. BOZZI, C. CASTELLINI, E. CIANI, P. CREPALDI,
R. DAVOLI, M. DE MARCHI, M. GUALTIERI, N. MACCIOTTA, D. MARLETTA,
D. MATASSINO, F. PANELLA, P. ZAMBONELLI.
GRUPPO DI LAVORO ASPA SULLA BIODIVERSITÀ ANIMALE

¹ Stesura del testo

PREMESSA

Nel corso della conferenza tecnica internazionale sulle risorse genetiche animali di Interlaken, settembre 2007, 109 Paesi, la Comunità Europea e 42 organizzazioni, sotto la guida della Commissione sulle risorse genetiche per l'alimentazione e l'agricoltura della FAO, hanno adottato il Global Plan of Action per le risorse genetiche animali.

Lo strumento principe per la messa in atto del Global Plan of Action è lo sviluppo e la messa in atto in ogni Paese di una Strategia nazionale e di un Piano di Azione per le risorse genetiche animali. Le linee Guida della FAO "Preparation of National Strategies and Action Plans for Animal Genetic Resources" del 2009 (FAO, 2009) indicano in dettaglio il percorso da seguire per la preparazione della Strategia e del Piano di Azione, gli obiettivi, la metodologia, gli attori.

Il Gruppo di Lavoro "BIODIVERSITÀ" dell'ASPA si augura che il Piano di Azione italiano venga sviluppato al più presto e in questa direzione intende offrire, in questa sede, un contributo preliminare. Il Gruppo di lavoro è consapevole che il Piano d'Azione deve svilupparsi attraverso un preciso processo, con una larga e qualificata partecipazione. Come corollario all'analisi delle risorse genetiche riportata in questo volume, nell'attesa dello sviluppo della Strategia Nazionale e quale esercizio preliminare all'avvio del processo, il Gruppo di Lavoro ASPA propone otto azioni, che si ritiene debbano avere una certa priorità. Il gruppo di lavoro ha ritenuto opportuno di limitare questo contributo ad un paio di azioni per ciascuna delle quattro aree di priorità del Global Plan of Action, ma è sottointeso che vi sono molte altre azioni che richiedono priorità di implementazione e che in questo elenco, per la sua brevità, non potevano essere incluse.

LE OTTO AZIONI PROPOSTE, ALL'INTERNO DELLE PRIORITÀ STRATEGICHE DEL GLOBAL PLAN OF ACTION

Priorità strategica Area 1

"Caratterizzazione, inventario e monitoraggio dei trend e dei rischi associati"

Azioni proposte:

- Sviluppare protocolli per la caratterizzazione, l'inventario e il monitoraggio delle razze locali - benché siano disponibili alcuni protocolli della FAO, per rendere il lavoro di caratterizzazione, inventario e monitoraggio più efficiente, *si propone una riflessione nazionale in questa direzione.*
- Aggiornare l'inventario delle razze ovine e caprine autoctone (Registro Anagrafico) - l'attuale elenco contiene duplicazioni ed errori e ciò comporta rischi di errori programmazione e di azioni di salvaguardia. L'inventario dovrebbe essere aggiornato sulla base di dati

storici, di caratterizzazione fenotipica e genetica, utilizzando gli strumenti più adeguati in funzione del problema specifico, e in un'ottica di risparmio delle risorse.

Priorità strategica Area 2

“Uso sostenibile e Sviluppo”

Azioni proposte:

- **Identificare gli obiettivi di sviluppo delle razze per le quali questi non sono stati sufficientemente approfonditi** - il processo di salvaguardia delle razze autoctone passa anche attraverso il loro sviluppo e valorizzazione. In molti casi non è ovvio quale indirizzo di sviluppo intraprendere. *Questo lavoro in particolare richiede la partecipazione di tutti gli stakeholder.*
- **Sviluppare e implementare un caso studio sul riconoscimento del valore ambientale e culturale di alcune razze locali** - da alcuni anni si parla della necessità dare un valore di mercato ai servizi ambientali e/o culturali delle razze locali, ove applicabile, per garantirne la competitività economica, ma a tutt'oggi non vi sono esempi concreti. Considerato l'ampio di numero in Italia di razze locali con potenziali valenze ambientali e culturali, *si ritiene utile investire in questo tipo di azione.*

Priorità strategica Area 3

“Conservazione”

Azioni proposte:

- **Sviluppare un programma di gestione della variabilità genetica nelle diverse razze, sulla base di metodologie aggiornate** - negli ultimi anni vi è stata una evoluzione nelle tecniche di gestione della variabilità genetica nelle piccole popolazioni, in presenza o assenza di selezione. *E' urgente riavviare il sistema nazionale, sia nell'aspetto tecnico che organizzativo, che in passato aveva lavorato in modo proficuo in questo campo.*
- **Avviare un coordinamento delle attività di crio-conservazione e sviluppare un programma nazionale** - in Italia sono presenti diverse collezioni di materiale genetico crio-conservato (seme ed embrioni) di razze locali, raccolte e gestite in modo del tutto indipendente. In alcuni casi il materiale di una singola razza è archiviato in 2 o 3 siti diversi senza coordinamento tra questi e conoscenza reciproca della situazione. *E' necessario sviluppare uno strumento che faciliti il colloquio e il coordinamento tra tutti coloro che operano nel settore della crio-conservazione delle risorse genetiche animali e avviare un programma nazionale di sviluppo e ottimizzazione delle collezioni.*

Priorità strategica Area 4

“Politiche, Istituzioni e sviluppo delle capacità”

Azioni proposte:

- **Stabilire un Comitato Nazionale Consultivo multidisciplinare e un network nazionale** di coloro che operano nelle salvaguardia, valorizzazione e sviluppo delle risorse genetiche animali.
- **Identificare un sistema di finanziamento della conservazione** - La mobilitazione di risorse finanziarie adeguate è condizione necessaria per lo sviluppo del Piano di Azione. L'Italia in passato è stata attenta a questo aspetto; oggi è necessario ridare alla problematica una attenzione adeguata, quale importante componente dello sviluppo agro-zootecnico del Paese.

GLI AUTORI

- F. PANELLA, *Sezione di Scienze Zootecniche – DBA, Università degli Studi di Perugia*
- B. BALZER, *Secretariat of the European Regional Focal Point for Animal Genetic Resources at Federal Office for Agriculture and Food (BLE). Information and Coordination Centre for Biological Diversity (IBV) Deichmanns Aue 29 DE – 53179 Bonn, Germany*
- M. BATTAGIN, *Dipartimento di Scienze Animali, Università degli Studi di Padova*
- G. BITTANTE, *Coordinatore “Italian National Focal Point FAO for Farm Animal Biodiversity”, Università di Padova*
- B. BESBES, *Animal Genetic Resources Branch, Animal Production and Health Division, Food and Agriculture Organization of the United Nations, Viale delle Terme di Caracalla, 00153 Rome, Italy*
- P. BOETTCHER, *Animal Genetic Resources Branch, Animal Production and Health Division, Food and Agriculture Organization of the United Nations, Viale delle Terme di Caracalla, 00153 Rome, Italy*
- S. BORDONARO, *DACPA Dipartimento di Scienze Agronomiche Agrochimiche e delle Produzioni Animali – Sezione di Scienze delle Produzioni Animali- via Valdisavoia, 5 95123, Catania*
- R. BOZZI, *Sezione di Scienze Animali – DIBA, Università degli Studi di Firenze*
- M. CASSANDRO, *Dipartimento di Scienze Animali, Università degli Studi di Padova*
- C. CASTELLINI, *Sezione di Scienze Zootecniche – DBA, Università degli Studi di Perugia*
- S. CECCOBELLI, *Dipartimento di Scienze Animali, Università degli Studi di Padova*
- E. Ciani, *Dipartimento di Fisiologia Generale e Ambientale, Università degli Studi di Bari*
- L. COLLI, *Istituto di Zootecnica, Università Cattolica del S. Cuore, via Emilia Parmense, 84, 29122 Piacenza
Centro di Ricerca sulla Biodiversità e DNA antico – BioDNA – Università Cattolica del S. Cuore, via Emilia Parmense, 84, 29122, Piacenza*
- P. CREPALDI, *Dipartimento di Scienze Animali, Università degli Studi di Milano*
- R. DAVOLI, *Dipartimento di Protezione e Valorizzazione Agro-Alimentare, Università di Bologna*
- M. DE MARCHI, *Dipartimento di Scienze Animali, Università degli Studi di Padova*
- M. DEL CORVO, *Dipartimento di Scienze e Tecnologie Veterinarie per la Sicurezza Alimentare, Facoltà di Medicina Veterinaria, Università degli Studi di Milano*
- G. GANDINI, *Dipartimento di Scienze e Tecnologie Veterinarie per la Sicurezza Alimentare, Facoltà di Medicina Veterinaria, Università degli Studi di Milano*
- M. GUALTIERI, *Dipartimento di Biotecnologie Agrarie, Sez. Scienze Animali, Università degli Studi di Firenze.*
- I. HOFFMANN, *Animal Genetic Resources Branch, Animal Production and Health Division, Food and Agriculture Organization of the United Nations, Viale delle Terme di Caracalla, 00153 Rome, Italy*
- E. LASAGNA, *Sezione di Scienze Zootecniche – DBA, Università degli Studi di Perugia*
- N. P. P. MACCIOTTA, *Dipartimento di Scienze Zootecniche, Università degli Studi di Sassari*

- D. MARLETTA, *DACPA Dipartimento di Scienze Agronomiche Agrochimiche e delle Produzioni Animali – Sezione di Scienze delle Produzioni Animali- via Valdisavoia, 5 95123, Catania*
- P. AJMONE MARSAN, *Istituto di Zootecnica, Università Cattolica del S. Cuore, via Emilia Parmense, 84, 29122 Piacenza Centro di Ricerca sulla Biodiversità e DNA antico – BioDNA – Università Cattolica del S. Cuore, via Emilia Parmense, 84, 29122, Piacenza*
- D. MATASSINO, *ConSDABI 2 – Sub-National Focal Point Italiano FAO (Biodiversità Mediterranea), Località Piano Cappelle, 82100 Benevento, (Italy)*
- R. NEGRINI, *Istituto di Zootecnica, Università Cattolica del S. Cuore, via Emilia Parmense, 84, 29122 Piacenza Centro di Ricerca sulla Biodiversità e DNA antico – BioDNA – Università Cattolica del S. Cuore, via Emilia Parmense, 84, 29122, Piacenza*
- M. PENASA, *Dipartimento di Scienze Animali, Università degli Studi di Padova*
- D. PILLING, *Animal Genetic Resources Branch, Animal Production and Health Division, Food and Agriculture Organization of the United Nations, Viale delle Terme di Caracalla, 00153 Rome, Italy*
- F. PIZZI, *Istituto di Biologia e Biotecnologia Agraria - Consiglio Nazionale delle Ricerche, Milano*
- D. PRETTO, *Dipartimento di Scienze Animali, Università degli Studi di Padova*
- C. PUGLIESE, *Sezione di Scienze Animali – DIBA, Università degli Studi di Firenze*
- A. ROSATI, *EAAP - European Federation of Animal Science*
- F.M. SARTI, *Sezione di Scienze Zootecniche – DBA, Università degli Studi di Perugia*
- B. SCHERF, *Animal Genetic Resources Branch, Animal Production and Health Division, Food and Agriculture Organization of the United Nations, Viale delle Terme di Caracalla, 00153 Rome, Italy*
- A. STELLA, *Istituto di Biologia e Biotecnologia Agraria - Consiglio Nazionale delle Ricerche, Milano*
- P. ZAMBONELLI, *Università di Bologna - Dipartimento di Protezione e Valorizzazione Agroalimentare (DIPROVAL) Sezione Allevamenti Zootecnici*
- M. ZJALIC, *EAAP - European Federation of Animal Science*
- F. ZERBINI, *Sezione di Scienze Zootecniche – DBA, Università degli Studi di Perugia*



**Tipografia
Camuna**S.p.A.

Finito di stampare da

Tipografia Camuna S.p.A. - Breno (Bs)

Centro Stampa di Brescia

nel mese di maggio 2011

Informazione ecologica:

pubblicazione stampata con assenza di esalazioni alcoliche

Sistema Cesium® brevetto **Philip Borman Italia**

ISBN 978-88-904416-8-4



9 788890 441684