PIANO NAZIONALE SULLA BIODIVERSITÀ DI INTERESSE AGRICOLO

LINEE GUIDA PER LA CONSERVAZIONE E LA CARATTERIZZAZIONE DELLA BIODIVERSITÁ ANIMALE DI INTERESSE PER L'AGRICOLTURA

Gruppo di lavoro Biodiversità in Agricoltura

INEA
ISTITUTO NAZIONALE DI ECONOMIA AGRARIA

Il presente lavoro è stato realizzato con il contributo del Ministero delle Politiche Agricole Alimentari e Forestali nell'ambito del programma di attività per l'attuazione del Piano Nazionale per la Biodiversità di interesse agricolo (DM 28672 del 14/12/2009), e con la supervisione del Comitato Permanente per le Risorse Genetiche in Agricoltura.

Il coordinamento scientifico delle Linee guida è di Mario Marino (FAO), il coordinamento tecnico è di Antonella Trisorio (INEA).

Alla stesura delle linee guida hanno collaborato:

Risorse genetiche vegetali per l'alimentazione e l'agricoltura: Pier Giacomo Bianchi (Ente Nazionale delle Sementi Elette), Riccardo Bocci (Libero Professionista), Romana Bravi (Ente Nazionale delle Sementi Elette), Isabella Dalla Ragione (Libero Professionista), Antonio Di Matteo (Università di Napoli), Carlo Fideghelli (Consiglio per la Ricerca e la Sperimentazione in Agricoltura), Marisa Fontana (Libero Professionista), Mario Macchia (Università di Pisa), Lorenzo Maggioni, (Bioversity International), Valeria Negri (Università di Perugia), Domenico Pignone (Consiglio Nazionale delle Ricerche), Oriana Porfiri (Libero Professionista), Anna Schneider (Consiglio Nazionale delle Ricerche), Francesco Sottile (Università di Palermo), Concetta Vazzana (Università di Firenze)

Risorse genetiche animali per l'alimentazione e l'agricoltura: Riccardo Fortina (Università di Torino), Baldassarre Portolano (Università di Palermo), Alessio Zanon (Libero Professionista);

Risorse genetiche microbiche per l'alimentazione e l'agricoltura: Anna Benedetti (Consiglio per la Ricerca e la Sperimentazione in Agricoltura), Gian Luigi Cardinali (Università di Perugia)

La segreteria del gruppo di lavoro è stata assicurata da Anna Lapoli e Jessyama Forlini

Ringraziamenti:

Il lavoro ha beneficiato del contributo di esperti di settore, provenienti da Regioni e Province Autonome, da Università, Istituti di ricerca, Associazioni, Enti pubblici e privati, nonché di agricoltori, allevatori e pastori.

Le conclusioni fornite nelle presenti Linee guida sono da ritenersi appropriate al momento della loro predisposizione. Esse potranno essere modificate in funzione di ulteriori conoscenze e/o metodologie acquisite in fasi successive.
La menzione di aziende specifiche o di prodotti, anche se brevettati, non implica che essi siano stati approvati o raccomandati dal GIBA rispetto ad altri di natura simile che non sono stati menzionati.
Le opinioni espresse in questa pubblicazione sono quelle degli Autori e non necessariamente riflettono le opinioni delle istituzioni in cui lavorano.

Piano Nazionale sulla biodiversità di interesse agrario

Linee guida per la conservazione e caratterizzazione della biodiversita' animale di interesse agricolo

Coordinatore Scientifico **Mario Marino – FAO (Nazioni Unite)**

Coordinamento Tecnico **Antonella Trisorio - INEA**

Esperti di Biodiversitá Animale

Riccardo Fortina

Baldassare Portolano

Alessio Zanon

Segreteria tecnico-amministrativa: Anna Lapoli, Jessyama Forlini

INTRODUZIONE **6**
PARTE 1 8
1. BIODIVERSITA' E RISORSE GENETICHE ANIMALI **9**
1.1 INTRODUZIONE **9**
1.2 Biodiversità e Risorse Genetiche Animali (RGA) 13
1.2.1 La situazione in Italia 15
2. LA PERDITA DI BIODIVERSITA' **22**
2.1 Il rischio di estinzione e di erosione genetica 22
2.2 Lo scenario internazionale 27
2.3 Lo scenario italiano 30
3. LA CONSERVAZIONE E LA VALORIZZAZIONE DELLE RGA **35**
3.1 Lo scenario internazionale 36
3.2 Lo scenario italiano 40
3.2.1 Il quadro normativo e i ruoli istituzionali 40
3.2.2 Iniziative nazionali 43
3.2.3 Iniziative regionali 45
3.2.4 Ricerca, sperimentazione e altre iniziative 52
PARTE 2 55
4. STRUTTURA E USO DELLE LINEE GUIDA **56**
5. NOMENCLATURA E DEFINIZIONI **58**
5.1 La specie 58
5.2 La razza e la popolazione 60
5.3 Altre categorie 64
6. CARATTERIZZAZIONE MORFOLOGICA E MOLECOLARE DELLE RAZZE **67**
6.1 I Libri Genealogici (LL.GG.) e i Registri Anagrafici (RR.AA.) 68
6.2 Lo standard di razza 70
6.3 Descrittori morfologici 70
6.4 Descrittori per specie 72
6.5 Altre informazioni 72
6.6 Descrittori molecolari 76
6.6.1 Tipi di marcatori molecolari 78
6.6.2 I Database molecolari 81

6.6.3 L'unicità genetica delle razze 82
6.6.4 L'attribuzione di un individuo alla razza 83
6.6.5 Applicazioni 90
7. LINEE GUIDA PER LA TUTELA DELLA RISORSE GENETICHE ANIMALI 94
7.1 Premessa 94
7.2 Strategie di conservazione 95
7.3 Obiettivi di conservazione 98
7.4 Razze prioritarie 100
7.5 Tecniche di conservazione 105
7.6 La crioconservazione 114
7.6.1 Stakeholders, finanziamenti e attività 114
7.6.2 Cosa conservare 116
7.6.3 Come conservare 118
7.6.4 Utilizzazione del materiale conservato 119
7.6.5 Verso una banca nazionale del germoplasma animale 120
8. INDICAZIONI PRATICHE 121
9. CASI STUDIO 131
9.1 Cos'è una razza? Gli ovini dell'Appennino tosco-emiliano 131
9.2 Ridurre l'inbreeding e controllare la deriva genetica. La razza caprina Girgentana 137
9.3 La misura delle distanze genetiche in 5 popolazioni ovine siciliane 142
9.4 Dalla strategia del rischio alla strategia della massima utilità. La razza bovina Varzese-Ottonese-Tortonese 146
9.5 Le esperienze estere: esempi di recupero di razze locali in Francia 149
BIBLIOGRAFIA 152
GLOSSARIO 165

INTRODUZIONE

Il presente rapporto è stato realizzato da un gruppo di lavoro costituito presso il Ministero delle Politiche Agricole, Alimentari e Forestali e contiene le linee guida del settore "Animale", per la realizzazione del Piano Nazionale per la Biodiversità in Agricoltura. Alla sua stesura hanno contribuito esperti di settore, provenienti da Regioni e Province Autonome, da Università, Istituti di ricerca, Associazioni, Enti pubblici e privati, nonché allevatori e pastori.

Il rapporto, oltre che porre in rilievo il valore intrinseco delle razze autoctone italiane in quanto patrimonio nazionale insostituibile ed irripetibile, evidenzia la necessità di approfondire il lavoro sulla valutazione economica - attuale e futura - delle razze domestiche e dei servizi sociali, scientifici, culturali ed ambientali da esse forniti. Tali valutazioni e conoscenze costituiscono un requisito fondamentale per fare progredire ed evolvere le strategie complessive e le singole attività di conservazione della biodiversità in agricoltura - e delle razze autoctone in particolare - messe in atto sino ad oggi. Strategie ed attività che, se in molti casi hanno permesso di scongiurare o rallentare l'estinzione delle razze autoctone, in altri si sono spesso rivelate inefficaci nell'arrestare un processo di erosione genetica iniziato con l'affermarsi di sistemi produttivi, di cui oggi si incominciano a riconoscere limiti e criticità.

I risultati di queste strategie, descritte in un'analisi preliminare sulla situazione mondiale e italiana delle risorse genetiche animali e sulle cause della loro estinzione, dimostrano la necessità di attivare, in tempi brevi, nuove e diversificate iniziative di conservazione.

Sulla base di queste considerazioni, nel rapporto viene proposto un approccio innovativo nella definizione delle strategie di conservazione sinora adottata in Italia. Tale approccio è basato non solo, come fatto sinora, sullo stato di rischio delle razze, ma anche, e soprattutto, sulla valutazione della loro importanza attuale e futura in vari settori ed ambiti (economico-produttivo, sociale, storico, culturale, ecologico, paesaggistico, etc.), nonché sulle loro specifiche caratteristiche. Queste sono valutate attraverso descrittori morfologici (da utilizzare, in particolare ma non in via esclusiva, con popolazioni non ancora iscritte a Libri Genealogici o a Registri Anagrafici) e descrittori molecolari. In tal modo, è possibile individuare, per ogni singola razza, obiettivi di conservazione specifici e differenziati, per il cui conseguimento vanno utilizzate le tecniche di conservazione di volta in volta più idonee (*in situ*, *ex situ* o una combinazione di esse).

Solo con questo cambio di impostazione sembra possibile, da una parte, scongiurare la scomparsa

di quelle razze ancora oggi maggiormente a rischio di estinzione e, dall'altra, migliorare l'efficacia delle attività di conservazione in uno scenario futuro, nel quale le risorse umane e finanziarie disponibili saranno sempre minori.

Nel rapporto viene dato ampio risalto alla dimensione regionale e locale degli interventi proposti, che devono rientrare nell'ambito di una strategia nazionale di conservazione delle risorse genetiche animali. Al fine di realizzare gli obiettivi di tutela, gli enti regionali e locali si trovano, infatti, nella posizione migliore per sostenere le comunità locali nella conservazione delle razze autoctone, mediate l'applicazione – in molti casi già in atto – di una *governance*, che assicuri un giusto equilibrio tra le politiche di sviluppo del settore zootecnico e gli obiettivi in tema di conservazione della biodiversità.

Il rapporto è diviso in due parti; nella prima, vengono presentati concetti generali: biodiversità, risorse genetiche animali, rischio di estinzione e di erosione, politiche di conservazione nel mondo e in Italia; la seconda è strutturata secondo quanto suggerito al Gruppo di lavoro "*Biodiversità Animale*" dal Comitato Permanente per le Risorse Genetiche in Agricoltura, e contiene le "linee guida" per la conservazione e la valorizzazione delle razze locali italiane, con alcuni casi studio a supporto delle strategie e delle applicazioni proposte.

PARTE 1

1. BIODIVERSITA' E RISORSE GENETICHE ANIMALI

In questo capitolo:

La biodiversità: come si misura, quali sono i valori, le funzioni e i servizi apportati e quali sono gli effetti delle attività umane sulla biodiversità

Le risorse genetiche animali: una visione generale delle specie e delle razze allevate nel mondo secondo il "World Watch List for Domestic Animal Diversity" (DAD-IS, FAO) e un elenco dei principali database internazionali e nazionali consultabili

La situazione italiana: le razze bovine, ovine, caprine, asinine, equine, suine, cunicole e avicole. La necessità di uniformare i dati contenuti negli elenchi e nei database disponibili

1.1 INTRODUZIONE

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

Questo concetto ha rapidamente travalicato i confini del mondo scientifico ed è entrato nel linguaggio dei cittadini, per la crescente consapevolezza dei pericoli derivanti dal degrado incalzante delle risorse viventi e degli ecosistemi.

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

La *diversità genetica, o all'interno delle specie,* si fonda su componenti genetiche e comprende la

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

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

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

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

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

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

I valori della biodiversità

La conservazione e la corretta gestione della biodiversità sono i presupposti su cui si fonda la funzionalità dei servizi ecosistemici e, di conseguenza, anche la sopravvivenza dell'umanità.

L'erosione della biodiversità può minacciare direttamente o indirettamente la qualità degli ecosistemi, ripercuotendosi sia sulla produzione di *beni* (tra cui i prodotti agricoli e zootecnici, i principi attivi medicinali di origine naturale, la produzione o l'estrazione di materiali), sia sui *servizi* ecosistemici (il ciclo dell'acqua, il mantenimento della composizione gassosa dell'atmosfera, la conservazione dei suoli, il riciclo dei nutrienti), secondo quanto evidenziato da P. R. Ehrlich e A. Ehrlich (1970, 1981) e, più recentemente, da G.C. Daily (1997).

E' stato proposto di raggruppare le funzioni ecosistemiche che apportano benefici all'umanità in quattro categorie primarie di servizi (de Groot et al., 2002):

- servizi di produzione. Lo sviluppo degli ecosistemi produce risorse naturali per usi umani; ne sono alcuni esempi il pool del carbonio come fonte di cibo e fibre, la produzione di ossigeno, di

combustibili, di molecole salutistiche, etc. Queste funzioni sono generalmente descritte, mediante la contabilità relativa all'utilizzazione delle risorse e la statistica;

- servizi di supporto. Si riferiscono alle strutture ecosistemiche, che forniscono spazi e substrati usufruibili, su scala spazio-temporale, per le attività umane. Essi sono identificati nelle vocazioni dell'uso del territorio (agricolo, turistico, pesca, etc.); il potenziale che un'entità territoriale può esprimere è sempre determinato dal suo stato di qualità ecologica;
- servizi di informazione. Comprendono gli aspetti estetici, di ricreazione, artistici, culturali, sociali, religiosi, di studio, di informazione ed emozionali, che sono poi alla base dell'identità dei popoli. Questi servizi vengono indicati da parametri sociali ed economici;
- servizi di regolazione. Comprendono le funzioni ecosistemiche che regolano i requisiti basilari per la vita umana: a questa categoria appartengono sia i processi che tamponano le perturbazioni degli ecosistemi sia i meccanismi di retroazione. Entrambi sono responsabili del mantenimento di favorevoli condizioni climatiche e del ciclo dell'acqua e dei nutrienti.

La riduzione/perdita di biodiversità ha un costo economico e ciò emerge, in tutta la sua drammaticità, quando vengono a mancare quantità e qualità dei servizi offerti. Una branca dell'economia, la contabilità ambientale, si sta sviluppando per poter quantificare i costi diretti e indiretti delle azioni dell'uomo sul patrimonio di biodiversità. Il compito non è facile, se si considera la differenza sostanziale tra l'ecologia e l'economia. Esse, pur avendo una radice comune nell'etimologia della parola (*oikos*: casa o luogo in cui si vive), finora hanno mantenuto una percezione della presenza umana sul pianeta molto diversa: nella visione economica, l'uomo è prevalentemente un produttore di beni, mentre, nella visione ecologica, è soprattutto un consumatore di risorse.

Effetti delle attività umane sulla biodiversità

Con l'agricoltura l'uomo ha avviato processi di trasformazione del territorio, sostituendo ecosistemi naturali con un nuovo tipo di sistema, l'agroecosistema. E' dalla seconda guerra mondiale in poi che è stata realizzata una impennata nella trasformazione delle caratteristiche ambientali. I settori di attività coinvolti sono individuati nell'agricoltura, nei trasporti, nei processi di industrializzazione e di urbanizzazione. Tra le conseguenze sono elencati la frammentazione del territorio, la perdita e l'alterazione di habitat, l'inquinamento, l'introduzione di specie aliene,

l'alterazione del ciclo dei nutrienti e dell'acqua. Tutti questi effetti tendono ad interagire e ad enfatizzarsi l'uno con l'altro, e si esprimono a livello globale nei cambiamenti climatici, nella perdita di biodiversità, e nei processi di aridificazione.

Il *Millenium Ecosystem Assessment Biodiverity Synthesis,* redatto dall'UNEP nel 2005, riporta che i cambiamenti ambientali e la conseguente perdita di biodiversità sono ora più veloci che mai nella storia dell'uomo e non ci sono segnali di riduzione di questo processo. Dal rapporto emerge, ancora una volta, che il declino della biodiversità è in relazione diretta con l'intensificarsi delle attività umane più recenti e i dati di estinzione di specie relativi ai soli 30 anni - compresi tra il 1970 ed il 2000 - sono drammatici.

1.2 Biodiversità e Risorse Genetiche Animali (RGA)

In zootecnia, il concetto di biodiversità si riferisce prevalentemente alla "diversità genetica", cioè alla diversità all'interno delle specie domestiche allevate. Delle oltre 50.000 specie note di Uccelli e Mammiferi, solo una quarantina sono classificate come domestiche o addomesticate, e solo 5 – bovini, ovini, polli, caprini e suini – sono allevate in tutti i continenti. Di queste specie esistono numerosissime razze, e il loro numero è in continua variazione, sia perché non esiste una definizione condivisa di razza, sia perché i risultati delle ricerche portano a continui aggiustamenti. Queste risorse genetiche formano l'insieme della "diversità degli animali domestici" (DAD), necessaria a soddisfare la continua crescita di domanda di prodotti di origine animale e di servizi per l'agricoltura. La perdita di questa biodiversità è progressivamente aumentata con il crescere della popolazione mondiale e con i cambiamenti apportati ai sistemi produttivi tradizionali. Per arrestare questa perdita sono stati effettuati numerosi sforzi, sia nel campo della conservazione che nell'uso sostenibile delle risorse genetiche animali (RGA). Un importante attore di questi sforzi è stata la FAO, che, nell'ambito della "Global Strategy for the Management of Farm Animal Genetic Resources", ha stabilito un sistema di monitoraggio a livello mondiale, il "Global Early Warning System for Domestic Animal Diversity". Alla base di questo sistema c'è il "Domestic Animal Diversity Information System" (DAD-IS), grazie al quale vengono registrati e messi a disposizione gli elenchi nazionali delle razze e le informazioni sul loro stato di conservazione. Il DAD-IS costituisce, quindi, una vera e propria rete di conoscenza delle RGA, la cui conservazione è stata definita nel "Global Plan of Action for Animal Genetic Resources", sottoscritto da 109 nazioni

alla prima “International Technical Conference on Animal Genetic Resources for Food and Agriculture”, tenutasi a Interlaken (CH) nel settembre del 2007 (“Dichiarazione di Interlaken”).

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

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

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

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

1.2.1 La situazione in Italia

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

Gli atlanti CNR del 1983 e del 1991 riportavano 28 razze bovine, 51 ovine, 22 caprine, 17 equine e 5 asinine.

Il MiPAAF (2007) elenca la presenza di 26 razze bovine, 42 ovine, 27 caprine, 17 equine, 6 asinine e 6 suine, ufficialmente riconosciute. A queste si devono aggiungere le razze avicole (polli, oche, anatre, tacchini, piccioni), che, nel complesso, ammontano a circa 50.

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

Altri dati relativi alle razze italiane, disponibili su database nazionali o internazionali (v. box), nei Registri Anagrafici o in pubblicazioni di carattere scientifico o divulgativo.

E' da sottolineare che le diverse fonti disponibili riportano informazioni in molti casi discordanti relativamente al nome e al numero delle razze italiane. Queste differenze non consentono purtroppo di avere una visione chiara ed univoca della situazione italiana. Per l'avvio di programmi di conservazione efficienti (anche dal punto di vista di una allocazione ottimale delle risorse umane e finanziarie disponibili), è sicuramente necessario giungere quanto prima a un elenco univoco e condiviso delle razze presenti in Italia.

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

Per le 6 specie di Uccelli, la tabella è desunta da comunicazioni personali (Zanon, 2011), non esistendo, allo stato attuale, pubblicazioni complete sull'argomento.

Tabella 1: Elenco razze di Mammiferi allevati in Italia

Bovini	**Ovini**	**Caprini**
Agerolese	Alpagota	Alpina Comune
Bruna	Altamurana	Argentata dell'Etna
Burlina	Appenninica	Aspromonte
Cabannina	Bagnolese	Bionda dell'Adamello
Calvana	Barbaresca	Bormina
Chianina	Bergamasca	Camosciata delle Alpi
Cinisara	Biellese	Capestrina
Frisona Italiana	Brentegana	Bianca di M.te San Biagio
Garfagnina	Brianzola	De L'Aquila
Grigio Alpina	Brigasca	Di Campobasso
Marchigiana	Brogna	Di Livo
Maremmana	Ciavenasca	Di Montecristo
Bianca Val Padana - Modenese	Ciuta	Di Potenza
Modicana	Comisana	Di Teramo
Mucca Pisana	Cornella Bianca	Pezzata Mochena
Pasturina	Cornigliese	Ciavenasca
Pezzata Rossa Oropa	Delle Langhe	Cilentana Fulva
Pezzata Rossa Italiana	Di Benevento	Cilentana Grigia
Piemontese	Di Corteno	Cilentana Nera
Pinzgau	Fabrianese	Grigia Ciociara
Podolica	Finarda	Frisa Valtellinese
Pontremolese	Frabosana	Fulva del Lazio
Pustertaler – Barà	Garessina	Della Controneria (ex Garfagnina)
Reggiana	Garfagnina Bianca	Garganica
Rendena	Gentile di Puglia	Girgentana
Romagnola	Istriana	Istriana
Sarda	Juraschaf	Jonica
Sarda Bruna	Lamon	Maltese
Sardo Modicana	Laticauda	Messinese
Siciliana	Leccese	Napoletana
Valdostana Castana	Livo	Nicastrese
Valdostana Pezzata Nera	Marrana	Orobica – Valgerola
Valdostana Pezzata Rossa	Massese	Pesseirer Gebirgziege
Varzese-Ottonese-Tortonese	Matesina	Pedula
	Merinizzata Italiana	Roccaverano
	Modenese	Rossa Mediterranea
	Nostrana	Rustica di Calabria
Bufali	Noticiana	Saanen
Mediterranea italiana	Pagliarola	Sarda
	Nera di Arbus	Verzaschese – Nera di Verzasca
	Pinzirita	Sempione

	Plezzana	Valdostana
	Pomarancina	Valfortorina
	Pusterese	Vallesana
	Quadricorna (**)	Delle Tremiti (*)
	Rosset	Di Tavolara (*)
	Saltasassi	Foggiana (*)
	Sambucana	Sarda primitiva (*)
	Sarda	Pezzata rossa (*)
	Savoiarda	Pomellata (*)
	Schnalserschaf	Screziata (*)
	Schwarzbraunes Bergs.	
	Schwarznasenschaf	
	Sciara Moscia Calabra	
	Sopravissana	
	Tacola	
	Tiroler Bergschaf	
	Tiroler Steinschaf	
	Trimeticcia di Segezia	
	Turchessa	
	Valle del belice	
	Varesina	
	Vicentina (Foza)	
	Vilnosser Schaf	
	Vissana	
	Zerasca	
	Zucca Modenese	

(*) Risorsa in corso di catalogazione

(**) Risorsa iscritta al Registro Volontario Regionale del Lazio

Equini	**Asini**	**Suini**
Anglo-Arabo Sardo	Amiata	Apulo-Calabrese
Appenninico	Asinara	Casertana
Bardigiano	Dei Monto Lepini (*)	Cinta Senese
Cavallino della Giara	Di Viterbo (*)	Duroc Italiano
Cavallino di Monterufoli	Grigio Siciliano	Landrace Italiana
Agricolo Italiano T.P.R.	Martina Franca	Large White Italiana
Del Catria	Pantesco (Di Pantelleria)	Mora Romagnola
Del Delta	Ragusano	Nero di Parma
Del Ventasso	Romagnolo	Nero Siciliano
Pentro	Sardo	Sarda
Haflinger (Avelignese)		
Lipizzano		
Maremmano		
Murgese		
Napoletano		

Norico		
Persano		
Pony di Esperia		
Purosangue Arabo		
Purosangue Inglese		
Purosangue Orientale		
Romano della Maremma Laziale		
Salernitano		
Sanfratellano		
Sarcidano		
Sella Italiano		
Siciliano		
Tolfetano		
Trottatore Italiano		

(*) Risorsa iscritta al Registro Volontario Regionale del Lazio

Polli	**Faraone**	**Tacchini**
Bionda Piemontese	Camosciata	Ermellinato di Rovigo
Bionda di Cuneo	Lilla o Grigio perla	Castano precoce
Bianca di Saluzzo	Grigia comune	Bronzato comune
Millefiori piemontese	Azzurra Ghigi	Bronzato Colli Euganei
Mericanel della Brianza	Pezzata	Di Parma e Piacenza
Morozzo	Bianca albina	Brianzolo
Padovana	Bluetta	Romagnolo (*)
Polverara	Fulvetta	Nero d'Italia
Ermellinata di Rovigo		
Robusta lionata		
Robusta maculata		
Boffa (*)		
Millefiori di Lonigo		
Pepoi		
Valdarno		
Valdarnese bianca		
Livorno		
Mugellese		
Romagnola		
Modenese		
Ancona		
Collo nudo italiana		
Siciliana		
Cornuta di Caltanissetta (*)		
Locale dei Nebrodi (*)		
Locale Val Platani (*)		
Gigante Padovana (*)		
Leccese (*)		

(*) Risorsa in corso di catalogazione

Oche	Anatre	Colombi
Padovana	Germanata veneta	Reggianino
Pezzata veneta	Mignon bianca veneta	Triganino modenese
Romagnola	Romagnola (*)	Sottobanca modenese
Lomellina (*)		Piacentino
		Romagnolo
		Ascolano
		Romano
		Bergamasco
		Viaggiatore italiano da esposiz.

(*) Risorsa in corso di catalogazione

BOX 1: I DATABASE DELLE RAZZE

Oggi esiste un numero elevato di elenchi e banche dati sulle razze, tutti finalizzati - nonostante le diverse origini e impostazioni - ad aumentare il livello di conoscenza e di consapevolezza dei fruitori, sull'importanza delle razze locali e sulla necessità di una loro salvaguardia.

In generale, si annoverano 3 gruppi di database elettronici.

Il primo gruppo è rappresentato dai siti web delle associazioni di razza, delle associazioni di allevatori, dei consorzi di razza, di Province o Regioni e da associazioni private. Sono finalizzati alla descrizione e alla valorizzazione di una o più razze di un determinato territorio o alla didattica e hanno generalmente un interesse nazionale.

Esempio di siti web di questo gruppo sono quelli dell'AIA - Associazione Italiana Allevatori (http://www.aia.it/), che contiene link alle varie Associazioni Regionali Allevatori (ARA) e Associazioni Provinciali Allevatori (APA), e quelli delle associazioni di razza, tra le quali la Bruna (http://www.anarb.it/), la Piemontese (http://www.anaborapi.it/), la Pezzata Rossa Italiana (http://www.anapri.eu/index.php), la Rendena (http://www.anare.it/), la Valdostana (http://www.anaborava.it/home.html), la Grigia Alpina (http://www.grigioalpina.it/) e la Reggiana (http://www.razzareggiana.it/). Nel settore suino c'è il sito dell'ANAS - Associazione Nazionale Allevatori Suini (http://www.anas.it/), per il settore ovi-caprino è disponibile il sito della Asso.Na.Pa. - Associazione Nazionale Pastorizia (http://www.assonapa.it/) e per quello cunicolo il sito ANCI (http://www.anci-aia.it/). Per molte Regioni e Province sono presenti gli elenchi e le

descrizioni delle razze allevate nei loro territori, nonché delle attività di conservazione intraprese; a queste informazioni si accede attraverso i rispettivi siti ufficiali.

Tra le associazioni private: www.agraria.org e www.associazionerare.it

Purtroppo i dati relativi alle razze italiane sono spesso tra loro discordanti; non solo gli elenchi riportano nomi e consistenze spesso molto diverse, ma addirittura alcune razze non trovano corrispondenza negli elenchi del secondo e terzo gruppo (v. oltre).

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

Per l'Italia il sito del MiPAAF – Ministero delle Politiche Agricole, Alimentari e Forestali contiene le schede descrittive delle razze bovine, ovine, caprine, suine e equine (http://www.politicheagricole.it/flex/cm/pages/ServeBLOB.php/L/IT/IDPagina/356); per la Germania il TGRDEU (http://tgrdeu.genres.de/); per la Francia il BGR - Bureau des Ressources Genetiques (http://www.brg.prd.fr), etc.

Il terzo gruppo comprende siti gestiti da Enti di ricerca o Organizzazioni internazionali; in essi sono comprese gran parte delle specie e delle razze allevate nel mondo. Un esempio è quello dell'Università dell'Oklaoma (http://www.ansi.okstate.edu), che riporta informazioni, a diverso livello di dettaglio, su moltissime specie e razze, o il sito sudafricano http://www.embryoplus.com/cattle_breeds.html, che riguarda le razze bovine. O ancora il francese Agroparistech (www.agroparistech.fr) e il tedesco della Fondazione della Facoltà di Veterinaria dell'Università di Hannover (www.tiho-hannover.de). Di grandissimo interesse pratico e applicativo è il sito web della EAAP (European Association for Animal Production – www.eaap.org), che contiene numerosissime informazioni su ricerche e progetti, nonché dati relativi alle razze europee. E' stato per anni la base del sito web DAD-IS della FAO (http://www.fao.org/dad-is/); successivamente è stato ridisegnato e trasformato in FABISnet, un network mondiale con database integrato contenente informazioni destinate a una diffusione globale; tutte le Nazioni aderenti alla FAO hanno, infatti, sottoscritto l'impegno di far confluire i dati delle proprie razze nel sistema DAD-IS (che oggi è il nodo FAO della rete FABISnet), attraverso i "Coordinatori Nazionali per la Gestione delle Risorse Genetiche Animali" di ciascun Paese.

Rispetto agli altri siti web, FABISnet contiene informazioni e dati misurati per più di 200 voci o campi, consente una ricerca per parole chiave, è accessibile in diverse lingue e può interagire con i database nazionali. Attualmente, un network di 13 sistemi informativi nazionali (Austria, Cipro, Georgia, Gran Bretagna, Estonia, Islanda, Irlanda, Italia, Olanda, Polonia, Slovacchia, Slovenia e Svizzera) è connesso con il nodo europeo di EFABIS (http://efabis.tzv.fal.de), a sua volta connesso con il DAD-IS della FAO. Rispetto ad altri siti, il database di FABISnet è senz'altro il più diffuso, accessibile e completo, con dati su 17.000 razze e popolazioni appartenenti a 37 specie di 198 Paesi, comprensivo di descrizioni morfologiche, performance produttive e riproduttive, e dati demografici. Molto interessante è il dato sul livello di rischio di una razza, che viene automaticamente calcolato sulla base del numero di riproduttori maschi e femmine censiti o, se il dato non è disponibile, sulla base della numerosità complessiva della popolazione. Anche se perfezionabile e non completo, FABISnet è senz'altro la più importante risorsa consultabile on line attualmente disponibile.

2. LA PERDITA DI BIODIVERSITA'

In questo capitolo:

La definizione del "grado di minaccia" e il calcolo del rischio di estinzione; precisione e accuratezza dei sistemi di calcolo; altri parametri utili a stimare il rischio di estinzione e di erosione genetica
Il tasso di inbreeding come parametro classificatorio
Le cause di estinzione e di erosione genetica; i modelli e le conclusioni proposte dalla FAO
Le principali cause di estinzione in Italia; l'applicazione dei modelli FAO in Italia
La classificazione FAO delle razze a rischio di estinzione
Altri esempi di classificazione del rischio di estinzione
Una visione generale delle specie e razze a rischio nel mondo secondo la classificazione FAO
La situazione italiana: le razze bovine, ovine, caprine, equine, asinine e suine a rischio in Italia secondo la classificazione FAO

2.1 Il rischio di estinzione e di erosione genetica

Nonostante la presenza di un'ampia diversità genetica tuttora vivente, si stima che circa il 16% di razze locali - ben adattate ad ambienti particolari di allevamento - si sia estinto dall'inizio del secolo (Hall & Ruane, 1993), e un ulteriore 30% sia a rischio di estinzione.
Il rischio di estinzione di una razza dipende dal suo grado di minaccia.
Gandini et al. (2004) definisce il "grado di minaccia" come la "misura della probabilità che una razza, nelle attuali condizioni e aspettative, si possa estinguere". Il grado di minaccia, o lo stato di rischio di una razza, dipende da numerosi fattori, di tipo sia demografico che genetico. La dimensione del rischio è generalmente espressa in termini di tasso di inbreeding nella popolazione (ΔF), che è la misura delle variazioni attese nelle frequenze geniche della popolazione dovute a deriva genetica (Woolliams, 2004). ΔF è generalmente dedotto dalla dimensione effettiva della popolazione (Ne).
All'aumento di Ne, diminuisce ΔF, o più precisamente:
$Ne = 1/(2\,\Delta F)$.
Ne è un valore che, in realtà, viene spesso approssimato sulla base della dimensione della

popolazione maschile (M) e femminile (F) in età riproduttiva, con la seguente equazione (Falconer & MacKay,1996):

Ne = 4MF/(M + F)

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

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

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

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

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

Il monitoraggio del trend delle popolazioni richiede un regolare aggiornamento dei dati demografici. Per consentire un monitoraggio efficace, i dati dovrebbero essere raccolti, soprattutto per le razze a rischio, almeno una volta ad ogni generazione. Ciò significa ogni 8 anni per cavalli e asini, ogni 5 per bovini, bufali, pecore e capre, ogni 3 per suini e ogni 2 per tutte le specie avicole. La frequenza dipende dalla tecnica riproduttiva utilizzata, e andrebbe anch'essa registrata come parte del processo di monitoraggio.

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

è geneticamente distinta dal resto della popolazione mondiale.

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

Secondo la classificazione FAO (2003), le razze sono divise in 7 categorie di rischio (v. box): estinta, critica, critica conservata, minacciata, minacciata conservata, non a rischio, stato sconosciuto. **In queste linee guida si fa riferimento a questio tipo di classificazione.**

BOX 2: LA CLASSIFICAZIONE DELLE RAZZE A RISCHIO DI ESTINZIONE (FAO, 2003)

Le "Secondary guidelines for development on National farm animal genetic resources management plans" della FAO (2003), suddivide le razze in 7 categorie di rischio: estinta, critica, critica conservata, minacciata, minacciata conservata, non a rischio, stato sconosciuto. La classificazione si basa sulla dimensione complessiva della popolazione, sul numero di femmine riproduttive e sul trend della popolazione (in aumento, stabile o in decremento).

Estinta: razza per la quale non è più possibile ricreare la popolazione; l'estinzione è inevitabile, perché non esistono riproduttori maschi (seme) o femmine (oociti) né embrioni.

Critica: razza con meno di 100 femmine riproduttive o con meno (o al massimo) 5 maschi riproduttori, ovvero razza con popolazione complessiva di circa 100 animali, ma in diminuzione, e percentuale di femmine allevate in purezza inferiore all'80%.

Critica conservata: condizioni identiche a quelle di una razza in situazione critica, ma per la quale sono attivi programmi di conservazione, ovvero le popolazioni sono mantenute da compagnie commerciali o da istituti di ricerca.

Minacciata: razza con un numero totale di femmine compreso tra 100 e 1000, o con un numero di maschi inferiore o pari a 20 ma maggiore di 5; ovvero razza con popolazione complessiva di circa 100 animali ma in aumento, e percentuale di femmine allevate in purezza maggiore dell'80%; ovvero razza con popolazione complessiva di circa 1000 animali, ma in decremento, e percentuale di femmine allevate in purezza inferiore all'80%.

Minacciata conservata: condizioni identiche a quelle di una razza minacciata, ma per la quale sono attivi programmi di conservazione, ovvero le popolazioni sono mantenute da compagnie commerciali o da istituti di ricerca.

Non a rischio: razza con numero totale di femmine e maschi riproduttori maggiore rispettivamente di 1000 e 20; ovvero razza con popolazione complessiva di circa 1000 animali, in aumento e con una percentuale di femmine allevate in purezza pari a circa il 100%.

Stato sconosciuto: la consistenza della popolazione non è nota e necessita di indagini conoscitive.

Esistono altre classificazioni delle razze a rischio. Quella sviluppata per la EAAP-AGBD (European Association of Animal Production – Animal Genetic Data Bank), e attualmente utilizzata dall'EFABIS (European Farm Animal Biodiversity Information System (http://efabis.tzv.fal.de/), riguarda le razze di bufali, bovini, capre, pecore, cavalli, asini, suini e conigli di 46 Paesi europei. Questa classificazione si basa sul rischio genetico, inteso come tasso cumulativo atteso di inbreeding in 50 anni (ΔF–50). (v. box).

BOX 3: LA CLASSIFICAZIONE DELLE RAZZE A RISCHIO SULLA BASE DEL TASSO DI INBREEDING (ΔF-50) (EAAP, 1998)

Categoria	**ΔF-50**
Molto minacciata, critica	> 40%
Minacciata	26 – 40%
Poco minacciata	16 – 25%
Potenzialmente minacciata	5 – 15%
Non minacciata	< 5%

Nota: Una razza può passare da una categoria all'altra, anche in base ad altri parametri: rischio di incrocio con altre razze, trend negativo della popolazione femminile, o basso numero di mandrie con riproduttori.

Un altro esempio di classificazione è quello proposto dalla ONG Rare Breeds International. Il sistema, molto semplificato, è basato sul numero di femmine registrate, allevate in purezza e

utilizzate per la riproduzione; le razze sono classificate in 4 categorie: critica, minacciata, vulnerabile e a rischio (Alderson, 2010).

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

Secondo Rege & Gibson (2003), le principali cause di estinzione e di erosione genetica sono da attribuire all'uso di germoplasma non autoctono o esotico, ai cambiamenti nei sistemi di allevamento e produzione, ai mutamenti dei gusti dei consumatori per motivi socio-economici, e a cause naturali (siccità, epidemie, etc.). Tisdell (2003) e la FAO (2007) riportano, tra le cause di estinzione ed erosione genetica, la specializzazione produttiva, l'introgressione genetica, lo sviluppo e la diffusione di nuove tecnologie e biotecnologie, l'instabilità politica e i disastri naturali.

Nel 2005 e nel 2009 la FAO ha tentato di analizzare, descrivere e valutare le cause di estinzione e di erosione genetica delle razze domestiche, attraverso due questionari distribuiti attraverso il network DAD-Net.

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

1) fattori economici e di mercato
2) politiche di settore inadeguate
3) instabilità socio-politica
4) carenza di istituzioni funzionanti
5) strategie di conservazione inadeguate
6) malattie e controllo delle malattie
7) mancanza di forza lavoro
8) perdita di ambiente di allevamento
9) sostituzione delle attitudini produttive delle razze
10) cambiamenti climatici
11) disastri naturali

12) uso di tecnologie riproduttive

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

Dai risultati del questionario si possono riassumere alcune considerazioni generali:

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

2.2 Lo scenario internazionale

Nei Paesi dove prevale la zootecnia intensiva, ed in particolare in Nord America e in Europa, circa il 40% delle razze allevate è a rischio di estinzione, e si stima che il 30% delle razze presenti a inizio secolo sia oggi definitivamente scomparso (Hammond & Leitch, 1996). Nord America ed Europa sono caratterizzate da sistemi di allevamento intensivi con pochissime razze altamente

specializzate. In Europa, le bovine di razza Frisona costituiscono oltre il 60% del patrimonio bovino totale allevato; la maggior parte di queste discende da un numero limitassimo di tori. Nel 2000, ad esempio, di circa 5.000 maschi riproduttori nati e testati in 18 Paesi europei, più della metà erano figli di soli 5 tori. Oltre all'estinzione di molte razze locali, la specializzazione comporta quindi anche un grave rischio di perdita di diversità all'interno di quelle maggiormente allevate.

Nonostante questi rischi siano ormai ampiamente dimostrati, sono numerosi i tentativi di trasferimento di razze specializzate e di tecniche di allevamento intensive nei Paesi in Via di Sviluppo. Gli effetti di queste iniziative sono stati molto spesso disastrosi. In Africa, ad esempio, l'importazione dall'Europa o dal Nord America di razze selezionate - ma poco o per niente adattabili agli ambienti locali - non solo ha accelerato la perdita di biodiversità (si stima che il 22% delle razze bovine autoctone si sia estinto negli ultimi 100 anni, e che 27 siano oggi a rischio), ma ha anche causato gravi danni sociali alle popolazioni, da sempre abituate ad allevare razze locali, resistenti alle malattie e utilizzate per la triplice attitudine (latte, carne e lavoro).

Generalizzando, a livello mondiale la perdita di biodiversità nel comparto zootecnico è in gran parte attribuibile a cambiamenti nell'economia e nei mercati locali o globali; la conseguenza di ciò è il progressivo abbandono delle tradizionali attività di allevamento e, conseguentemente, la scomparsa delle razze autoctone.

Di seguito sono riportati i dati relativi alle razze allevate nel mondo e al loro stato di rischio secondo la classificazione FAO (FAO, 2007).

Tabella 2: Mammiferi – Razze locali censite

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

Conigli	11	16	125	14	5	0	0	171
TOTALE	**508**	**1246**	**1519**	**380**	**194**	**108**	**113**	**4068**

Tabella 3: Mammiferi – Stato di rischio delle razze

	Africa	Asia	Europa e Caucaso	America Latina e Caraibi	Vicino e Medio Oriente	Nord America	Sud Ovest Pacifico	Mondo
Sconosciuto	384	469	459	304	107	79	2	1882
Critica	13	23	182	9	0	0	0	248
Crit. Min.	4	51	4	0	0	0	0	59
Minacciata	26	50	249	21	6	22	11	385
Min. mant.	4	3	142	9	0	1	1	160
Estinta	35	45	481	21	5	49	6	643
TOTALE	**466**	**641**	**1517**	**364**	**118**	**151**	**20**	**3376**

Tabella 4: Uccelli – Razze locali censite

	Africa	Asia	Europa e Caucaso	America Latina e Caraibi	Vicino e Medio Oriente	Nord America	Sud Ovest Pacifico	Mondo
Polli	89	243	608	84	24	12	17	1077
Anatre	14	76	62	22	4	1	7	186
Tacchini	11	11	29	11	3	11	2	78
Oche	10	39	100	5	2	0	2	158
Muschiate	7	10	10	3	1	0	3	34
Pernici	2	8	3	0	0	0	0	13
Fagiani	0	7	5	6	0	0	0	18
Piccioni	7	12	30	7	8	1	2	67
Struzzi	6	2	4	0	0	0	1	13
TOTALE	**146**	**408**	**851**	**138**	**42**	**25**	**34**	**1644**

Tabella 5: Uccelli – Stato di rischio delle razze

	Africa	Asia	Europa e	America	Vicino e	Nord	Sud Ovest	Mondo

			Caucaso	Latina e Caraibi	Medio Oriente	America	Pacifico	
Sconosciuto	113	214	305	120	33	1	23	809
Critica	7	8	204	1	0	15	0	235
Crit. Min.	0	6	12	2	0	0	0	20
Minacciata	10	23	220	5	0	7	4	269
Min. mant.	0	3	45	7	0	0	0	55
Estinta	2	5	39	0	0	1	0	47
TOTALE	**132**	**259**	**825**	**135**	**33**	**24**	**27**	**1435**

2.3 Lo scenario italiano

In Italia, a fronte di questo cospicuo numero di razze locali ancora presenti, occorre ricordare che molte di esse si trovano da tempo in una situazione numerica critica, e il rischio di estinzione è, per molte, tuttora elevato. Anche in Italia, infatti, a partire dagli anni ’50 si è assistito ad un abbandono degli indirizzi poli-produttivi - caratteristici delle razze locali – a favore di quelli monoattitudinali, tipici delle razze selezionate cosmopolite. Come conseguenza di questo cambiamento, il numero di razze autoctone allevate è progressivamente diminuito (si calcola che alcune decine di razze presenti agli inizi del ‘900 siano oggi estinte), e per quelle superstiti la numerosità ha subito un drastico calo.

Per le razze bovine, ad esempio, 12 contano meno di 1.000 femmine; secondo la griglia FAO (DAD-IS), due (Sardo Bruna e Siciliana) sono classificate come minacciate, 5 (Agerolese, Garfagnina, Bianca Val Padana, Pisana, Pustertaler) sono minacciate con programmi di conservazione attivi, e 5 (Burlina, Cabannina, Calvana, Montana e Pontremolese) sono considerate critiche con programmi attivi.

Gran parte delle popolazioni autoctone a rischio di estinzione, in particolare della specie ovina e caprina, sopravvive in ambienti caratterizzati da condizioni pedo-climatiche e ambientali sfavorevoli alla diffusione di razze cosmopolite e selezionate, dimostrando capacità di adattamento peculiari e interessanti per futuri utilizzi anche su razze più diffuse.

In altri casi, la sopravvivenza di queste razze è da ricercare in fattori legati alla tradizione e alla cultura contadina locale, che ha garantito la salvaguardia, sino ai giorni nostri, di molte popolazioni autoctone.

E’ solo recentemente che i cambiamenti nel gusto e nella domanda dei consumatori hanno offerto nuove opportunità di rilancio dei prodotti locali e, conseguentemente, di valorizzazione di alcune razze italiane. Oggi si può affermare che il recupero del legame indissolubile tra ambiente di allevamento, razza autoctona e prodotto locale costituisce, per moltissime popolazioni, lo strumento più sicuro di conservazione delle RGA.

L’accresciuta consapevolezza di allevatori e consumatori dell’importanza di conservare la biodiversità è stata accompagnata dall’applicazione, a livello nazionale e regionale, dei vari Regolamenti dell’Unione Europea in materia di conservazione delle RGA. Gli incentivi per l’allevamento in purezza di razze autoctone hanno, in molti casi, aiutato la salvaguardia e il rilancio di popolazioni autoctone; in altri casi, tuttavia, queste misure si sono rivelate inefficaci, dimostrando i limiti di una strategia di conservazione basata esclusivamente sulla scarsa numerosità di una razza.

Nelle tabelle sottostanti è riportato l’elenco delle razze italiane di Mammiferi estinte o a rischio di estinzione secondo la classificazione FAO (FAO, 2007). L’elenco è stato realizzato dal National Focal Point della FAO, ed è in costante revisione ed aggiornamento.

Come già ricordato precedentemente, il nome e lo stato di rischio di alcune razze presenti in questo elenco non trova completa corrispondenza con altre fonti documentali (MiPAAF, AIA, PSR regionali, Atlante delle razze italiane, siti web specifici, etc.), a causa della mancanza, allo stato attuale, di un elenco unico e condiviso delle razze italiane.

Per quanto riguarda gli Uccelli, l’elenco della FAO è carente, e riporta esclusivamente la razza di polli “Valdarno” tra quelle “minacciate mantenute”.

Tabella 6: Elenco delle razze bovine estinte o a rischio di estinzione (FAO, 2007)

BOVINI				
Estinte	**Critica**	**Critica Manten.**	**Minacciata**	**Minac. Mantenuta**
Abruzzese	Chianino Maremmana	Burlina	Sardo Bruna	Agerolese
Bardigiana	Pasturina	Cabannina	Siciliana	Garfagnina
Calabrese	Varzese – Ottonese - Tortonese	Calvana		Modenese
Camandona		Montana		Pisana
Carniella		Pontremolese		
Di Demonte				

Friulana				
Grigia Val d'Adige				
Grigia Val di Fiemme				
Grossetana				
Lucana				
Ossolana				
Perugina				
Pugliese del Basso Veneto				
Romana				
Valdichiana				
Valdarno				
Valtarese				

Tabella 7: Elenco delle razze caprine estinte o a rischio di estinzione (FAO, 2007)

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

Tabella 8: Elenco delle razze ovine estinte o a rischio di estinzione (FAO, 2007)

OVINI				
Estinta	**Critica**	**Critica Mantenuta**	**Minacciata**	**Minac. Manten.**

Borgotarese	Bellunese	Altamurana	Brogne	Bagnolese
Cadorina	Brentegana	Garfagnina bianca	Di Corniglio	Di Corteno
Carapellese	Brianzola		Di Garessio	Lamon
Carnica	Cornella bianca		Istriana	
Cinta	Marrane		Nobile di Badia	
Ciuta	Matesina		Pagliarola	
Cornetta	Plezzana		Pomarancina	
Friulana	Rosset		Saltasassi	
Gentile di Calabria	Savoiarda		Sampeireina	
Gentile di Lucania	Turchessa		Trimeticcia di Segezia	
Livo	Varesina		Villonesser schaf	
Maremmana				
Noventana				
Padovana				
Pavullese				
Sciara				
Urbascia				
Zucca Modenese				

Tabella 9: Elenco delle razze asinine estinte o a rischio di estinzione (FAO, 2007)

ASINI				
Estinta	**Critica**	**Critica Mant.**	**Minacciata**	**Minac. Manten.**
Cariovilli	Albino		Dell'Amiata	
Grigio viterbese	Baio Lucano		Martina Franca	
Romagnola	Dell'Asinara		Ragusano	
Sant'Alberto	Di Pantelleria		Sardo	
	Grigio Siciliano			
	Romagnolo			
	Sardo Grigio Crociato			

Tabella 10: Elenco delle razze equine estinte o a rischio di estinzione (FAO, 2007)

EQUINI				
Estinte	**Critica**	**Critica Manten.**	**Minacciata**	**Minac. Manten.**
Cremonese	Avelignese tradizionale		Del Catria	

Pugliese	Cavallino di Monterufoli		Del Ventasso	
	Napoletano		Della Giara	
	Persano		Pony dell'Esperia	
	Samolaco		Salernitano	
			Sanfratellano	
			Tolfetano	

Tabella 11: Elenco delle razze suine estinte o a rischio di estinzione (FAO, 2007)

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

3. LA CONSERVAZIONE E LA VALORIZZAZIONE DELLE RGA

In questo capitolo:

La definizione di “conservazione”; perché conservare le RGA e gli obiettivi di conservazione

Le politiche di conservazione. Lo scenario internazionale: dagli anni ’60 alla Convenzione di Rio de Janeiro sulla biodiversità; altre convenzioni internazionali di conservazione della biodiversità in agricoltura e delle RGA

La conservazione della biodiversità e delle RGA in Europa; dalla riforma della PAC ad Agenda 2000; i principali Regolamenti CE

La conservazione della biodiversità e delle RGA in Italia. Le principali iniziative nazionali: dai Progetti Finalizzati del CNR degli anni ’70 ai recenti programmi del MiPAAF e del MIUR. Il National Focal Point della FAO e il ConsDABI

Le iniziative regionali di conservazione e di valorizzazione delle razze italiane. I PSR, i POR e i Programmi Leader+. Il nuovo PSN (2007-2013): applicazione ed efficacia delle azioni mirate, concertate e di accompagnamento. Altre iniziative di studio, conservzione e valorizzazione finanziate dalle regioni

Ricerca e sperimentazione: il ruolo del ConsDABI, della Associazione Italiana Allevatori, del CRA, delle Università, di altri Enti di ricerca e delle associazioni private.

Per “conservazione” si intende una gestione corretta delle risorse della biosfera da parte dell’uomo, in modo che, da un loro uso sostenibile, se ne possano ricavare i maggiori benefici possibili, sia per le generazioni attuali che per quelle future. “Conservazione” è quindi un concetto che include, oltre a quello di salvaguardia, quelli di mantenimento, uso sostenibile, recupero e valorizzazione delle risorse naturali (IUCN-UNEP-WWF and FAO-UNESCO, 1980).

In ambito agricolo, la conservazione delle RGA è la somma di tutte le azioni e attività intraprese per una gestione corretta dell’insieme della diversità genetica animale esistente sulla Terra, al fine di garantirne il mantenimento e l’utilizzo nel tempo.

E’ ormai ampiamente riconosciuto che un’efficace attività di conservazione delle RGA necessiti innanzitutto, sia a livello globale che locale, della definizione di obiettivi precisi. Questi sono così

riassumibili:

- la definizione condivisa del concetto di razza;
- l'identificazione e l'elenco delle razze esistenti, mediante descrizione morfologica e caratterizzazione molecolare, al fine di conoscerne l'unicità genetica, le potenzialità produttive attuali e future, l'importanza a fini scientifici, economici, ecologici, storici e culturali;
- il monitoraggio delle popolazioni, l'analisi statistica del loro status numerico e il rapporto periodico del loro stato di rischio;
- la facilitazione dell'impiego del maggior numero di razze (l'utilizzo di una razza è il miglior strumento per la sua salvaguardia, anche in termini economici);
- il prelievo e la conservazione di materiale genetico (seme, oociti ed embrioni in particolare) da utilizzare, se necessario, in futuro;
- l'avvio di programmi di educazione e formazione sulla genetica delle popolazioni e sulle tecniche di campo;
- l'avvio di politiche locali e nazionali, di sostegno all'allevamento delle razze locali;
- il coinvolgimento del maggior numero di attori, al fine di rendere il più efficace possibile i programmi di conservazione.

3.1 Lo scenario internazionale

Le prime politiche in materia di tutela della biodiversità ed i relativi strumenti normativi hanno avuto origine, a livello internazionale, attraverso lo strumento della Convenzione Internazionale, da recepire nelle legislazioni nazionali (sono attualmente vigenti 28 convenzioni principali, più i protocolli attuativi). Tali convenzioni, inquadrabili per ambiti geografici (contesti regionali, europei, internazionali) e per fasi storiche (prima generazione fino agli anni '60, seconda generazione anni '70 e '80, terza generazione conseguenti alla Conferenza di Rio, 1992), costituiscono elementi fondamentali per le politiche comuni, in tema di conservazione della natura e della biodiversità e rappresentano i presupposti delle politiche comunitarie e nazionali. Tra le numerose convenzioni riguardanti la tutela della biodiversità, le principali sono le seguenti:

- Convenzione relativa alla conservazione della fauna e della flora allo stato naturale, Londra 08/11/1933;
- Convenzione internazionale per la protezione degli uccelli, Parigi 18/10/1950;
- Convenzione relativa alle zone umide di importanza internazionale, Ramsar 02/02/1971;
- Convenzione sulla protezione del patrimonio culturale e naturale mondiale, Parigi, 16/11/1972;
- Convenzione sul commercio internazionale delle specie di flora e di fauna selvatiche minacciate di estinzione, Washington 03/03/1973;
- Convenzione per la protezione del Mediterraneo, Barcellona 16/02/1976;
- Convenzione sulla conservazione delle specie migratrici appartenenti alla fauna selvatica, Bonn 23/06/1979;
- Convenzione relativa alla conservazione della vita selvatica e dell'ambiente naturale in Europa, Berna 19/09/1979;
- Convenzione per la protezione delle Alpi, Salisburgo 07/11/1991;
- Convenzione sulla diversità biologica, Rio de Janeiro 5/06/1992;
- Convenzione europea sul paesaggio, Firenze 20/10/2000.

La Convenzione sulla diversità biologica, approvata nella Conferenza di Rio del 1992 (3-14 giugno 1992) delle Nazioni Unite sull'Ambiente e lo Sviluppo, costituisce il caposaldo di gran parte delle politiche di conservazione dell'Unione Europea e dell'Italia. Il 25 ottobre 1993 (decisione 93/626/CEE) la Comunità Europea approva ufficialmente la Convenzione, nella considerazione che essa è "finalizzata ad anticipare, prevenire e combattere alla fonte le cause di significativa riduzione o perdita della diversità biologica, in considerazione del suo valore intrinseco e dei suoi valori ecologici, genetici, sociali, economici, scientifici, educativi, culturali, ricreativi ed estetici". La Convenzione è stata ratificata dall'Italia con legge 14.2.1994, n. 124.

Nel 2002, a distanza di dieci anni dalla Conferenza di Rio, nel corso del Summit di Johannesburg sullo Sviluppo sostenibile, la comunità internazionale ribadisce la necessità urgente di intensificare e coordinare gli sforzi, per arrestare, o perlomeno ridurre in misura significativa, la perdita di biodiversità, al più tardi entro il 2010. Tale iniziativa globale, che è stata divulgata con il nome di "Countdown 2010", fa riferimento all'impegno siglato nel lontano 1987 con il "Rapporto

Brundtland", che rappresenta l'eredità che le generazioni presenti intendono lasciare a quelle future.

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

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

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

In Europa, il trasferimento al mondo agricolo e allevatoriale delle politiche di conservazione della biodiversità avviene in gran parte attraverso Regolamenti Comunitari.

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

Nel 1999 vengono emanati i Regolamenti CE 1251/99 e CE 1254/99, che prevedono sostegni alla realizzazione di forme di agricoltura ecocompatibile (sovrapponibili ad altre misure agro-ambientali), il mantenimento di pratiche tradizionali di allevamento, incentivi per la riduzione della densità dei capi bovini e altre indicazioni che, nel complesso, si rivelano efficaci sulle specie selvatiche e, in moti casi, anche sulle razze autoctone.

Sempre del 1999 è il Regolamento CE 1257/99 relativo ai PSR (Piani di Sviluppo Rurale), che individua – tra le varie misure – la "cross-compliance", ovvero l'aiuto finanziario subordinato a requisiti minimi di gestione dell'ambiente. Come negli altri, anche in questo Regolamento viene incentivata la conservazione e la valorizzazione delle razze autoctone a rischio di estinzione, anche

attraverso l'impiego di sistemi di allevamento estensivi, di sistemi di trasformazione e vendita di prodotti locali di origine animale e di prodotti biologici, etc.

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

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

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

BOX 4: LA CONVENZIONE DI RIO DE JANEIRO

Nel "Earth Summit" organizzato dalle Nazioni Unite a Rio de Janeiro dal 3 al 14 giugno 1992 (UNCED) vengono definiti, a livello planetario, i presupposti per coniugare ambiente e sviluppo sulla base del principio della sostenibilità.

I 168 Paesi che firmano la "Convenzione sulla Biodiversità Biologica" si impegnano a contrastare l'erosione della biodiversità, dovuta sia a fattori locali che ai cambiamenti globali.

La Convenzione, entrata ufficialmente in vigore nel dicembre del 1993, ha tre obiettivi principali (art. 1):

- la conservazione della biodiversità;
- l'uso durevole delle sue componenti;
- la giusta ed equa ripartizione dei benefici derivanti dall'utilizzo delle risorse genetiche.

Per realizzare questi obiettivi è necessario identificare le componenti della biodiversità e le specie

maggiormente in pericolo, attraverso un continuo monitoraggio, e attivare misure di conservazione *in situ* (art. 8) ed *ex situ* (art. 9).

Viene riconosciuto che lo scambio di informazioni ("transazione") è uno strumento fondamentale per promuovere ed agevolare la cooperazione tecnico-scientifica (art. 18) a livello internazionale, nazionale e locale. Ciò avviene tramite il CHM (Clearing House Mechanism), vero e proprio centro di scambi di informazioni, che fornisce dati di provenienza nazionale sugli ecosistemi, le specie e le risorse genetiche, sulla conservazione della natura, sul trasferimento tecnologico e la cooperazione scientifica, sui brevetti, su piani e strategie nazionali, etc.

Il meccanismo di funzionamento e di applicazione della Convenzione di Rio de Janeiro si basa su periodiche "Conferenze delle Parti", che possono anche istituire organi aggiuntivi di controllo; tra queste vi è il SBSTTA (Subsidiary Body on Scientific, Technical and Techonological Advice), organo di valutazione delle misure di conservazione intraprese da ogni Paese firmatario, che può anche identificare e suggerire nuove e più efficienti tecniche di salvaguardia.

Due sono le fonti finanziarie della Convenzione: su base volontaria e su base obbligatoria. Nei confronti dei Paesi più poveri sono però previste forme di sostegno da parte dei Paesi più ricchi attraverso il fondo GEF (Global Environmental Facility).

L'Unione Europea ha approvato la Convenzione il 25 ottobre 1993 (Decisione del Consiglio 93/626/CEE). Con la legge n. 124 del 14/02/1994, l'Italia ha ratificato e dato esecuzione alla Convenzione sulla Biodiversità; il 15/5/1997 ha approvato il piano nazionale per la biodiversità con D.M. 97/5568.

3.2 Lo scenario italiano

3.2.1 Il quadro normativo e i ruoli istituzionali

L'analisi del quadro normativo nazionale e regionale e delle principali attività di conservazione e di ricerca, avviate in Italia nel campo della conservazione delle RGA, sono il presupposto per comprendere l'evoluzione degli orientamenti e degli sviluppi attesi in questo ambito.

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

internazionali; formulazione di linee guida per la gestione sostenibile delle risorse naturali; coordinamento delle attività relative alla attivazione e gestione del piano nazionale della biodiversità.

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

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

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

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

Seguono, nell'ordine:

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

di interesse agrario del territorio emiliano-romagnolo");

- Basilicata (L.R. n. 14 ottobre 2008, n. 26: "Tutela delle risorse genetiche autoctone animali e vegetali di interesse agrario");
- Campania: proposta di legge "Tutela delle risorse genetiche di interesse agrario";
- Sardegna: proposta di legge "Tutela, conservazione e valorizzazione dell'agrobiodiversità e della biodiversità vegetale della Sardegna";
- Sicilia: è stata presentata una bozza di legge sulla tutela dell'agrobiodiversità;
- Calabria: è stata presentata una bozza di legge sulla tutela della biodiversità in agricoltura.

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

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

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

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

Ad esempio, la Regione Lazio, tramite ARSIAL e ConSDABI, ha avviato una procedura di censimento e monitoraggio costante delle risorse genetiche regionali che, previo parere di una specifica Commissione Tecnico-Scientifica, possono venire iscritte al Registro Volontario Regionale e transitare nell'elenco del Piano di Sviluppo Rurale regionale dopo che è stato definito il loro areale di conservazione *in situ* e il grado di rischio di erosione.

Questa attività ha permesso sinora di catalogare e di tutelare 12 nuove risorse genetiche animali laziali, di cui 6 sono state iscritte nei rispettivi Registri Anagrafici. Tutti coloro che allevano queste razze vengono invitati ad iscriversi alla Rete di Conservazione e Sicurezza, che raccoglie soggetti pubblici e privati interessati alla conservazione delle risorse genetiche autoctone regionali.

3.2.2 Iniziative nazionali

A partire dagli anni '70 (ben prima, quindi, della Convenzione di Rio de Janeiro), in Italia sono state avviate le prime ricerche, coordinate su scala nazionale, sulle razze-popolazioni autoctone.

Il Progetto Finalizzato del CNR – Consiglio Nazionale delle Ricerche – "Difesa delle risorse genetiche delle popolazioni animali", nel 1983 ha portato alla realizzazione degli atlanti etnografici delle popolazioni ovine e caprine e delle popolazioni bovine allevate in Italia. Queste pubblicazioni costituiscono la base conoscitiva delle RGA italiane, e forniscono le prime ed essenziali conoscenze sulla struttura biologica e genetica delle popolazioni allora rintracciabili. Grazie ad esse, in seguito sono stati in molti casi formulati piani e progetti di intervento, miranti alla difesa e alla valorizzazione delle razze autoctone.

Nel 1985 il Ministero delle Politiche Agricole, Alimentari e Forestali istituisce il Registro Anagrafico (R.A.) delle popolazioni bovine autoctone e gruppi etnici a limitata diffusione, affidandone successivamente la gestione all'AIA - Associazione Italiana Allevatori, in base a quanto previsto dalla Legge 30/91. Scopo dei R.A. è garantire la salvaguardia e la valorizzazione delle popolazioni iscritte, attraverso il monitoraggio della situazione demografica, che viene effettuato dalle APA – Associazioni Provinciali Allevatori. Queste provvedono anche alla messa a punto di schemi di riproduzione, operando spesso in stretta collaborazione con Istituti ed Enti di ricerca. Un apposito Ufficio Studi dell'AIA elabora anche strategie di contenimento della consanguineità ed elabora i valori degli indici genetici delle razze particolarmente minacciate.

Sempre il MiPAAF, nel 1990 avvia il "Programma per la raccolta, la catalogazione, la caratterizzazione e la conservazione delle risorse genetiche delle specie italiane di interesse zootecnico e per il coordinamento nazionale delle azioni di salvaguardia delle risorse genetiche animali", che risponde all'esigenza di fare un inventario delle azioni di conservazione avviate negli anni precedenti, o all'epoca in corso, da parte di Regioni, Università ed Enti di ricerca.

Tra queste azioni vanno ricordate quelle svolte dall'ISZ - Istituto Sperimentale per la Zootecnia,

oggi CRA – Centro di Ricerca per la produzione delle carni e il miglioramento genetico, che sin dagli anni ’80 ha esaminato la consistenza e il trend di alcune razze italiane, accertandone lo stato di rischio. L’attività del CRA-ISZ è proseguita sino ai giorni nostri, con lo svolgimento di vari progetti, tra cui quello denominato “Uso strategico della biodiversità in funzione della qualità dei prodotti: basi genetiche della qualità del grasso del latte nei ruminanti” finanziato dal MiPAAF.

Nella prima metà degli anni ’90, il governo italiano, in ottemperanza agli impegni sottoscritti a Rio de Janeiro, partecipa al Programma Globale per la gestione delle Risorse Genetiche Animali di Interesse Zootecnico (The Global Strategy for the Management of Farm Animal Genetic Resources).

In quegli anni, a Circello (BN), entra in attività il National Focal Point (NFP) italiano, ufficialmente accreditato presso la FAO nel 1994, istituzione che ha il compito di coordinare le attività di tutela della biodiversità animale in senso lato e di trasferire i risultati alle strutture centrali della FAO e dell’EAAP – European Association for Animal Production. Con il NFP nasce contemporaneamente il ConSDABI – Consorzio per la Sperimentazione, Divulgazione e Applicazione di Biotecniche Innovative, che realizza attività di salvaguardia e di conservazione *in situ* ed *ex situ* dei TGA (Tipi Genetici Autoctoni) e dei TGAA (Tipi Genetici Autoctoni Antichi) a limitata diffusione.

Oggi la sede del NFP è stata trasferita a Legnaro (PD), e continua il monitoraggio delle razze autoctone a rischio e l’aggiornamento dei database EAAP ed EFABIS con la collaborazione di AIA, ARA, APA e Assessorati Regionali all’Agricoltura.

Negli anni successivi, l’attuazione della normativa internazionale e comunitaria ha dato luogo a numerose altre iniziative di carattere tecnico-scientifico.

E’ stato innanzitutto il Ministero delle Politiche Agricole, Alimentari e Forestali che si è attivato per arrestare la progressiva perdita di biodiversità, attivando interventi di salvaguardia delle RGA del Paese e razionalizzando quelli già in atto nel settore, favorendo sinergie, sia in termini di azioni di conservazione che di disponibilità finanziarie.

Anche il MURST (Ministero per l'Università e per la Ricerca Scientifica e Tecnologica), a partire dal 1994, avvia dei progetti di studio e valorizzazione delle RGA, a cui si affiancano i primi progetti finanziati dalle regioni con i POP (Programmi Operativi Plurifondo regionali) e con i POM (Programmi Operativi Multiregionali). Pochi anni dopo, oltre a nuovi progetti MURST, CNR e CRA, partono le “Concerted Action” (1997 e 1998) dell’Unione Europea, gestite dalle Università. Da fine

anni ’90 ad oggi, il numero di iniziative di carattere nazionale per la conservazione del germoplasma animale aumenta enormemente; anche gli ambiti e le fonti di finanziamento si diversificano: da EU GEN.RES. a EU-INCO DEV., da Interreg a LIFE, etc.

La conservazione delle RGA risulta però sempre più onerosa e complessa di quanto avviene per le risorse genetiche vegetali. Nonostante gli sforzi sinora compiuti, in campo zootecnico sono ancora carenti, o talora assenti, alcuni servizi essenziali per la conservazione delle razze a rischio da parte di strutture pubbliche e/o di ricerca sovraregionali. Attualmente è particolarmente sentita la necessità di una banca nazionale del germoplasma animale, che – come riportato nel Piano Nazionale sulla Biodiversità di Interesse Agricolo- dovrebbe essere territorialmente distribuita in 2 o 3 aree del Paese ed essere in grado di offrire materiale seminale agli allevatori di razze a rischio; è anche sentita la necessità di un sistema coordinato di informazione e promozione dei prodotti locali o tipici ottenuti da razze autoctone, valorizzando, da una parte, il legame socio-culturale che collega le comunità degli allevatori e le popolazioni animali locali e, dall’altra, riducendo il differenziale di redditività con le razze cosmopolite.

3.2.3 Iniziative regionali

Le Regioni hanno attuato le politiche di sviluppo rurale attraverso diversi programmi operativi, riconducibili a tre forme di intervento: Piani di Sviluppo Rurale (PSR), Programmi Operativi Regionali (POR) e Programmi Leader+.

Nel periodo 2000-2006 sono stati realizzati 50 programmi, di cui 21 PSR, 7 POR e 22 Programmi Leader+; sono stati erogati quasi 13 miliardi di euro, di cui oltre 9 miliardi attraverso i PSR, poco più di 3 miliardi attraverso i POR e circa 490 milioni di euro attraverso i Leader+. Un terzo circa di questi fondi, quasi 4 miliardi, sono stati destinati al sostegno delle misure a basso impatto ambientale e alla salvaguardia della biodiversità e del paesaggio (agroambiente).

Per il periodo successivo (2007-2013), il Piano Strategico Nazionale (PSN) ha individuato, in modo chiaro, gli ambiti di intervento considerati più significativi per la strategia nazionale per la biodiversità, assegnando oltre il 40% delle risorse disponibili a interventi direttamente riconducibili al settore ambientale, al cui interno la protezione della biodiversità assume un'importanza fondamentale. A tal fine, sono stati destinati più di 7 miliardi di euro in termini di risorse pubbliche, rispetto ai 16,7 miliardi di euro complessivamente disponibili.

Il Piano prevede sostegni economici per: a) allevare razze animali locali originarie della zona e minacciate di abbandono; b) preservare risorse genetiche vegetali che siano naturalmente adattate alle condizioni locali e regionali e siano minacciate di erosione genetica.

Lo stesso stabilisce che le operazioni di conservazione sovvenzionabili comprendano:

a) azioni mirate: volte a promuovere la conservazione *ex situ* e *in situ*, la caratterizzazione, la raccolta e l'utilizzazione delle risorse genetiche in agricoltura, nonché la compilazione di inventari basati sul web, sia delle risorse genetiche attualmente conservate *in situ*, comprese le attività di conservazione delle risorse genetiche *in situ* nell'azienda agricola, sia delle collezioni *ex situ* (banche dei geni) e delle banche dati;

b) azioni concertate: volte a promuovere, tra gli organismi competenti degli Stati membri, lo scambio di informazioni in materia di conservazione, caratterizzazione, raccolta e utilizzazione delle risorse genetiche in agricoltura nella Comunità;

c) azioni di accompagnamento: informazione, diffusione e consulenza, con la partecipazione di organizzazioni non governative e di altri soggetti interessati, corsi di formazione e preparazione di rapporti tecnici.

Inoltre, il regolamento definisce cosa si intende per conservazione *in situ, in situ* nell'azienda agricola, *ex situ*, e collezione *ex situ*.

Da una ricognizione svolta nel 2008, dei 21 PSR 2007-2013 regionali, risulta che ben 19 Regioni/Province Autonome hanno previsto, all'interno della misura 214 "Pagamenti agroambientali", almeno un intervento relativo alla salvaguardia del patrimonio di razze animali e/o varietà vegetali autoctone minacciate di abbandono e/o di erosione genetica. Il sostegno per la conservazione delle risorse genetiche in agricoltura è stato inserito, invece, in 13 PSR (62%).

L'azione relativa all'allevamento di razze animali locali originarie della zona e minacciate di abbandono è stata inserita da 17 Regioni (80%). Di queste, poco più della metà (9) prevede due tipologie di interventi:

- sostegno agli allevatori delle razze minacciate di abbandono;
- sostegno alla conservazione delle risorse genetiche (*ex situ*), i cui beneficiari sono Enti ed agenzie pubbliche, secondo l'art. 39 par. 5 del Reg. (CE) 1698/05.

Quest'ultima azione è stata inserita da 4 Regioni in un intervento specifico, che prevede il sostegno di "progetti comprensoriali integrati", che includono anche le risorse genetiche vegetali,

e i cui beneficiari sono sempre Enti pubblici, in accordo spesso con le comunità rurali.

La restante parte dei PSR (8) prevede solo la prima azione, i cui beneficiari devono rispettare essenzialmente i seguenti impegni:

- allevare le razze in purezza per il numero di UBA (unitá bestiame adulto) per il quale è stato riconosciuto l'aiuto, secondo i disciplinari dei Libri Genealogici e/o Registri Anagrafici, per tutto il periodo di programmazione;
- iscrivere gli animali ai relativi Libri Genealogici e/o Registri Anagrafici;
- incrementare il numero di capi per quali è stato chiesto il sostegno.

Oltre alle azioni previste dai PSR, molte regioni hanno avviato e finanziato iniziative di studio e di ricerca, partendo dalle specifiche emergenze del proprio territorio, e giungendo a una prima catalogazione sistematica del germoplasma animale autoctono. Oggi i risultati di queste attività sono consultabili in pubblicazioni cartacee e su siti Internet.

Altre importanti iniziative regionali o interregionali, realizzate con finanziamenti prevalentemente regionali, hanno portato alla costituzione di centri di allevamento di razze autoctone, a interventi di supporto agli allevatori di razze autoctone di particolare pregio e, infine, ad attività di valorizzazione di prodotti di origine animale ottenuti da razze autoctone.

Di seguito sono riportate alcune tabelle che riassumono, per ciascuna specie e razza studiata, l'approccio alla loro conservazione e le tecniche usate per la caratterizzazione, secondo un censimento eseguito dal ConSDABI per conto del MiPAAF nel 2005.

Oggi il numero delle razze studiate è ulteriormente aumentato, mentre per alcune di quelle in elenco sono cambiate le tecniche di caratterizzazione; in questi ultimi anni, inoltre, sempre più rilevanza ha assunto la valorizzazione dei prodotti di origine animale quale approccio e strumento estremamente efficaci per la salvaguardia di molte razze locali.

Legenda:

A: Numero di ricerche, B: Caratterizzazione fenotipica, C: Microsatelliti, D: AFLP, E: Proteine del latte, F: Proteine del sangue, G: Valorizzazione dei prodotti, H: Recupero culturale, I: Piani di salvaguardia

Tabella 12: Popolazioni bovine considerate nelle ricerche e approccio alla loro salvaguardia (rielaborazione da: MiPAAF, 2005)

RAZZE	CARATTERIZZAZIONE								
	A	B	C	D	E	F	G	H	I
Maremmana	3	X		X	X		X		
Chianina	3	X		X	X		X		
Calvana	3	X		X			X		X
Pezzata Rossa di Oropa	2	X	X		X	X			X
Burlina	2		X		X	X			X
Valdostana Castana	2		X		X	X			X
Pinzgauer	2	X			X			X	
Reggiana	2	X			X		X		X
Frisona Italiana	2	X			X				
Varzese	2	X							
Bianca Val Padana	2				X		X		X
Mucca Pisana	2			X			X		X
Pontremolese	2			X			X		X
Garfagnina	2			X					X
Valdostana Pezzata Rossa	1		X		X	X			X
Valdostana Pezzata Nera	1		X		X	X			
Rendena	1		X			X			
Grigia Alpina	1		X		X	X			
Piemontese	1	X			X				
Modicana	1	X			X				
Podolica	1	X	X						
Agerolese	1								X
Cabannina	1								X
Cinisara	1				X				X
Pustertaler	1								X
Sardo Modicana	1								X
Sarda	1				X				X

Marchigiana	1				X				
TOTALE	**45**	**11**	**8**	**6**	**17**	**7**	**7**	**1**	**17**

Tabella 13: Popolazioni caprine considerate nelle ricerche e approccio alla loro salvaguardia (rielaborazione da: MiPAAF, 2005)

RAZZE	**CARATTERIZZAZIONE**								
	A	**B**	**C**	**D**	**E**	**F**	**G**	**H**	**I**
Girgentana	4		X		X			X	X
Vallesana	3	X	X				X		
Grigia Molisana	3	X	X		X				
Orobica	2	X	X	X	X		X		
Sempione	2	X							
Valle di Livo	1	X	X	X	X				
Frontalasca	1		X		X		X		
Bionda dell'Adamello									
Verzaschese	1		X		X		X		
Roccaverano	1	X	X		X				
Maltese	1		X		X				
Rossa Mediterranea	1		X		X				
Argentata dell'Etna	1		X		X				
Cilentana	1		X						
Della Controneria (Garfagnina)	1			X					
Montecristo	1			X					
TOTALE	**24**	**6**	**12**	**4**	**10**	**0**	**4**	**1**	**1**

Tabella 14: Popolazioni ovine considerate nelle ricerche e approccio alla loro salvaguardia (rielaborazione da: MiPAAF, 2005)

RAZZE	**CARATTERIZZAZIONE**								
	A	**B**	**C**	**D**	**E**	**F**	**G**	**H**	**I**
Sarda	3		X		X		X		
Delle Langhe	2		X		X	X	X		

Comisana	2		X		X	X			
Istriana	2				X		X		
Gentile di Puglia	2		X		X	X			
Massese	2	X			X		X		
Alpagota	1	X				X			
Brogne	1	X				X			
Lamon	1	X				X			
Plezzana	1							X	
Di Corteno	1	X							
Frabosana	1		X		X	X			
Sambucana	1		X		X	X			
Saltasassi	1		X		X	X			
Garessina	1		X		X	X			
Savoiarda	1		X		X	X			
Biellese	1		X		X	X			
Sopravissana	1	X					X		
Pomarancina	1			X					
Zerasca	1			X					
Garfagnina	1			X					
TOTALE	**28**	**6**	**10**	**3**	**12**	**12**	**6**	**1**	**0**

Tabella 15: Popolazioni suine considerate nelle ricerche e approccio alla loro salvaguardia (rielaborazione da: MiPAAF, 2005)

RAZZE	**CARATTERIZZAZIONE**								
	A	**B**	**C**	**D**	**E**	**F**	**G**	**H**	**I**
Casertana	3	X							X
Nero Siciliano	2	X						X	
Mora Romagnola	2	X							X
Cinta Senese	5	X							X

Calabrese (Appulo Lucana)	1	X							X
TOTALE	**13**	**5**	**0**	**0**	**0**	**0**		**1**	**4**

Tabella 16: Popolazioni asinine considerate nelle ricerche e approccio alla loro salvaguardia (rielaborazione da: MiPAAF, 2005)

RAZZE	**CARATTERIZZAZIONE**								
	A	**B**	**C**	**D**	**E**	**F**	**G**	**H**	**I**
Dell'Amiata	2			X				X	X
Sardo	2								X
Dell'Asinara	1								X
Martina Franca	1								X
Ragusano	1								X
TOTALE	**7**	**0**	**0**	**1**	**0**	**0**	**0**	**1**	**5**

Tabella 17: Popolazioni equine considerate nelle ricerche e approccio alla loro salvaguardia (rielaborazione da: MiPAAF, 2005)

RAZZE	**CARATTERIZZAZIONE**								
	A	**B**	**C**	**D**	**E**	**F**	**G**	**H**	**I**
Norico	2	X						X	X
Monterufoli	2			X					X
Purosangue	1		X			X			
Trottatore	1		X			X			
Maremmano	1		X			X			
Avelignese	1		X			X			X
Lipizzano	1		X			X			X
Sarcidano	1		X			X			
Montenero Valdochiara	1		X						
Ventasso	1								X
Della Giara	1								X
Di Esperia	1								X

Del Catria	1								X
Tolfetano	1								X
Sanfratellano	1								X
TOTALE	**15**	**1**	**7**	**1**		**6**		**1**	**10**

Un'analisi sommaria delle ricerche realizzate dalle Regioni permette di individuare 4 principali obiettivi perseguiti, e precisamente: 1) caratterizzazione (fenotipica, in base alle differenze in sequenze del DNA e alle differenze in sequenze proteiche); 2) valorizzazione dei prodotti; 3) recupero dei valori culturali e ambientali; 4) proposte gestionali e piani di salvaguardia. La suddivisione è necessariamente forzata, perché in molte attività è evidente che, ad esempio, la caratterizzazione è la base per potere valorizzare i prodotti, o per predisporre piani di salvaguardia; oppure, che la caratterizzazione possa avvenire con metodologie diverse da quelle riportate (ad esempio tramite valutazione delle performance produttive), ma sempre finalizzate a misurare la diversità di una razza rispetto ad altre.

Non sembra necessario riportare il numero aggiornato (e in continuo aumento), né commentare in dettaglio i contenuti di altri interventi regionali che nel frattempo sono stati avviati. Si vuole, però, ribadire che essi testimoniano il crescente interesse per le RGA da parte di tutte le Regioni italiane, che hanno ormai compreso l'importanza di rallentare o fermare il pericoloso processo di erosione genetica.

3.2.4 Ricerca, sperimentazione e altre iniziative

L'attuazione della normativa internazionale e comunitaria in materia di salvaguardia della biodiversità in agricoltura ha dato luogo, a livello nazionale, a numerose iniziative di carattere tecnico-scientifico da parte di Enti e Istituti di Ricerca, Associazioni Allevatori, e Università.

A livello nazionale, un importante contributo all'attività di salvaguardia e di conservazione *in situ* ed *ex situ* delle razze italiane a rischio di estinzione è svolto dal già citato Consorzio per la Sperimentazione, Divulgazione e Applicazione di Biotecniche Innovative (ConSDABI), che ha il compito di coordinare le fasi di identificazione, conoscenza, conservazione e valorizzazione delle risorse genetiche, nonché educare la popolazione all'importanza della biodiversità. I risultati di tale attività sono trasferiti alle strutture centrali dell'Associazione Europea di Produzione Animale

(EAAP, European Association for Animal Production) e della FAO. Per le razze a rischio di estinzione, il ConsDABI annualmente aggiorna il database dell'European Farm Animal Biodiversity Information System (EFABIS), avvalendosi della collaborazione delle APA, delle ARA, delle ANA e degli Assessorati Regionali dell'Agricoltura.

Il compito di coordinare l'attività di censimento, salvaguardia e selezione delle diverse popolazioni animali di interesse zootecnico è svolto dalla Associazione Italiana Allevatori (AIA) che, su mandato del Ministero per le Politiche Agricole, Alimentari e Forestali, garantisce l'elaborazione dei dati dei controlli funzionali effettuati dalle APA (Associazioni Provinciali Allevatori) sugli animali iscritti ai rispettivi Libri Genealogici e la tenuta di Libri Genealogici e dei Registri Anagrafici ai sensi della legge 15 gennaio 1991 n. 30.

Per le razze bovine autoctone è stato istituito il "Registro anagrafico delle popolazioni bovine autoctone e gruppi etnici a limitata diffusione"; i genotipi ammessi (razze e popolazioni) sono 17 (DM del 19/01/2009). L'AIA effettua, grazie all'attività delle APA, il monitoraggio della situazione demografica delle popolazioni ammesse al registro, e la gestione del database richiede la periodica standardizzazione degli archivi anagrafici, effettuata allo scopo di facilitare le elaborazioni che vengono condotte e che riguardano, in misura prevalente, l'attività di conservazione. Per le popolazioni fortemente minacciate dal rischio di estinzione, vengono attuati dei piani di accoppiamento miranti a contenere la consanguineità e a fornire indicazioni ulteriori, relativamente al valore degli indici genetici periodicamente elaborati dall'Ufficio Studi dell'AIA. In collaborazione con il CNR è effettuato uno screening periodico della variabilità genetica, al fine di individuare i tori da adibire alla Fecondazione Artificiale.

Nel "Registro anagrafico delle razze e popolazioni equine riconducibili a gruppi etnici locali" i genotipi ammessi sono 15 (DM del 14/07/2010 e DM del 1/12/2010). La gestione del database comporta la supervisione delle attività di registrazione, effettuata da APA e Istituti di Incremento Ippico, tramite uno specifico software per la gestione informatizzata. Le attività di conservazione consistono nell'esecuzione di censimenti finalizzati al rilevamento della consistenza numerica di ciascuna razza. È stata attivata una campagna di verifica della paternità per i soggetti individuati, effettuata mediante tecniche di marcatura del DNA.

Le popolazioni ovine e caprine a limitata diffusione e le popolazioni suine autoctone sono monitorate attraverso gli appositi Registri Anagrafici (D.M. 28.3.1997). Le popolazioni ammesse

sono quelle prive di Libro Genealogico. Con Legge 3 agosto 1999, n.280 all'Asso.Na.Pa. (Associazione Nazionale della Pastorizia) e all'ANAS (Associazione Nazionale Allevatori Suini) è stato affidato, rispettivamente, il compito per la tenuta dei Registri Anagrafici ovicaprini e suini.

L'AIA gestisce anche il Libro Genealogico delle razze bovine Charolaise e Limousine (D.M. 30.12.1987), il Registro Anagrafico della razza bovina Jersey (D.M. 5.7.1993) e il Libro Genealogico del cavallo Lipizzano (D.M. 31.1.1984).

Numerose sono poi le iniziative che hanno coinvolto Università e altri Enti di Ricerca pubblici e privati, Associazioni e singoli allevatori in attività e progetti di conservazione.

Il CRA – Consiglio per la ricerca e la sperimentazione in agricoltura, oltre al già ricordato programma di coordinamento nazionale delle azioni di salvaguardia delle RGA, è impegnato in altri progetti, tra cui quello relativo a "Uso strategico della biodiversità in funzione della qualità dei prodotti: basi genetiche della qualità del grasso nel latte dei ruminanti", che ha come obiettivo la ricerca di varianti strutturali o funzionali di geni, che determinano prodotti con particolari caratteristiche organolettiche e nutrizionali, al fine di valorizzare i prodotti delle risorse genetiche italiane.

Negli ultimi anni, la ricerca da parte di Università ed Enti nel settore delle razze autoctone è stata enorme. Si tratta in gran parte di attività finalizzate alla conoscenza delle caratteristiche delle razze, ma non mancano progetti applicativi di conservazione, svolti in collaborazione con amministrazioni locali o singoli allevatori. Numerosissimi sono stati anche gli studi per la caratterizzazione e la valorizzazione dei prodotti ottenuti dalle razze autoctone. E' proprio grazie ai risultati di queste ricerche che, in molti casi, è stato possibile dimostrare non solo la convenienza economica, ma anche il ruolo sociale, ecologico e scientifico di molte razze locali.

Tra le associazioni private attive nella salvaguardia delle razze italiane vanno infine ricordati Slow Food, che, oltre ad avere istituito alcuni "Presìdi" sulle razze autoctone, ha valorizzato numerosissime produzioni ottenute da razze locali, e RARE – Razze Autoctone a Rischio di Estinzione, che, tra le altre attività, ha realizzato la prima parte dell'inventario delle razze del Piemonte e l'atlante delle razze autoctone italiane.

PARTE 2

4. STRUTTURA E USO DELLE LINEE GUIDA

In questa parte del documento vengono fornite le linee guida per la conservazione delle RGA italiane. Si tratta di un documento operativo di rigore scientifico, che consente agli addetti del settore di predisporre azioni sul territorio, volte alla conservazione delle RGA.

Il documento è diviso in argomenti raccolti in capitoli.

I capitoli 5 e 6 contengono le definizioni e gli strumenti di descrizione e identificazione delle razze o di categorie inferiori alla razza. Poichè attualmente non esiste una definizione condivisa di "razza" (né un elenco unico e condiviso delle razze italiane), il Gruppo di lavoro - in accordo con il GIBA – suggerisce l'utilizzo di quella fornita dalla FAO, pur riportando a titolo informativo alcune delle altre numerose definizioni in uso.

Per quanto riguarda gli strumenti di descrizione e di identificazione delle razze, il documento fa riferimento agli standard presenti nei Libri Genealogici e nei Registri Anagrafici, per quelle riconosciute e iscritte. Per il riconoscimento delle popolazioni presenti sul territorio nazionale non ascrivibili a razze definite, viene proposto l'uso di descrittori morfologici e molecolari. I primi sono riportati in un allegato a parte e sono da intendersi come descrittori morfologici "primari" o "principali". Allo stato attuale delle conoscenze, l'impiego dei marcatori molecolari fa riferimento a studi filogenetici tendenti a definire il grado di variabilità genetica entro razza e tra razze, e alla individuazione delle distanze genetiche, e quindi a quantificare la biodiversità tra razze e/o popolazioni entro specie. In tale ottica vanno utilizzate le indicazioni contenute nel documento.

Nel capitolo 7 sono presentate le strategie di conservazione già in atto e quelle che possono integrarle o sostituirle, al fine di ottimizzare le risorse umane e finanziarie disponibili. Esse individuano obiettivi di conservazione precisi e differenziati per ciascuna razza, in funzione delle loro caratteristiche, nonché le priorità di conservazione e le tecniche di conservazione. Come già sottolineato nei capitoli precedenti, si ribadisce la necessità di realizzazione in tempi brevi di un elenco unico e condiviso delle razze italiane al fine di garantire un idoneo coordinamento e una efficace azione di conservazione delle stesse.

Il capitolo 8 riporta esempi di applicazione pratica dei concetti e delle teorie descritte. Attraverso due diagrammi di flusso vengono illustrate le azioni di salvaguardia da intraprendere nel caso razze riconosciute o di popolazioni non ascrivibili a razze note in situazione critica o minacciata.

I casi studio aiutano a comprendere l'applicazione sul campo delle teorie e dei concetti espressi

nelle linee guida, e includono alcuni esempi stranieri.

Il documento contiene, infine, un glossario dei principali termini tecnico-scientifici utilizzati nel testo, e un'ampia bibliografia che consente di approfondire singoli argomenti.

5. NOMENCLATURA E DEFINIZIONI

In questo capitolo:

L'evoluzione del concetto e della definizione di "specie" da Linneo ad oggi. L'impossibilità di giungere a una definizione condivisa del concetto di specie

L'evoluzione del concetto e della definizione di "razza": dallo schema classificatorio secondo il modello biologico agli schemi attuali. Il significato del termine "popolazione".

Le recenti definizioni di razza e l'impossibilità di giungere a una definizione condivisa del concetto di specie

La definizione di razza secondo la FAO (accettata in queste linee guida)

Categorie inferiori alla razza: sottorazza o varietà, variabile morfologica intrarazza, ceppo e tipo (altre definizioni desuete e non più in uso sono riportate, a titolo informativo, nel glossario finale)

I capitoli seguenti riportano una breve disamina dell'evoluzione dei concetti di specie e di razza, e delle varie definizioni e revisioni che si sono susseguite nel tempo, tutte finalizzate a stabilire un ordine classificatorio appropriato.

Come descritto in seguito, per l'uno e per l'altro termine non esiste, ad oggi, una sola definizione condivisa e accettata. Per quanto riguarda la razza, in particolare, l'evoluzione della genetica delle popolazioni e la progressiva comprensione dei meccanismi della speciazione, portano oggi all'utilizzazione di concetti e di termini nuovi che, benché non ancora entrati completamente nel linguaggio comune, sembrano più adatti a distinguere individui della stessa specie con evidenti dimorfismi.

5.1 La specie

Sin dai primi tentativi di classificazione, del termine "specie" sono state formulate numerosissime definizioni. Per Linneo, Buffon, Cuvier e Agassiz, la specie é qualcosa di assoluto e immutabile, una forma che può cioè sparire, ma non modificarsi nei suoi caratteri fondamentali. Essi ammettono solo la possibilità di piccoli cambiamenti e di modesti scarti morfologici, ma sempre entro limiti ristretti. Linneo individua le "unità minori", di cui Jordan, nel 1850, dimostra l'esistenza e la

possibilità che possano diventare "*bonae species*" con caratteri stabili. Oggi, pur accettando le specie linneane, si ammette il loro frazionamento in subunità (le "specie jordaniane"), dette anche "piccole specie".

Cuvier definisce specie "una collezione di individui che si assomigliano più fra di loro che ad altri, e che sono indefinitamente fecondi". Per Emery, la specie è "un complesso di individui, cui l'affinità del plasma germinale e la possibilità dell'accoppiamento, in condizioni normali, consentono di generare una progenie continua e perpetua, simile alla serie dei progenitori", mentre per Komarov "la specie è un insieme di generazioni differenziate dal rimanente mondo di organismi per mezzo della selezione naturale sotto l'influsso dell'ambiente e della lotta per l'esistenza". Il concetto evoluzionista ed il concetto della fecondità, come limite della specie, è sintetizzato da Dobzhansky, secondo il quale "la specie è lo stadio del processo evolutivo in cui una serie di forme attualmente o potenzialmente interfeconde si scinde in due o più serie distinte fisiologicamente incapaci di riprodursi inter se". La specie, secondo questa definizione, rappresenta una tappa nel processo dell'evoluzione, ed è strettamente legata all'ambiente, anch'esso in continua, se pur lenta, evoluzione. Si hanno pertanto "specie in essere", cioè specie che, non avendo facoltà di adattamento ai cambiamenti ambientali, sono destinate ad estinguersi, e "specie in divenire", cioè specie in grado di accumulare continuamente variazioni impercettibili, oppure cambiamenti di notevole entità.

Proseguendo con i tentativi di definizione, Kurn definisce le specie "associazioni ereditarie naturali, gruppi di individui che, in un corrispondente stadio di sviluppo ed in analoghe condizioni di ambiente, sono pressochè uguali nelle forme e nelle funzioni e sono tra loro fecondi", mentre Kalmus "un gruppo di organismi interriproducentesi formante una popolazione continua nel senso statistico del termine". Hurst ha fornito una definizione di specie basandosi sul patrimonio genetico: "la specie è un gruppo di individui di origine e di caratteri comuni con gruppi di cromosomi costanti e caratteristici portanti geni omozigoti e di forma fertili fra di loro, ma sterili con specie diverse". Infine, Parisi definisce la specie "un complesso di individui con una certa somiglianza fisica e con costumi di vita simili, nonchè capaci di riprodursi inter se, dando progenie illimitatamente feconda".

Come si nota da questa breve rassegna, sino ad oggi non si è giunti ad una condivisione del concetto di specie (Matassino, 2010).

5.2 La razza e la popolazione

In passato, lo schema classificatorio del modello biologico è stato adottato anche per gli animali domestici. Con questo modello, il termine di razza si colloca e si sovrappone, a seconda dei casi, con quello di specie o di sottospecie, creando di fatto un legame con la classificazione linneiana; nascono cosi i termini *Sus asiaticus*, *Sus celticus*, *Ovis aries ligeriensis*, *Bos taurus batavicus*, etc.

In seguito, il concetto di razza si slega da quello delle forme selvatiche progenitrici delle razze domestiche; si giunge ad un nuovo concetto, che abbandona la terminologia linneiana, per attribuire alla razza un singolo nome. Questo, molto spesso, include l'indicazione geografica di presenza della popolazione (bovino Piemontese, Chianino, Romagnolo; pecora Appenninica; capra Girgentana, Padovana; pollo Livorno), ovvero fa riferimento a particolari caratteri distintivi della razza (pecora Cornella bianca, pecora Balestra, coniglio Bianco di Nuova Zelanda, tacchino Nero di Sologna, tacchino Bianco d'Olanda, suino Large White, etc), o richiama il ceppo o il progenitore da cui è partita la selezione (Podolica - razza del Sud Italia, Poland China - razza suina Americana).

Dalla considerazione che l'addomesticamento, l'ambiente di allevamento e l'intervento selettivo dell'uomo possono differenziare sensibilmente un gruppo di individui della stessa specie (che acquista caratteri propri trasmissibili), nasce il concetto moderno di "razza" (da "radice, ascendenza"). E' Buffon che introduce in zoologia tale concetto, che, in realtà, è già definito nel '600 da Topinard, secondo il quale "la razza è il tipo ereditario". Più di un secolo dopo, Buffon, ricollegandosi alle idee ippocratiche, riteneva che la razza fosse una varietà formatasi e fissatasi per influenza del clima, dell'alimentazione e del modo di vita. Darwin, per primo, riconosce che le razze sono il risultato della selezione artificiale praticata dall'uomo, e che tale processo può essere facilitato dalla ginnastica funzionale di certi organi e da particolari condizioni di vita, nonchè da opportuni metodi di riproduzione in grado di fissare i caratteri vantaggiosi.

Al pari del concetto di specie, anche il concetto di razza non trova una definizione condivisa, e con il progredire delle conoscenze scientifiche dà luogo ad altre incertezze. Basti pensare alla difficoltà di stabilire dove finisce una razza e dove incomincia una sottorazza o una varietà; o, addirittura, di stabilire se accettare o meno il concetto di razza. Nathusius, nell'800, afferma a tale proposito che "la razza non ha alcuna importanza a confronto dell'individuo". Ancora più esplicito è Settegast (1876), secondo il quale "ciò che determina il valore decisivo di un animale non è affatto la sua

appartenenza o meno ad una razza, bensì le sue qualità individuali". Questo concetto viene estremizzato da Von Gruber: "ogni genotipo costituisce una razza".

Mascheroni (1932), citando Dechambre, afferma che la razza è data da "un certo numero di individui della stessa specie che vivono nelle stesse condizioni, che hanno la stessa apparenza esteriore, le stesse qualità produttrici, e i cui caratteri si ritrovano nei loro ascendenti e si ripetono con fedeltà nei discendenti". Quindi, la razza si può definire "un insieme di animali che si distinguono dagli altri della stessa specie per taluni caratteri comuni ed ereditari". L'elencazione di questi caratteri corrisponde alla descrizione delle caratteristiche tipiche della razza, ovvero allo "standard di razza", attraverso il quale i singoli individui possono essere confrontati fra loro e con quelli di un'altra razza.

Tentativi di definzione di razza sono stati proposti anche da Taussig (1939) che, considerando esclusivamente le attitudini produttive degli animali, individua le "razze economiche", facendo combaciare il concetto di razza con le finalità dell'allevamento; e da Johansen e Nilsson, secondo i quali le razze non sono altro che un insieme di individui più o meno diversi e di valore zootecnico diverso.

Con quest'ultima definizione viene introdotto il termine di "**popolazione**" affiancato a quello di razza, che designa un gruppo di soggetti (detti "biotipi") più o meno dissimili fra loro, tanto da presentare sempre una certa variabilità morfologica e fisiologica. La popolazione, come la razza e ogni gruppo subspecifico, è composta da individui più o meno diversi e mortali, ma continua nello spazio e per tempi anche lunghissimi. Da quanto esposto è facile intuire che, tra le specie domestiche, non esistono "razze pure" in senso genetico, e nel linguaggio comune si ritengono tali quelle dotate di un certo numero di caratteri che si trasmettono con una certa fedeltà. Quando essi sono dovuti a geni principali o mendelliani, la fissazione sarà maggiore; quando si tratta di caratteri poligenici o quantitativi (es. dimensioni, produzioni, etc.), spesso si manifesterà un certo grado di variabilità.

La nascita di nuove razze deriva spesso dall'incrocio; l'uomo, infatti, da tempo ha cercato di riunire in un unico individuo caratteri poligenici e non, sparsi in razze diverse o in razze eterozigoti, arrivando per selezione progressiva a controllare una progenie che, nelle sue aspettative, arrivi all'omozigosi, per un certo numero (di solito piccolo) di caratteri di interesse zoo-economico, in poche generazioni. Naturalmente, l'espressione fenotipica dei geni codificanti per un carattere

quantitativo è influenzata anche dall'ambiente e dalle condizioni di allevamento, tanto da portare all'affermazione che "la razza è il risultato del patrimonio genetico più l'ambiente".

La difficoltà di giungere a una definizione definitiva di razza è sottolineata anche da studiosi contemporanei. Come già ricordato, secondo Matassino (2010) "sulla definizione di razza, come di specie, non vi è alcun accordo, né vi sono indagini fenotipiche e genetiche scientificamente attendibili atte a: 1) discriminare una razza da un'altra rispetto a caratteri che non siano quelli somatici appariscenti, come il mantello (il piumaggio negli uccelli), la pigmentazione, la forma delle corna, etc.; 2) individuare criteri e limiti classificatori per stabilire obiettivamente le differenze quanto meno fenotipiche fra razze conspecifiche contigue". Secondo l'Autore, "attualmente i limiti sono poco chiari, e si parla di razza per: a) una semplice differenza monogenica (la razza *"mendeliana"*); b) forme diverse rispetto a qualche carattere somatico appariscente (molte razze cosiddette *"sportive"* in specie diverse); c) popolazioni ottenute tra specie diverse (bovini taurini e gibbosi, fra bovini e banteng, e altre)". Matassino riporta anche che: "entro le razze 'domestiche' si possono distinguere: a) le razze "ecologiche" o "ecotipi, che potrebbero identificarsi con un *tipo genetico autoctono* (TGA) o con un *tipo genetico autoctono antico* (TGAA) in funzione del periodo di presenza continuativa su un determinato territorio; b) le razze "geografiche", che si distinguono da quelle *'ecologiche'* per la natura della barriera che ne determina la formazione; e c) le razze di "cultura", che l'uomo plasma secondo suoi modelli, non tanto in relazione al microambiente naturale di allevamento - proprio di un determinato *'bioterritorio'* pedoclimaticamente peculiare - bensí prevalentemente alla propria *'cultura'*. Cultura che, pur nella sua variabilità, tende alla standardizzazione delle condizioni fisiche, nel senso di ottimizzarle ai fini del rendimento *'biologico-produttivo'*, provocando spesso un allontanamento dell'animale allevato dalle condizioni 'naturali' sia fisiche sia biotiche sia psico-sociali" (Matassino, 1989, 1997, 2010).

Questi e altri tentativi di interpretazione e di definizione del concetto di razza dimostrano che essa non è un'entità statica, bensì in continua evoluzione, e che ha caratteristiche morfologiche e funzionali che sono soggette a variazioni sotto l'azione selettiva dell'uomo e delle condizioni ambientali di allevamento.. Difatti, a seguito della selezione (naturale e/o artificiale), della comparsa di mutazioni, delle interazioni ambientali, si sviluppa quella differenziazione fenotipica nei limiti definiti dall'entità della variabilità genetica delle popolazioni, per la quale si ha la

progressiva variazione delle caratteristiche originarie della popolazione cui la stessa razza appartiene. Le razze degli animali domestici, benché geneticamente pure per un certo numero di caratteri, sono in realtà delle popolazioni più o meno numerose che presentano, al loro interno, un rilevante grado di variabilità genetica e quindi una serie di genotipi diversi, benché affini dal punto di vista della manifestazione dei caratteri. In generale, perciò, a medesimi fenotipi possono corrispondere, genotipi diversi; e viceversa.

A conclusione di questa breve disamina del concetto di razza, si riportano alcune recenti definizioni (v. box) che prendono in considerazione nuovi aspetti - culturali, sociali, o ecologici - collegati alle razze stesse.

BOX 5: RECENTI DEFINIZIONI DI RAZZA

Una linea di discendenti perpetuanti particolari caratteri ereditari (FAO, 1959).

Un complesso di individui appartenenti ad una stessa specie animale, i quali hanno la stessa formula ereditaria e si distinguono da altri raggruppamenti della stessa specie per alcuni particolari caratteri morfologici e funzionali trasmissibili alla prole (Borgioli, 1978).

La razza è un gruppo di animali domestici cosí definita per comune consenso dagli allevatori, un termine introdotto dagli allevatori per poter comunicare, per il proprio impiego, e nessuno è autorizzato ad assegnare a questo termine un valore scientifico né a criticare l'allevatore quando questi fuorvia la definizione formulata. E' la parola e il modo comune di dire degli allevatori, che noi dobbiamo accettare come definizione corretta (Lush, 1994)

Gruppo di animali interincrocianti all'interno di una specie con alcuni caratteri identificabili come aspetto, produzioni, ascendenti o storia selettiva (Oldenbroek, 2007)

Animali che, mediante la selezione e la riproduzione, devono assomigliarsi l'uno l'altro e quindi trasmettere i propri caratteri uniformemente alla propria discendenza (www.ansi.okstate.edu/breeds/) (2007)

Le razze sono popolazioni chiuse o parzialmente chiuse, costituite da soggetti della stessa specie con peculiari caratteristiche morfologiche e funzionali che le distinguono da altre, conservate e selezionate da allevatori che perseguono obiettivi comuni e che, a tal fine, si riuniscono in associazioni ed utilizzano un sistema centrale di identificazione, registrazione e controllo (Russo, 1985)

Una razza è tale se un numero abbastanza elevato di persone lo affermano. (Hammond, *com. pers*.)

Un efficace tentativo di sintesi di queste definizioni è quello proposto dalla FAO (1999), secondo la quale una razza è:

"Ciascun sottogruppo specifico di animali domestici con caratteristiche esteriori definibili e identificabili che ne consentono la separazione mediante un approccio visivo, da altri gruppi definiti in modo simile, all'interno della medesima specie, o un gruppo di animali domestici che l'isolamento geografico e/o culturale da gruppi fenotipicamente diversi ha portato ad una loro identità separata e accettata".

Tale definizione permette di unire, sotto un unico ambito descrittivo, sia le razze evolute e sottoposte a controlli genetici accurati, che quelle sostanzialmente frutto di evoluzione libera da vincoli strutturali.

In queste linee guide si farà riferimento alla "razza" secondo la definizione della FAO.

5.3 Altre categorie

In ambito zootecnico è ancora oggi in uso una terminologia relativa alle categorie inferiori alla razza che trova solo in parte una giustificazione scientifica. I termini ancora comunemente accettati e utilizzati sono elencati di seguito; altri termini, ormai desueti, sono riportati esclusivamente a titolo informativo nel glossario.

Sottorazza o Varietà

Si individuano con questi termini gli animali di una razza che variano per uno o pochi caratteri morfologici, definiti "secondari", che da soli non sono in grado di determinare una modifica tale da richiedere l'attribuzione a razza distinta. Nelle specie zootecniche maggiori, è più in uso il termine di sottorazza, mentre varietà è usato specialmente in ambito avi-cunicolo, dove le varietà sono riferite alle diverse livree o mantelli di animali mantenuti in isolamento riproduttivo all'interno della medesima razza (ad esempio: coniglio Blu di Vienna, Bianco di Vienna, Livorno collo oro, Livorno fulva). I caratteri che mutano e creano la varietà possono essere anche riferibili a parti

anatomiche (pollo Combattente Inglese senza coda, pollo Ancona a cresta semplice o cresta a rosa).

Variabile morfologica intrarazza

Corrisponde ad un carattere morfologico variabile, che esiste e si mantiene in una determinata razza senza isolamento riproduttivo dei soggetti che ne sono portatori. Ad esempio, il mantello bianco e nero o bianco e marrone nella razza caprina Vallesana, le varie colorazioni del colombo Triganino Modenese, etc. Secondo le modalità riproduttive con cui questo particolare carattere si mantiene nella popolazione, si è più o meno giustificati ad usare il termine "meticcio". Ad esempio, dall'incrocio di due sottorazze si ottiene un meticcio (coniglio di Nuova Zelanda Bianco x coniglio di Nuova Zelanda Rosso); dall'incrocio di due variabili morfologiche si ottiene un animale di razza pura (capra Vallesana biana e nera x capra Vallesana bianca e bruna).

Ceppo

Il termine "ceppo" è applicato a soggetti che differiscono per uno o più caratteri ereditari ben definiti; in zootecnia tale parola aveva, ed ha, significato di gruppo primitivo dal quale sono derivate le razze. Si possono distinguere due significati del termine "ceppo".

Il primo fa riferimento alla zootecnia del passato, in cui "ceppo" significava "gruppo primitivo dal quale derivano le razze". Si possono tuttora individuare gruppi di razze che, in ragione di una comune origine etnica, sono distinguibili, ma accomunate da alcuni caratteri morfologici, e differenziabili da quelle di un altro ceppo, sulla base della diversità di analoghi caratteri morfologici. Termini tuttora in uso sono: ceppo podolico, alpino, iberico, celtico, giurassico, mediterraneo. Tutti assumono un preciso significato distintivo, a seconda della specie zootecnica di riferimento (ad esempio: capra di ceppo Alpino, capra di ceppo Mediterraneo, bovino di ceppo Alpino, bovino di ceppo Podolico).

Il secondo significato di "ceppo" fa riferimento alla presenza, in seno ad una razza, di gruppi di animali che hanno uno o più caratteri secondari comuni trasmissibili alla prole, influenzati (o "indotti") dall'ambiente (clima, alimentazione, metodi di detenzione, etc.) ed evidenziati a seguito di azioni selettive.

Nell’ambito di una razza, un gruppo di individui può essere sottoposto ad una selezione per particolari caratteri, che esaltano e fissano alcune peculiarità produttive (mole, produzione di uova, peso dell’uovo, etc.). Dopo alcuni anni di isolamento, il ceppo assume caratteri specifici di popolazione, che vengono sfruttati nell’ambito di incroci intrarazza (due ceppi diversi della stessa razza si uniscono per ottenere eterosi) o fra razze diverse. In generale, un ceppo non presenta variazioni morfologiche apprezzabili rispetto alla razza madre, pur differenziandosene per aspetti produttivi non rilevabili a vista.

Questa terminologia è in uso esclusivo in zootecnia, ma dovrebbe essere mutuato in “linea”, poiché più aderente all’uso che se ne fa in genetica e meno suscettibile di confusione.

Tipo

La definizione di "tipo" è data dalla osservazione dei caratteri morfologici e fisiologici, evidenziati, ad esempio, dai rapporti fra lo sviluppo dei diametri longitudinali e di quelli trasversali, nonché dalla rilevazione delle masse muscolari, dalla finezza o meno dello scheletro e della pelle, dalla voluminosità del ventre, o dall'apprezzamento delle possibilità funzionali di un soggetto in esame, cioè della sua probabile produttività.

I soggetti di una razza selezionata possono quindi appartenere ad un determinato “tipo”, con particolari caratteristiche di "costituzione" che denotano una funzionalità produttiva dell'individuo. Si hanno così avicoli "tipo da carne”, "tipo da uova” e a “duplice attitudine”, nonché un certo numero di "tipi" che, venuto meno il loro impiego, rientrano nel gruppo delle razze ornamentali (razze da combattimento, razze nane). Fra le razze bovine: “tipo respiratorio” “tipo digestivo”; tra i suini: “carnosi” e “adiposi”.

Mentre una razza si ricollega ad un solo tipo, un tipo può riferirsi a più razze. Da qui il “tipo dolicomorfo o longilineo”, “brachimorfo o brevilineo”, “mesomorfo o mesolineo”; oggi si parla più frequentemente di “tipi costituzionali”.

6. CARATTERIZZAZIONE MORFOLOGICA E MOLECOLARE DELLE RAZZE

In questo capitolo:

I Libri Genealogici come strumenti di registrazione e di selezione delle razze; struttura, organizzazione, tenuta e utilizzo dei LL.GG. I Registri Anagrafici come strumenti di conservazione e valorizzazione delle razze e delle popolazioni locali; struttura, organizzazione, tenuta e utilizzo dei RR.AA. Il ruolo di AIA, Asso.NA.PA. e ANAS

Lo standard di razza, la valutazione morfologica e gli indici genetici

I descrittori morfologici in zootecnia: un approccio innovativo per caratterizzare razze, popolazioni e gruppi di animali per i quali non esistono LL.GG. o RR.AA. Vantaggi e svantaggi dei descrittori morfologici; i limiti di utilizzo.

I descrittori morfologici per specie (allegato). Per ogni specie sono elencati i descrittori morfologici principali e, se presenti, secondari. L'allegato è corredato di foto e disegni che facilitano la decsrizione e il riconoscimento degli animali.

Descrittori "non morfologici": un elenco di informazioni utili per inquadrare e approfondire le conoscenze su una razza, popolazione o gruppo di animali, da raccogliere preliminarmente o contestualmente alla caratterizzazione morfologica

I descrittori molecolari come strumento chiave per la salvaguardia della biodiversità e delle RGA.

I database molecolari pubblicamente accessibili (GenBank, EMBL-Bank e DDBJ) e i database pubblicamente accessibili per scopi specifici

La valenza del concetto di "unicità genetica" e l'importanza della conservazione delle razze geneticamente differenti. Principi generali, tecniche e strumenti per l'attribuzione di un individuo a una razza: l'approccio deterministico (la ricerca di marcatori molecolari specifici di una razza e/o di geni con specifiche varianti alleliche fissate in diverse razze) e l'approccio probabilistico (gli strumenti matematico-statistici per il confronto tra due o più razze/popolazioni appartenenti a una specie). Basi di genetica e di biochimica del colore del mantello

Alcuni esempi applicativi

6.1 I Libri Genealogici (LL.GG.) e i Registri Anagrafici (RR.AA.)

Il Libro Genealogico è lo strumento di registrazione delle ascendenze degli animali a fini selettivi. E' anche un contenitore di informazioni accessorie estremamente importanti, che riguardano la sfera riproduttiva (data di parto, tipo di parto, ordine di parto, facilità di parto, durata di gravidanza, interparto, fecondazioni per gravidanza, etc.), l'ambito produttivo (quantità e qualità del latte, peso alla nascita, peso ad età tipiche, etc.), nonché quello morfo-funzionale (valutazioni morfo-funzionali, etc.).

Il Libro Genealogico è tenuto dalle associazioni nazionali allevatori di razza per i bovini, e di specie nel caso degli ovi-caprini, dei suini e degli equini, associazioni dotate di personalità giuridica.

I LL.GG. sono istituiti per le specie o le razze di interesse zootecnico e, come già ricordato, sono lo strumento primario dell'attività di selezione: definiti gli obiettivi ed individuati i criteri di selezione, i soggetti iscritti sono infatti sottoposti a valutazioni morfologiche e funzionali. I dati così raccolti subiscono un processo di verifica e di validazione prima di essere registrati negli archivi del Libro Genealogico. Successivamente, dopo la verifica dell'ascendenza, sono utilizzati per la stima del valore genetico additivo per uno o più caratteri produttivi, mediante specifici modelli di valutazione genetica. Un ulteriore campo di utilizzo delle informazioni derivanti dai controlli del Libro Genealogico è rappresentato dall'assistenza tecnica agli allevatori: il rilievo delle date di fecondazione e di parto e delle informazioni collegate al parto (aborti, ritorni in calore, diagnosi di gravidanza, etc.) consentono di formulare dei prospetti riassuntivi della situazione aziendale sotto diversi punti di vista, che interessano l'efficienza riproduttiva degli animali, e che sono strettamente connessi con le scelte gestionali dell'allevatore.

L'organizzazione e le attività previste dai LL.GG. sono stabilite da un apposito Disciplinare, approvato dal Ministero per le Politiche Agricole, Alimentari e Forestali. Le diverse Associazioni Nazionali Allevatori di specie o razza si avvalgono, per lo svolgimento di questa attività, degli "Uffici Periferici", dislocati presso le singole Associazioni Provinciali Allevatori (A.P.A.).

Le Norme tecniche di selezione stabiliscono poi lo standard morfologico di razza e gli obiettivi di selezione.

Al contrario del Libro Genealogico, obiettivo del Registro Anagrafico non è la selezione, quanto la conservazione e valorizzazione di razze e popolazioni locali - spesso a rischio di estinzione - anche di grande valenza storico-culturale, promuovendone le attitudini produttive ed incentivandone

l'impiego in particolari ambiti territoriali.

I RR.AA. sono tenuti da una associazione nazionale di allevatori, dotata di personalità giuridica, o da un ente di diritto pubblico, in cui sono annotati gli animali riproduttori di una determinata razza sulla base di caratteristiche somatiche apparenti e con l'indicazione dei loro ascendenti.

Allo svolgimento dell'attività del Registro Anagrafico. l'Associazione Italiana Allevatori provvede mediante:

- la Commissione Tecnica Centrale (CTC), che determina i criteri e gli indirizzi per la conservazione delle razze ammesse;
- l'Ufficio Centrale (UC), che svolge i compiti relativi al funzionamento dei RR.AA., coordina il lavoro degli Uffici Periferici e nomina gli esperti di razza;
- gli Uffici Periferici (UP), che svolgono le attività dei RR.AA., raccolgono dati e campioni biologici e segnalano all'UC gli allevatori che richiedono l'iscrizione;
- il corpo degli esperti, individuati e proposti dall'UC e incaricati dell'effettuazione degli esami morfologici.

In Italia esistono RR.AA. delle razze bovine, ovi-caprine, suine, equine e asinine a limitata diffusione.

Il Registro Anagrafico delle razze bovine autoctone è stato istituito nel 1985; la gestione è demandata all'Associazione Italiana Allevatori, che si avvale come sedi territoriali periferiche delle Associazioni Provinciali Allevatori. Il MiPAAF, con D.M. del 13/01/2009 ha approvato i nuovi testi relativi a:

- disciplinare del Registro Anagrafico delle razze bovine autoctone a limitata diffusione;
- norme tecniche relative agli standard delle razze bovine autoctone a limitata diffusione.

Esiste un registro delle razze bovine autoctone (17 iscritte) e un registro delle razze estere a limitata diffusione in Italia. Il primo conserva le informazioni genealogiche dei soggetti iscritti, al fine della conservazione delle popolazioni, con particolare attenzione al mantenimento della loro variabilità genetica e promuovendone al contempo la valorizzazione economica. Il secondo conserva le informazioni genealogiche dei soggetti iscritti, al fine di una loro corretta utilizzazione in piani di accoppiamento in purezza, per l'incrocio o per il loro impiego in eventuali futuri programmi nazionali di miglioramento genetico.

Il Registro Anagrafico degli equini e degli asini è stato approvato con D.M. n. 552 del 2009 e

successive modifiche; sono iscritte 15 razze di cavalli e 7 razze di asini.

Per la specie ovina, l'Asso.Na.Pa. (Associazione Nazionale della Pastorizia) gestisce i LL.GG. e i regolamenti di 17 razze e i RR.AA. e i disciplinari di 42. Sempre l'Asso.Na.Pa. gestisce 8 LL.GG. e regolamenti, e 32 RR.AA. e disciplinari.

L'ANAS – Associazione Nazionale Allevatori Suini – gestisce i RR.AA. di 6 razze suine e il registro ibridi.

6.2 Lo standard di razza

Lo "Standard di razza" è la descrizione delle caratteristiche morfologiche, e talvolta comportamentali, del rappresentante "ideale" di una determinata razza.

Nello standard viene descritto l'animale nel suo aspetto generale e nei dettagli delle singole parti anatomiche. Vengono elencate le possibili varianti, le tolleranze ammesse, gli eventuali punti di particolare pregio, da ricercare nei soggetti che andrebbero valorizzati per la selezione riproduttiva, e individuati i difetti inammissibili, che portano (o dovrebbero portare) all'esclusione dalla riproduzione.

Nell'ambito delle razze con Libro Genealogico, la valutazione morfologica viene svolta utilizzando una scala lineare per ogni carattere considerato. I dati ottenuti con la valutazione morfologica servono, principalmente, per la valutazione genetica dei riproduttori e per l'elaborazione di indici genetici. Tali indici vengono usati nella scelta dei riproduttori e nel miglioramento genetico quanti-qualitativo delle produzioni per le razze in selezione. Conseguentemente, per le razze a limitata diffusione non è giustificata l'elaborazione di indici genetici.

6.3 Descrittori morfologici

La descrizione e la caratterizzazione delle razze e delle popolazioni, sia dal punto di vista morfologico che genetico, è un requisito essenziale e necessario per la successiva scelta delle strategie e delle tecniche di conservazione delle razze autoctone.

Con un approccio piuttosto innovativo in zootecnia, in queste linee guida si è scelto di adottare – per le razze e le popolazioni per le quali oggi non esiste Libro Genealogico o Registro Anagrafico - una metodologia di caratterizzazione, per certi versi simile a quella utilizzata nel campo vegetale. E' una metodologia facilmente utilizzabile in campo, che ricorre all'impiego di un elenco, per ogni

specie allevata, di descrittori morfologici primari. In alcuni casi, è riportato un elenco di "altri descrittori", o descrittori secondari, da utilizzare per approfondimenti in casi dubbi. A questa valutazione "di campo", che deve essere sempre accompagnata dalla ricerca di informazioni di carattere culturale, demografico e geografico della risorsa genetica in esame, seguirà una caratterizzazione di tipo genetico, con gli strumenti e le tecniche descritte in un apposito capitolo.

L'uso dei descrittori morfologici è giustificato dal fatto che essi focalizzano l'attenzione su pochi caratteri, in grado di dare risposte di indubbia oggettività; il loro utilizzo, più economico e rapido di uno studio morfologico completo, permette un veloce inquadramento e una valutazione molto attendibile della risorsa genetica, anche a distanza. Grazie alla loro versatilità, sono in grado di descrivere, in modo esaustivo, non solo popolazioni con forte grado di variabilità, come le policrome, ma anche le razze-popolazione diffuse in ambiti dove la selezione è solo parzialmente indirizzata dall'uomo o non risponde a precisi schemi codificati. Il loro utilizzo può essere seguito da una valutazione di tipo morfologico più approfondito, anche mediante indici e misure somatiche, e da uno studio di carattere genetico. I descrittori morfologici sono quindi uno strumento molto snello nelle mani dei tecnici incaricati dello studio e della catalogazione sia delle razze conosciute e studiate già da molto tempo, sia di nuove popolazioni recentemente individuate o di nuova selezione.

Esistono però anche limiti e svantaggi legati al loro uso. La possibilità che con questo approccio si giunga a convergenze dei descrittori per razze diverse è infatti abbastanza elevato. I descrittori morfologici, inoltre, non sono esaustivi della complessità della razza, ed indagano il solo fenotipo; è possibile, pertanto, che vengano erroneamente attribuiti ad una razza degli animali che sono frutto di incrocio, o appartenenti ad un particolare fenotipo.

Errori nella compilazione dei descrittori portano anche ad errate attribuzioni preliminari; è, quindi, necessaria una preparazione specifica da parte dei compilatori, che dovranno sempre eseguire controlli e annotazioni su un numero rilevante di animali di diverse età.

Oltre ai descrittori morfologici e molecolari, per ogni razza oggetto di valutazione è sempre opportuno ricercare altre informazioni di carattere storico-culturale, demografico e geografico. Queste informazioni, sovente, forniscono notizie aggiuntive molto interessanti sulle caratteristiche di una razza locale, e possono contribuire ad individuare specifici obiettivi di conservazione. Un

elenco del tipo di informazioni da ricercare, e una guida al loro utilizzo, è riportata nell'ultima parte di questo capitolo.

6.4 Descrittori per specie

V. ALLEGATO DESCRITTORI PER SPECIE

6.5 Altre informazioni

Per le RGA non ancora iscritte ai LL.GG. o ai RR.AA., la caratterizzazione attraverso i descrittori morfologici e genetici deve essere preceduta dalla ricerca e catalogazione di altre informazioni di carattere storico-culturale, demografico e geografico, che inquadrano la risorsa nel suo contesto, e ne sondano il legame con il territorio di origine e con le comunità rurali artefici della sua creazione. Tra queste informazioni, quelle riguardanti la numerosità e l'area di origine e di diffusione hanno una importanza fondamentale per le attività di conservazione.

Le indicazioni geografiche consentono in molti casi di determinare, con ragionevole precisione, le località di sviluppo e differenziazione di una razza, evidenziando la cosiddetta culla di origine e gli areali di diffusione. Ovviamente, spesso si individuano popolazioni in areali isolati o in zone geograficamente distanti da quelle tradizionalmente riconosciute come proprie della razza; ciò a causa di spostamenti, per motivi conservazionistici o, più frequentemente, commerciali.

Indicazioni geografiche

Regione
Provincia
Comune
Frazione
Località
Nome dell'allevamento

Informazioni utili per individuare una popolazione derivano da indagini sul tipo di gestione degli animali e, in particolare, sulle tecniche di allevamento (tradizionale o prevalente) e di riproduzione.

Tecniche di allevamento, di gestione e di riproduzione

Brado
Pascolo e stalla
Stallino
Semibrado confinato
Stabulazione libera
Stabulazione fissa
Mungitura meccanica
Mungitura manuale
Riproduzione naturale
Riproduzione assistita

Dipinti, disegni, fotografie e altre fonti documentali orali o scritte aiutano a comprendere le dinamiche relative allo sviluppo di una determinata risorsa genetica.

Altre fonti documentali

Testimonianze orali
Testimonianze bibliografiche
Libri di stalla
Registri di genealogia
Censimenti
Documentazioni locali

Dalle fonti documentali è possibile, sovente, risalire e descrivere una risorsa genetica locale e chiarirne, in parte, il contesto di allevamento. Nei dipinti, ad esempio, sono spesso riprodotti utilizzi tradizionali in attività agricole di razze autoctone. Il riconoscimento di queste attività, oggi

in disuso, aiuta a spiegare il contesto di allevamento della razza e la presenza di alcuni caratteri morfologici peculiari.

Utilizzi e contesto di allevamento

Aratura
Trasporto con carri
Trasporto con slitte
Basto per soma
Soma
Molitura
Captazione acqua da pozzi
Altro

Anche le informazioni relative ai prodotti ottenuti da una razza e ai derivati ad uso alimentare e non (formaggi, insaccati, tessuti, etc.), abbinate a indicazioni di tipo geografico e a quelle relative alle tradizioni popolari, costituiscono una importante base conoscitiva per la descrizione di alcune razze.

Prodotti

Latte, prodotti lattiero-caseari
Uova e derivati
Carne e derivati
Ricette
Manifatturieri da corna e ossa
Pelle e pellame
Piume
Lana - indumenti e tessuti

Eventi culturali, religiosi, letterari o folkloristici spesso sono, o erano, in relazione con particolari razze.

Altri eventi o indicatori

Manifestazioni o mostre zootecniche
Palio
Sagra
Combattimento
Processione religiosa
Festa paesana
Favole
Detti popolari
Poesie, filastrocche
Ricette
Superstizioni
Altro

In alcuni di essi, la razza assume un ruolo così importante e caratteristico che, sovente, richiede la realizzazione di attrezzature o finimenti specifici. Assieme alla razza locale, essi sono importanti fonti documentali di tradizioni e culture locali.

Attrezzature e strumenti legati a una razza

Giogo
Carretto
Finimenti
Selle e basti
Collare

Campane
Coperte
Strumenti di contenimento
Ferri, piastre per unghione
Attrezzature per la toelettatura, tosatura
Oggetti artistici manifatturieri
Mangiatoie e abbeveratoi
Stie e gabbie

Oltre a una valutazione della loro qualità ed affidabilità, l'acquisizione delle informazioni precedentemente elencate richiede una impostazione metodologica comune a tutte le Regioni e l'utilizzo di schede di rilevamento facilmente utilizzabili in campo. A tale scopo, si segnala l'impostazione metodologica proposta dalla Regione Lazio (ARSIAL), che ha anche messo a punto anche una "Scheda dei saperi tradizionali legati ad un animale" grazie alla quale è possibile recuperare informazioni su animali o popolazioni per le quali non esistono LL.GG. o RR.AA., o di cui non sono noti dati e informazioni. Questa impostazione, e la scheda stessa, potrebbero essere adattati a livello nazionale e utilizzati come strumenti per la raccolta di dati di campo e per le successive valutazioni ed elaborazioni dei risultati.

6.6 Descrittori molecolari

Negli ultimi anni è stata evidenziata una rapida erosione della biodiversità animale, determinata dalla grande enfasi che è stata attribuita al miglioramento delle performance produttive, che ha indirizzato il sistema zootecnico nazionale ed internazionale verso la definizione e lo sviluppo di sistemi produttivi intensivi ad elevata produttività. Tale fenomeno ha favorito lo sviluppo e la crescita di poche razze ad attitudine specializzata, determinando, conseguentemente, una drastica riduzione, in generale, della biodiversità genetica, che si è manifestata con la contrazione numerica di alcune razze e/o popolazioni locali a bassi livelli di input ed output, mettendone a rischio, in alcuni casi, la stessa sopravvivenza.

Le differenze fenotipiche tra individui appartenenti a razze/popolazioni differenti, evidenti sia nei caratteri produttivi che in quelli morfologici e riproduttivi, sono il risultato delle interazioni tra effetti ambientali (management) e genetici. A tal proposito, è stato ampiamente documentato che circa il 50% della variabilità genetica entro specie è attribuibile alla diversità genetica tra le razze/popolazioni; tale variabilità è statisticamente descritta in termini di varianza genetica tra ed entro razza. Con lo sviluppo delle tecniche di biologia molecolare oggi è possibile descrivere e quantificare accuratamente tale variabilità, e stabilire la somiglianza tra animali entro e tra razze/popolazioni. Tali informazioni possono pertanto essere efficacemente sfruttate nella definizione di strategie per la conservazione della biodiversità (Weitzman, 1993; Hall & Bradley, 1995; Baker, 1999; Ruane, 2000; Bruford et al., 2003; Simianer, 2005; Toro & Caballero, 2005; Toro et al., 2009).

La descrizione di tutte le relazioni genetiche tra le razze mira a: studiare la variabilità (a livello genetico) delle razze, misurandola in relazione alla diversità genetica totale di tutte le razze in analisi; studiare l'origine e lo sviluppo di popolazioni, razze e specie; mettere in luce caratteristiche genetiche uniche e la loro importanza potenziale nei sistemi di produzione attuali e futuri. L'insieme di tutte queste informazioni, adeguatamente e reciprocamente integrate, forniranno la più completa possibile descrizione della biodiversità animale, agevolando, in tal modo, la definizione di strategie di salvaguardia, gestione e valorizzazione della biodiversità.

La diversità genetica tra gli organismi è il risultato delle variazioni nella sequenza del DNA e degli effetti ambientali. Le variazioni del DNA derivano da eventi di mutazione (polimorfismi), risultanti da sostituzioni di singoli nucleotidi, inserzioni o delezioni di frammenti della catena deossiribonucleotidica di varie lunghezze. Le mutazioni nel DNA sono classificate come neutre, quando non recano cambiamenti nei caratteri fenotipici o metabolici e funzionali, quando invece influiscono sulla funzionalità dei prodotti genici o sulla loro regolazione. I marcatori che danno informazioni su eventi mutazionali di tipo neutro sono quelli ad oggi maggiormente utilizzati. Detto ció, appare evidente, pertanto, che la caratterizzazione genetica mediante metodiche molecolari miri ad esplorare i polimorfismi in porzioni di DNA o, più raramente, in particolari proteine selezionate, per misurare la variazione genetica a livello di razza o popolazione. A causa del limitato polimorfismo osservato nelle proteine, che ne determina scarsa applicabilità, vengono

preferiti i polimorfismi a livello del DNA, che risultano quindi i marcatori di scelta per gli studi riguardanti la caratterizzazione genetica.

In pratica, l'utilizzo dei marcatori molecolari consente di: stimare i parametri di diversità e l'"*admixture*" entro e tra razze o popolazioni; delineare gli habitat geografici delle razze; ottenere informazioni filogenetiche sulle relazioni evolutive e sui centri di origine, le modalità di addomesticazione e le vie di migrazione. Inoltre, i marcatori molecolari vengono adoperati per scopi di utilità pratica, tra cui: misurare il grado di parentela tra i soggetti e verificarne la paternità (specie in assenza di informazioni di pedigree); supportare il miglioramento genetico assistito da marcatori; e, più in generale, ottenere informazioni utili per scopi di ricerca o di sviluppo (ricerca di geni e varianti alleliche di interesse) (FAO, 2005).

6.6.1 Tipi di marcatori molecolari

I primi marcatori utilizzati negli animali sono stati i polimorfismi di geni codificanti per le proteine (allozimi), il cui impiego è comunque limitato dal basso livello di polimorfismo. Questi marcatori sono stati pertanto rapidamente rimpiazzati, non appena nuove tecnologie di analisi del DNA si sono rese disponibili.

Ad oggi, tra i marcatori di DNA più comunemente usati rientrano gli RFLP (*Restriction Fragment Lenght Polymorphisms*), anche analizzati in seguito all'amplificazione di porzioni del genoma (PCR-RFLP), i VNTR (*Variable Number of Tandem Repeats*), di cui fanno parte i microsatelliti (chiamati anche STR, *Short Tandem Repeats*, o SSR, *Simple Sequence Repeats*) e i minisatelliti, gli AFLPs (*Amplified Fragment Lenght Polymorphisms*), gli STS (*Sequence Tagged Site*), gli SNPs (*Single Nucleotide Polymorphisms*) e i polimorfismi del DNA mitocondriale (mtDNA, nella regione D-loop o Controllo).

In particolare, l'attenzione rivolta ai marcatori del mtDNA deriva dal fatto che lo stesso è ereditato solo per via materna e, quindi, senza la possibilità di ricombinazioni; pertanto, l'entità delle differenze nucleotidiche tra genomi mitocondriali riflette direttamente le distanze genetiche tra gli stessi. Inoltre, esso muta con una frequenza 5-10 volte maggiore rispetto al DNA nucleare, permettendo in tal modo lo studio delle differenze tra razze/popolazioni selvatiche e domestiche. Analogamente al mtDNA, sequenze di cromosoma Y forniscono informazioni simili, ma sulla linea paterna.

Gli AFLPs sono dei marcatori biallelici dominanti, che, per le loro caratteristiche, ben si prestano allo studio della variabilità tra razze, ma presentano lo svantaggio di una ridotta efficienza nello studio della diversità entro razza. Gli AFLPs sono ampiamente utilizzati per la individuazione di variabilità genetica in gruppi di individui appartenenti ipoteticamente a razze/popolazioni differenti ma molto vicine. Sono stati utilizzati anche per le diagnosi di paternità, in genetica di popolazione, per determinare piccole differenze entro popolazioni, e in studi e ricerche per definire la mappe di linkage per analisi di *Quantitative Trait Loci* (QTL).

Recentemente, per gli studi sulla variabilità genetica delle razze/popolazioni sono stati utilizzati i microsatelliti e gli SNPs.

I VNTR (*Variable Number of Tandem Repeats*), di cui fanno parte i microsatelliti, sono delle sequenze ripetute note di DNA non codificante, disposte in tandem. Sono altamente polimorfici, geneticamente stabili, con modalità di trasmissione mendeliana: tali caratteristiche li rendono idonei per lo studio di malattie genetiche, indagini forensi, test di paternità e studi di diversità genetica fra ed entro razze/popolazioni.

Gli SNPs (*Single Nucleotide Polymorphisms* ovvero polimorfismi a singolo nucleotide) sono caratterizzati da una differenza a carico di un unico nucleotide, per lo più biallelici e si presentano tra individui della stessa specie. Gli SNPs sono talvolta usati come alternativa ai microsatelliti negli studi sulla diversità genetica, in quanto sono state sviluppate recentemente numerose tecnologie per studiare e tipizzare questo tipo di marcatori (Muir et al., 2008). Gli SNP portano poca informazione e se ne devono utilizzare molti (migliaia), per ottenere un livello di informazione paragonabile ad un panel standard di 20-30 microsatelliti. Tuttavia, l'interesse nei loro confronti deriva essenzialmente da due considerazioni: permettono paragoni diretti e facilitano analisi congiunte tra esperimenti differenti e permettono di studiare sia le mutazioni neutre che quelle funzionali. Quest'ultima caratteristica, in particolare, può aprire nuove linee di ricerca negli studi di diversità genetica. Negli ultimi anni, numerosi studi sono stati condotti (e molti altri sono ancora in corso) su ampia scala, per l'identificazione di SNPs in polli (Wong et al., 2004), suini (Chen et al., 2007), bovini (Van Tassel & Wiggans, 2007) e in tutte le specie di interesse zootecnico.

Nonostante le considerazioni fin qui fatte, bisogna sottolineare che ad oggi, i marcatori molecolari maggiormente utilizzati e che hanno dato maggiori informazioni riguardo alla caratterizzazione genetica tra le razze domestiche a livello mondiale sono i microsatelliti. Il loro alto tasso di

mutazione e la loro natura codominante, infatti, permettono la stima dei parametri di variabilità genetica entro e tra razze e della *admixture* genetica anche in razze strettamente connesse. I parametri più comuni per misurare la diversità genetica entro razza sono il numero medio di alleli per popolazione e l'eterozigosità attesa e osservata. Per quanto riguarda la differenziazione fra razze, i parametri più semplici ed utilizzati sono gli indici di fissazione, tra cui F_{ST}, che misura il grado di differenziazione genetica tra sottopopolazioni attraverso il calcolo delle varianze standardizzate nelle frequenze alleliche tra le popolazioni (Weir & Basten, 1990). I dati ottenuti dai microsatelliti, inoltre, vengono anche comunemente utilizzati per misurare le relazioni genetiche tra le popolazioni e gli individui, tramite la stima delle distanze genetiche, che possono essere studiate anche tramite la costruzione di alberi filogenetici. L'analisi combinata dei dati ottenuti dai microsatelliti in studi diversi è raramente possibile.

Più recentemente, anche tecniche basate sui profili degli RNA trascritti (trascrittomica) e delle proteine (proteomica) hanno dimostrato un enorme potenziale per studiare la variabilità connessa a molteplici fattori tra cui adattamento, resistenza ed espressione di caratteri specifici (e.g., Zanetti et al., 2009). Potenziale in larga misura non ancora sfruttato. Il trascrittoma ed il proteoma (rispettivamente l'insieme di tutti gli mRNA e delle proteine presenti in una cellula o in un tessuto) possono essere investigati direttamente con tecniche ad alta produttività, come microarray di DNA e proteine, spettrometria di massa, tecniche di separazione cromatografica ed elettroforetica. Questo tipo di tecniche permette idealmente l'analisi parallela di tutti i geni espressi e dei prodotti genici presenti in un tessuto in un determinato momento. La difficile applicazione di queste tecniche è dovuta proprio alla loro capacità di "rivelare il tutto a discapito della parte". L'impressionante quantità di informazioni ottenibili è perciò ad oggi ancora di difficile gestione.

A conclusione di quanto fin qui asserito, è opportuno sottolineare che, in generale, negli studi di diversità genetica e/o caratterizzazione molecolare è di fondamentale importanza l'entità del campionamento. La Secondary Guideline della FAO (FAO, 1998) richiede che il campionamento riguardi almeno 25 individui non imparentati delle popolazioni oggetto della caratterizzazione e la genotipizzazione per almeno 25 loci marcatori microsatelliti con almeno due alleli. Baumung et al. (2004) ha osservato che su un totale di 87 progetti di ricerca con tematica la conservazione della biodiversità, il 50% presentava, come oggetto di studio, più di otto differenti razze e il 96%

presentava un campione composto da più di 25 individui. Il tessuto preferito per le analisi è stato il sangue e nel 90% dei progetti sono stati utilizzati marcatori microsatelliti impiegando almeno 18 loci.

6.6.2 I Database molecolari

Le sequenze di dati generati da singoli laboratori o da grandi progetti di sequenziamento del genoma sono solitamente depositati in uno dei tre principali database:

1. GenBank (NCBI, National Center for Biotechnology Information);
2. EMBL-Bank (European Molecular Biology Laboratory-Bank);
3. DDBJ (Databank Japan).

Questi database pubblicamente accessibili sono sincronizzati giornalmente, in modo tale che i dati siano disponibili indifferentemente su tutti e tre i siti. Su questi siti è possibile reperire informazioni relative a popolazioni, piuttosto che a singoli individui. Tuttavia, il database NCBI consente il caricamento di sequenze individuali, inclusi i microsatelliti e gli SNPs.

Oltre a questi tre principali database, ne esistono numerosi altri, pubblicamente accessibili e utilizzabili per scopi specifici; tra questi si segnalano:

1. AVIANDIV (http://aviandiv.tzv.fal.de/) per i polli;
2. CaDBase (http://bioinformatics.roslin.ac.uk/diversity/) per bovini e suini;
3. PigDbase (http://bioinformatics.roslin.ac.uk/diversity/) per i suini.

In particolare, AVIANDIV contiene i genotipi per 20 loci microsatelliti derivanti da pool di DNA appartenente a 52 razze europee e linee commerciali; dati individuali relativi a 600 individui, rappresentanti 20 razze caratterizzate mediante 27 loci microsatelliti e gli SNPs di 13 frammenti di DNA non codificante individuati in 100 individui di 10 razze/popolazioni; CaDBase è composto dalle informazioni su 30 loci microsatelliti derivanti dalla caratterizzazione di 134 razze. In particolare questo database è quello raccomandato dalla FAO (http://lprdad.fao.org/cgi-bin/getblob.cgi?sid=-1,50006220), ma non è aggiornato con le informazioni derivanti dai più recenti progetti di ricerca, inoltre i dati per tutti i 30 microsatelliti sono disponibili solo per poche razze. Infine, PigDBase contiene tutte le informazioni derivanti dal progetto EU PigBioDiv, relative ai genotipi di 118.188 microsatelliti e di 349.348 AFLP di 60 distinte popolazioni, e quelle relative a

50 marcatori microsatelliti e 148 AFLP. Tale database tuttavia non è accessibile pubblicamente, in quanto protetto da password.

Altri siti di database sono quelli del Laboratorio di Genetica e Servizi dell'Associazione Italiana Allevatori (http://www.lgscr.it/it/index.htm), dove si trovano le informazioni relative a marcatori microsatelliti di bovini (19), ovini (15), caprini (13), suini (20), bufalini (15), equini (19), polli (15) e cinghiali (20).

6.6.3 L'unicità genetica delle razze

Le razze/popolazioni entro specie, nel tempo, hanno accumulato variabilità genetica per effetto di processi geografici di isolamento e/o per deriva genetica, selezione, mutazione. Occorre sottolineare che, mentre alcune razze attualmente presenti hanno una origine relativamente recente e pertanto possono essere geneticamente individuate e differenziate da altre razze della stessa specie, per molte altre, peraltro le più interessanti dal punto di vista della biodiversità, non esiste alcuna documentazione storica genetica, o questa è molto limitata. In quest'ultimo caso, la unicità genetica di razza può essere valutata e stimata in termini di distanze genetiche.

La valenza del concetto di unicità genetica, nel contesto della conservazione della biodiversità, è da intendersi proporzionale alle differenze genetiche tra le razze, in relazione alle probabili maggiori ricombinazioni in grado di determinare ed influenzare caratteri quantitativi e/o qualitativi importanti per la capacità di adattamento a determinati ambienti, per le produzioni che essi forniscono o per scopi scientifici. Pertanto, il valore dell'unicità genetica di una data razza, in tale ambito, non va valutato in termini assoluti o deterministici, ma in chiave funzionale. È chiaro, dunque, che la conservazione di razze *non geneticamente uniche*, bensì *geneticamente differenti* è una base di partenza scientificamente valida, per la conservazione della biodiversità animale, in quanto con la diversità genetica ci si assicura, all'interno della specie, una sufficiente variabilità genetica, che garantisca adattabilità e risposta nelle future generazioni.

6.6.4 L'attribuzione di un individuo alla razza

Dalla necessità di sviluppo e definizione del concetto di tracciabilità genetica o molecolare, è scaturita la problematica della attribuzione di un dato individuo ad una specifica razza o popolazione. I principi generali su cui si basa l'attribuzione di un individuo ad una razza o popolazione possono essere ricondotti ai principi dell'analisi di parentela.

Per l'identificazione degli animali, attualmente i marcatori per i quali vi sono le prime applicazioni sono i microsatelliti. Per questo tipo di analisi, una serie di microsatelliti (di solito 9-12 microsatelliti) è amplificata in multiplex utilizzando il DNA estratto dagli animali. Il numero di alleli per questi microsatelliti e il livello di eterozigosità permette di calcolare la probabilità (probabilità di uguaglianza, probability of identity: P_i) che due animali (non gemelli identici), scelti a caso nella popolazione, possano presentare lo stesso genotipo per tutti i marcatori microsatelliti considerati. Più marcatori sono utilizzati e maggiore è l'eterozigosità di questi marcatori nella popolazione oggetto di studio, minore è la probabilità che due animali presi a caso presentino lo stesso profilo per i loci analizzati.

I marcatori del DNA (microsatelliti) presentano, come già accennato, alcune caratteristiche che non consentono di ottenere una elevata affidabilità e una completa automazione dell'intero processo, con costi di analisi dell'ordine di 20-40 euro per campione.

Tuttavia, per la definizione dell'appartenenza degli individui ad una data razza, da applicare nei sistemi di tracciabilità, ci si sta orientando sull'impiego degli SNPs (Heaton et al., 2002), che hanno caratteristiche che possono essere sfruttate per una completa automazione dell'analisi del DNA. Allo stato attuale, comunque, i costi per l'analisi degli SNPs risulta ancora molto più elevato rispetto a quello microsatelliti (circa € 165,00/campione). Inoltre, una ulteriore criticità nell'applicazione degli SNPs su larga scala è relativa alla gestione della enorme mole di dati generati, che richiedono strutture hardware notevoli per le successive e indispensabili analisi bioinformatiche. Pertanto, allo stato attuale, da un punto di vista operativo ai fini dell'assegnazione di unindividuo o di un gruppo di individui ad una data razza, i marcatori microsatelliti rappresentano un giusto compromesso tra affidabilità ed economicità del sistema.

L'assegnazione di un soggetto ad una razza utilizzando metodi molecolari può essere effettuata, essenzialmente, attraverso due strategie: 1) l'approccio probabilistico e 2) l'approccio deterministico.

Il primo prevede la creazione, per ciascuna razza tipizzata con marcatori, di un database con informazioni sugli alleli presenti e sulla loro frequenza. L'attribuzione dell'individuo viene effettuata in maniera probabilistica, partendo dalle frequenze alleliche di ciascuna razza o dalle distanze genetiche tra le razze.

L'approccio deterministico, invece, prevede la ricerca di marcatori molecolari specifici di una razza e/o di geni con specifiche varianti alleliche fissate in diverse razze. La tipizzazione di questi marcatori permetterebbe l'assegnazione di un animale direttamente ad una razza di appartenenza, senza la necessità di operare alcun calcolo probabilistico.

BOX 6: APPROCCIO DETERMINISTICO. APPLICAZIONI DI GENI PER IL COLORE DEL MANTELLO IN DIVERSE SPECIE E RAZZE

La formazione delle razze deriva da un lungo processo che passa attraverso una serie di eventi naturali e biologici, sociali ed economici solo parzialmente documentati attraverso diverse fonti e testimonianze.

Il processo di selezione, basato inizialmente sulla scelta di quegli esemplari che, per il loro aspetto esteriore o per qualche misura delle loro capacità produttive, spesso stimata soggettivamente, meglio si adattavano ai sistemi produttivi e alle esigenze dell'epoca, ha portato all'isolamento riproduttivo di gruppi di animali con caratteristiche uniformi e diverse da altri gruppi. Successivamente, gli operatori che intendevano allevare lo stesso tipo di bestiame si sono riuniti in gruppi, consorzi o società, che già prefiguravano le moderne associazioni di razza, particolarmente importanti, per esempio, nei bovini da latte. Queste associazioni, per raggiungere l'obiettivo della standardizzazione, cercarono di tenere i loro animali in isolamento riproduttivo, attuando accoppiamenti soltanto tra soggetti appartenenti a membri delle associazioni, fissando così alcuni caratteri fenotipici quali le dimensioni corporee, il colore del mantello, la pigmentazione delle mucose, la presenza o assenza di corna e la loro forma. Successivamente, i programmi di selezione sono stati perfezionati, passando dalla scelta dei riproduttori in base a criteri morfologici a quella in base a criteri funzionali (produzione di latte, incremento ponderale, efficienza nella trasformazione degli alimenti, etc.), passando quindi dalla selezione fenotipica a quella genotipica.

Si intuisce da quanto sopra che le razze delle principali specie di interesse zootecnico sono popolazioni chiuse (o parzialmente chiuse), costituite da soggetti con peculiari caratteristiche morfologiche e funzionali e spesso con un caratteristico colore del mantello. Il colore del mantello è, infatti, il principale carattere esteriore che viene utilizzato per descrivere e riconoscere le diverse razze nelle maggior parte delle specie zootecniche (Russo, 1985; Russo e Fontanesi, 2004).

Le conoscenze che si sono acquisite negli ultimi anni sui meccanismi biochimici e genetici che influenzano la pigmentazione, nei mammiferi e nei vertebrati in generale, hanno portato all'identificazione e all'isolamento di alcuni geni-chiave, coinvolti nei processi che determinano la colorazione del mantello in bovini, ovini, caprini e suini. Mutazioni in questi geni sono state correlate direttamente ad un certo colore del mantello e possono divenire importanti strumenti per la caratterizzazione delle razze e per tracciare o autenticare i prodotti che derivano da una particolare razza. In altri termini, si può pensare di utilizzare i geni che determinano il colore del mantello per descrivere caratteristiche fenotipiche eventualmente utilizzabili per ricostruirne la storia evolutiva, oltre che per identificare o escludere la razza di provenienza dei prodotti di origine animale come possibile applicazione pratica.

I primi studi sulla genetica del colore del mantello negli animali di interesse zootecnico, effettuati all'inizio del 1900, sono appena successivi alla riscoperta delle leggi di Mendel. Grazie alle conoscenze che derivano dall'embriologia, dalla biochimica e dalla genetica molecolare, è stato possibile identificare e caratterizzare i principali geni che influenzano il colore del mantello. Questi geni sulla base delle loro funzioni possono essere classificati come segue:

1) Geni coinvolti nella regolazione della melanogenesi: il locus Extension (E), che codifica per melanocortin receptor 1 (MC1R); il locus Agouti (A), che codifica per una proteina di circa 130 amminoacidi (agouti signaling protein, ASIP), che agisce come antagonista dell'α-melanocyte-stimulanting-hormone (α-MSH) sul recettore MC1R.
2) Geni che influenzano lo sviluppo dei melanociti e la loro migrazione durante l'embriogenesi: il locus White Spotting (W), identificato a livello molecolare come il gene KIT; il locus Roan (R), che codifica per mast cell growth factor (MGF), che si lega al gene KIT.
3) Geni che codificano per gli enzimi della biosintesi delle melanine: il locus Albino (C), che codifica per l'enzima tirosinasi (TYR); il locus Brown (B), che codifica per l'enzima tyrosinase-

related protein 1 (TYRP1); il locus Slaty, che codifica per l'enzima tyrosinase-related protein 2 (TYRP2).

4) Geni che influenzano la morfologia dei melanociti: ad esempio il locus Dilute (D), che codifica per una miosina di tipo V (MYO5A).
5) Geni che influenzano la struttura e la funzione dei melanosomi: il locus Silver (PMEL17) e il locus pink-eyed dilution (p), che codificano per proteine transmembrana dei melanosomi.

Il locus Extension codifica per Melanocortin receptor 1 (MC1R) e diverse mutazioni in questo gene sono state associate a differenti colori del mantello nel bovino (Klungland et al., 1995; Joerg et al., 1996; Rouzaud et al., 2000; Graphodatskaya et al., 2002; Maudet e Taberlet, 2002; Russo et al. 2007), nel cavallo (Marklund et al., 1996), nella pecora (Våge et al., 1999; Fontanesi et al., 2010a), nella capra (Fontanesi et al., 2009a), nel pollo (Takeuchi et al., 1997) e nel suino (Kijas et al., 1998; 2001).

Il locus Extension interagisce in modo epistatico con il locus Agouti. Quando è presente l'allele considerato selvatico al locus E (E+), si può esprimere l'allele recessivo a (al locus Agouti), che determina il colore nero recessivo già osservato in diverse specie. Negli ovini e nei caprini il gene Agouti (ASIP) è interessato da Copy Number Variation (Norris & Whan, 2008; Fontanesi et al., 2009b). Questa variabilità è associata al colore bianco o grigio del mantello.

Oltre ai geni sopra descritti, altri, che secondo ricerche effettuate soprattutto in animali da laboratorio influenzano il colore del mantello, sono stati isolati in diverse specie. Esempi a questo riguardo sono rappresentati dal gene KIT nei bovini e nei suini (Fontanesi et al., 2010b,c).

Sulla base di questi studi, è possibile identificare marcatori caratteristici di razza ed evidenziare anche se nella razza esistono alleli (molto spesso recessivi), che determinano un fenotipo diverso da quello della razza in oggetto.

BOX 7: L'APPROCCIO PROBABILISTICO. LA MISURA DELLA DIVERSITÀ GENETICA MOLECOLARE.

Come noto, l'unicità razziale dal punto di vista genetico può essere espressa in termini di variabilità genetica. Nel confronto tra due o più razze/popolazioni appartenenti alla medesima specie, le differenze genetiche possono essere misurate mediante strumenti matematico-statistici che utilizzano le informazioni molecolari già descritte.

A livello dei marcatori molecolari, la diversità genetica è solitamente misurata dalle frequenze dei genotipi e degli alleli, dalla proporzione di loci polimorfici e dalla eterozigosità osservata e attesa, o dalla diversità allelica.

Le più comuni applicazioni disponibili misurano la variabilità genetica di popolazione, proprio in termini di frequenze genotipiche e alleliche, di numero medio di alleli per locus, eterozigosità attesa e osservata, e di Polimorphic Information Content (PIC), ovvero indice del polimorfismo. Inoltre, tali applicazioni offrono anche la possibilità di traslare il concetto di variabilità genetica in termini di distanza genetica tra due o più popolazioni, al fine di valutarne la specificità in termini funzionali e genetici.

L'eterozigosità attesa o diversità genica, definita da Nei (1973) come la probabilità che due alleli scelti a caso da una popolazione siano differenti, è la principale misura della variabilità genetica in una popolazione. Gli individui diploidi possono essere, ad un dato locus, omozigoti o eterozigoti. La misura della eterozigosità attesa di una popolazione, per un particolare locus con k alleli, pertanto è pari a:

$$H_E = 1 - \sum_{i=1}^{k} p_i^2$$

dove p_i è la frequenza dell'allele i nella popolazione.

La varianza campionaria dell'eterozigosità ha due componenti: quella tra individui e quella tra loci. Nei (1987) ha definito un metodo di stima di tali componenti, suggerendo che, per un dato numero di genotipi, è sempre preferibile campionare un maggior numero di loci sullo stesso individuo, piuttosto che un maggior numero di individui nella popolazione, in quanto la variabilità tra loci è sempre maggiore della variabilità tra individui. Sulla base di tale affermazione, lo stesso suggerì che l'eterozigosità attesa può essere stimata anche con la seguente formula:

$$H_E = 1 - \frac{1}{N^2} \sum_{x=1}^{N} \sum_{y=1}^{N} f_{Mxy}$$

dove f_{Mxy} è la consanguineità molecolare ovvero il coefficiente di kinship tra gli individui x e y, mentre N è il numero di individui.

Secondo Malécot (1948) questa è la probabilità che due alleli allo stesso locus, estratti casualmente, siano identici in stato. Analogamente, se ne deduce che l'eterozigosità osservata (H_O) nella popolazione è uguale a:

$$H_O = 1 - \frac{1}{N} \sum_{x=1}^{N} F_{Mx}$$

dove F_{Mx} è la consanguineità molecolare dell'individuo x, che è la probabilità che due geni portati da un dato individuo allo stesso locus siano identici in stato.

Una misura della diversità genetica entro individuo specifica per i microsatelliti (Coulson et al., 1998) è:

$$d^2 = \frac{1}{L} \sum_{i=1}^{L} (n_{i1} - n_{i2})^2$$

dove L è il numero di loci microsatelliti e n_{i1} e n_{i2} sono il numero di ripetizioni dei due alleli al locus i, presenti in ciascun individuo.

Tale statistica è correlata al coefficiente di consanguineità, benché possa essere estesa alla distanza tra individui, in quanto essa fornisce un'idea della distanza genetica tra i due gameti che hanno prodotto ciascun individuo.

Le proprietà teoriche della distribuzione dell'eterozigosità sono molto complesse e non saranno esposte nel presente manuale, tuttavia occorre sottolineare che tale parametro non è molto sensibile al numero di alleli presi in esame, in quanto il valore massimo è l'unità, indipendentemente dal numero di alleli presi in esame. Questo fatto rappresenta un limite, soprattutto nel differenziare popolazioni con loci ad elevata variabilità, come nel caso dei microsatelliti, quando l'eterozigosità è uguale o superiore a 0,8.

Quando si utilizzano i microsatelliti, è possibile ottenere simultaneamente informazioni sull'eterozigosità di molti loci in diversi individui della popolazione. Tali informazioni sono comunemente rappresentate in forma matriciale. I valori presenti nella matrice possono essere zero per gli omozigoti o al massimo l'unità per gli eterozigoti. L'eterozigosità media su tutti i loci è data da:

$$\widehat{H} = \frac{1}{nM} \sum_{i=1}^{N} \sum_{j=1}^{m} H_{ij}$$

La diversità allelica (numero di alleli segreganti nella popolazione) è un criterio alternativo per la misura della diversità genetica, ed alcuni autori (Petit et al., 1998; Notter, 1999; Barker, 2001; Simianer, 2005; Foulley & Ollivier 2006) asseriscono che tale parametro sia di grande rilevanza nei programmi di conservazione. Un elevato numero di alleli implica una importante fonte di variabilità del singolo locus.

Il Polimorphic Information Content (PIC) è un altro parametro che viene utilizzato per definire quanto informativi siano i marcatori molecolari utilizzati negli studi di diversità genetica delle popolazioni. Tale parametro è dato dal:

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^{n} p_i^2 - 2\left[\sum_{i=1}^{n-1} \sum_{j=i+1}^{n} p_i^2 p_j^2\right]$$

dove p_i è la frequenza dell'i-mo allele ed n è il numero di alleli. Il valore massimo del PIC si ottiene quando tutti gli alleli ad un dato locus sono ugualmente frequenti e quindi $p_i = 1/n$.

Occorre ribadire che la differenziazione genetica deterministica tra due popolazioni, è possibile solo nel caso in cui siano stati individuati polimorfismi razza specifici fissati, e cioè la cui frequenza allelica sia pari a 1.

Come già asserito, il concetto di distanza genetica trasla il concetto di diversità genetica sulla base di un approccio di tipo probabilistico. Gli studi di genetica di popolazione, in tale senso, hanno evidenziato che basse distanze genetiche tra popolazioni (popolazioni geneticamente poco differenti) sono associate a basse distanze fenotipiche (popolazioni fenotipicamente simili), mentre distanze genetiche elevate sono associate ad un ampio range di distanze fenotipiche, sottolineando il fatto che due popolazioni differenti geneticamente, possono comunque presentarsi anche molto simili fenotipicamente.

Nei (1978) mise a punto l'espressione oggi maggiormente utilizzata per il calcolo delle distanze genetiche (D) tra due o più popolazioni :

$$D = D_{12(m)} - \left[D_{11(m)} + D_{22(m)}\right]/2$$

dove:

$$D_{12(m)} = 1 - \frac{}{m} \sum_i p_{1mi} p_{2mi} / m$$

e:

$$D_{11(m)} = 1 - \frac{}{m} \sum_i p_{1mi}^2 / m$$

Tali risultati sono espressi, per lo più, sotto forma di matrice di ordine pari al numero di popolazioni a confronto.

Pertanto, i parametri sopra descritti possono considerarsi elementi discriminanti tra popolazioni a confronto, che, tuttavia, devono essere adeguatamente interpretati sulla base di considerazioni tecnico scientifiche specifiche per ciascun confronto.

In tempi più recenti, uno dei metodi di calcolo delle distanze genetiche, che riscuote maggior successo, è la cluster analysis. Sono stati sviluppati metodi statistici che suddividono il campione

totale di genotipi di una data indefinita popolazione in un dato numero di sottopopolazioni (clusters). Ciò permette di strutture il dataset unico in popolazioni distinte. Ciascun individuo è assegnato, probabilisticamente, ad una data popolazione o in comune tra due o più popolazioni, in funzione del fatto che i loro genotipi siano ammissibili a una o all'altra popolazione o ad ambedue le popolazioni. I software disponibili sono diversi e tra questi vi sono: STRUCTURE (Pritchard et al., 2000), PARTITION (Dawson & Belkir, 2001), BAPS (Corander et al., 2004) and GENETIX 4.02 (Laboratoire Genome, Populations, Interactions – CNRS UMR 5000 Montpellier). Alcuni esempi di queste applicazioni sono riportate in Alves et al. (2006), che applica la cluster analysis a 24 cinghiali spagnoli e a 170 suini iberici di varia provenienza genotipizzati per 36 loci microsatelliti, dimostrando che per una corretta classificazione dei suini di razza Duroc e dei cinghiali occorrono almeno 14-16 microsatelliti.

6.6.5 Applicazioni

Alcuni recenti studi sono stati orientati alla tracciabilità ed autenticazione dei prodotti di origine animale, mediante sistemi che permettono di stabilire se un prodotto è quello effettivamente dichiarato in etichetta, tutelando sia il consumatore che il produttore da possibili frodi.

Uno degli aspetti preponderanti di tale problematica è risultata essere la capacità di attribuzione di un latte ad una data razza, ovvero dell'individuo che lo ha prodotto ad una data razza. In tal senso, i risultati di tali studi possono trovare applicazioni nello studio e salvaguardia della biodiversità.

In Italia, le politiche di valorizzazione dei prodotti animali hanno creato un numero importante di marchi corrispondenti a prodotti monorazza, e in particolare a prodotti lattiero caseari bovini. Tra questi, uno dei più famosi è il Parmigiano Reggiano di latte di vacche di razza Reggiana. Questa razza è conosciuta per il suo caratteristico colore del mantello fomentino (rossiccio), determinato dall'allele e del gene MC1R; tutti i soggetti di questa razza sono omozigoti per questo allele. Altre razze bovine, a parte dalla Pezzata Rossa, presentano altri alleli del gene MC1R (Russo et al., 2007). E' possibile quindi, mediante analisi del DNA presente nelle cellule somatiche del latte e quindi anche nel formaggio, determinare l'origine dello stesso.

Per quanto riguarda gli ovini, un altro esempio è quello del formaggio prodotto da solo latte di razza Massese. Anche in questo caso un polimorfismo nel gene MC1R, omozigote in questa razza

diversamente da tutte le altre razze ovine italiane, è stato utilizzato per la messa a punto di un sistema di autenticazione del pecorino di sola razza Massese (Fontanesi et al., 2010d).

Nei caprini, l'analisi della struttura genetica di alcune razze siciliane (Girgentana, Maltese e Derivata di Siria) ha evidenziato che alcuni alleli sono fissati (o quasi fissati) in alcune razze, mettendo a disposizione gli strumenti per eventuali successive applicazioni per l'attribuzione di un individuo ad una data razza.

Nei suini, un esempio è rappresentato dalla razza Cinta Senese, in cui un allele del gene KIT determina la classica cinghiatura, caratteristica della razza. Nella razza sono presenti altri alleli che molto probabilmente, in condizione omozigote, non permettono la manifestazione della cinghiatura. Per mantenere la caratteristica di razza ed evitare la produzione di soggetti fuori tipo, che non potrebbero essere iscritti al Registro Anagrafico, sarebbe importante eliminare dalla razza questi alleli.

Nei polli, gran parte della diversità esistente tra le razze è stata studiata in seno al progetto europeo AVIANDIV, sfruttando come marcatori molecolari i microsatelliti. Sintetizzandone i risultati, è emerso come le popolazioni selvatiche e le razze/ecotipi tradizionali non selezionati siano ampiamente eterogenei e siano sede di una grande parte della diversità genetica totale (Marelli et al, 2006;; Hillel et al., 2007; Granevitze et al., 2007, 2009; Muchadeyi et al., 2007; Mwacharo et al., 2007; Tadano et al., 2007; Berthouly et al., 2008; Chen et al., 2008; Strillacci et al., 2009; Zanetti et al., 2010).

BOX 8:LA CARATTERIZZAZIONE MOLECOLARE DEL SUINO NERO DEI NEBRODI

Una recente ricerca ha avuto come obiettivo la caratterizzazione morfologica e lo studio della variabilità genetica del suino nero dei Nebrodi.

La variabilità genetica è stata valutata mediante l'impiego di marcatori molecolari microsatelliti al fine di verificare eventuali differenze nelle varie aree di allevamento e tra i diversi nuclei allevati.

Il campione analizzato era composto da 147 soggetti non parenti, scelti in 22 aziende; il set di loci utilizzava 25 microsatelliti che ricadono tra quelli riportati nel database http://www.roslin.ed.ac.uk/chris-haley/related-links/ ed è compreso tra quelli raccomandati dall'ISAG e dalla FAO per valutare la variabilità genetica di razze e popolazioni a livello mondiale.

Per ciascun locus e gruppo di individui sono stati calcolati il numero degli alleli e le relative frequenze, gli alleli effettivi, l'indice di Shannon e il numero di alleli privati. Sono stati inoltre calcolati il valore di eterozigosità osservata (Hoss) e la stima di eterozigosità attesa (Hatt;) per locus e per gruppo; è stata infine studiata la struttura genomica di popolazione sulla base dei genotipi individuali ai loci microsatelliti. Mediante approccio Bayesiano del sofware STRUCTURE 2.2 gli individui sono stati assegnati su base probabilistica a clusters omogenei.

I risultati hanno evidenziato che la popolazione del Suino Nero dei Nebrodi presenta una una elevata variabilità genetica (249 alleli) e una notevole diversità autosomica che tuttavia non permette di identificare al suo interno gruppi omogenei significativi, ad esclusione di un caso.

E' probabile che l'elevata variabilità genetica riscontrata nell'intero campione testato possa essere attribuita al possibile incrocio con tipi genetici commerciali, o semplicemente alla mancata gestione degli accoppiamenti giustificata dal sistema di allevamento brado che caratterizza la maggior parte degli allevamenti.

Tali risultati sono fondamentali ai fini della selezione e del miglioramento genetico e della valorizzazione di questa popolazione, che nel l'area di allevamento ha permesso di creare importanti microeconomie.

BOX 9: INFORMAZIONI PRATICHE PER LA CARATTERIZZAZIONE MOLECOLARE

CAMPIONI BIOLOGICI

Preferibilmente sangue, anche bulbi piliferi

Campionamento: casuale, rappresentativo della popolazione. Il materiale biologico possibilmente deve provenire da più allevamenti; e da soggetti possibilmente non imparentati.

Estrazione DNA

Vari metodi

Marcatori consigliati

Microsatelliti

Numero di marcatori

Almeno 20

Database marcatori

ISAG – http://www.isag.us/

FAO – http://www.fao.org

FAO – http://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome

CaDBase – http://www.roslin.ed.ac.uk/resources/

AVIANDIV – http://aviandiv.tzv.fal.de/

PROCESSO DI GENOTIPIZZAZIONE

Amplificazione

Multiplex fluorescent PCR reactions

Analisi dei frammenti

Elettroforesi della multiplex con analizzatore genetico ad almeno a 4 capillari

ANALISI STATISTICA

Parametri da valutare

Numero Totaledi Alleli (TNA) ± Deviazione Standard

Ricchezza in Alleli (AR)

Eterozigosità Attesa e Osservata per locus e totale

Indice di Fissazione di Wright

Polymorphism Information Content (PIC)

Deviazione dall'Equilibrio di Hardy-Weinberg

Linkage Disequilibrium tra coppie di loci

Distanze Genetiche

Softwares consigliati

FSTAT 2.9.3.2 (Goudet 1995) per la valutazione dei parametri da 1 a 4

CERVUS 2.0 (Marshall et al. 1998) per la valutazione del parametro 5

GENEPOP 4.0.11 (Raymond and Rousset, 1995) per la valutazione dei parametri 6 e 7

Phylip 3.69 (Felsentein, 2009) per la valutazione del parametro 8. Per i dendrogrammi è consigliabile l'impiego del software **TreeView 1.6.6** (Page 2001)

STRUCTURE 2.3.1 (Pritchardet al. 2000) per l'analisi della struttura genetica delle popolazioni, confrontare e clusterizzare le popolazioni, ed assegnare gli individui alle popolazioni

GENETIX 4.03 (Belkir et al. 1996) per individuare fenomi migratori e relativi tassi migratori, stima del coefficiente di inbreeding per ciascuna popolazione.

7. LINEE GUIDA PER LA TUTELA DELLA RISORSE GENETICHE ANIMALI

In questo capitolo:

La "strategia del rischio" come risposta dell'Europa al dovere di salvaguardare le RGA; vantaggi, svantaggi e limiti di questa strategia attualmente utilizzata anche in Italia
Nuovi approcci alla conservazione delle RGA: la "strategia della massima diversità" e la "strategia della massima utilità"; cosa sono, quali sono i vantaggi e gli svantaggi.
Perché adottare la "strategia della massima utilità" in Italia e come utilizzarla
Gli obiettivi di conservazione: soddisfare la domanda attuale e futura del mercato; fronteggiare i cambiamenti dei processi produttivi; offrire oppprtunità alla ricerca scientifica; valorizzare il ruolo socio-economico attuale e futuro delle razze; salvaguardare il loro valore storico e culturale; salvaguardare il loro ruolo ecologico e ambientale
Cosa conservare: le caratteristiche delle razze (adattabilità all'ambiente, importanza economica, unicità di uno o più caratteri, valore stiorico e culturale, unicità genetica) e le razze prioritarie
Le tecniche di conservazione (in situ, ex situ propriamente detta ed ex situ mediante crioconservazione);
Crioconservazioe; indicazioni per la realizzazione di una banca nazionale del germoplasma in Italia

7.1 Premessa

Nei capitoli precedenti è stato ricordato che le mutazioni naturali, la spinta selettiva, l'adattamento all'ambiente, l'isolamento e la deriva genetica hanno progressivamente dato origine a un numero enorme di popolazioni locali di animali addomesticati e che, negli ultimi secoli, questo processo è culminato con la creazione di razze ben definite, utilizzate per molteplici scopi, e caratterizzate da diversi livelli di produttività. Da qualche decennio, lo sviluppo di programmi di selezione sempre più efficienti ha accelerato enormemente il loro miglioramento genetico, e il risultato è stato la rapida sostituzione di numerosissime razze locali con poche razze cosmopolite e altamente produttive.

Questo processo ha suscitato crescenti preoccupazioni per il rischio di erosione genetica. In Europa, molte Nazioni hanno da tempo adottato strategie di gestione delle RGA autoctone; in

generale, queste strategie si basano sulla compensazione di mancati redditi derivanti dall'allevamento delle razze locali, meno produttive rispetto a quelle selezionate, monoattitudinali e spesso cosmopolite. Si tratta di un approccio tipico di Paesi dove esistono risorse finanziarie sufficienti e dove esiste una consapevolezza politica della necessità di conservare la biodiversità. Questi incentivi hanno, in molti casi, arrestato il declino di alcune razze, ma in molti altri sono risultati inefficaci. Oggi, la sostenibilità economica nel lungo periodo e la reale efficacia del sistema degli incentivi è spesso messa in discussione, ed è ormai opinione diffusa che sia necessario studiare forme diverse e più specifiche di incentivi.

In generale, si ritiene che gli incentivi economici dovranno sempre più essere uno strumento di sostegno economico temporaneo per accelerare l'auto-sostenibilità economico-produttiva di una razza, anziché trasformarsi, come di fatto spesso avviene, in un sostegno economico di lungo periodo.

7.2 Strategie di conservazione

Come già accennato, la risposta dell'Europa alla necessità e al dovere di salvaguardare le RGA è stata l'adozione di una strategia di conservazione basata prevalentemente sul loro grado di minaccia - deducibile dal numero di maschi e femmine allevati in purezza, dal tasso di inbreeding e dalle dinamiche della popolazione - attraverso l'erogazione di incentivi per il loro allevamento.

Questa strategia, spesso definita **"strategia del rischio"** (**"risk strategy**"), viene applicata per passi successivi: una razza è, prima, messa sotto osservazione quando i parametri che descrivono il suo grado di rischio raggiungono una determinata soglia, e le azioni di salvaguardia vengono attivate, se questi scendono al di sotto di valori predefiniti (in genere viene fatto riferimento alle categorie di rischio FAO). La "strategia del rischio", pur essendo molto semplice e intuitiva, è stata talora criticata, perché non definisce obiettivi precisi di conservazione, generando talora confusione o dispersione di risorse umane e finanziarie. L'obiettivo implicito è quello di salvaguardare tutte le razze a rischio, ma il valore specifico di una razza o il suo contributo alla diversità genetica non sono chiaramente definiti né tenuti in debita considerazione. Per questo motivo la "strategia del rischio" è talora criticata, in quanto inefficace nel selezionare razze la cui salvaguardia è "prioritaria" per specifici obiettivi di conservazione della biodiversità. Inoltre, con la strategia del

rischio, le risorse umane e finanziarie disponibili per la conservazione non sono allocate in maniera ottimale, anche se i meccanismi di attribuzione sono estremamente semplici e intuitivi.

Ci sono alcune alternative a questa strategia. La cosiddetta "**strategia della massima diversità**" ("**maximum diversity strategy**") è molto efficace se l'obiettivo di conservazione è innanzitutto la salvaguardia della diversità genetica. In pratica, con questa strategia le razze da salvaguardare sono scelte sulla base del loro contributo al mantenimento della massima diversità genetica, sia attuale che futura. Per applicare questa strategia è ovviamente necessario disporre di un sistema appropriato di misura della diversità genetica. Come descritto nel paragrafo dedicato ai descrittori, esistono diversi sistemi a questo scopo, ma ciascuno differisce sia dal punto di vista "concettuale" che per il peso attribuito alla diversità tra razze e nella razza. Un indice utilizzato per classificare le razze sulla base del loro contributo alla diversità genetica è il "potenziale di conservazione" (CP) (Weitzman, 1993), che indica quanta diversità in più viene conservata se la razza è completamente messa al sicuro dal rischio di estinzione.

Un esempio di applicazione della "strategia della massima diversità" è quello realizzato da Bennewitz & Meuwissen (2006), che hanno classificato 9 razze olandesi sulla base del loro CP, calcolato a partire dalle "diversità marginali" (md = indice della perdita attesa di diversità tra due razze, a causa della loro estinzione, e della perdita attesa di diversità nella razza, a causa della deriva genetica) e dall'indice di probabilità di estinzione (CP = md x probabilità di estinzione).

Benchè CP sia un indice molto utile per classificare le razze, esso non dice però nulla sui costi di conservazione. Weitzman (1993), Simianer (2002) e Simianer *et al*. (2003) hanno evidenziato che, per ogni razza, occorre specificare i costi marginali e i ritorni marginali (in diversità) delle attività di conservazione intraprese, attraverso una apposita "funzione dei costi". In un lavoro del 2003, Simianer *et al*. hanno applicato 3 diverse funzioni di costo a 23 razze di zebù africane, dimostrando che solo alcune razze erano meritevoli di finanziamenti per la conservazione, e che i fondi per ciascuna delle razze selezionate differivano significativamente; i finanziamenti maggiori venivano attribuiti alle razze con il CP più elevato.

La funzione dei costi può essere utilizzata anche nel caso in cui, anziché considerare il solo ritorno marginale in diversità ("strategia della massima diversità"), si voglia quantificare il ritorno marginale in "utilità". Se gli obiettivi di conservazione sono molteplici e non solo limitati alla salvaguardia della diversità genetica, la "strategia della massima diversità" si allarga e diventa

"**strategia della massima utilità**" ("**maximum utility strategy**"). Dal punto di vista concettuale e sistematico, questa strategia è senz'altro la più indicata per la scelta delle razze da conservare. E' evidente che l'uso della "strategia della massima utilità" richieda, innanzitutto, la definizione di specifici obiettivi di conservazione; per fare ciò, è necessario sia acquisire molte informazioni sulle razze da salvaguardare che, in molti casi, ipotizzare scenari futuri nei quali esse potranno trovare una collocazione e un utilizzo proficui. Spesso questi dati e queste informazioni sono oggi incomplete, se non addirittura inesistenti, e ciò può costituire un vincolo all'uso di questa strategia. Tuttavia, va ricordato che la "strategia della massima utilità" è sicuramente la più efficace, non solo per il conseguimento degli obiettivi di conservazione, ma anche in termini di allocazione delle risorse umane e finanziarie disponibili, che in futuro saranno presumibilmente sempre meno. La sua applicazione potrebbe però richiedere, per alcune razze, una integrazione di informazioni (dall'indice di probabilità di estinzione al loro valore economico attuale e futuro, dall'unicità dei caratteri al valore storico, ambientale, etc.), che attualmente non sono disponibili. Fortunatamente, in Europa e in Italia, sono già disponibili informazioni generalmente accurate sul numero di razze autoctone allevate, sulle loro caratteristiche e distanze genetiche; solo i dati sulla probabilità di estinzione o sui costi necessari alla loro conservazione sono ancora in gran parte da determinare.

Con questa premessa, e con la progressiva riduzione in futuro di risorse umane e finanziarie disponibili ad attività di conservazione, appare illogico – anche dal punto di vista economico – continuare ad adottare unicamente la strategia del rischio, che non attribuisce priorità di conservazione e considera, alla stessa stregua, specie e razze completamente diverse. Meglio sarebbe effettuare una selezione delle razze da salvaguardare, in funzione di precisi obiettivi di conservazione, applicando progressivamente la "strategia delle massima utilità". Va sottolineato che, a causa della maggiore complessità e del numero di informazioni richieste, con questa strategia il livello di incertezza dei risultati oggi potrebbe essere ancora molto elevato. Ma è altrettanto vero che, anche con l'adozione della più semplice "strategia del rischio" o di altre strategie, la scelta delle razze da salvaguardare comporta sempre un margine più o meno elevato di errore. Nella pratica, oggi, è quindi consigliabile scegliere, di volta in volta, la strategia in grado di garantire i migliori risultati di conservazione al minor costo. L'obiettivo futuro è però quello di arrivare all'adozione della sola "strategia della massima utilità", ma per fare ciò è necessario

proseguire con studi e ricerche, finalizzate ad acquisire nuove informazioni per ridurre i rischi e le incertezze che questa strategia oggi comporta.

Il monitoraggio continuo delle popolazioni e i dati sulla loro consistenza resteranno elementi fondamentali per giustificare e avviare interventi di salvaguardia. Ma se è vero che lo stato di rischio continuerà, anche in futuro, ad essere un parametro essenziale nella scelta delle razze da salvaguardare, altrettanto vero è che la minore disponibilità di risorse umane e finanziarie per la conservazione imporrà la differenziazione di obiettivi di conservazione, ciascuno dei quali avrà costi e risultati attesi diversi.

7.3 Obiettivi di conservazione

Come accennato precedentemente, una moderna strategia di salvaguardia delle RGA parte, innanzitutto, dalla definizione precisa degli obiettivi di conservazione, conseguibili o meno dalle diverse razze minacciate di estinzione, in funzione delle loro caratteristiche intrinseche. Per questo, quando si decide di intervenire su una razza numericamente a rischio di estinzione, occorre conoscere in dettaglio queste caratteristiche, perché è in funzione di esse che la razza diventa prioritaria o meno per un determinato obiettivo. Spesso tali caratteristiche sono quantitativamente e oggettivamente misurabili, ma, in molti casi, non esistono dati certi, per cui è necessario fare ipotesi, approssimazioni, stime o previsioni.
Di seguito vengono riportati alcuni obiettivi di conservazione per le razze a rischio di estinzione; l'elenco non è esaustivo e può essere ulteriormente integrato. Nei capitoli successivi verranno descritte le caratteristiche da considerare per la definizione delle razze "prioritarie" per ciascun obiettivo di conservazione, nonché le tecniche di conservazione più adatte in funzione degli obiettivi.

Obiettivo 1: Soddisfare la domanda attuale e futura del mercato.

Il primo obiettivo che giustifica la conservazione di una razza locale è il soddisfacimento della domanda attuale e futura di prodotti di origine animale. Ciò è particolarmente vero in Europa e in Italia, dove gli sforzi per la conservazione della diversità genetica animale sono rivolti prioritariamente a soddisfare una domanda sempre più ampia e diversificata di formaggi, salumi e altri prodotti dell'allevamento. La variabilità, in termini quantitativi e qualitativi, di questa

domanda - già osservata in passato - richiede la conservazione e l'utilizzo del maggior numero di razze, per far fronte ad eventuali nuovi cambiamenti dei mercati e dei gusti dei consumatori, o a mutamenti degli attuali sistemi produttivi.

Obiettivo 2: Fronteggiare i cambiamenti dei processi produttivi

I moderni sistemi produttivi si basano su input/output molto elevati che mostrano, da tempo, evidenti sintomi di una progressiva riduzione di sostenibilità ambientale e/o economica. Mantenere un'ampia base di variabilità genetica garantisce agli allevatori una "assicurazione" per il futuro, contro possibili situazioni sfavorevoli alle razze oggi maggiormente diffuse, o per adattarsi - come già accaduto in passato – a cambiamenti più o meno prevedibili o improvvisi nei sistemi produttivi, a fronteggiare nuove malattie, ad adeguarsi a tecniche di allevamento meno spinte, etc.

Obiettivo 3: Offrire opportunità alla ricerca scientifica

Conoscere le razze locali è fondamentale, per mantenere la più ampia base di variabilità genetica. Le razze locali offrono una insostituibile opportunità per il mondo scientifico, e il loro studio e la conoscenza delle loro caratteristiche costituiscono un ulteriore obiettivo di conservazione, perché le loro peculiarità genetiche, produttive e attitudinali, ancora poco note, potrebbero essere utili, ad esempio, per realizzare nuovi incroci o isolare caratteri qualitativi e quantitativi di grande interesse economico e non solo.

Obiettivo 4: Valorizzare il ruolo socio-economico attuale e futuro

Spesso le razze locali sopravvivono in aziende zootecniche di piccole dimensioni, a conduzione familiare e localizzate in aree marginali. Non sempre le proposte di miglioramento di queste razze trovano oggi interesse da parte di Enti o Associazioni, nonostante il loro allevamento sia spesso in grado di sostenere microeconomie locali, grazie al valore dei prodotti ottenuti. Individuare e migliorare il valore socio-economico attuale e futuro delle razze locali è un importante obiettivo di salvaguardia, che può giustificare la realizzazione di piani di recupero e di valorizzazione di popolazioni a limitata diffusione.

Obiettivo 5: Salvaguardare il valore storico e culturale

Molte razze locali sono il risultato di un lungo processo di domesticazione e di adattamento a specifiche condizioni locali. Esse riflettono una lunga storia di simbiosi con l'uomo e possono aiutare a chiarire quei processi di comportamento, utili a migliorare la gestione degli animali negli attuali sistemi produttivi. Molte razze, inoltre, sono parte di tradizioni locali spesso abbandonate, e vanno quindi tutelate in quanto testimonianze viventi della cultura locale. Anche se di difficile quantificazione, il ruolo storico e culturale di una razza è diventato recentemente un importante obiettivo di conservazione, soprattutto in quei Paesi ricchi di tradizioni popolari.

Obiettivo 6: Salvaguardare il valore ecologico e ambientale

E' sempre più diffusa la consapevolezza che le razze locali, e la loro tecnica di allevamento, siano essenziali nel mantenimento di paesaggi e ambienti. Anche il mondo scientifico ha riconosciuto, in tempi relativamente recenti, il ruolo essenziale di una gestione oculata delle razze domestiche al pascolo, per il mantenimento di agroecosistemi importanti, anche per le specie selvatiche animali e vegetali. Garantire la sopravvivenza di razze locali per il ruolo ecologico, ambientale e paesaggistico che esse rivestono è, quindi, un obiettivo di conservazione che, nonostante possa - come il precedente - risultare di difficile quantificazione, è ormai ritenuto di grande importanza.

7.4 Razze prioritarie

Quando si devono scegliere le razze meritevoli di salvaguardia, il primo elemento da considerare è il loro grado di rischio. E', infatti, sottinteso che il fine comune di ogni programma di conservazione è l'arresto delle estinzioni. Ma quando viene applicata una strategia di conservazione basata anche sul conseguimento di uno o più obiettivi specifici, la salvaguardia di alcune razze diventa prioritaria rispetto ad altre. L'individuazione e la scelta di queste razze ("razze prioritarie") dipende dai loro caratteri e dalle caratteristiche.

Di seguito vengono elencate alcune di queste; l'elenco non è definitivo, ed altre possono essere prese in considerazione.

a) *Adattabilità all'ambiente*

L'adattabilità all'ambiente è una caratteristica fondamentale per determinati obiettivi di conservazione. Sono numerosissimi gli esempi di razze che, attraverso la selezione naturale o artificiale, si sono geneticamente adattate a specifici ambienti di allevamento. La loro salvaguardia

diventa prioritaria se l'obiettivo di conservazione è, ad esempio, quello di avere in futuro animali in grado di far fronte a cambiamenti nei sistemi produttivi, che prevedano l'allevamento in condizioni ambientali non controllate artificialmente, o tecniche di allevamento in condizioni naturali. Al contrario, l'adattabilità all'ambiente non è una caratteristica prioritaria, se l'obiettivo di conservazione prefissato è quello di salvaguardare il valore culturale o storico delle razze.

In un piano di gestione delle RGA, le informazioni sulle caratteristiche di un determinato ambiente possono essere utilizzate sotto diversi punti di vista. Esse consentono di fare alcune considerazioni preliminari su alcune caratteristiche di una razza, partendo dal presupposto che le condizioni pedo-climatiche locali, le risorse alimentari, i patogeni, etc., nel tempo, potrebbero avere indotto forme di adattabilità geneticamente trasmissibili. Anche le performance produttive potrebbero avere subito variazioni in relazione all'ambiente, intendendo con questo termine non solo quello naturale, ma anche il contesto socio-economico nel quale viene praticato l'allevamento. Conoscere la causa e l'entità di tali variazioni può aiutare nella pianificazione per un utilizzo e una valorizzazione futura di una razza. Benchè difficile da esprimere in termini puramente economici, l'adattabilità all'ambiente riveste un ruolo importantissimo, soprattutto alla luce della sempre maggiore richiesta di "sostenibilità" dei sistemi zootecnici. Ma oltre a quello economico, la conservazione di una razza, per la sua adattabilità a un determinato ambiente, può essere un obiettivo di tipo "ecologico", perseguito da parchi o riserve, dove la presenza di animali domestici costituisce parte integrante dell'ambiente naturale protetto.

b) Importanza economica

L'importanza economica di una razza è il parametro oggi maggiormente utilizzato per giustificare la conservazione di una razza a rischio. Tale parametro dipende da caratteri di importanza attuale (ad esempio: alta fertilità, elevato indice di conversione degli alimenti, elevata qualità dei prodotti, resistenza a malattie, etc.), e/o da caratteri di importanza futura.

La valutazione dei caratteri di importanza economica attuale è teoricamente semplice. In realtà, rispetto alle razze ad ampia diffusione, per molte razze locali oggi non esistono dati certi sulle loro performance produttive e sui loro caratteri qualitativi. Difficoltà di vario tipo limitano spesso i controlli a un numero ridotto di parametri; gli stessi controlli vengono in genere effettuati su pochi animali o in periodi di tempo limitati. Per queste razze, la maggior parte delle informazioni disponibili si riferiscono a dati fenotipici; i dati di tipo genetico sono molto scarsi, così come poco

conosciuti sono caratteri quali longevità, fertilità, mortalità, etc., che potrebbero rivelarsi molto interessanti dal punto di vista economico, sia nel mercato attuale che in quello futuro. Anche il confronto con le produzioni di altre razze più diffuse e studiate viene spesso realizzato, per oggettive difficoltà di esecuzione, con un disegno sperimentale in molti casi non adeguato. Garantire dati certi sulle performance produttive di una razza è, però, un aspetto fondamentale per definire una strategia di conservazione e per indirizzare le scelte future degli allevatori.

La stima del valore economico futuro di una razza è più difficile rispetto alla valutazione del valore economico attuale, e si può fare solo attraverso la simulazione di diversi scenari produttivi tra 10, 50 o più anni. In bibliografia sono disponibili metodi specifici di valutazione economica delle razze basati su ipotetici mercati futuri (Roosen et al., 2005), ma si tratta, pur sempre, di scenari teorici e simulati. E' certo, comunque, che – almeno a livello mondiale – la domanda di prodotti di origine animale sarà destinata ad aumentare; nei Paesi in via di sviluppo aumenterà – come già accaduto in altri Paesi - anche la domanda di qualità e di un minore impatto ambientale dei sistemi produttivi. Questi ed altri elementi prefigurano una maggiore competitività di alcune razze attualmente poco diffuse. Va inoltre ricordato che, per alcune razze di interesse attuale, i possibili futuri cambiamenti nel mercato, nella domanda da parte dei consumatori, o nelle politiche della UE potrebbero avere conseguenze drammatiche, e favorire, per contro, il recupero di altre, i cui caratteri sono oggi poco valorizzati.

BOX 10: IL "VALORE ECONOMICO COMPLESSIVO" DI UNA RAZZA

Nel 2001, Drucker et al. hanno elaborato una equazione per calcolare il valore economico complessivo di una razza (TEV: Total Economic Value). L'equazione tiene in considerazione non solamente i benefici derivanti dall'utilizzazione diretta di una razza per la produzione di cibo e servizi (DUV), ma anche quelli derivanti da un uso indiretto (IUV), futuro (OV) e dal non-uso (NUV) di una razza.

L'equazione di Drucker et al. è la seguente:

TEV = DUV + IUV + OV + NUV

Dove:

DUV = Direct Use Value. E' il valore attribuito a una razza per i benefici attuali e diretti, che derivano dal suo allevamento (carne, lana, latte, lavoro, trazione, fertilizzazione, cuoio, etc.); DUV è legato all'obiettivo di garantire l'allevamento di una razza come attività socio-economica

IUV = Indirect Use Value. E' il valore che deriva dal ruolo culturale o ecologico di una razza. IUV è legato all'obiettivo di mantenere intatti ed efficienti gli agro-ecosistemi

OV = Option Value. E' il valore che deriva dal mantenimento di un bene per usi futuri. OV è legato all'obiettivo di fornire una "assicurazione" contro, ad esempio, l'insorgenza di nuove malattie, o "flessibilità" contro gli effetti dei cambiamenti climatici, dei mercati, etc.

NUV = Non-Use Value. E' il valore derivante dal non uso della razza; è valutabile dalla stima dell'importanza culturale e storica di una razza.

c) Unicità di uno o più caratteri

Alcune razze potrebbero rivelarsi di interesse prioritario per conseguire determinati obiettivi di conservazione, in virtù delle loro caratteristiche comportamentali, fenotipiche o fisiologiche, che possono dipendere da un singolo gene o da un effetto poligenico. Oltre ad avere una importanza economica attuale o potenziale, tali caratteri potrebbero essere di grande interesse scientifico. Conservare queste razze significa avere a disposizione materiale di studio per future ricerche, i cui risultati potranno trovare applicazione nei settori più diversi. Analogamente a quanto già detto in precedenza per la stima del valore economico, anche i benefici derivanti dalla conservazione di una razza per l'unicità dei suoi caratteri non sono sempre di facile individuazione e quantificazione, ma ciò non significa che essi siano irrilevanti e che la razza non sia degna di essere salvaguardata.

d) Valore storico e culturale

Una razza può essere salvaguardata per il suo valore culturale o storico, nazionale o locale. Al pari di un'opera d'arte o di un monumento, tale valore è tanto maggiore quanto più esso rappresenta una testimonianza di una cultura o di una società, diverse da quella attuale. Il valore storico e culturale di una razza è, quindi, particolarmente importante nelle società dove l'agricoltura ha subito i maggiori cambiamenti rispetto al passato. Come in Europa, dove oggi alcune razze rappresentano l'unica testimonianza vivente di attività e tradizioni ormai abbandonate. Anche il valore storico e culturale di una razza è un parametro difficile da quantificare, che dipende dalla solidità del legame con il suo territorio di origine e di allevamento, con i suoi abitanti, con le attività che essi svolgono e con i prodotti che ne derivano. Anche se oggi questo valore può generare reddito, qualora opportunamente valorizzato come risorsa turistica, nella gran parte dei

casi esso rimane un concetto astratto e difficilmente monetizzabile. Di conseguenza, salvaguardare una razza per il suo valore storico o culturale spesso può richiedere un intervento finanziario, che generalmente solo i Paesi a reddito elevato possono sostenere.

BOX 11: UNA METODOLOGIA PER ACCERTARE IL VALORE STORICO E CULTURALE DI UNA RAZZA

Un razza può essere considerata una proprietà culturale (Gandini & Villa, 2003), in relazione al suo ruolo di "testimonianza storica", o perché è un punto di riferimento di antiche tradizioni locali ("custode di tradizioni locali").

Il suo valore storico può essere stimato rispondendo ai quesiti di seguito elencati, attribuendo un "peso" a ciascuna risposta:

- Antichità. Quanto è lungo il periodo di presenza stabile di una razza in un determinato territorio? ("antichità" della razza: più lungo è il periodo, maggiore è il suo impatto sulla società rurale).
- Allevamento. Quanto il sistema agricolo o allevatoriale locale è storicamente legato alla razza?
- Ambiente e paesaggio. La razza è un elemento distintivo e di riconoscibilità dell'ambiente in cui è allevata? Le tecniche di allevamento della razza hanno modificato progressivamente e in modo permanente l'ambiente e il paesaggio?
- Gastronomia e prodotti tipici. Quanto ha contribuito una razza alla fama gastronomica di un territorio? Quanto un prodotto di origine animale è indissolubilmente legato a una razza? La razza ha contribuito alla nascita e alla diffusione di un prodotto tipico e locale?
- Folklore. La razza fa parte, direttamente o attraverso il sistema di allevamento, del folklore locale, incluse le tradizioni religiose?
- Artigianato e manufatti. Le tecniche di allevamento e di gestione della razza possono richiedere l'uso di particolari attrezzature o la costruzione di manufatti tradizionali e tipici del suo areale di allevamento?
- Arte. La razza è presente in altre forme di espressione artistica locali (arti figurative, musica, poesia, etc.)?

e) Unicità genetica

Le razze si differenziano nel tempo attraverso processi di isolamento genetico, deriva genetica, selezione o mutazione. Salvare razze geneticamente distanti è importante per conservare i diversi alleli e le diverse combinazioni geniche che le caratterizzano e che si manifestano attraverso caratteri, che in futuro potrebbero rivelarsi utili. La maggior parte delle razze allevate in Italia è di origine recente (meno di 200 anni), e la loro "storia genetica", spesso ben documentata, consente quasi sempre di identificare le differenze genetiche esistenti. Quando ciò non è possibile, la loro unicità può essere stimata con studi di genetica basati su microsatelliti o altre tecniche. La salvaguardia di queste razze è un modo per assicurare un'ampia variabilità genetica della specie, necessaria a futuri programmi di selezione.

7.5 Tecniche di conservazione

Definiti gli obiettivi specifici e le razze "prioritarie" per ciascun obiettivo, occorre scegliere le tecniche di conservazione più adatte a ciascuna di esse, in funzione delle loro caratteristiche e degli obiettivi di conservazione.

Le tecniche di conservazione delle risorse genetiche animali si dividono in due categorie: *in situ* ed *ex situ* (FAO, 2006).

La **conservazione i*n situ*** è, prima di tutto, l'allevamento a fini produttivi di una razza locale nel suo agro-ecosistema di origine, evoluzione e presenza attuale. In tal modo, la diversità animale è sia utilizzata al meglio, nel breve periodo, che conservata per un periodo lungo. Per operare la conservazione *in situ* di una razza è necessario conoscere le sue *performance* produttive (per effettuare confronti con altre razze e valutare l'economicità dell'allevamento) e verificare la possibilità di avere assistenza tecnica e la prresenza di adeguate infrastrutture. I piani di selezione dovrebbero avere come obiettivo l'incremento numerico della popolazione e il miglioramento della produttività, mantenendo però la variabilità genetica della razza. A tal fine, il parametro da considerare con attenzione è la grandezza effettiva della popolazione, che può essere definita come la dimensione reale che mostra lo stesso tasso di incremento di consanguineità per generazione presente nella popolazione reale. I piani di accoppiamento possono ridurre l'incremento del livello di consanguineità in funzione della numerosità dei riproduttori disponibili (Russo et al., 2001).

I costi per la conservazione *in situ*, sono nel lungo periodo, meno elevati di quelli della conservazione *ex situ*. Oggi esiste un ampio consenso sulle tecniche *in situ*: la Convenzione sulla Biodiversità di Rio de Janeiro (art. 8), ad esempio, consiglia di effettuare i maggiori sforzi operativi e legislativi in questa direzione, e suggerisce l'impiego di quelle *ex situ* come attività complementari (art. 9); le linee guida della FAO (1998) ribadiscono il medesimo concetto; le Direttive comunitarie privilegiano decisamente la salvaguardia *in situ* delle razze europee a rischio.

In Italia sono numerosi gli esempi di conservazione *in situ* basati sul Registro Anagrafico delle razze di Mammiferi. La consultazione dei siti web di AIA, ANAS, AssoNaPa, ANCI o dei siti web regionali consente di avere una illustrazione dettagliata e aggiornata delle attività in corso.

BOX 12: ESEMPI DI CONSERVAZIONE *IN SITU* DI RAZZE LOCALI DEL VENETO

La razza bovina "Burlina"

La Burlina è considerata autoctona dell'area pedemontana veneta compresa tra le province di Treviso, Vicenza e Verona. Attualmente (2011) conta circa 300 capi iscritti al Registro Anagrafico (di cui una ventina sono tori riproduttori) suddivisi in una quindicina di allevamenti di medio piccole dimensioni. L'attuale programma di recupero e conservazione della razza *in situ*, privilegia l'allevamento presso le aziende dell'area di origine, e coinvolge oltre alle Associazioni provinciali allevatori (Treviso e Vicenza) enti regionali come Veneto Agricoltura e pubblici (Università degli Studi di Padova, Dipartimento di Scienze Animali, Provincia di Vicenza, Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie).

Dopo una ampia ricognizione sulla popolazione esistente (2004-06), sia morfologica che genetica, quest'ultima attraverso analisi con microsatelliti del DNA nucleare e preliminari indagini sul cromosoma Y, attualmente il programma di conservazione *in situ* prevede:

- la valutazione morfologica di tutti i giovani animali;
- l'iscrizione dei soggetti idonei;
- la registrazione dei principali parametri produttivi, riproduttivi e di qualità del latte nelle bovine in produzione;
- la scelta dei riproduttori maschi-giovani tori, mediante dei primi indici genetici composti, che minimizzano la parentela entro popolazione senza compromettere la produzione;

- il prelievo di dosi di seme dai torelli idonei e stoccaggio di una sufficiente quantità di dosi di seme congelato presso strutture idonee (circa 100 dosi/toro);
- la pianificazione degli accoppiamenti e assistenza agli allevatori nella scelta del toro;
- il monitoraggio del livello di consanguineità nella popolazione;
- l'ampliamento costante e graduale della banca dati genetica (campioni di DNA)

Per stimolare l'allevamento della razza e l'aumento della popolazione sono inoltre stati sviluppati progetti di supporto agli allevamenti che mirano a valorizzarne i prodotti, principalmente il formaggio Morlacco monorazza (con solo latte di Burlina) e secondariamente la carne dei vitelli.

Le razze ovine

Delle oltre dieci razze ovine censite sul territorio veneto nel secondo dopoguerra, solo 4 sono sopravissute ed oggi dispongono del Registro Anagrafico di razza: Alpagota, Lamon, Brogna e Vicentina o di Foza. Due di queste, Alpagota e Brogna, presentano una popolazione superiore ai 2000 capi, mentre per Lamon e Foza il numero di riproduttori non arriva a 150, distribuiti in pochi allevamenti. Il programma di conservazione iniziato da una decina di anni da Veneto Agricoltura in collaborazione con le Associazioni allevatori provinciali interessate e con la collaborazione e supporto scientifico del Dipartimento di Scienze Animali dell'Università di Padova e l'Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie, predilige il sistema *in situ* (allevamenti nelle aree di origine della razza) supportato dalla presenza di alcuni centri di conservazione presso aziende degli enti partecipanti. Nello specifico, per le razze Alpagota e Brogna, che presentano ancora un popolazione superiore ai 2000 capi distribuite in oltre quaranta allevamenti nelle zone di origine (Alpago-Belluno e Lessinia-Verona), il programma prevede:
- monitoraggio, valutazione morfologica e iscrizione al Registro Anagrafico dei giovani riproduttori che presentano le caratteristiche dello standard di razza;
- marcatura con bolo ruminale per una migliore ed affidabile individuazione dei riproduttori;
- sostituzione frequente degli arieti, anche provenienti dal Centro di conservazione delle razze ovine venete di Veneto Agricoltura;
- individuazione di una rete di allevatori custodi, per la rotazione programmata degli arieti.

Diversamente per le due razze a forte rischio di scomparsa (Lamon e Foza), entrambe con meno di 150 riproduttori e pochi allevatori, si predilige la conservazione mista tra centri di conservazione e

le aziende di allevatori custodi, con lo scopo di aumentare velocemente la popolazione. Presso i 3 centri di conservazione, sono presenti dei nuclei di 30-40 pecore per razza e almeno 8-10 arieti; ogni anno le 2 famiglie di pecore vengono accoppiate sotto controllo con almeno 6 arieti, allo scopo di ottenere giovani riproduttori con diversa paternità e limitare l'aumento della consanguineità e perdita di variabilità genetica causato dalla limitata popolazione esistente. I giovani riproduttori dopo valutazione e iscrizione al Registro Anagrafico, sono disponibili per le aziende degli allevatori custodi interessati alla rete di conservazione o per costituire nuovi allevamenti.

Nel corso degli ultimi anni è stato effettuato un ampio screening genetico di popolazione delle 4 razze attraverso analisi del DNA nucleare con marcatori microsatelliti, come indicato dalle linee guida della FAO. La creazione di una sufficiente banca dati genetica è uno strumento importante per monitorare l'evoluzione della popolazione nel tempo, valutare singoli casi di riproduttori, oltre a tenere sotto controllo la presenza di aplotipi sensibili per la patologia "*scrapie*". Inoltre, sono stati eseguiti alcuni confronti sulle distanze genetiche tra le razze ovine venete e altre maggiormente diffuse, quali Bergamasca e Appenninica. Recentemente è stato avviato un programma di raccolta di seme dagli arieti a fine carriera, sia al macello (prelevando i testicoli e raccogliendo il materiale seminale epididimale) sia in vivo, attraverso normali raccolte di sperma previo addestramento dei soggetti. Lo scopo è quello di conservare in due siti diversi, circa 100 dosi di seme congelato per riproduttore, e raccogliere seme da almeno 20 arieti per razza nei prossimi anni. Le azioni di conservazione delle razze sono supportate anche da attività di valorizzazione dei prodotti, ove la numerosità della popolazione esistente ne permetta una sufficiente quantità, come nel caso della carne di agnello dell'Alpago (Presidio Slow Food).

Le razze avicole

Da circa dieci anni è in corso un'azione coordinata da Veneto Agricoltura per la conservazione e il recupero di diverse razze avicole originarie dell'area veneta. Questa attività di conservazione *in situ* viene svolta in collaborazione con le aziende di 4 Istituti Tecnici Agrari e Professionali (Padova, Castelfranco V.to, Montebelluna e Feltre), alcuni allevatori interessati e con il supporto scientifico del Dipartimento di Scienze Animali dell'Università di Padova e dell'Istituto Zooprofilattico Sperimentale delle Venezie, per la parte sanitaria. Le specie incluse nel progetto, che dall'origine è

stato denominato Co.Va. (Conservazione e Valorizzazione degli avicoli veneti) sono attualmente quattro: il pollo, l'anatra, la faraona ed il tacchino.

Le razze incluse nel piano di conservazione sono 13:

Pollo: Robusta Maculata (PRM), Robusta Lionata (PRL), Ermellinata di Rovigo (PER), Pèpoi (PPP), Padovana Dorata (PPD), Padovana Camosciata (PPC), Polverara nera (PPVN), Polverara bianca (PPVB)

Anatra: Germanata Veneta (AGV), Mignon (AMG)

Faraona: Camosciata (FCM)

Tacchino: Comune Bronzato (TCB), Ermellinato di Rovigo (TER)

All'inizio della stagione di riproduzione lo schema di conservazione prevede, fin dal 2003, la rotazione dei riproduttori maschi fra i diversi centri di conservazione e allevatori. Questa rotazione ha contribuito negli anni alla formazione di una popolazione di dimensione più ampia ed in prospettiva omogenea tra i diversi allevamenti di conservazione. I giovani riproduttori vengono marcati individualmente e valutati più volte nel corso dell'accrescimento; al raggiungimento della maturità sessuale sono selezionati in base allo standard morfologico di razza, famiglia di origine, ecc. Risultano inoltre disponibili archivi di dati relativi agli accrescimenti giornalieri medi per tutte le razze, le percentuali di nati vivi e di uova feconde. Attualmente non è ancora stato attivato dal MIPAAF il Registro Anagrafico nazionale delle razze avicole, ma la registrazione dei dati e il lavoro svolto in questi anni per razze avicole venete, ne permetteranno una facile applicazione non appena possibile sotto il profilo normativo.

Nei diversi centri di conservazione vengono inoltre prelevati dai giovani riproduttori destinati alla rimonta, i campioni di sangue destinati all'analisi con marcatori molecolari polimorfici (utilizzando microsatelliti DNA). Questa analisi consente oggi di conoscere meglio la variabilità genetica a livello molecolare e poter disporre, se necessario, anche di strumenti di tracciabilità genetica per la valorizzazione dei prodotti avicoli (carne). La valorizzazione dei prodotti di queste razze è stata avviata con il riconoscimento dei loro prodotti nell'Elenco Nazionale dei Prodotti Agroalimentari Tradizionali (Decreto MIPAAF 8 maggio 2001 – Suppl. ordinario 147 alla G.U. 136 del 14-06-2001, consultabile al sito www.politicheagricole.it, alla voce "Prodotti di Qualità".

Per maggiori informazioni: *ricerca@venetoagricoltura.org*

La tecnica di **conservazione *ex situ*** prevede due possibilità: la conservazione *ex situ* - *in vivo* e la crioconservazione. La tecnica *ex situ* - *in vivo* prevede l'allevamento di animali in condizioni ambientali diverse da quelle degli agro-ecosistemi di origine oppure in aree diverse da quelle tipiche di presenza degli animali (inclusi zoo, parchi agricoli, etc.); è opinione accettata che la selezione naturale in ambienti diversi da quelli di origine possano alterare le frequenze geniche del pool genetico originario. La crioconservazione avviene attraverso la conservazione di materiale genetico refrigerato (cellule aploidi: materiale seminale, ovuli; cellule diploidi: embrioni; sequenze di DNA). Altri metodi di manipolazione genetica, come ad esempio l'uso di tecniche di DNA ricombinante, rappresentano strumenti utili per lo studio o il miglioramento delle razze, ma non sono riconducibili a tecniche di conservazione *ex situ* propriamente dette.

Le differenze tra conservazione *in situ* ed *ex situ* - *in vivo* sono, in molti casi, poco definite. Le due tecniche differiscono comunque per la loro efficacia, ai fini del conseguimento degli obiettivi di conservazione.

Le tecniche *ex situ* o la crioconservazionesono in molti casi uno strumento potente e sicuro per la salvaguardia delle RGA. E' quindi ragionevole far si che ci sia un'integrazione delle due tecniche a seconda dei casi, e che quelle *ex situ* siano sempre complementari a quelle *in situ*. Se con queste ultime, infatti, sarebbe teoricamente possibile conseguire tutti gli obiettivi di conservazione, molto spesso non esistono condizioni socio-economiche, culturali o ecologiche, tali da permetterne l'impiego. In questi casi, la scelta ricadrà su quelle *ex situ*, nonostante i rischi ad esse connesse. Le tecniche *ex situ*, infatti, non offrono opportunità di sviluppo socio-economico degli allevatori, perché richiedono l'allontanamento degli animali dalle zone di origine; le popolazioni allevate *ex situ* sono generalmente poco numerose rispetto a quelle *in situ* e maggiormente esposte a deriva genetica; infine, la crioconservazione "congela" anche i naturali processi evolutivi di una razza.

L'efficacia delle diverse tecniche di conservazione in funzione degli obiettivi è riportata sinteticamente nella tabella seguente (da Oldenbroek, 2007).

Tabella 18: Efficacia delle diverse tecniche di conservazione in funzione degli obiettivi.

	Tecnica

Obiettivo	*Crio conservazione*	*Ex situ*	*In situ*
Garantire un sistema flessibile in grado di fornire:			
- assicurazione contro cambiamenti nei sistemi produttivi	++	+	++
- difesa contro malattie, disastri ambientali, etc.	++	-	-
- opportunità per la ricerca	++	++	++
Fattori genetici			
- continua evoluzione della razza / adattamento genetico	-	+	++
- aumento delle conoscenze delle caratteristiche di una razza	+	++	+++
- Minima esposizione alla deriva / erosione genetica	++	-	+
Uso sostenibile delle aree rurali			
- Opportunità per lo sviluppo rurale	-	+	+++
- Mantenimento della diversità degli agroecosistemi	-	-	++
- Conservazione della diversità culturale rurale	-	+	++

Qualunque sia la tecnica scelta (*in situ*, *ex situ* o una loro combinazione), è necessario garantire il mantenimento della maggiore variabilità genetica all'interno della razza. Ciò è particolarmente difficile quando si tratta di piccole popolazioni, dove il rischio di consanguineità e di perdita di diversità allelica è molto elevato. La consanguineità riduce, infatti, la variabilità genetica e quindi la capacità di adattamento all'ambiente, inducendo un effetto depressivo su alcuni caratteri produttivi e riproduttivi a bassa ereditabilità. A tutto ciò va ad aggiungersi l'inevitabile procedere della deriva genetica che, andando a fissare un allele, provoca di riflesso la perdita dell'altro.

Generalmente, per cercare di rallentare, per quanto possibile, gli effetti deleteri della consanguineità, vengono proposti i cosiddetti "modelli di gestione genetica". Tali modelli prevedono tre strategie: 1) la massimizzazione del numero effettivo di popolazione, 2) la minimizzazione della parentela fra i riproduttori e, 3) la pianificazione degli accoppiamenti. Con queste strategie, si tende a portare il numero dei riproduttori maschi (generalmente più ridotto) al punto più elevato possibile e a ridurre il coefficiente di consanguineità, scegliendo ad ogni generazione riproduttori sulla base dei loro rapporti di parentela. Tutto ciò viene concretizzato nella pianificazione degli accoppiamenti, strategia a breve termine, che ritarda la consanguineità piuttosto che diminuirne il tasso di incremento.

Schemi di calcolo della consanguineità e dei fondatori equivalenti e assoluti (ad esempio: Minbreed) e di gestione e di accoppiamento delle razze a scarsa numerosità sono stati elaborati da diversi autori (Gandini & De Filippi, 1998; Raoul et al., 2004), ma spesso la loro utilizzazione è limitata dalla mancata conoscenza di alcune informazioni, dalla scarsa disponibilità di fondi, da carenze o difficoltà organizzative, etc.

In alcuni casi, anche l'incrocio può trovare applicazione come strumento per il rinsanguamento di popolazioni gravemente colpite da tare genetiche, o in caso di popolazioni fortemente sbilanciate nel rapporto numerico dei sessi, o in cui uno dei due sessi è scomparso, o ancora nei tentativi di ricostituzione di razze reliquie o estinte.

BOX 13: L'UTILIZZO DELL'INCROCIO NELLA SALVAGUARDIA DELLE POPOLAZIONI A RISCHIO DI ESTINZIONE.

L'incrocio può essere applicato, non solo per migliorare le caratteristiche di alcune razze, ma anche in piani di conservazione di popolazioni ridotte allo stato di reliquia, o nei tentativi di ricostituzione di razze estinte.

Alcuni applicazioni dell'incrocio con queste finalità si effettuano mediante:

- l'allevamento di soggetti maschi in esubero e di femmine incrocianti morfologicamente affini; in questo modo si ha la possibilità di testare il risultato di piani di salvaguardia, senza rischiare l'integrità di micropopolazioni estremamente rare, oggetto di tutela;
- la distribuzione per piani di incrocio di soggetti maschi (spesso le razze fortemente minacciate producono più maschi) su territori più ampi rispetto a quelli di origine. In tal modo, può essere

mantenuto in vita un maggior numero di animali e ridurre il rischio di fenomeni morbosi accidentali, che possono minare il nucleo allevato in purezza;

- l'ingresso di riproduttori appartenenti ad altra razza di comprovata vicinanza genetica, per un graduale apporto di nuovo sangue e successivi incroci di sostituzione con soggetti della razza pura, oggetto di tutela;

- la selezione di esemplari meticci che, a distanza di alcune generazioni da incroci disordinati, siano fenotipicamente simili alla razza pura utilizzata negli incroci. La selezione di questi meticci rende possibile ottenere nuovamente animali dotati di stabilità fenotipica trasmissibile alla prole e utilizzabili nel recupero di razze con problemi riproduttivi imputabili a consanguineità.

Per la ricerca delle razze da utilizzare nell'incrocio esistono due possibilità, che apparentemente possono sembrare antitetiche, ma che entrambe rispondono a precise esigenze.

1) Ricerca della affinità. Nella ricerca della razza idonea, si osservano somiglianze morfologiche, che possono riguardare caratteristiche apparenti di mantello, conformazione, attitudine, o possono semplicemente rispondere a parentele genetiche che, non obbligatoriamente, passano attraverso similitudini morfologiche spiccate (ad esempio, la bovina Reggiana e la bovina Modenese o Bianca Val Padana). In questo caso, sarebbero da escludere incroci con razze solo sommariamente simili, ma completamente estranee nelle parentele e negli ambiti territoriali di appartenenza (ad esempio, le razze suine Duroc e Mora Romagnola). Questa metodica presuppone un forte approfondimento sulle origini storiche della razza. Un contributo notevole potrebbe venire, in futuro, dalle applicazioni delle moderne tecniche di genetica molecolare, che chiariscano maggiormente le parentele fra diverse razze.

2) Ricerca della differenza. Nella scelta della razza da incrociare, si privilegiano alcuni caratteri ben distinti, del tutto estranei alla razza oggetto di tutela. In questo modo è possibile, in alcuni casi, identificare per lungo tempo i soggetti provenienti dall'incrocio. Queste differenze, molto evidenti, possono essere all'origine di una spontanea segregazione di due fenotipi ben distinti; tale fenomeno permette l'individuazione nella progenie di individui utilizzabili in un graduale processo di incrocio di sostituzione.

7.6 La crioconservazione

Questo capitolo, che prende spunto dalle "Guidelines for cryoconservation of animal genetic resources" della FAO (2011), fornisce alcuni indicazioni generali e un supporto tecnico-scientifico per i decisori politici in vista di un futuro piano nazionale di crioconservazione delle risorse genetiche animali e vegetali.

Il testo integrale delle linee guida FAO per le RGA è disponibile al sito:

http://www.fao.org/nr/cgrfa/cgrfa-meetings/cgrfa-comm/thirteenth-reg/en/

Esse riportano, tra l'altro, l'elenco degli schemi, delle attrezzature, delle strutture e delle procedure necessarie per tutte le operazioni inerenti la raccolta, lo stoccaggio e l'uso del materiale da crioconservare.

Scopo delle linee guida FAO è fornire le indicazioni per conseguire gli obiettivi di una banca del germoplasma animale, che sono di seguito elencati:

1) "back up" delle popolazioni conservate *in vivo* in caso di sopraggiunti problemi genetici (ad esempio perdita di diversità allelica, inbreeding, comparsa di combinazioni geniche negative, etc.), aumento della popolazione effettiva e riduzione della deriva genetica
2) ricostruzione di razze estinte o allo stato di reliquia
3) creazione di nuove linee/razze in caso di estinzione
4) riorientamento dell'evoluzione o della selezione di una popolazione
5) ricerca e sperimentazione

Questi obiettivi sono applicabili nel breve, medio e lungo periodo, sia a razze a bassa numerosità o a rischio di estinzione (obiettivi 1, 2, 3 e 5), sia a razze ad elevata numerosità e non minacciate (obiettivo 4 e 5).

7.6.1 Stakeholders, finanziamenti e attività

Ad oggi, non esiste, a livello internazionale o europeo, un regolamento sull'organizzazione di una banca del germoplasma; sono disponibili, tuttavia, alcune raccomandazioni (FAO, 1998; OECD, 2003), che sottolineano, innanzitutto, la necessità di un coinvolgimento coordinato di tutte le strutture amministrative territoriali e di tutti gli attori (pubblici e privati) interessati.

Oltre agli Enti governativi, che hanno la responsabilità di conservare le risorse genetiche nel rispetto della Convenzione sulla Biodoversità (1992) e il cui coinvolgimento è soprattutto di natura politica e finanziaria, la realizzazone di una banca nazionale del germoplasma deve necessariamente coinvolgere:

- le Associazioni di Allevatori, in quanto rappresentanti dei detentori delle RGA e gestori dei Libri Genealogici, dei Registri Anagrafici, dei piani di accoppiamento, etc.;
- le ONG di settore, che hanno un ruolo di affiancamento agli enti governativi e alle associazioni allevatori;
- le compagnie e gli Enti privati responsabili di programmi di gestione di determinate razze;
- le Università, gli Enti di Ricerca e le scuole, che, oltre a possedere, in alcuni casi, animali appartenenti a razze locali o a rischio, offrono un importante contributo nella formazione del personale tecnico-scientifico sull'uso delle tecniche di prelievo, di conservazione e di utilizzo del materiale conservato.

Per quanto riguarda gli aspetti gestionali, gli esempi stranieri dimostrano che le politiche generali, le priorità e le strategie di conservazione della biodiversità, debbano essere definite da un Comitato Nazionale operante all'interno di un Piano Nazionale di Crioconservazione di tutte le risorse genetiche nazionali. Per quanto riguarda quelle animali, la responsabilità dell'attuazione del programma è demandata a uno specifico comitato di gestione della banca del germoplasma, che provvede anche al coordinamento degli stakeholders, alla scelta delle razze prioritarie in funzione degli obiettivi di conservazione, allo sviluppo del database dei donatori, all'analisi costi/benefici delle scelte programmate e a tutte le attività necessarie al conseguimento degli obiettivi di conservazione.

L'accordo tra stakeholders su "come" finanziare le attività di crioconservazione è un elemento essenziale nella gestione della banca del germoplasma. Ciascun attore può partecipare al finanziamento in termini di supporto economico, di materiali, di lavoro e di strutture.

Va ricordato che l'Unione Europea offre opportunità di finanziamento per la creazione di collezioni *ex situ* in tutti gli Stati membri.

Nella ricerca dei finanziamenti, è necessario effettuare un'analisi costi/benefici (futuri), che giustifichino dal punto di vista economico l'avvio della banca. Tale analisi dovrà includere:

- la definizione dei contributi dei singoli stakeholders

- la definizione dei benefici potenziali attesi
- l'analisi dei costi operativi (di gestione)
- il livello di qualità desiderato

A livello pratico, sarà quindi necessario identificare:

- il tipo di materiale da conservare (seme, embrioni, oociti, cellule somatiche, etc.);
- la quantità di materiale da conservare, in funzione sia di considerazioni di tipo pratico (logistica, spazi disponibili, costi di mantenimento, etc.) che di risultati derivanti dall'analisi costi/benefici. In generale, il volume di materiale genetico stoccato dovrà essere il minore possibile, ma, al tempo stesso, contenere la massima diversità;
- l'integrazione nel contesto internazionale, per evitare la conservazione di materiale identico in Paesi diversi;
- le priorità entro e tra le razze, attraverso considerazioni di tipo pratico (supporto dagli allevatori, coordinamento tra allevatori, tecnologie disponibili etc.);
- la possibilità di avere più siti di stoccaggio, per ragioni di sicurezza e di facilità ed economicità di utilizzo del materiale conservato. Per ragioni di costo, il numero dei siti di stoccaggio non dovrebbe comunque essere eccessivo;
- i parametri temporali. I costi per la realizzazione di una banca del germoplasma sono elevati in un'ottica di breve periodo, ma l'utilizzo del materiale consevato richiede una valutazione di medio o lungo termine.

7.6.2 Cosa conservare

La conservazione del maggior numero di razze (ad ampia o limitata diffusione, ad elevato o ridotto rischio di estinzione) e della loro diversità genetica, sono, al tempo stesso, obiettivi e criteri da utilizzare nella scelta del materiale da stoccare.

Per massimizzare la diversità genetica conservata in una banca del germoplasma, è possibile utilizzare le indicazioni fornite dalla "strategia della massima diversità" (le razze vengono scelte in base al loro contributo nel mantenimanto della diversità genetica complessiva, senza però tenere conto della diversità all'interno di ogni razza) o, meglio, le indicazioni della "strategia della massima utilità", già descritte nei precedenti capitoli. Ciò è ancor più necessario qualora, come auspicabile, la crioconservazione funga da supporto a programmi di salvaguardia *in situ*, nei quali

siano stati individuati gli obiettivi di conservazione delle diverse razze, in funzione delle loro caratteristiche.

Tipo e quantità di materiale da stoccare dipendono, quindi, dagli obiettivi di conservazione, ma anche dai fondi disponibili, dai vincoli esistenti e dalla disponibilità di materiale biologico. La scelta dei donatori è effettuata sulla base della loro rappresentatività (considerando quindi i rapporti di parentela dei donatori, attraverso il loro pedigree e l'area di provenienza), sulla base di genotipi/alleli specifici (attraverso l'analisi di markers genetici o sulla stima del loro valore genetico) e dei dati genetici disponibili. Qualora non esistessero, la scelta dovrà avvenire sulla base del loro fenotipo e della storia della loro mandria/gregge, considerando i possibili incroci, passati o recenti, con altre razze. In questi casi, lo studio con marcatori genetici è fortemente raccomandato per identificare fenomeni di introgressione da altre razze, il cui livello può differire tra le varie popolazioni o tra le diverse aree.

BOX 14: LE "CATEGORIE" COLLEZIONATE

Il germoplasma raccolto deve essere collezionato in categorie diverse, il cui scopo e la cui dimensione variano in funzione delle necessità di ciascun Paese.

Di seguito sono elencati alcuni esempi di categorie sulla base di esperienze straniere:

- Collezioni principali o centrali: contengono materiale da utilizzare in situazioni critiche, come ad esempio la ricostruzione di una razza estinta. Le collezioni principali dovrebbero essere continuamente aggiornate e ampliate con materiale nuovo; a causa delle variabilità dei tassi di sopravvivenza e di vitalità del materiale stoccato, le collezioni principali dovrebbero inoltre contenere almeno il 150% di ciò che si stima sia necessario per la ricostruzione di razza
- Collezioni storiche: contengono materiale proveniente da razze diffuse e attualmente allevate, e che negli anni hanno subito normali variazioni genetiche; sono collezioni di grande valore nel caso in cui, ad esempio, gli obiettivi di selezione della razza cambino improvvisamente. Il materiale stoccato può esser anche utilizzato in studi sul DNA o in progetti di ricerca sulle funzioni dei vari geni o sulla diversità genetica
- Collezioni di lavoro: sono le collezioni che consentono un rapido accesso al materiale stoccato per, ad esempio, l'introduzione di nuovo germoplasma in programmi di selezione, lo sviluppo di nuove razze, etc.

- Collezioni di valutazione: consentono di quantificare il successo delle attività di crioconservazione per ciascun animale campionato o la presenza di patogeni nel materiale raccolto. Tali valutazioni vengono eseguite subito dopo la refrigerazione ed eventualmente ripetute nei casi di sospetta compromissione del materiale stoccato.

7.6.3 Come conservare

La quantità di diversità genetica conservata in una banca del germoplasma dipende dal numero di donatori utilizzati. In generale, utilizzando l'eterozigosità come parametro della variabilità genetica, la percentuale di eterozigosità della razza presente nella criobanca sarà pari a:

$1 – (1/2N)$

dove N è il numero di donatori. Spesso si suggerisce l'uso di 25 donatori, per conservare il 98% della eterozigosità. Per razze reliquie o a scarsissima numerosità, in genere non è possibile trovare un numero così elevato di donatori; in questi casi, occorre prelevare materiale da tutti i capi (donatori) superstiti.

Se l'obiettivo è la diversità allelica, la probabilità di conservare uno specifico allele dipende dalla sua frequenza (p) nella popolazione campionata e dal numero di donatori (N) utilizzati, secondo la formula:

$1 – (1 – p) \times 2N$

I vari materiali biologici disponibili (seme, oociti, cellule somatiche, embrioni, DNA) forniscono informazioni diverse e sono variamente efficaci nei programmi di conservazione. Seme ed embrioni sono i materiali oggi più facilemte disponibili; il numero di dosi di seme e di embrioni da stoccare va calcolato considerando la specie, le finalità e i costi di criconservazione. Tale numero può essere stimato, mediante una simulazione in grado di fornire, sulla base degli obiettivi di conservazione, il numero di dosi o di embrioni per ciascuna razza candidata. E' consigliabile conservare almeno in doppio, e in due località diverse, il materiale prelevato.

Le procedure per un adeguato congelamento sono oggi ben definite. In particolare:

- per il seme, nonostante siano in corso di sperimentazione nuove tecnologie, è consigliabile utilizzare procedure consolidate, oggi disponibili per bovini, equini, suini, ovini, caprini, conigli e polli. Per animali allevati prevalentemente al pascolo, è consigliabile il prelievo di spematozoi dall'epididimo sia per IA (caprini) che per IVF (bovini, suini e caprini);

- per gli embrioni, lo “slow freezing” e il “rapid freezing”, così come il flushing e l’ET, sono ormai operazioni routinarie nei bovini; nei suini è possibile raccogliere embrioni alla macellazione. Metodi adeguati sono anche disponibili per ovini, equini e conigli;
- il congelamento di oociti non è consigliabile, in quanto le procedure non sono ancora del tutto consolidate;
- le cellule somatiche possono essere conservate se non esistono altre soluzioni, o in aggiunta alla conservazione del seme e degli embrioni. Il loro uso sarà probabilmente maggiore in futuro, attraverso il miglioramentio dei metodi di clonazione.
-

7.6.4 Utilizzazione del materiale conservato

Le esperienze straniere dimostrano che l’accesso alla banca del germoplasma deve essere regolato da vincoli e limiti dettati da un “Piano Nazionale di Crioconservazione”, in funzione degli obiettivi e delle finalità (pubbliche o private) di utilizzazione del materiale conservato, e nel rispetto delle leggi e dei diritti legali dei detentori e degli utilizzatori del materiale stoccato. Oggi sono riconosciuti 3 tipi di diritti di proprietà del materiale in entrata, stoccato e utilizzato presso una banca del germoplasma:

- diritto di trasferimento: quando una risorsa genetica è trasferita da un luogo ad un altro, i diritti di chi riceve dipendono da quelli del donatore;
- diritto di proprietà fisica: dipende dalla legislazione nazionale vigente in materia di proprietà delle risorse genetiche; vincola, ad esempio, l’allevatore ad un utilizzo limitato dei riproduttori;
- diritto di proprietà intellettuale: è un sistema di tutela giuridica dei beni immateriali ma di rilevanza economica, a cui fanno capo le tre grandi aree del diritto d'autore, del diritto dei brevetti e del diritto dei marchi. Nel prossimo futuro, il dibattito sulla proprietà intellettuale delle RGA sarà destinato a crescere.

Vincoli, limiti e rispetto dei diritti, oltre ad essere definiti da un accordo generale tra gli stakeholders, dovranno anche contenere prescrizioni veterinarie e contratti assicurativi, definire la quantità di materiale genetico utilizzabile, garantire la protezione legale dei dati e una equa distribuzione dei possibili benefici economici derivanti dall’uso del materiale stoccato.

7.6.5 Verso una banca nazionale del germoplasma animale

La crioconservazione di materiale genetico ha costi elevati e le risorse disponibili per la salvaguardia sono generalmente limitate. E' quindi auspicabile ottimizzare e coordinare, sia a livello nazionale che internazionale, il lavoro di raccolta e di stoccaggio, pianificando a quali razze dare la priorità di conservazione, definendo gli obiettivi di raccolta e quindi il tipo di materiale, la quantità e i criteri di selezione dei donatori onde evitare duplicazioni di materiale genetico.

Sulla base di queste considerazioni, alcuni Paesi europei hanno recentemente avviato forme di coordinamento delle attività di crioconservazione. CryoWEB, ad esempio, 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, CryoWEB è stato installato in quattordici Paesi Europei (tra i quali l'Italia); in ciascun Paese è prevista la presenza di un singolo Ente gestore del materiale genetico stoccato in uno o più siti.

In Italia, nell'ambito di un accordo tra Regione Lombardia, Università di Milano e CNR, un uso particolare di CryoWEB ha portato alla recente creazione del Network delle Criobanche Italiane delle Risorse Genetiche Animali (CRIONET-IT), (http://www.genrescryonet.unimi.it/). Si tratta di una banca virtuale finalizzata a condividere, tra le istituzioni 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 (Gandini & Pizzi, com. pers., 2011). In **CRIONET-IT** sono archiviate informazioni relative a materiale genetico conservato come back-up da utilizzare in caso di comparsa di problemi genetici nelle razze o per la ricostruzione della razza in caso di estinzione (sono escluse informazioni relative a materiale da utilizzare nella gestione ordinaria delle popolazioni) e informazioni relative a materiale stoccato (es. sangue, bulbo pilifero) come possibile fonte di DNA. Questo network, oltre ad essere un interessante passo verso la creazione di una banca nazionale del germoplasma, rappresenta un tentativo di collaborazione per la riorganizzazione delle raccolte italiane di materiale genetico delle razze minacciate, per ridurre l'attuale frammentazione, per evitare duplicazioni e per fornire occasioni di sviluppo di protocolli di raccolta e stoccaggio comuni.

8. INDICAZIONI PRATICHE

In questo capitolo:

Le azioni da intraprendere per la conservazione di popolazioni non ascrivibili a razze e in situazione critica o minacciate di estinzione, e per la salvaguardia e la valorizzazione delle razze minacciate e iscritte ai RR.AA.

1) la raccolta delle informazioni
2) la caratterizzazion morfo-funzionale
3) la caratterizzazione genetica
4) quale strategia di conservazione adottare: la strategia del rischio e la strategia della massima utilità
5) gli obiettivi di conservazione e le razze prioritarie
6) la scelta delle tecniche di conservazione
7) la risoluzione della matrice "obiettivi di conservazione x caratteristiche delle razze"
8) alcuni esempi applicativi

Gli obiettivi generali di un programma di conservazione sono quelli di diminuire o azzerare il rischio di estinzione di tutte le razze allevate e, contemporaneamente, migliorare o massimizzare l'utilità derivante dal loro impiego (intendendo per "utilità" una combinazione ponderata di caratteri, valori e caratteristiche di ciascuna razza), fino a giungere all'auto-sostentamento economico-produttivo della razza.

E' però da sottolineare che, come già precedentemente ricordato, ad oggi non esiste un elenco unico e condiviso di tutte le razze italiane; la realizzazione di tale elenco dovrebbe costituire il presupposto necessario per l'avvio di qualsiasi progetto di conservazione.

Il primo passo di un programma di conservazione consiste infatti nel riconoscimento, valutazione e classificazione della risorsa genetica, nell'ambito di ciascuna specie allevata. In Italia, anche se per molte razze questo tipo di informazioni è già stato acquisito, restano ancora da studiare parecchie popolazioni di cui non è possibile, allo stato attuale delle consocenze, convalidarne l'appartenenza o meno a una determinata razza.

Di seguito vengono riportati due diagrammi di flusso che illustrano schematicamente le procedure decisionali da applicare sia a gruppi di animali o popolazioni in situazione critica o minacciata non ancora riconducibili a razze riconosciute, e sia a razze/popolazioni riconosciute e appartenenti alle medesime categorie di rischio.

Tabella 19: diagramma di flusso sulle procedure decisionali da applicare a gruppi di animali o popolazioni in situazione critica o minacciata non ancora riconducibili a razze riconosciute

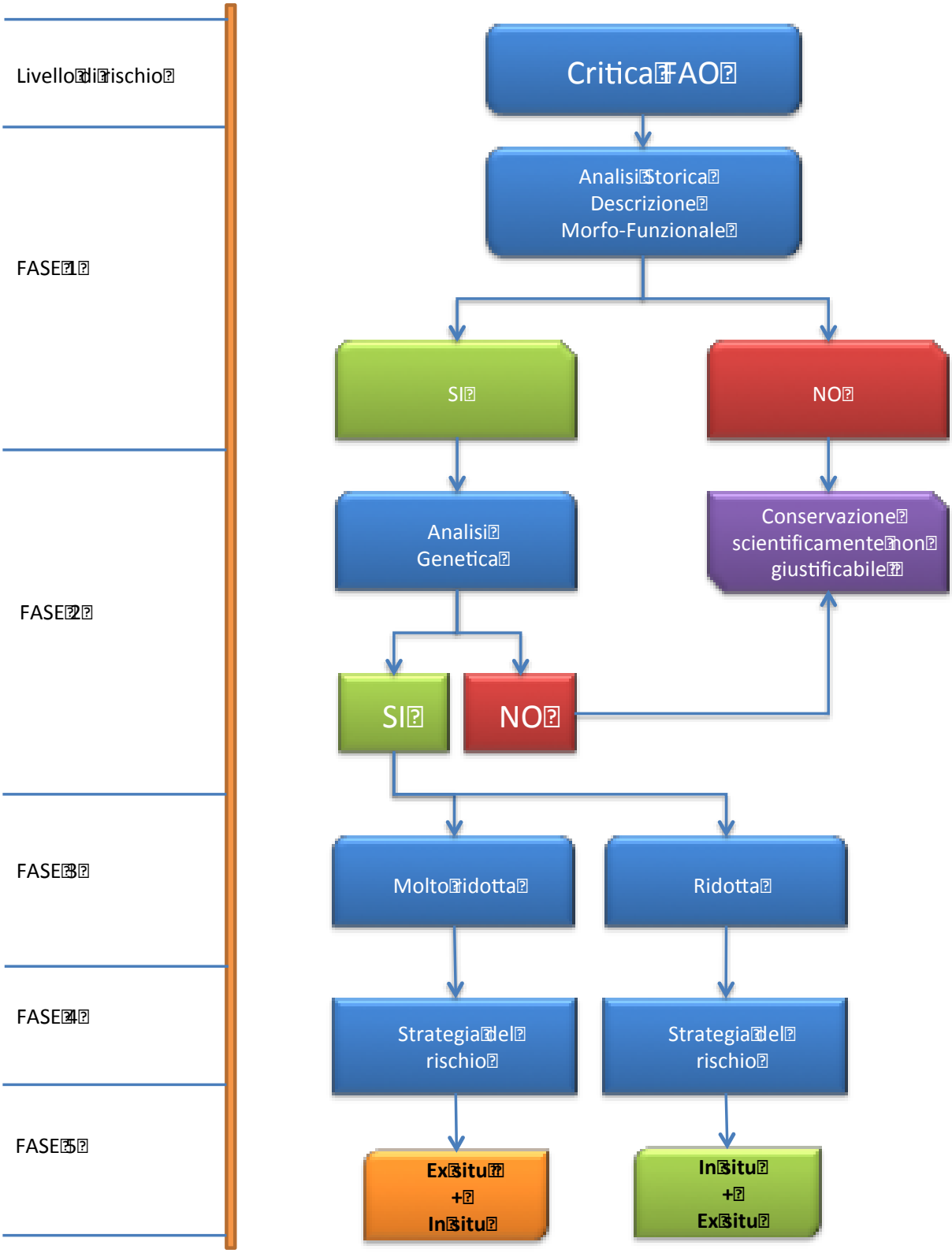
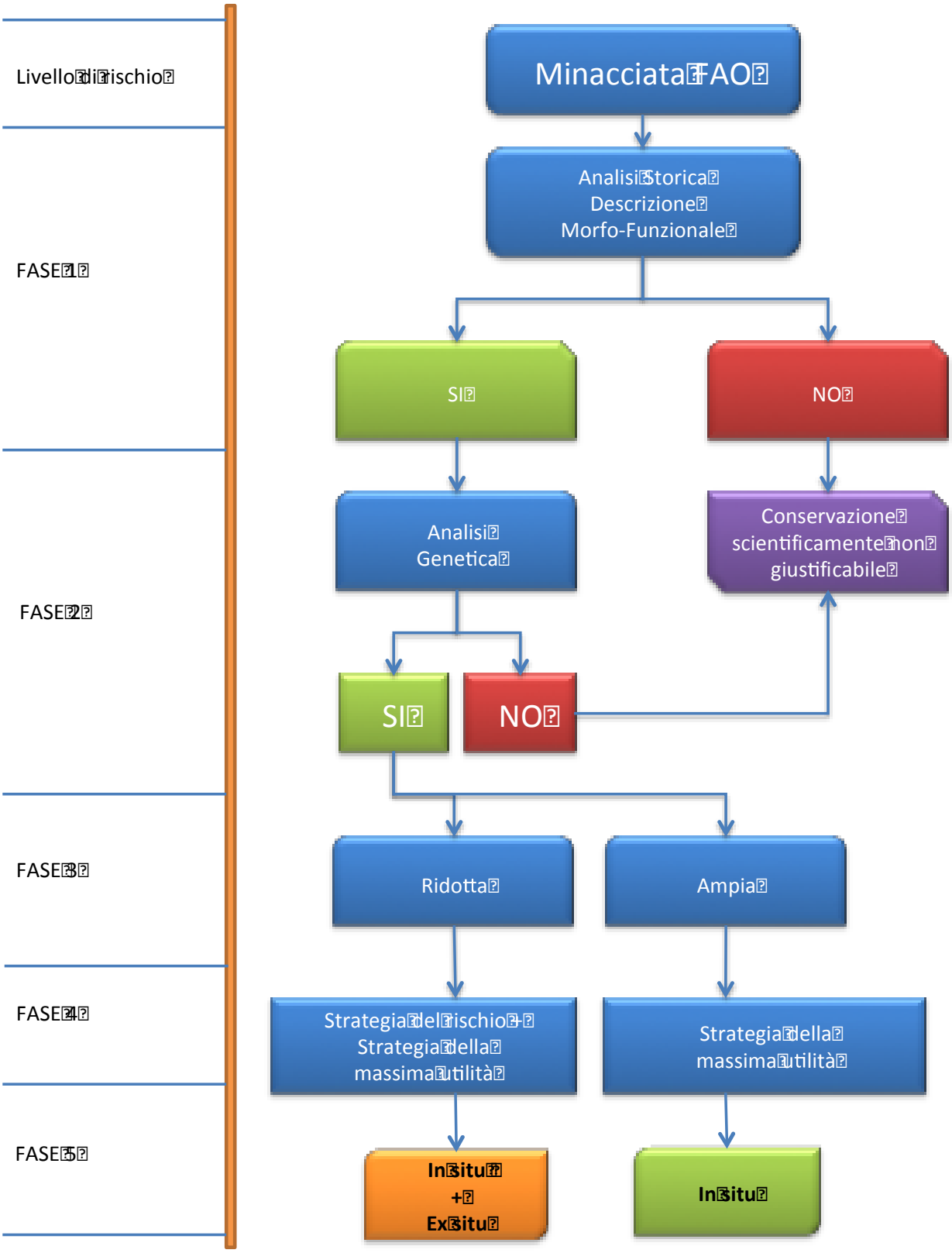


Tabella 20: diagrammi di flusso sulle procedure decisionali da applicare a razze/popolazioni riconosciute e appartenenti alle medesime categorie di rischio.



Fase 1: valutazione morfo-funzionale degli animali. Viene applicata anche nel caso di gruppi di animali o popolazioni non riconducibili a razze già riconosciute. La valutazione morfo-funzionale viene effettuata su tutti gli animali (nel caso di popolazioni reliquie) o su un numero di capi da definire di volta in volta (a seconda della numerosità della popolazione e delle risorse umane e finanziarie disponibili) mediante utilizzo dei descrittori morfologici. Contestualmente, viene avviata una ricerca di informazioni di tipo storico, iconografco, gestionale, folkloristico della RGA attraverso la consultazione di diverse fonti documentali.

L'esito di questa prima fase consente di stabilire se la popolazione risponde o meno alla definizione di "razza" adottata in queste linee guida, ovvero se è ascrivibile o meno a una o più razze/popolazioni locali (non estere).

In caso negativo, la conservazione del gruppo di animali o della popolazione oggetto di indagine non trova una giustificazione scientifica, e la messa a disposizione di risorse umane e finanziarie per la sua salvaguardia non è prioritaria.

In caso affermativo, si procede alla Fase 2.

Fase 2: analisi genetica mediante descrittori molecolari (marcatori microsatelliti e/o SNPs). Su tutti i capi, o su un numero di capi della popolazione da definire di volta in volta (in funzione della numerosità della popolazione, della tecnica di analisi utilizzata e delle risorse umane e finanziarie disponibili), viene accertato se essa è discriminata da altre razze o popolazioni di riferimento. La caratterizzazione genetica, oltre ad essere un passaggio necessario per riconoscere, valutare e caratterizzare una razza/popolazione, è anche fondamentale per predisporre un piano di futuri accoppiamenti attraverso la scelta dei riproduttori e la definizione di schemi idonei.

Se i risultati della Fase 2 evidenziano un unico cluster, la conservazione della popolazione oggetto di indagine non trova giustificazione scientifica e la messa a disposizione di risorse umane e finanziarie per la sua salvaguardia non è prioritaria.

In caso contrario, si procede alla Fase 3.

Fase 3: indagine sulla distribuzione territoriale della popolazione. Una razza/popolazione può essere localmente poco numerosa, ma avere una distribuzione ampia; è il caso, ad esempio, delle razze "transnazionali regionali" o "transnazionali internazionali" (classificazione FAO), che possono

essere poco diffuse o rare in taluni Paesi, ma complessivamente numerose e non minacciate di estinzione a livello globale. Oppure, può essere poco numerosa e con distribuzione limitata; in alcuni casi, una razza/popolazione è addirittura allevata in una sola azienda o in poche aziende presenti in un territorio più o meno limitato. Numerosità e distribuzione territoriale degli animali sono parametri utili non solo per la successiva scelta delle tecniche di conservazione, ma anche per avviare il coinvolgimento diretto e consapevole di uno o più allevatori nel programma di salvaguardia ("allevatori custodi").

Fase 4 e Fase 5: scelta della strategia e delle tecniche di di conservazione.

La scelta di idonee strategie di conservazione si applica sia a popolazioni in corso di riconoscimento, che a razze/popolazioni già riconosciute.

Per le razze/popolazioni in situazione "critica" e di cui non sono ancora note le principali caratteristiche, l'obiettivo prioritario di conservazione è l'incremento numerico dei capi, e in particolare dei riproduttori. In questi casi si applica la "strategia del rischio", la cui finalità principale è quella di evitare l'estinzione di una razza/popolazione senza individuare altri e più specifici obiettivi conservazione (Fase 4). Il passaggio alla "strategia della massima utilità" con l'individuazione di obiettivi specifici di conservazion avverrà solo quando la razza/popolazione avrà raggiunto un numero di capi adeguato (ad esempio con il passaggio da "critica" a "minacciata") e saranno note tutte – o gran parte - le sue caratteristiche.

La scelta delle tecniche di conservazione per le razze/popolazioni in situazione critica (Fase 5) dipenderà dalla numerosità e dalla distribuzione territoriale dei capi, nonchè dalla possibilità di un coinvolgimento attivo degli allevatori nei programmi di salvaguardia ("allevatori custodi"). Se i capi superstiti sono allevati in una sola azienda, le tecniche di conservazione *in situ* dovranno necessariamente essere affiancate da tecniche *ex situ* propriamente dette ed *ex situ* mediante crioconservazione. Se i capi sono distribuiti in più aziende, occorre verificare, caso per caso, se la conservazione *in situ* è sufficiente, ovvero se è necessario avviare anche progetti di conservazione *ex situ*.

Per le razze/popolazioni "minacciate", oltre a un auspicabile incremento numerico dei capi, è possibile individuare uno o più obiettivi specifici di conservazione in funzione delle loro caratteristiche e numerosità. A seconda dei casi, quindi, le risorse umane e finanziarie disponibili

potranno essere utilizzate in parte in programmi di sola salvaguardia ("strategia del rischio") e in parte a migliorare l'utilità derivante dal loro impiego, fino a giungere all'auto-sostentamento economico-produttivo della razza/popolazione ("strategia della massima utilità") (Fase 4). In entrambi i casi, la tecnica di conservazione prevalente sarà *"in situ"*, senza escludere tuttavia il ricorso, ove necessario, di tecniche *ex situ* (Fase 5).

BOX 15: GLI "ALLEVATORI CUSTODI"

Le razze reliquie o in situazione "critica" sono spesso allevate da uno o pochi allevatori; esperienze passate, italiane o estere, dimostrano che il coinvolgimento diretto e consapevole di questi allevatori in un progetto di conservazione è spesso risolutivo. L'adesione al progetto da parte dell'allevatore avviene, in genere, su base volontaria, ed è motivata da interessi affettivi o culturali, prima ancora che economici; l'adesione deve però essere sostenuta dalla controparte, sia dal punto di vista tecnico (ad esempio nell'assistenza veterinaria e negli schemi di accoppiamento o di incrocio) che economico (nell'eventuale acquisto di capi da altre aziende e nel mantenimento di animali, per i quali l'unico obiettivo di conservazione è quello di evitarne l'estinzione). Un accordo tra le parti ("allevatori custode" ed enti pubblici o privati, APA, Università, scuole, etc.) rende quindi vincolante la partecipazione attiva e consapevole di tutti gli attori al programma di conservazione. L'allevatore custode si impegna a mantenere in purezza gli animali per un determinato periodo di tempo, accoglie presso la propria azienda (che diventa "azienda di riferimento" per la razza oggetto di intervento) nuovi animali acquistati in altre aziende e consente lo svolgimento tutti gli studi e gli interventi richiesti dal programma. Le aziende di riferimento possono essere localizzate dentro o fuori l'area di origine e allevamento della razza reliquia.

In Europa esiste già una rete di "aziende di riferimento", che ospitano una o più razze a elevato rischio di estinzione ("ark farms" e "rescue centres"). L'allargamento a nuove Nazioni europee e il consolidamento di tale rete è stato l'oggetto di un progetto Agri.Gen.Res. realizzato da SAVE Foundation (progetto ELBARN), che ha individuato, anche in Italia, alcuni allevamenti con caratteristiche idonee ad ospitare animali appartenenti a popolazioni a rischio o a ricoverare esemplari di razze reliquie, altrimenti destinati al macello (http://www.elbarn.net).

Come già ricordato, per applicare la "strategia della massima utilita" è necessario definire con precisione gli obiettivi di conservazione e conoscere in dettaglio le caratteristiche delle razze/popolazioni (esempi di obiettivi e di caratteristiche sono illustrati nei precedenti capitoli).

Il raggiungimento di un obiettivo di conservazione dipende dalla scelta oculata delle razze da salvaguardare; tale scelta viene effettuata selezionando solo quelle che hanno caratteristiche rispondenti alle finalità del progetto, e che vengono definite "razze prioritarie". Per individuare le "razze prioritarie" è quindi necessario risolvere la matrice "obiettivi di conservazione x caratteristiche della razze".

Di seguito viene riportata, a titolo esemplificativo, una matrice 6 x 5, con 6 obiettivi di conservazione e 5 caratteristiche delle razze, per la definizione delle razze prioritarie

Tabella 21: Razza "minacciata" (classificazione FAO)

	Obiettivi di conservazione					
Caratteristiche	*1*	*2*	*3*	*4*	*5*	*6*
a	NO	SI	SI	SI	NO	SI
b	SI	SI	SI	SI	NO	NO
c	SI	SI	SI	SI	NO	NO
d	NO	NO	SI	NO	SI	SI
e	SI	SI	NO	SI	NO	NO

Legenda:

Obiettivi di conservazione

1: Soddisfare la domanda attuale e futura del mercato

2: Fronteggiare i cambiamenti dei processi produttivi

3: Offrire opportunità alla ricerca scientifica

4: Valorizzare il ruolo socio-economico attuale e futuro

5: Salvaguardare il valore storico e culturale

6: Salvaguardare il valore ecologico e ambientale

Caratteristiche

a: *Adattabilità all'ambiente*

b: Importanza economica attuale e futura

c: Unicità di uno o più caratteri

d: Valore storico e culturale

e: Unicità genetica

Se, ad esempio, viene avviato un programma di conservazione che ha come unico obiettivo la salvaguardia del valore ecologico-ambientale delle RGA di una determinata Regione, le risorse disponibili dovranno essere destinate prioritariamente alla salvaguardia di quelle razze/popolazioni note e minacciate di estinzione che hanno caratteristiche di spiccata adattabilità all'ambiente locale e, secondariamente, che sono portatrici di valori storico-culturali noti e riconosciuti (v. colonna 6 della matrice).

Con il mancato rispetto della matrice (ad esempio includendo razze con caratteristiche diverse da quelle richieste) non viene garantito né l'utilizzo ottimale delle risorse né il conseguimento degli obiettivi di conservazione.

In generale, è raccomandabile avviare più progetti di salvaguardia, individuare precisi obiettivi di conservazione e scegliere poche razze "prioritarie" per ciascun obiettivo, che non avviare un generico progetto di conservazione di tutte le RGA di un determinato territorio.

Nella pratica, gli obiettivi di conservazione possono essere diversi rispetto a quelli riportati nell'esempio (anche in funzione della specie oggetto di intervento), così come diverse e più dettagliate possono essere le caratteristiche note delle razze. La matrice evidenzia che una razza può avere caratteristiche utili per conseguire uno o più obiettivi di conservazione, e che le stesse sono di scarso o di nullo interesse per altri. Il grado di precisione della matrice può migliorare in funzione del livello di conoscenza delle caratteristiche delle razze; in tal caso, si possono utilizzare indici numerici (o percentuali), per definire il "peso" di ciascuna caratteristica, per ogni obiettivo.

Roane (2000) ha applicato i concetti della "strategia della massima utilità" e lo schema precedentemente illustrato, per la conservazione delle RGA della Norvegia. L'Autore ha individuato tre obiettivi di conservazione sia per le specie che per le razze minacciate di estinzione, e precisamente: 1) la capacità di garantire una "assicurazione" contro cambiamenti futuri nei mercati e nei sistemi produttivi; 2) la capacità di fornire materiale genetico per il miglioramento

del germoplasma locale; e 3) la necessità conservare il loro valore culturale e storico. La matrice è stata realizzata incrociando 6 caratteristiche delle razze da conservare: 1) grado di minaccia (da elevato a ridotto, attuale e stimato per i prossimi 10 anni); 2) utilità economica attuale; 3) capacità di mantenimento dei paesaggi tipici; 4) presenza di caratteri utili per la ricerca scientifica; 5) valore culturale e storico; 6) unicità genetica (per questo parametro l'Autore disponeva di dati per 20 razze solamente). L'Autore ha individuato 45 razze - appartenenti a 17 specie - meritevoli di conservazione con diversa priorità di conservazione in funzione di ciascuno dei 3 obiettivi considerati. Roane affida a un ipotetico Comitato Nazionale di esperti il compito di definire il tipo di parametri o caratteristiche delle razze da considerare, nonché il loro "peso", ovvero la loro importanza per il conseguimento degli obiettivi. Ad esempio, nel caso della Norvegia, il valore culturale e storico di una razza ha sicuramente un peso proporzionalmente più elevato che non in un Paese in Via di Sviluppo, dove, invece, sarà prioritario il valore economico di una razza locale.

9. CASI STUDIO

9.1 Cos'è una razza? Gli ovini dell'Appennino tosco-emiliano

In Toscana, le aree appeniniche rappresentano da sempre terre vocate alla pastorizia. Esistono testimonianze storiche di una intensa attività pastorale, che seguiva indirizzi molto vari: da semistanziale di media e piccola dimensione a transumante di grande dimensione. Negli anni si nota una progressiva rarefazione di molti gruppi etnici, mentre alcune eccellenze, come l'ovino Massese, consolidano la propria consistenza e si espandono a livello nazionale, anche in regime stallino, accrescendo l'attitudine alla produzione del latte. Per quanto riguarda i gruppi minori, l'ovino Garfagnino viene allevato presso centri specializzati (ex ASFD) prima di Lucca e poi dell'Aquila (*ex situ*) e solo recentemente è tornato a popolare allevamenti privati toscani, opportunamente seguiti dagli enti pubblici locali. Da una iniziativa allevatoriale spontanea, nasce invece il recupero numerico della razza Zerasca, poco conosciuta e diffusa in territori isolati. Permangono inoltre popolazioni alquanto numerose di ovini Appenninici, formati dalla confluenza di popolazioni locali affini e sono tuttora diffusi in provincia di Pisa animali appartenenti alla popolazione ovina Pomarancina.

In Emilia Romagna, l'allevamento ovino ha da sempre avuto importanza minore rispetto all'allevamento bovino da latte. In questa Regione la pastorizia veniva condotta col sistema della transumanza: mentre in estate le greggi si portavano sulla parte più alta dell'Appennino, durante l'inverno le stesse si spostavano verso i quartieri di svernamento nella pianura Ferrarese e in provincia di Rovigo (tradizionalmente dall'8 di settembre a maggio inoltrato). Sembra che la popolazione ovina del solo comune di Fiumalbo (MO) fosse rimasta costante dai censimenti del '600 fino alla fine degli anni '50, attestandosi sui 15.000 capi. La pastorizia della vicina provincia di Reggio Emilia aveva invece, come quartieri di svernamento preferenziali, i territori toscani. Da interviste e memorie storiche del territorio modenese, si sa che le poche eccezioni a questo movimento periodico si ebbero in caso di forti emergenze sanitarie, come la peste del '600 e la "spagnola" del primo dopoguerra, quando anche i pastori modenesi ripiegarono in Toscana. Una ulteriore eccezione si ebbe alla fine del secondo conflitto mondiale, per motivi di sicurezza dovuti agli eventi bellici.

Dalle notizie storiche, si intuisce quanto un sistema di allevamento particolarmente duro andasse a selezionare popolazioni ovine dotate di particolari caratteristiche costituzionali, decisamente

adatte a questo tipo di ambiente. Oltre a questa pressione ambientale, grande importanza avevano i pastori che, tramite le loro scelte e preferenze (selezione massale), andavano a modificare le caratteristiche somatiche degli animali.

Parlando di introduzione antica di ovini è noto, per esempio, che Traiano - vincitore della Dacia - introdusse in Italia numerosi animali domestici provenienti dalle terre ungariche fra cui la pecora Zackel, caratterizzata da lunghe corna a spira in entrambi i sessi. Introduzioni più recenti avvennero sul territorio sia per opera di grandi casate (i Borboni si occuparono di sistematiche importazioni di grandi greggi di pecore Merinos) sia da parte dei pastori, che scambiavano abitualmente i riproduttori (ad esempio con pastori lombardi e veneti durante l'inverno, con conseguente introduzione nelle greggi di pecore Bergamasche). Più recentemente (metá degli anni '50), a Modena si è assistito all'introduzione, ad opera dell'Istituto Sperimentale di Zootecnia di Modena, di pecore di razza Karakul, allo scopo di promuovere l'allevamento di ovini da pelliccia (Astracan).

Tutte queste nuove razze andavano ad agire su una ben consolidata popolazione Appenninica primordiale, che risultava insediata su entrambi i versanti appenninici Tosco-Emiliani. Alla fine del 1800 gli ovini universalmente noti nell'Appennino settentrionale erano di razza Garfagnina e Vissana, e sembra che da questi si andassero progressivamente formando altre razze appenniniche secondarie, che differivano per caratteri di pigmentazione, produzione e rusticità. Attualmente, al recupero dell'ovino Cornigliese ad opera di allevatori dell'areale bolognese è seguito il recupero della razza Cornella bianca. E' stato inoltre possibile reperire ancora uno sparuto gruppo di ovini riconducibili alla razza Balestra modenese, detta anche Pavullese.

Rimane tuttora molta confusione sui metodi usati per classificare le varie razze. Questo si nota anche dalla comparsa di razze che risultano poi assenti per lunghi periodi dai censimenti passati, ricomparendo di nuovo a distanza di molti anni. Vista la forte vicinanza fra territori toscani ed emiliano-romagnoli, avvenivano spesso scambi di riproduttori dalle caratteristiche fenotipiche affini.

Di seguito viene riportato un riepilogo delle razze ovine censite attraverso le fonti documentali disponibili delle Regioni Toscana ed Emilia Romagna.

Tabella 22: Riepilogo delle razze ovine censite attraverso le fonti documentali disponibili delle Regioni Toscana ed Emilia Romagna

1925	
Toscana	**Emilia Romagna**
Garfagnina	Meticcio locale montonino a corna spiralate
Maremmana (Spagnola bastarda)	Corniglio (Mucca)
Casentinese	Razza locale a corna piatte spiralate
Valdarno	Reggiana
Valdichiana	
1949	
Toscana	**Emilia Romagna**
Massese	Garfagnina
Garfagnina	Cornella
Appenninica	Pavullese (Balestra)
	Reggiana
1970 (Asso.Na.Pa.)	
Toscana	**Emilia Romagna**
Garfagnina	Garfagnina
Massese	Cornella Bianca
Appenninica	Reggiana
Senese delle Crete	
Pomarancina	
1976 (Asso.Na.Pa.)	
Toscana	**Emilia Romagna**
Garfagnina	Cornetta

Massese	Pavullese
Appenninica	
Senese delle Crete	
Pomarancina	
1979 (CNR e AIA)	
Toscana	**Emilia Romagna**
Locale (anche in Liguria)	Zucca modenese
Massese	Nostrana
Pomarancina	Cornetta
Garfagnina	Pavullese
Appenninica	Borgotarese
1983 (CNR)	
Toscana	**Emilia Romagna**
Locale (anche in Liguria)	Cornella Bianca
Massese	Zucca modenese
Pomarancina	Nostrana
Garfagnina	
Appenninica	
Nostrana	
1987 (CNR)	
Toscana	**Emilia Romagna**
Locale (anche in Liguria)	Cornigliese
Massese	
Pomarancina	
Garfagnina	
Appenninica	
1990 (CNR)	

Toscana	**Emilia Romagna**
Locale (anche in Liguria)	Cornigliese
Massese	
Pomarancina	
Garfagnina	
Appenninica	
Zerasca (da Locale e Nostrana) (?)	
2006	
Toscana	**Emilia Romagna**
Zerasca	Cornigliese
Massese	Cornella bianca
Pomarancina	"Popolazioni relitte in fase di studio"
Garfagnina	
Appenninica	
2010	
Toscana	**Emilia Romagna**
Zerasca	Cornigliese
Massese	Cornella bianca
Pomarancina	Pavullese (Balestra, Modenese)
Garfagnina	"Popolazioni relitte in fase di studio" (Zucca)
Appenninica	

Da quanto sopra esposto, si capisce come i censimenti avessero una validità relativa. Molto spesso interi gruppi etnici venivano a mancare semplicemente perché l'intero gregge veniva venduto e trasferito altrove. Esistono anche documentazioni di interi greggi trasferiti nelle regioni meridionali.

Esiste inoltre un'ampia casistica di sinonimie, che solo recentemente è stato possibile dipanare. Oltre a denominazioni di razza che differivano da località a località, esisteva un preciso gergo

classificatorio, che spesso complicava l'attribuzione, come nel caso di quello riferito al tipo di corna. Di seguito è riportato un esempio di precisa nomenclatura per il tipo di corna e per le pezzature e maculature della testa:

1) Pecora cerva: corna a spirale aperta con più volute rivolte verso l'alto.

2) Pecora rastella: corna falciformi rivolte caudalmente

3) Pecora balestra: corna che ricordano la forma della balestra (nella zona di Pavullo era nota una razza detta Balestra o Pavullese)

4) Pecora belloccia: testa bianca con occhi circondati da pezzatura nera

5) Pecora moscata: testa fittamente maculata

Attualmente, le popolazioni censite da parte delle Regioni Toscana ed Emilia Romagna risultano in buona parte presenti ed iscritte negli appositi Registri anagrafici.

Sembrano venire segnali positivi da un lento ma costante aumento degli allevamenti che cominciano ad usufruire dei mezzi di incentivazione economica messi a disposizione del PSR, precedentemente mai usufruiti. Sono stati promossi incontri e seminari che hanno più volte messo a confronto le due realtà regionali, promuovendo un costante scambio di informazioni e notizie, riguardo i possibili canali di commercializzazione e valorizzazione dei prodotti agropastorali dell'Appennino tosco-emiliano. Attualmente, il più grande limite sembra rappresentato dall'età avanzata degli addetti, che non trova un adeguato ricambio generazionale.

Per quanto riguarda il versante emiliano, molti allevamenti hanno interrotto la transumanza diventando allevamenti stanziali di pianura. E' pertanto chiaro che si sono interrotte una serie di consuetudini, come i citati scambi di riproduttori. Molti nuclei sono oggi isolati e, di fronte ad una impossibilità di rinsanguo, si assiste a fenomeni di incrocio con rapida erosione genetica. L'uso di razze ad ampia diffusione, come Sarda, Comisana e Massese, sta determinando una progressiva degenerazione dei caratteri fenotipici, a fronte di maggior produzione delle femmine meticce derivate.

Attualmente, pertanto, oltre all'azione di sostegno economica, risulta prioritaria l'azione di collante fra i vari nuclei riproduttivi rimasti isolati, con la promozione di adeguati scambi fra i riproduttori presenti. Questa azione è però resa particolarmente difficile da fattori tradizionali che vedono spesso diffidenza e paura nell'acquisto di capi provenienti da un allevamento estraneo.

9.2 Ridurre l'inbreeding e controllare la deriva genetica. La razza caprina Girgentana

La Girgentana è oggi elencata tra le razze caprine ad elevato rischio di estinzione. Nel 1983, secondo i dati registrati dall'Asso.Na.Pa., aveva una consistenza di oltre 30.000 capi, che, nel breve volgere di un decennio, si è ridotta di circa il 98%. Nel 2001, nel bollettino AIA, sono state segnalate solo 252 capre con lattazione chiusa. La ridotta consistenza e gli scambi di animali molto limitati - pressoché assenti - tra gli allevamenti hanno determinato un incremento di consanguineità oltre che, probabilmente, fenomeni di deriva genetica casuale con perdita degli alleli più rari.

Al fine di preservare tale razza dalla estinzione, occorreva restituire il valore zoo-economico alla sua produzione. Per questi motivi, a partire dal 1997 la Sezione di Produzioni Animali del Dipartimento di Scienze Entomologiche, Fitopatologiche, Microbiologiche Agrarie e Zootecniche, all'epoca Istituto di Zootecnica Generale, ha proposto all'Assessorato Beni Culturali Ambientali e della Pubblica Istruzione, un progetto finalizzato alla salvaguardia, difesa e valorizzazione del germoplasma della razza Girgentana. Tale progetto è stato approvato e finanziato, e successivamente è stato proseguito con fondi provenienti dall'Ateneo di Palermo (ex 60%) e più recentemente (2003-2004) dell'Assessorato Agricoltura e Foreste della Regione Siciliana (Progetto Interregionale PIR 6/F).

Gli obiettivi di tale progetto sono stati:

- ricostituzione della variabilità genetica della razza;
- riduzione dell'incremento di inbreeding per generazione e per anno;
- controllo della deriva genetica casuale e quindi della perdita di alleli rari caratteristici di tale razza.

Uno dei problemi maggiori, che è stato necessario affrontare, era la carenza di informazioni genealogiche; preliminarmente si è pertanto proceduto all'analisi dei dati genealogici per lo studio e la caratterizzazione demografica della razza, la valutazione della variabilità genetica; successivamente si è passato alla definizione di un piano di accoppiamenti programmati, al fine di contenere l'accumulo di inbreeding.

Il pedigree impiegato a tale scopo era composto dall'insieme dei dati rilevati presso due aziende sperimentali, quella dell'Istituto Sperimentale Zootecnico per la Sicilia, con sede in Giardinello (Mezzojuso), e quella della Fondazione dell'Università degli Studi di Palermo "A&S Lima Mancuso" (Azienda Pietranera), sita in territorio di Santo Stefano Quisquina (AG). Il pedigree è stato poi aggiornato con i dati derivanti dall'archivio nazionale, che è stato messo a disposizione dall'Asso.Na.Pa. Le informazioni genealogiche interessate dall'analisi sono state quelle comprese nel periodo 1990 – 2003. Complessivamente, il file pedigree era composto da 461 individui (134 maschi e 237 femmine) di cui i soggetti viventi erano 368 (106 maschi e 262 femmine). Il "numero effettivo" della popolazione (*Ne*) è stato calcolato con la consueta formula in cui nella popolazione il numero di maschi *(M)* è diverso dal numero delle femmine *(F)*:

$$Ne = \frac{(4MF)}{(M+F)}$$

Inoltre, è stato stimato l'incremento di inbreeding per generazione con la formula:

$$\Delta F_G = \frac{1}{2Ne}$$

e quindi il tasso di inbreeding per anno, ottenendolo come rapporto tra l'incremento di inbreeding per generazione e l'intervallo di generazione *L:*

$$\Delta F_A = \frac{\frac{1}{2Ne}}{L}$$

L'intervallo di generazione è stato stimato pari a 2,5 anni. Ai fini dello studio della variabilità genetica, sono stati calcolati diversi parametri genetici demografici, tra cui:

- il livello di inbreeding nell'intera popolazione;
- il livello di inbreeding nella sola popolazione di maschi;
- il livello di inbreeding nella sola popolazione di femmine;
- la parentela media nell'intera popolazione tra maschi e femmine viventi

Tali stime sono state realizzate utilizzando il software Minbreed v1.0 di Gandini & De Filippi (1998), che è stato concesso in uso gratuito dagli Autori.

Il pedigree aggiornato si componeva di 5 generazioni. Il "numero effettivo" di popolazione *Ne* è risultato pari a 380. Complessivamente il numero di individui compresi nel pedigree era 461. Il tasso di inbreeding per generazione è risultato pari a $\Delta F_G = 0.013$, mentre l'incremento per anno è stato di $\Delta F_A = 0.05$.

Questi primi risultati indicavano una situazione inusuale; si era infatti constatato un incremento di inbreeding ridotto, pari allo 0,13%, per generazione, a fronte di una dimensione della popolazione estremamente ridotta.

I parametri genetici demografici, ottenuti utilizzando tutte le informazioni disponibili nel file pedigree, sono riportati di seguito:

Tabella 23: Parametri genetici demografici stimati sulla razza Girgentana

Parametro	**N**	**Media**	**Range**
Inbreeding entro l'intera popolazione	461	0,007	0,0-0,31
Inbreeding entro i maschi viventi	106	0,008	0,0-0,15
Inbreeding entro le femmine viventi	262	0,007	0,0-0,31
Inbreeding entro i maschi e le femmine viventi	368	0,007	0,0-0,31
Parentela media tra maschi e femmine viventi	27.772	0,005	0,0-0,87

A fronte di una piccola popolazione, in cui la probabilità di accoppiamenti tra individui imparentati è elevata, i dati evidenziano un livello medio di inbreeding corrispondente a quello di una grande popolazione, in cui gli accoppiamenti sono casuali. Il livello medio di inbreeding entro la popolazione di maschi viventi è pari a 0,8% (0-15%) e l'inbreeding medio entro la popolazione delle femmine viventi è dello 0,7 % (0-31%).

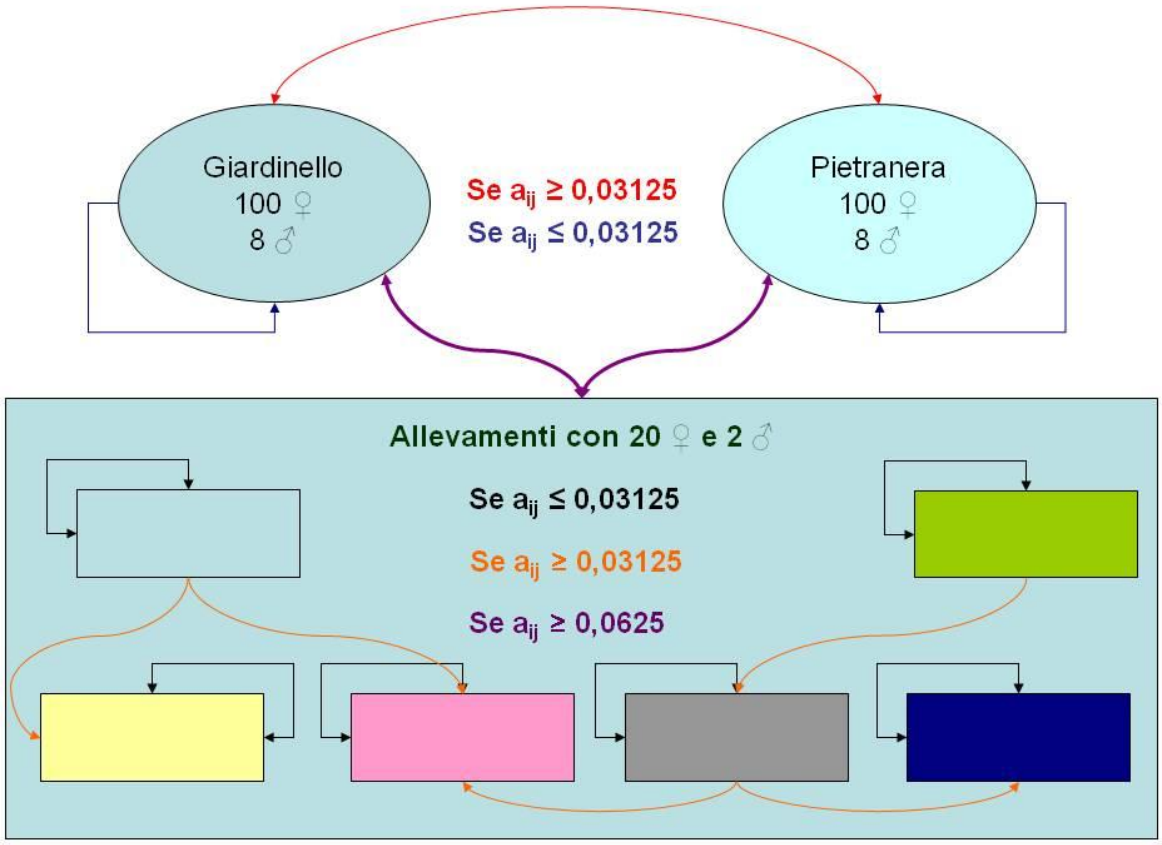
La parentela media tra maschi e femmine stimata sulla base di 27.772 possibili accoppiamenti è stata dello 0,5% (0-8,7%). Tali risultati sono stati giustificati dalla scarsa qualità delle informazioni anagrafiche disponibili nel pedigree (Boichard et al., 1997; Folch & Jordana, 1998).

Per avere un quadro completo della situazione, si è proceduto all'analisi dei fondatori. Il numero di fondatori equivalenti (f_e) di una popolazione è il numero degli individui fondatori che, in eguale misura, in termini di variabilità genetica, ha contribuito alla formazione della generazione successiva (Lacy, 1993). Se il numero di fondatori equivalenti è uguale al numero di fondatori assoluti, significa che tutti i fondatori hanno partecipato, in eguale misura, alla formazione della generazione successiva; in caso contrario, significa che una parte della variabilità genetica di alcuni fondatori non è transitata da una generazione alla successiva e dunque si è perduta. Il numero di fondatori equivalenti (f_e) nella popolazione in studio è risultato pari a 22,94, mentre il numero di

fondatori assoluto (f_a) era di 93. Sulla base di questi risultati, il tasso di inbreeding è stato ricalcolato basandosi proprio sui parametri f_e ed f_a, invece che sul numero effettivo *Ne*. Da qui si è potuto derivare il livello di eterozigosità atteso (pari a $H = 1 - \Delta F$), usando ciascuno dei due parametri f_e ed f_a. Tali valori sono risultati pari al 98%, impiegando nel calcolo il parametro f_e e il 99 % utilizzando il parametro f_a.

Da tali risultati si è dedotto che il numero di fondatori assoluti è risultato decisamente elevato, probabilmente a causa della scarsa qualità e quantità delle informazioni genealogiche. Di conseguenza, come rilevato anche da Boichard et al. (1997) questi individui, in effetti, non hanno dato alcun contributo alla variabilità genetica presente nella popolazione. Infatti, il rapporto tra il numero dei fondatori equivalenti ed il numero dei fondatori assoluti è stato pari a 0,25. Questo valore indica che il contributo fornito dai fondatori alla creazione della generazione attuale è stato notevolmente squilibrato, per il fatto che alcuni individui fondatori avevano contribuito notevolmente alla creazione delle generazioni di discendenti, mentre altri avevano contribuito in misura molto esigua.

Tutto ciò è stato valutato, considerando che già a partire dal 1997 la Sezione di Produzioni Animali del Dipartimento S.En.Fi.Mi.Zo. della Facoltà di Agraria dell'Università degli Studi di Palermo aveva avviato, in collaborazione con l'Assessorato Agricoltura e Foreste della Regione Sicilia, un programma di accoppiamenti per stagione di monta, al fine di ridurre l'accumulo di inbreeding nella popolazione e migliorare la qualità delle informazioni genealogiche. In tale programma, sono stati previsti accoppiamenti programmati entro e tra allevamenti. Gli scambi di riproduttori tra i due nuclei principali si attivavano solo nel caso in cui il valore della parentela media, entro uno o entrambi i nuclei, raggiungeva valori superiori al 3,125%. Superata l'emergenza, la gestione degli accoppiamenti continuava ad essere entro nucleo e, comunque, minimizzando la parentela tra maschi, tra femmine e tra maschi e femmine. Al di fuori dei nuclei, sono stati individuati 5 allevamenti con una gestione degli accoppiamenti simile: entro nucleo, sulla base degli accoppiamenti programmati, si operava per mantenere la parentela media tra soggetti al di sotto della soglia del 3,125%. Quando tale limite veniva superato, si attivavano gli scambi tra gli allevamenti secondo un programma adeguatamente coordinato.



Pur tuttavia, alla luce dei risultati conseguiti, è stato necessario accettare l'idea che tale soluzione, in relazione alla struttura del pedigree di questa razza, non poteva certamente essere l'unica. Infatti, l'accumulo di inbreeding di fatto non si riduceva, ma veniva semplicemente ritardato.

A lungo termine, in questa piccola popolazione l'inbreeding può essere sicuramente meglio controllato attraverso differenti strategie (Meuwissen, 2002). L'impiego di biotecnologie di base, come l'Inseminazione Artificiale, per esempio, potrebbe consentire una migliore e più razionale gestione della popolazione, svincolando gli accoppiamenti nel tempo e nello spazio. Un ampliamento dell'intervallo di generazione può rappresentare un ulteriore strumento che consentirebbe, utilizzando un maggior numero di becchi, di incrementare sensibilmente il *Ne* della popolazione e, di conseguenza, ridurre gli effetti negativi della deriva genetica. Allo stato attuale, è in questa prospettiva che si sta cercando di intervenire e agire.

9.3 La misura delle distanze genetiche in 5 popolazioni ovine siciliane

Questo caso studio, che riguarda 5 differenti razze ovine presenti in Sicilia e la cui origine è nota essere comune, dimostra il potere discriminante dei parametri e dei metodi descritti nal paragrafo 6.6.

La ricerca ha interssato complessivamente 476 individui delle razze Barbaresa, Comisana, Pinzirita, Sarda e Valle del Belice per 22 loci microsatelliti. Per ciascun locus sono state calcolate le frequenze alleliche ed il PIC. Il numero medio di alleli per locus è pari a 14,6.

I software utilizzati per l'analisi sono stati:

1. Cervus 3.0.3 © Copyright Tristan Marshall 1998-2007 Distribuito da Field Genetics Ltd – www. Fieldgenetics.com. Tale software per la simulazione in questione è stato licenziato gratuitamente ,in quanto per uso non commerciale;
2. Genetix 4.02 Laboratoire Genome, Populations, Interactions – CNRS UMR 5000 Montpellier. Tale software per la simulazione in questione è stato licenziato gratuitamente, in quanto per uso non commerciale.

Tali software sono stati scelti in relazione al semplice impiego ed all'interfaccia grafica di sintesi dei risultati finali.

La sintesi dei risultati è riportata nella Tabella che segue e che riporta le distanze genetiche tra le 5 differenti popolazioni:

Tabella24: Distanze genetiche

	Barbaresca	***Comisana***	***Pinzirita***	***Sarda***	***Valle del Belice***
Barbaresca	0.000	**0.067**	0.055	0.083	**0.079**
Comisana	0.067	0.000	0.022	**0.044**	**0.035**
Pinzirita	0.055	0.022	0.000	0.028	0.030
Sarda	0.083	0.044	0.028	0.000	**0.047**
Valle del Belice	0.079	0.035	0.030	0.047	0.000

Tali risultati necessitano di alcune riflessioni di carattere tecnico scientifico, basate anche sulle informazioni disponibili sulla storia genetica delle razze.

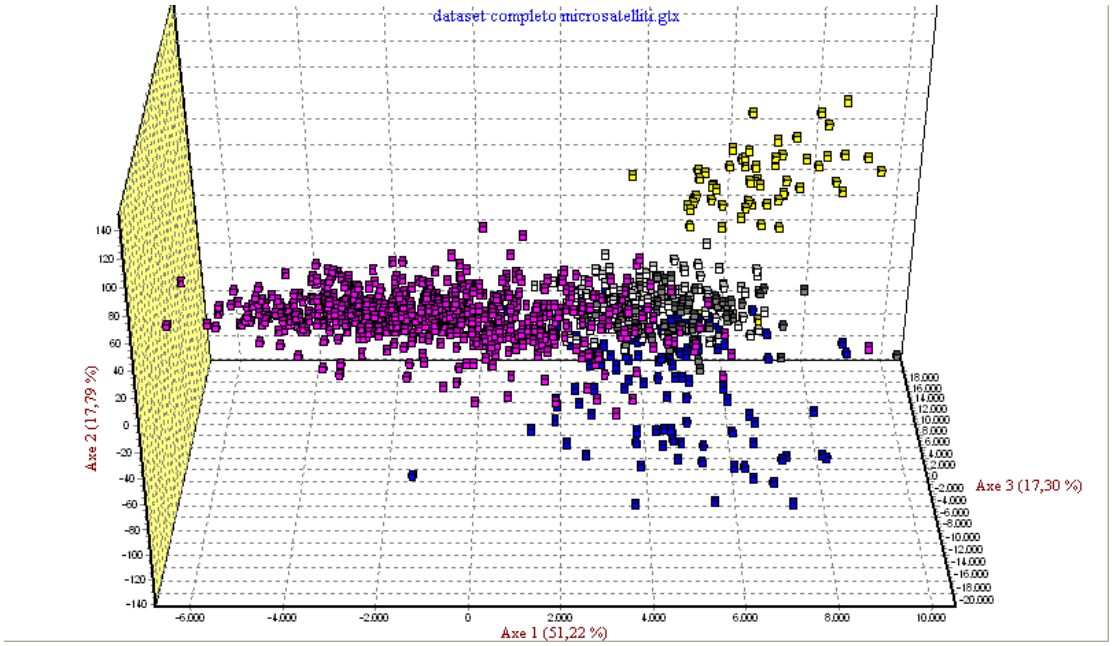
E' noto, nel caso specifico, che le razze Comisana, Barbaresca Siciliana e Valle del Belice hanno quale antenato comune la razza Pinzirita. Questa tesi è validata dal fatto che tali razze hanno, con

la Pinzirita, un valore di distanza genetica inferiore compreso tra 0,22 e 0,55. Da qui si evince che tutte le popolazioni prese in esame possono essere considerate differenti tra loro, tenendo tuttavia in debita considerazione l'origine comune dalla Pinzirita.

Il grafico 1 riporta la sintesi dei risultati di una analisi dei fattori. Tale analisi, utilizzando le informazioni inerenti ai 22 loci microsatelliti, ha consentito l'individuazione di 4 fattori principali di cui i primi 3, complessivamente, assorbono l'85.71% della variabilità genetica complessiva individuata dai 22 loci microsatelliti.

Nel grafico, in giallo è rappresentata la razza Barbaresca, in fucsia la Valle del Belice, in blu la Comisana, in bianco la Pinzirita ed in grigio la Sarda. La Barbaresca è la popolazione che presenta le maggiori distanze da tutte le altre popolazioni. Anche la Comisana, nel grafico, costituisce un gruppo a sé ben distinto dalle popolazioni Valle del Belice, Barbaresca e Sarda, anche se confinante con la Pinzirita, con la quale presenta un valore di D = 0.022, decisamente più basso rispetto che con le altre popolazioni. La razza Valle del Belice costituisce un raggruppamento a sé stante, anche se molto disperso in prossimità delle popolazioni Sarda, Comisana e Pinzirita, con le quali presenta valori di D pari rispettivamente a 0.047, 0.035 e 0.030.

Grafico 1 Rappresentazione dei risultati della cluster analysis.



Nella Tabella successiva sono riportate le eterozigosità osservate per locus e per razza, indicazione della variabilità entro e tra popolazioni che si evidenzia anche nel grafico sopra riportato.

Tabella 25: Eterozigosità Osservata per singolo locus, popolazione e media

	Locus																					
Popolazione	**B128**	**A45**	**M827**	**T011**	**3235**	**M54B**	**S25A**	**CP49**	**O63**	**CV36**	**2061**	**F209**	**S113**	**M527**	**T05**	**VB06**	**2238**	**5025**	**O10**	**A132**	**D247**	**1943**	**$H_{(razza)}$**
Barbaresca	0.62	0.63	0.64	0.83	0.75	0.45	0.69	0.80	0.89	0.60	0.74	0.72	0.57	0.73	0.57	0.64	0.30	0.90	0.59	0.75	0.57	0.27	0.65±0.16
Comisana	0.68	0.75	0.64	0.68	0.96	0.46	0.64	0.92	0.80	0.89	0.87	0.80	0.65	0.76	0.65	0.69	0.46	0.75	0.71	0.89	0.90	0.47	0.73±0.14
Pinzirita	0.79	0.81	0.57	0.76	0.84	0.48	0.72	0.82	0.80	0.78	0.90	0.71	0.68	0.83	0.66	0.75	0.46	0.89	0.71	0.84	0.82	0.42	0.73±0.14
Sarda	0.66	0.83	0.61	0.81	0.83	0.26	0.62	0.76	0.76	0.73	0.92	0.83	0.68	0.75	0.76	0.77	0.53	0.78	0.69	0.76	0.70	0.43	0.70±0.15
Valle del Belice	0.69	0.77	0.56	0.65	0.88	0.50	0.58	0.82	0.72	0.82	0.85	0.77	0.67	0.76	0.71	0.66	0.40	0.78	0.68	0.82	0.83	0.63	0.70±0.12
$H_{(Locus)}$	**0.67**	**0.79**	**0.50**	**0.70**	**0.86**	**0.45**	**0.65**	**0.83**	**0.73**	**0.74**	**0.84**	**0.76**	**0.64**	**0.76**	**0.70**	**0.71**	**0.40**	**0.84**	**0.66**	**0.82**	**0.77**	**0.49**	**0.77±0.13**

9.4 Dalla strategia del rischio alla strategia della massima utilità. La razza bovina Varzese-Ottonese-Tortonese

La storia di questa razza, denominata anche "Tortonese, Montana, Cabellotta, Bionda", è rappresentativa del destino subito dalle molte razze bovine autoctone non specializzate (a triplice attitudine), diffuse in Italia sino a metà del '900. Originaria dell'Appennino a cavallo delle province di Alessandria, Pavia, Piacenza e Genova, la Varzese-Ottonese-Tortonese (di seguito VOT) è stata fortemente incrociata con la Reggiana e la Bruna, in seguito alla legge n. 126/36. Dai 20.000 capi nel 1940, è passata a 334 animali nel 1983 (CNR) e a 39 nel 2001 (FAO DAD-IS). Nel 2007, dopo un biennio di aumento numerico, erano allevati 11 maschi e 84 femmine in età riproduttiva. Dati recenti (2010), forniti dal R.A.B. (Registro Angrafico delle razze bovine autoctone a limitata diffusione) e riferiti ai soli allevamenti iscritti e sottoposti a controlli ufficiali, riportano 177 capi allevati (Pavia: 78 capi in 12 allevamenti; Milano: 25 capi in 4 allevamenti; Alessandria: 52 capi in 8 allevamenti; Genova: 22 capi in 1 allevamento). La popolazione totale potrebbe però ammontare a circa 250 capi, con alcuni soggetti ancora presenti in provincia di Piacenza e altri allevati soprattutto in provincia di Milano.

Le cause del passato declino sono da ascriversi alla scarsa competitività, in termini di produzioni di latte e di accrescimenti ponderali, alla sostituzione con razze specializzate, all'abbandono dell'attività zootecnica nell'area di allevamento, alla meccanizzazione e al progressivo inbreeding. Con il latte di VOT erano prodotti formaggi locali, tra cui il Montebore delle valli alessandrine, riconoscibile per forma particolare, e la cui tecnica di produzione è stata recentemente recuperata. Non esistono segnalazioni di particolari prodotti carnei; i documenti fotografici disponibili confermano l'utilizzo della VOT per la trazione e i lavori agricoli.

Iniziative di salvaguardia

Le iniziative di salvaguardia della VOT sono iniziate a partire dagli anni '70 – '80. Tra le prime, va menzionato un progetto realizzato presso l'Azienda Agraria Sperimentale "V. Tadini" di Piacenza, dove sono state studiate le caratteristiche morfologiche e produttive della razza. Nello stesso periodo, la Regione Lombardia avviava un piano di recupero in provincia di Pavia, con uno schema di lavoro che prevedeva la scelta di alcuni tori fondatori, l'accoppiamento con bovine "d'elite", la successiva scelta dei maschi migliori da sottoporre a performance test e la selezione dei riproduttori migliori da avviare alla F.A. Nel 1991 vengono trasferiti al ConsDABI di Circello (BN)

alcuni capi e dosi di seme prelevate dai tori in prova in Lombardia. Sempre in Lombardia, nel 2001, viene finanziato, dalla Provincia di Milano, il "Progetto Biodiversità", che prevedeva, in una prima fase, l'incremento numerico della razza, mediante un lavoro di programmazione delle fecondazioni e, successivamente, la ricerca di uno sbocco economico per questa razza, avviando così un circolo virtuoso che invogliasse gli allevatori a utilizzare la VOT. Nel 2008, la Regione Lombardia, con il Dipartimento Agroalimentare del CNR, inserisce la razza Varzese nel progetto "Risorse biologiche e tecnologiche innovative per lo sviluppo sostenibile del sistema agro-alimentare". Con la creazione della banca delle Risorse Genetiche Animali Lombarde (LABank: obiettivo 2), vengono stoccate 1.200 dosi di 5 tori; per ciascun riproduttore sono stoccati anche campioni di sangue e pelo, per eventuali estrazioni di DNA.

In Piemonte, tra il 1997 e il 2002, l'APA di Alessandria, la Regione Piemonte e l'Università di Torino avviano due progetti di recupero con l'acquisto di alcune bovine, la creazione di un allevamento pilota nel tortonese, il prelievo di seme e la realizzazione di interventi di inseminazione artificiale ed embryo transfer.

Accanto a queste iniziative, studi e tentativi di recupero, la razza ha beneficiato dei premi previsti dai PSR (Reg. 2078/92, 1257/99 e 1698/05) nelle regioni Piemonte, Lombardia, Emilia Romagna e, a partire dal 1257/99, in Liguria. Il numero di domande e l'efficacia delle misure sono stati molto variabili a seconda delle Regioni. Ad esempio, in Lombardia le domande di contributo per la misura 214 del PSR 2007/2013 sono passate da 13 nel 2007, a 38 nel 2008, a 14 (relative a 109 capi) nel 2009. In Piemonte, nei tre anni, non sono invece state fatte domande di contributo. Anche gli importi erogati non sono uniformi, ma variabili tra le Regioni.

La storia recente della VOT mette in luce come le numerose iniziative di conservazione *in situ* ed *ex situ* messe in atto abbiano consentito di conseguire, talora, risultati interessanti, ma anche – come lamentato da numerosi allevatori – uno scarso coordinamento generale; gli stessi allevatori hanno sottolineato anche la scarsa efficacia delle misure di sostegno previste dai PSR, che in 3 delle 4 regioni, in cui questa razza è presente, non sono riuscite ad arrestarne il declino.

Recentemente, il desiderio di salvaguardare e valorizzare la razza ha indotto un gruppo di allevatori a definire nuovi e precisi obiettivi di allevamento della Varzese, sia sulla base delle sue capacità produttive che di altre caratteristiche, quali la rusticità, l'adattabilità all'ambiente di allevamento e alle limitate risorse alimentari localmente disponibili, e il valore affettivo e

simbolico. Il piano di recupero e di valorizzazione della VOT, definito a seguito di riunioni tra gran parte degli allevatori e rappresentanti di APA, Università, amministrazioni locali, Enti e Associazioni varie, ha anche dato origine a una serie di proposte per il futuro, tra cui quella di aderire al sistema "Italialleva" dell'AIA, di realizzare un Consorzio di allevatori e di studiare un marchio identificativo della razza.

Il recupero della VOT è esemplificativo di un cambio di strategia di conservazione. Con il desiderio (prima ancora della necessità) di rendere economicamente sostenibile e remunerativa la razza, molti allevatori hanno individuato precisi obiettivi di conservazione di questa razza, applicando in modo inconsapevole i concetti della strategia della massima utilità.

Note le caratteristiche della razza, il primo passo è stato quello di analizzare la redditività della VOT, sia in termini di produzione di latte e di carne che di altri servizi, in rapporto ai costi di allevamento e al prezzo dei prodotti o dei servizi vendibili. Successivamente, sono stati esaminati tutti i possibili obiettivi di conservazione, identificandone due in funzione dell'area di allevamento. Per gli allevatori residenti nell'area di origine (Appennino piemontese e lombardo), la produzione di latte di VOT da consumo fresco e la trasformazione in formaggio sono risultati essere quelli in grado di garantire la auto-sostenibilità economica dell'allevamento e, al tempo stesso, la salvaguardia della razza. Inoltre, per alcuni ambiti territoriali, la conservazione della VOT è risultata essere un obiettivo prioritario, per garantire il mantenimaneto di alcune tradizioni folkloristiche locali.

Nell'area di recente espansione (provincia di Milano), è stata invece individuata una finalità produttiva che differisce dalla precedente. Per gli allevatori di pianura, l'ingrasso e la produzione di carne, da vendere prevalentemente sul mercato cittadino o locale, è risultata essere l'unica soluzione in grado di garantire una buona redditività dell'allevamento e, al tempo stesso, di garantire la salvaguardia della razza.

Dal punto di vista delle tecniche di conservazione, l'individuazione di due finalità produttive in territori diversi ha richiesto l'adozione contemporanea di tecniche *in situ* ed *ex situ*, dimostrando ancora una volta la loro complementarietà. E', inoltre, da sottolineare che la VOT, alla luce di recenti studi condotti dalle Università e dai controlli effettuati dalle APA, sembra avere ampi margini di miglioramento, sia per quanto riguarda la produzione di latte che di carne. I risultati di queste indagini offrono spunti per avviare approfondimenti futuri sulla risposta produttiva di

questa razza a tecniche di gestione e di alimentazione diversificate, nonché per avviare piani di miglioramento genetico, mediante la selezione dei riproduttori, la pianificazione degli accoppiamenti, l'inseminazione artificiale e l'embryo transfer.

In conclusione, il continuo aumento del numero di capi e di nuovi allevatori interessati alla Varzese-Ottonese-Tortonese, nonché la notevole espansione dell'areale di allevamento, sembrano dimostrare la bontà delle scelte effettuate applicando i concetti della strategia della massima utilità.

Riassumendo, le tappe per giungere a questo successo, auspicabilmente ripercorribili in situazioni analoghe, sono state: 1) la condivisione di un obiettivo generale (auto-sostenibilità economica dell'allevamento di una razza a rischio di estinzione); 2) la definizione di obiettivi specifici (nello specifico: valorizzazione del ruolo economico della razza, soddisfacimento della domanda crescente di prodotti locali e recupero del suo valore storico e culturale); 3) l'impiego di tecniche di conservazione differenziate a seconda dell'area di presenza della razza e dell'indirizzo produttivo (*in situ* nella zona di origine, ed *ex situ* con animali vivi nelle aree di espansione).

Per raggiungere la completa auto-sostenibilità dell'allevamento, restano da studiare e migliorare alcune caratteristiche della VOT, per la quale è comunque necessario che vengano ancora garantiti i premi previsti dai PSR per la conservazione delle razze a rischio, nonostante già oggi questi non costituiscano più, come accadeva in passato, l'unico stimolo al mantenimento di questa razza.

9.5 Le esperienze estere: esempi di recupero di razze locali in Francia

Recupero su base morfologica: la razza bovina Bordelaise

La razza, originaria del territorio di Bordeaux, è dichiarata ufficialmente estinta intorno al 1960. Nel 1988, in pochi allevamenti vengono individuati alcuni capi con le caratteristiche di razza e viene avviato progetto di recupero. L'Istitut de l'Elevage, in collaborazione con il Conservatorio delle razze d'Aquitania, controlla e seleziona gli animali corrispondenti per caratteri morfologici ed individua alcuni tori per la produzione di seme da utilizzarsi su bovine geograficamente isolate.

Attualmente esiste una piccola mandria dove vengono progressivamente recuperati i caratteri morfologici più difficili da fissare con la selezione. Non vi è prova del legame genetico tra i bovini originari e quelli attuali; tuttavia, i caratteri salienti di razza si presentano in modo analogo.

In Italia, un esempio simile è quello dell'asino Pantesco o di Pantelleria, recuperato da animali morfologicamente simili allevati in Sicilia dal Corpo Forestale dello Stato.

Recupero su base etnica: la razza bovina Béarnaise

Nel sud dell'Aquitania (Francia) si allevavano tre razze (Basquaise d'Urt, Basquaise de Barètous e Bèrnaise d'Aspe o d'Ossau) raggruppate in seguito sotto l'unico nome di "Bionde dei Pirenei". Nel 1961, dalla fusione della Bionda dei Pirenei con la Quercy e la Garronaise, si formò la Blonde d'Aquitaine. Nel 1979 vengono individuate circa 60 bovine portatrici dei caratteri di razza Béarnaise e viene deciso un suo ripristino con il contributo di alcuni tori idonei. Nel 2007 vengono censite 135 bovine; oggi la razza è considerata ristabilita ed in aumento. Si sa con certezza che il patrimonio genetico della Béarnaise è stato sottoposto ad interventi di meticciamento con altre razze del gruppo delle "Bionde francesi".

In Italia, pochi capi di pecora Modenese o Pavullese, ritenuta estinta per assorbimento da razze limitrofe (in prevalenza Cornella) sono stati recentemente individuati in un allevamento emiliano; per questa razza sono previsti interventi di meticciamento e di successivo ripristino del tipo morfologico originario.

Recupero su base attitudinale: la razza bovina Blue du Nord

Si tratta di una razza ad attitudine mista che rappresenta il progenitore della razza cosmopolita Bianca Blu Belga, caratterizzata da ipertrofia muscolare e oggi allevata esclusivamente per la sua spiccata attitudine alla produzione di carne. Nell'ambito della Bianca Blu Belga si conservano tuttavia alcuni capi della popolazione originaria non migliorata e non ipertrofica. Ciò consente di non perdere alcune caratteristiche genetiche utilizzabili in caso di necessità di futuri interventi sulla razza migliorata o su altre razze.

In Italia, problematiche simili sono attuali per la razza bovina Piemontese e per alcune razze equine soggette a forti modifiche attitudinali.

Recupero su base numerica: la razza bovina Lourdaise

Di questa razza, nel 1978 non rimanevano che un toro e meno di 30 bovine. Grazie a numerosi interventi di recupero, compreso l'uso dell'incrocio di ritorno, nel 2007 erano censiti 201 capi, con tendenza all'aumento grazie alla valorizzazione di piccole produzioni casearie locali.

In Italia, un simile intervento di recupero sul piano numerico ha riguardato la razza suina Mora Romagnola, oggi nuovamente diffusa nell'area di origine. Il salvataggio è avvenuto a partire da 3 verri e alcune scrofe; il recupero è avvenuto con tecniche di conservazione ex situ con animali vivi e con crioconservazione, nonché con l'utilizzo di incroci di ritorno.

Recupero su base territoriale: la razza bovina Saonoise

Si tratta di una razza bovina che presenta forti similitudini con altre razze limitrofe, dovute in parte a forti parentele genetiche e tali non giustificare un piano di salvaguardia mirato, vista la non rarità del suo genoma. Tuttavia, la volontà degli agricoltori locali di rilanciare e promuovere i prodotti di questa razza, ha costretto l'associazione allevatori ad avviare un piano di selezione finalizzato ad una differenziazione più spinta della Saonoise da altre razze simili. L'attuale popolazione è stimata in 1000 bovine suddivise in 70 allevamenti.

In Italia, la razza ovina Noticiana, derivata dalla Comisana, pur non avendo una unicità genetica tale da giustificare specifici piani di salvaguardia, è attualmente oggetto di selezione per tutelare l'attività pastorale locale e recuperare prodotti tradizionali da essa derivati.

BIBLIOGRAFIA

AA.VV. (2001). Interventi per la salvaguardia delle razze autoctone. Regione Piemonte

AA.VV. (2001). Risorse genetiche agrarie in Italia. Monitoring Institute SAVE foundation, S. Gallen, CH

AA.VV. (2004). Guidelines for the constitution of National cryopreservation programmes for farm animals. S.J. Hiemstra ed., European Regional Focal Point for Animal Genetic Resources, FAO

Ajmone Marsan P. (2010) Opportunità offerte dalla genomica. Bologna, 18 maggio. www.ermesagricoltura.it

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

Alves, E., Barragan, C., Fernandez, A., Rodriguez, M.C., Silio, L. (2006). Success rate of genetic clustering of domestic and wild pigs as a function of the number of markers. Proceeding of the 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Belo Horizonte, Brasil

ARSIA (2006). Risorse genetiche animali autoctone della Toscana. ARSIA, Regione Toscana

ASSO.NA.PA. (1996). L'allevamento ovino. Roma

AVIANDIV (1999) Development of strategy and application of molecular tools to assess biodiversity in chicken genetic resources. Available at: http://aviandiv.tzv.fal.de/

Barker J.S.F. (1999) Conservation of livestock breed diversity. *Animal Genetic Resources Information* 25, 33-43

Barker, J.S.F. (2001). Conservation and management of genetic diversity: a domestic animal perspective. Canadian Journal of Forest Research, 31:588-595

Baumung, R., Simianer, H., Hoffmann, I. (2004). Genetic diversity studies in farm animals - a survey. Journal of Animal Breeding and Genetics,121:361-373

Berthouly, C., Bed-Hom, B., Tixier-Boichard, M., Chen, C.F., Lee, Y.P., Lalol, D., Legros, H., Verrier, E., Rognon, X. (2008). Using molecular markers and multivariate methods to study the genetic diversity of local European and Asian chicken breeds. Animal Genetics, 39:121–129

Bigi, D., Zanon, A. (2008). Atlante delle razze autoctone. Bovini, Equini, Ovicaprini, Suini allevati in Italia. Edagricole, Milano

Boichard, D., Maignel, L., Verrier, E. (1997). The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. Genetics Selection Evolution, 29:5-23

Broxham E. (ed.) (2010) ELBARN. European Livestock Breeds and Rescue Net. SAVE Foundation, St. Gallen, CH

Bruford, M.W., Bradley, D.G., Luikart, G. (2003). DNA markers reveal the complexity of livestock domestication. Nature Reviews Genetics, 4:900-910

Caballero, A., Quesada, H., Rolàn-Alvarez, E. (2008). Impact of fragment size homoplasy on the estimation of population genetic diversity and the detection of selective loci. Genetics, 179:539-554

Chen, K., Baxter, T., Muir, W.M., Groen, M.A., Schook, L.B. (2007). Genetic resources, genome mapping and evolutionary genomics of the pig (Sus scrofa). International Journal Biological Sciences, 3:153-165

Chen, G.H., Bao, W.B., Shu, J., Ji, C.L., Wang, M.Q., Eding, H., Muchadeyi, F., Weigend, S. (2008). Assessment of population structure and genetic diversity of 15 Chinese indigenous chicken breeds using microsatellite markers. Asian-Australasian Journal of Animal Sciences, 21:331–339

C.N.R. (1983). Atlante etnografico delle popolazioni bovine italiane. Centro Grafico S., Milano

C.N.R. (1983). Atlante etnografico delle popolazioni ovine e caprine allevate in Italia. Edi. Ermes Arti Grafiche, Milano

Corander, J., Waldmann, P., Marttinen, P., Sillanpaa, M.J. (2004). BAPS 2: enhanced possibilities for the analysis of genetic population structure. Bioinformatics, 20:2363-2369

Coulson, T.N., Pemberton, J.M., Albon, S.D., Beaumont, M., Marshall, T.C., Slate, J., Guinness, F.E., Clutton-Brock, T.H. (1998). Microsatellites reveal heterosis in red deer. Proceedings: Biological Sciences, 265:489-495

Dawson, K.J., Belkir, K. (2001). A bayesian approach to the identification of panmictic populations and assignement of individuals. Genetic Research, 78:59-77

De Marchi, M., Dalvit, C., Targhetta, C. & Cassandro, M. (2006) Assessing genetic diversity in indigenous Veneto chicken breeds using AFLP markers. Animal Genetics, 37: 101–105

de Groot, R.S, Wilson, M.A., Boumans, R.M.J. (2002). A typology for the classification, description and valuation of ecosystem functions, goods and services. Ecological Economics, 41:393–408

Drucker, A., Gomez, V., Anderson, S. (2001). The economic valuation of farm animal gentic resources: a survey of available metods. Ecological Economics, 36:1-18

ERFP (2003). Guidelines for the constitution of National cryopreservation programmes for farm animal resources. Publ. n. 1 of the European Regional Focal Point on Animal Genetic Resources. S.J. Hiemstra ed.

Eriksson, J., Larson, G., Gunnarsson, U., Bed'hom, B., Tixier-Boichard, M., Strömstedt, L., Wright, D., Jungerius, A., Vereijken, A., Randi, E., Jensen, P., Andersson, L. (2008). Identification of the *Yellow Skin* Gene Reveals a Hybrid Origin of the Domestic Chicken. PLoS Genet 4(2): e1000010. doi:10.1371/journal.pgen.1000010

Falconer, D.S., Mackay, T.F.C. (1996). Introduction to Quantitative Genetics, Ed. 4. Longman, Harlow, Essex, United Kingdom

FAO (1984). Animal genetic resource conservation by management, databanks and training. Animal Production and Health Paper, No. 44/1. Rome

FAO (1998). Secondary guidelines for the national farm animal genetic resources management of small populations at risk. FAO, Rome

FAO (2000). World watch list for domestic animal diversity. 3rd Ed., B. D. Scherf ed., FAO, Rome

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

FAO (2005). Genetic characterization of livestock populations and its use in conservation decision making, by O. Hannotte & H. Jianlin. In J. Ruane & A. Sonnino, eds. The role of biotechnology in exploring and protecting agricultural genetic resources, pp. 89–96. Rome

FAO (2007). Global Plan of action for Animal Genetic Resources and the Interlaken Declaration. Available at http://www.fao.org/docrep/010/a1404e/a1404e00.htm

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

Folch, P., Jordana, J. (1998). Demographic characterization, inbreeding and maintance of genetic diversity in the endangered Catalonian donkey breed. Genetics Selection Evolution, 30:195-201

Fontanesi, L., Beretti, F., Riggio, V., Dall'Olio, S., Gómez González, E., Finocchiaro, R., Davoli, R., Russo, V., Portolano, B. (2009a) Missense and nonsense mutations in melanocortin 1 receptor (*MC1R*) gene of different goat breeds: association with red and black coat colour phenotypes but with unexpected evidences. BMC Genetics, 10:47

Fontanesi, L., Beretti, F., Riggio, V., Gómez Gonzáles, E., Dall'Olio, S., Davoli, R., Russo, V., Portolano, B. (2009b). Copy number variation and missense mutations of the agouti signaling protein (*ASIP*) gene in goat breeds with different coat colours. Cytogenetic and Genome Research, 126:333-347

Fontanesi, L., Beretti, F., Riggio, V., Dall'Olio, S., Calascibetta, D., Russo, V., Portolano. B. (2010a). Sequence characterization of the melanocortin 1 receptor (*MC1R*) gene in sheep with different coat colour and identification of the putative *e* allele at the ovine *Extension* locus. Small Ruminant Research, 91:200-207

Fontanesi, L., D'Alessandro, E., Scotti, E., Liotta, L., Crovetti, A., Chiofalo, V., Russo, V. (2010b). Genetic heterogeneity and selection signature at the *KIT* gene in pigs showing different coat colours and patterns. Animal Genetics, 41:478-492

Fontanesi, L., Tazzoli, M., Russo, V., Beever, J. (2010c). Genetic heterogeneity at the bovine *KIT* gene in cattle breeds carrying different putative alleles at the spotting locus. Animal Genetics, 41:295-303

Fontanesi, L., Dall'Olio, S., Beretti, F., Portolano, B., Russo, V. (2010d) Coat colours in the Massese sheep breed are associated with mutations in the agouti signaling protein (*ASIP*) and melanocortin 1 receptor (*MC1R*) genes. Animal, doi:10.1017/S1751731110001382.

Foulley, J.L., Ollivier, L. (2006). Estimating allelic richness and its diversity. Livestock Science, 101:150-158

Fumihito, A., Miyake, T., Takada, M., Shingu, R., Endo, T., Gojobori, T., Kondo, N., Ohno, S. (1996). Monophyletic origin and unique dispersal patterns of domestic fowls. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 93:6792–6795

Gandini, G., De Filippi, P. (1998). Minbreed – Software package for the genetic management of small breeds. Proc. 6th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Armidale, Australia, 27:451

Gandini, G., Villa, E. (2003). Analysis of the cultural value of local livestock breeds: a methodology. Journal of Animal Breeding and Genetics, 120:1-11

Gandini, G., Ollivier, L., Danell, B., Distl, O., Georgoudis, A., Groeneveld, E., Marttyniuk, E., van Aredonk, J.A.M., Wooliams, J.A. (2004). Criteria to assess the degree of endargement of livestock breeds in Europe. Livestock Production Science, 91(1-2):173-182

Gandini, G., Pizzi, F. (2011). Crioconservazione delle risorse genetiche animali in Italia. *In stampa.*

Gandini G., Rognoni G. (1997) Atlante etnografico delle popolazioni equine ed asinine italiane. CNR, IDVGA e P.F. RAISA. Città Studi Ed., Milano

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

Granevitze, Z., Hillel, J., Chen, G.H., Cuc, N.T.K., Feldman, M., Eding, H., Weigend, S. (2007). Genetic diversity within chicken populations from different continents and management histories. Animal Genetics, 38:576–83

Granevitze,. Z., Hillel, J. , Feldman, M., Six, A., Eding, H., Weigend, S. (2009). Genetic structure of a wide-spectrum chicken gene pool. Animal Genetics, 40:686–693

Graphodatskaya D., Joerg H., Stranzinger, G. (2002). Molecular and pharmacological characterisation of the MSH-R alleles in Swiss cattle breeds. Journal of Receptors and Signal Transduction, 22:421–430

Groeneveld, E. (2005). A world wide emergency program for the creation of national genebanks of endangered breeds in animal agriculture. AGRI, 36:1-6

Groenveld, L.F., Lenstra, J.A., Eding, H., Toro, M.A., Scherf, B., Pilling, D., Negrini, R., Finlay, E.K., Jianlin, H, Groenveld, E., Weigend, S., and the GLOBALDIV Consortium (2010). Genetic diversity in farm animals – a review. Animal Genetics, 41:6-31

Gort, G., Koopman, W.J.M., Stein, A. (2006). Fragment length distributions and collision probabilities for AFLP markers. Biometrics, 62:1107-1115

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

Hall, S.J.G., Bradley D.G. (1995). Conserving livestock breed diversity. Trends in Ecology and Evolution, 10:267-70

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

Heaton, M.P., Harhay, G.P., Bennett, G.L., Stone, R.T., Grosse, W.M., Casas, E., Keele, J.W., Smith, T.P.L., Chitko-McKown, C.G., Laegreid, W.W. (2002). Selection and use of SNP markers for animal identification and paternity analysis in U.S. beef cattle. Mammalian Genome, 13:272-281

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

Hiemstra, S.J., de Haas, Y., Maki-Tanila, A., Gandini, G. (2010) Local cattle breeds in Europe. Development of policies and strategies for self-sustaining breeds. Wageningen Academic Publishers, Wageningen, The Netherland

Hillel, J., Granevitze, Z., Twito, T., Ben-Avraham, D., Blum, S., Lavi, U., David, L., Feldman, M.W., Cheng H., Weigend, S. (2007). Molecular markers for the assessment of chicken biodiversity. Worlds Poultry Science Journal, 63:33–45

Ingrassia, A., Manzella, D., Martyniuk, E. (2005). The legal framework for the management of animal genetic resources. FAO legislative study, 89. FAO, Rome

Joerg, H., Fries, H.R., Meijerink, E., Stranzinger, G.F. (1996). Red coat color in Holstein cattle is associated with a deletion in the MSHR gene. Mammalian Genome, 7:317–318

Kijas, J.M.H., Wales, R., Törnsten, A., Chardon, P., Moller, M., Andersson, L. (1998). Melanocortin receptor 1 (*MC1R*) mutations and coat color in pigs. Genetics, 150:1177-1185

Kijas, J.M.H., Moller, M., Plastow, G., Andersson, L. (2001). A frameshift mutation in *MC1R* and high frequency of somatic reversions cause black spotting in pigs. Genetics, 158:779-785

Klungland, H., Våge, D.I., Gomez-Raya, L., Adalsteinsson, S., Lien, S. (1995). The role of melanocyte-stimulating hormone (MSH) receptor in bovine coat color determination. Mammalian Genome, 6:636–639

Lacy, R.C. (1993). Vortex: A computer simulation model for population viability analysis. Wildlife Reseach, 20:45-65

Liu, Y.P., Wu, G.S., Yao, Y.G., Miao, Y.W., Luikart, G., Baig, M., Beja-Pereira, A., Ding, Z.L., Palanichamy, M.G., Zhang, Y.P. (2006). Multiple maternal origins of chickens: out of the Asian jungles. Molecular Phylogenetics and Evolution, 38:12–19

Lush, J.L. (1994). The Genetics of Populations. College of Agriculture, Iowa State University, Ames, Iowa. Eds Chapman, A.B. & Shrode, R.R., Special Report 94

Malécot, G. (1948). Mathematiques de I'Heredite. Masson, Paris. English translation with added appendix: The Mathematics of Heredity (1969), W. H. Freeman, San Francisco

Marelli, S.P., Strillacci, M.G., Ferrante, V., Pignatelli, P., Gualtieri, M., Guidobono Cavalchini, L. (2006). Genetic variability of Valdarnese Bianca Chicken breed using microsatellite markers. World's Poultry Science Journal, 62:207–208

Marklund, L., Johansson Moller, M., Sandberg, K., Andersson, L. (1996). A missense mutation in the gene for melanocyte-stimulating hormone receptor (MC1R) is associated with the chestnut coat color in horses. Mammalian Genome, 7:895–899

Mason I. L. (1996) A world dictionary of livestock breeds, types and varieties. 4th Ed., Wallingford, UK, CAB International

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

Matassino, D. (1989). Miglioramento genetico degli animali domestici. Cenni storici. L'Italia agricola, 126(3):17-22

Matassino, D. (1997) Biodiversità e allevamento animale. Zootecnia e Nutrizione Animale, 23:13-24

Matassino, D. (2010). Qualche riflessione sul significato di razza. Disponibile al link: www.scienzaegoverno.org/CSUA/biodiversita/RAZZA%20_010.pdf

Maudet, C., Taberlet, P. (2002). Holstein's milk detection in cheeses inferred from melanocortin receptor 1 (MC1R)gene polymorphism. Journal of Dairy Science, 85:707-715

Meuwissen, T.H.E. (2002). GENCONT: An operational tool for controlling inbreeding in selection and conservation schemes. 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. CD-ROM communication n° 28-20

Muchadeyi F., Eding H., Simianer H., Wollny C.B.A., Groeneveld E. & Weigend S. (2008) Mitochondrial DNA D-loop sequences suggest a Southeast-Asian and Indian origin of Zimbabwean village chickens. Animal Genetics 39, 615–622

Muir, W.M., Wong, G.K.-S., Zhang, Y., et al. (2008). Genome-wide assessment of worldwide chicken SNP genetic diversity indicates significant absence of rare alleles in commercial breeds. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 105:17312–17317

Mwacharo, J.M., Nomura, K., Hanada, H., Jianlin, H., Hanotte, O., Amano, T. (2007). Genetic relationships among Kenyan and other East African indigenous chickens. Animal Genetics, 38:485–490

Nei, M. (1973). Analysis of gene diversity in subdivided populations. Proceeding of National academy Sciences USA, 70:3321-3323.

Nei, M. (1978). Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. Genetics, 76:379-390

Nei, M. (1987). Molecular evolutionary genetics. Columbia University Press, New York.

Norris, B.J., Whan, V.A. (2008). A gene duplication affecting expression of the ovine ASIP gene is responsible for white and black sheep. Genome Research, 18:1282-1293

Notter, D.R. (1999). The importance of genetic diversity in livestock populations of the future. Journal of Animal Science, 77:61-69

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

Oldenbroek, K. (1998). Genebanks and the conservation of farm animal genetic resources. ID-DLO, The Netherlands

Oldenbroek, K. (2007). Utilisation and conservation of farm animal genetic resources. Wageningen Academic Publishers, The Netherlands

Ollivier L., Labroue F., Glodek P., Gandini G., Delgado J.V. (2001) Pig genetic resources in Europe. EAAP Publ. n. 104. Wageningen Pers, Wageingen, The Netherland

Nishibori, M., Shimogiri, T., Hayashi, T., Yasue, H. (2005). Molecular evidence for hybridization of species in the genus *Gallus* except for *Gallus varius*. Animal Genetics, 36:367–375

Pastore E., Fabbris L. (a cura di) (1999) L'allevamento ovi-caprino nel Veneto. Analisi e prospettive future di un settore ricco di storia. Veneto Agricoltura, Padova

Petit, R.J., El Mousadik, A., Pons O. (1998). Identifying populations for conservation on the basis of genetic markers. Conservation Biology, 12:844-855

Pritchard, J.K., Stephens, M., Donnelly, P. (2000). Inference of population structure using multilocus genotype data. Genetics, 155:945-959

Prota, G. (1992). Melanin and Melanogenesis, Academic Press, San Diego, CA, pp. 43–45

Raoul, J., Danchin-Burge, C., Rochambeau, H., Verrier, E. (2004). SAUVAGE, a software to manage a population with few pedigrees. Proceeding of the 55th EAAP Annual Meeting, Bled, 5 – 9 September

Rege J.E.O. (ed.) (1999). Economic valuation of animal genetic resources. Proc. FAO/ILRI Workshop, Rome, 15-17 March

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

Robbins, L.S., Nadeau, J.H., Johnson, K.R., Kelly, M.A., Roselli-Rehfuss, L., Baack, E., Mountjoy, K.G., Cone, R.D. (1993). Pigmentation phenotypes of variant extension locus alleles result from point mutations that alter MSH receptor function. Cell, 72:827–834.

Roosen, J., Fadlaoui, A., Bertaglia, M. (2005). Economic evaluation for conservation of farm animal genetic resources, Journal of Animal Breeding and Genetics, 122:217-228

Rognoni G. (1982) Relazione della Direzione. P.F. "Difesa delle risorse genetiche delle popolazioni animali: obiettivi e risultati". Milano

Rouzaud, F., Martin, J., Gallet, P.F., Delourme, D., Goulemot-Leger, V., Amigues, Y., Ménissier, F., Levéziel, H., Julien, R., Oulmouden, A. (2000). A first genotyping assay of French cattle breeds based on a new allele of the extension gene encoding the melanocortin-1 receptor (Mc1r). Genetics Selection Evolution, 32:511–520

Ruane J. (1993) Documenting the world's domestic animal resources. Anim. Gen. Resources Information Bulletin, 11, 13-21

Ruane, J. (2000). A framework for prioritizing domestic animal breeds for conservation purposes at the national level: a Norwegian case study. Conservation Biology, 14:1385-1393

Russo V. (1985) Storia delle razze bovine. In: Terre e Buoi, Grafiche STEP Cooperativa. Parma.

Russo, V., Davoli, R., Fontanesi, L. (2001). Problematiche della biodiversità zootecnica. Atti VI Cong. Naz. "Biodiversità. Opportunità di sviluppo sostenibie", Bari, 6-7 settembre, 11- 26.

Russo V., Fontanesi L. (2004) Analisi dei geni del colore del mantello: tracciabilità di razza. Proceedings of the 7th Brown Swiss World Conference (BrownSwiss 2004), Verona, 3-7 Marzo, 95-100.

Russo, V., Fontanesi, L., Scotti, E., Tazzoli, M., Dall'Olio, S., Davoli, R. (2007). Analysis of melanocortin 1 receptor (MC1R) gene polymorphisms in some cattle breeds: their usefulness and application for breed traceability and authentication of Parmigiano Reggiano cheese. Italian Journal of Animal Science, 6:257-272.

Russo V, Fontanesi L, Scotti E, Tazzoli M, Dall'Olio S, Davoli R. (2007) Analysis of melanocortin 1 receptor (MC1R) gene polymorphisms in some cattle breeds: their usefulness and application for

breed traceability and authentication of Parmigiano Reggiano cheese. Italian Journal of Animal Science 6 , 257-272.

Searle, A.G. (1968). Comparative Genetics of Coat Colour in Mammals. Logos Press, London

Simianer, H. (2002). The Noah's dilemma: which breeds to take aboard the ark? Proc. 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, CD-Rom Communication n. 26-02

Simianer, H., Reist-Marti, S.B., Gibson, J., Hanotte, O., Rege, J.E.O. (2003). An approach to the optimal allocation of conservation funds to minimize loss of genetic diversity between livestock breeds. Ecological Economics, 45:377-392

Simianer, H. (2005). Decision making in livestock conservation. Ecological Economics, 53:559-572

Simianer H., Weigend S. (2007) Absence of population substructuring in Zimbabwe chicken ecotypes inferred using microsatellite analysis. Animal Genetics 38, 332–9.

Simon, D.L. (1984). Conservation of animal genetic resources – a review. Livestock Production Science, 11:23-26

Simon, D.L., Buchenauer, D. (1993). Genetic diversity of Europea livestock breeds. EAAP Publ. N. 66, Wageningen, The Netherlands, Wageningen Pers

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, 4:229–233

Tadano, R., Sekino, M., Nishibori, M., Tsudzuki, M. (2007). Microsatellite marker analysis for the genetic relationships among Japanese long-tailed chicken breeds. Poultry Science, 86:460–469

Takeuchi, S., Suzuki, H., Yabuuchi, M., Takahashi, S. (1997). A possible involvement of melanocrtin 1-receptor in regulating feather color pigmentation in the chicken. Biochimica et Biophysica Acta, 1308:164-168

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

Toro, M.A., Caballero, A. (2005). Characterization and conservation of genetic diversity in subdivided populations. Philosophical Transactions of the Royal Society of London, Series B: Biological Sciences, 360:1367-1378

Toro M.A., Fenrnandez J, Caballero A. (2006) Scientific policies in conservation of farm animal genetic resources. Proc. 8th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, CD-Rom Communication n. 33-05

Toro, M.A., Fernandez, J., Caballero, A. (2009). Molecular characterization of breeds and its use in conservation. Livesctock Science, 120:174-195

UNEP (2005). Facts on biodiversity. A summary of the Millenium Ecosystem Assessment Biodiversity Synthesis. http://www.greenfacts.org/biodiversity/biodiversity-foldout.pdf

Våge, D.I., Klungland, H., Lu, D., Cone, R.D. (1999). Molecular and pharmacological characterization of dominant black coat color in sheep. Mammalian Genome, 10:39-43

Van Tassel, C., Wiggans, G. (2007). Large scale bovine SNP genotyping for genomic selection and Hapmap development. USDA Research Project number 1265-31000-081-06

Vekemans, X., Beauwens, T., Lemaire, M., Roldan-Ruiz, I. (1990). Data from amplified fragment length polymorphism (AFLP) markers show indication of size homoplsy and of a relationship between degree of homoplasy and fragment size. Molecular Ecolgy, 11:139-151

Vigo, D., Faustini, M., Riccardi, A.M.B., Colombani, C.A., Scocca, S., Longeri, M.L. (2008). Characterization of the milk lipid globules in Varzese-Ottonese cow by laser scatter granulometry. Proceedings 25th Jubilee World Buiatrics Congress, 53

Weir, B.S., Basten, C.J. (1990). Sampling strategies for distances between DNA sequences. Biometrics, 46:551–582

Weitzman, M.L. (1993). What to preserve? An application of diversity theory to crane conservation. Quarterly Journal of Economy, 108:157-183

Weitzman M.L. (1998) The Noah's ark problem. Econometrica, 66, 1279-

Wong, G.K., Liu, B., Wang, J., Zhang, Y., Yang, X., et al., International Chicken Polymorphism Map Consortium (2004). A genetic variation map for chicken with 2.8 million single-nucleotide polymorphisms. Nature, 432:717-722

Zanetti, E., Dalvit, C., Molette, C., Remignon, H., Cassandro, M. (2009). A proteomic approach to study local chicken breeds characterisation. Italian Journal of Animal Science, 8(Suppl. 2):174-176

Zanetti, E., De Marchi, M., Dalvit, C., Cassandro, M. (2010). Genetic characterization of Italian local chicken breeds undergoing in-situ conservation. Poultry Science, 89:420–427

Zhang, X., Leung, F.C., Chan, D.K., Yang, G., Wu, C. (2002). Genetic diversity of Chinese native chicken breeds based on protein polymorphism, randomly amplified polymorphic DNA, and microsatellite polymorphism. Poultry Science, 81:1463-1472

GLOSSARIO

Adattamento: caratteristica determinata geneticamente che incrementa la capacità di un organismo di adattarsi al proprio ambiente

Additività: riferito a ciascun allele che influenza un carattere indipendentemente da un altro allele presenti in un determinato locus e da tutti gli altri alleli in tutti gli altri loci

Addomesticazione è il processo nel quale le popolazioni animali si sono adattate al management e all'ambiente nel quale vivono

Admixture è una popolazione frutto della combinazione di due gruppi ancestrali in linkage disequilibrium e che pertanto manifesta una grande variabilità genetica

Allele: sequenza di DNA codificante; ogni variante di sequenza di un gene. Il genotipo di un individuo relativamente ad un gene è il corredo di alleli che egli si trova a possedere. In un organismo diploide, in cui sono presenti due copie di ogni cromosoma, il genotipo è dunque costituito da due alleli

Aploide: che porta un set di cromosomi

Attitudine materna: capacità di una fattrice di portare la prole allo svezzamento

Autoctono: in zootecnia, animale, razza o popolazione originari della stessa zona in cui sono allevati

Bayesiano è un approccio statistico che assume che i parametri di una distribuzione siano variabili causali. In contrasto con il classico approccio assume che i parametri della distribuzione da cui è estratto siano sconosciuti. Le inferenze Bayesiane pertanto fanno riferimento ad una distribuzione i cui parametri sono definiti a posteriori

Biodiversità: (o diversità biologica) è la varietà della vita in tutte le sue forme, livelli e combinazioni

Biodiversità zootecnica: è l'insieme delle specie e razze animali di interesse zootecnico che si sono andate differenziando sulla base di spinte selettive dettate dal mondo allevatoriale. In questo senso, oltre alla selezione naturale (parzialmente presente) si aggiungono importanti spinte di tipo estetico, produttivo, gestionale, ambientale del tutto artificiali o comunque controllate

dall'allevatore, che plasmano il fenotipo del progenitore selvatico verso forme del tutto diverse. La biodiversità zootecnica risponde molto spesso ad esigenze adattative ad ambienti diversi, proponendo un interazione "animale produttivo - ambiente di allevamento".

Ceppo: v. testo

Clone (animale): individuo geneticamente identico a un altro o a un gruppo di individui tra loro geneticamente identici

Consanguineità: accoppiamento tra animali con uno o più ascendenti in comune e con un grado di parentela più alto che nella media della popolazione; il suo valore, espresso come coefficiente di consanguineità, è pari a metà della parentela tra i due genitori.

Conservazione in vivo: mantenimento di una popolazione di individui viventi nell'area di origine (*in situ*), o quando trattasi di pochi individui in zoo, parchi o in aziende appositamente progettate (*ex situ*).

Conservazione in vitro ved**i** crioconservazione

Crioconservazione: conservazione di germoplasma sotto forma di tessuti, seme, oociti o embrioni per tempi lunghi, a temperature bassissime, di solito tra -150 e -196 °C in azoto liquido, per consentire un successivo uso per produrre animali viventi e vitali

Cromosoma è una porzione ampia di DNA che costituisce la struttura base del genoma. Tutto il DNA nucleare è organizzato in cromosomi presenti in numero variabile nelle cellule delle diverse specie

Deriva genetica: fluttuazioni casuali delle frequenze geniche nel corso delle generazioni che tendono a ridurre la variabilità genetica

Diploide: individuo che porta 2 set di cromosomi

Diversità genetica è l'insieme di differenze tra specie, razze entro specie e individui entro razze espresso come conseguenza delle differenze genetiche

Diversità marginale: cambiamento nella diversità conservata al termine di un determinato periodo di tempo, qualora la probabilità di estinzione sia cambiata di una unità grazie a un'attività di conservazione

DNA: sigla dell'acido desossiribonucleico, macromolecola a doppia elica che porta l'informazione genetica in tutte le cellule degli organismi superiori.

Domesticazione: processo di crescente mutua dipendenza tra società umane e piante e popolazioni animali da esse scelte

Domesticata (specie): specie allevata in cattività e ottenuta modificando i suoi antenati selvatici per renderla più utile agli umani, che ne controllano la riproduzione, la protezione e l'approvvigionamento di cibo

Dominanza: quando gli alleli di un locus sono non-additivi

EBV: acronimo di Estimated Breed Value (Valore Stimato di una Razza)

Embrione: animale in stadio precoce dello sviluppo che non ha assunto una forma anatomica tale da renderlo riconoscibile come membro della specie

Embryo Transfer (ET): trasferimento di embrioni da una femmina donatrice ad una ricevente

Epistasi: quando i loci sono non-additivi. Fenomeno per cui lo stato allelico di un gene X è incomprensibile, osservando solo il fenotipo legato ad esso, a causa della presenza (epistasi dominante) o dell'assenza (epistasi recessiva) di un secondo gene non allelico Y che impedisce (nell'epistasi dominante) o coadiuva (nell'epistasi recessiva) la medesima conversione da un fenotipo a un altro.

Estinzione: una razza è considerata estinta quando non ci sono più riproduttori maschi o femmine. Può però esistere del materiale genetico crioconservato che può permettere di ricreare la razza. In realtà la razza può essere considerata estinta molto prima che si perda l'ultimo animale vivente o il materiale genetico

Eterozigosità è l'unità di misura maggiormente utilizzata negli studi di genetica di popolazione per valutare l'entità della variailità genetica.

Fertilità: capacità di un individuo di riprodursi. L'assenza di fertilità si definisce "sterilità"

Fitness: caratteristica definita dal numero relativo di nati da un individuo rispetto ai suoi competitori. Riguarda un insieme di caratteristiche quali lo stato di salute e di benessere di un animale, che influenzano la sua capacità di sopravvivere e di riprodursi

Frugalità: capacità di soddisfare i fabbisogni nutritivi risorse locali

Gene è l'unità dell'eredità, ed è costituito da un tratto di DNA sul cromosoma, contenete le informazioni geneticheche saranno trascritte nell'RNA e tradotte in una catena polipeptidica con specifiche funzioni fisiologiche. Un gene può mutare in diverse forme chiamate alleli

Genoma: termine collettivo di tutto il DNA contenuto nel nucleo di una cellula; l'insieme dei cromosomi

Germoplasma: tutto ciò che è utile e utilizzabile per l'allevamento, la ricerca e la conservazione (tessuti, seme, uova, embrioni, animali giovani, animali adulti)

Ibrido: risultato dell'incrocio tra animali geneticamente vicini; popolazioni eterogenee imprevedibili dal punto di vista genetico. Un gruppo di animali ibridi può diventare una razza dopo che la popolazione è stata isolata e autoriprodotta per un certo periodo di tempo

Inbreeding: vedi "consanguineità".

Incrocio: tecnica di riproduzione tra animali di razze o specie differenti

Incrocio di ritorno: tecnica di riproduzione che consente, attraverso accoppiamenti graduali con la razza incrociante, la sovrapposizione del suo fenotipo sulla razza incrociata

Inseminazione artificiale (IA): procedimento che consiste nel mettere artificialmente a contatto un gamete maschile (spermatozoo) ed uno femminile (ovulo) con conseguente formazione di uno zigote, sia in vitro, sia nell'organismo materno

Interparto: la distanza, in giorni, tra due parti consecutivi di una fattrice

Introgressione: trasferimento di materiale genetico da una specie all'altra per ibridizzazione e ripetuti incroci di ritorno. Compromissione dell'integrità genetica mediante trasferimento di materiale genetico esotico. Un limite del 2,5% di introgressione in ciascuna generazione costituisce una soglia di avvertimento; il 12,5% è considerata soglia critica.

Ipertrofia: aumento di dimensioni di un organo o di una ghiandola non collegato ad un aumento del numero delle cellule

Lattazione: periodo di secrezione del latte da parte di una lattifera in produzione. Nella vacca convenzionalmente va dal quarto giorno dopo il parto all'inizio dell'asciutta (fase di riposo della mammella)

Locus: posizione nel genoma (ad es. in un cromosoma). Plurale: loci

Meticcio: soggetto derivante dall'incrocio di razze, sottorazze o ceppi/linee diverse

Microsatelliti sono sequenze ripetute di 1-6 paia di basi e sono in genere altamente polimorfici

MOET: sigla di Multiple Ovulation and Embryo Transfer, tecnica che combina la superovulazione all'embryo transfer

mtDNA: sigla del DNA mitocondriale. I mitocondri nelle cellule di un individuo derivano dalla madre. È una forma di eredità materna extra-nucleare (citoplasmatica) di un carattere

Mutazione: evento che provoca un cambiamento nella sequenza di DNA nel cromosoma di un individuo; di conseguenza, la sequenza non è più identica a quella ereditata dai genitori. Se avviene nelle cellule germinali, viene trasmessa ai figli. Le mutazioni sono causate da irregolarità nei processi cellulari e può introdurre nuova variabilità genetica in una popolazione

Non-additività: quando il presupposto dell'additività viene a mancare, include sia la dominanza che l'epistasi

Omologo: quando due segmanti di DNA svolgono la stesso ruolo nel genoma; gli individui diploidi hanno paia di cromosomi omologhi (uno ereditato dal padre e uno dalla madre) e similmente di alleli omologhi

Omozigote: un individuo con due copie dello stesso allele in un locus (es. aa o AA)

Parentela tecnicamente è la covarianza tra il valore riproduttivo di due individui. Il valore della parentela è dato anche dal doppio del valore del coefficiente di kinship tra due individui

Pedigree: insieme di relazioni note tra genitori e figli in una popolazione (spesso rappresentata come albero genealogico)

PIC Polymorphic Information Content, Informazione del contenuto polimorfico è la misura di quanto un marcatore è informativo e si basa sul grado del polimorfismo del marcatore stesso

Policromia: presenza di individui all'interno di una razza con spiccata variabilità nel colore del mantello o della livrea

Polimorfismo (Polimorfico): quando due alleli ad un dato locus portati da un individuo (uno ereditato dalla madre ed uno dal padre) sono diversi

Pleiotropico: quando un locus ha un effetto su più di un carattere (ad esempio la "groppa doppia" ha effetto sull'interparto)

Probabilità di estinzione è la probabilità che una razza ha di estinguersi nell'arco di un intervallo di tempo ben definito (e.g. entro i successivi 25 anni).

Prolificità: capacità di dare figliate più o meno numerose

Proteomica identificazione sistematica di proteine e caratterizzazione rispetto alla loro struttura, funzione, attività e quantità e interazioni molecolari

Razza: v. testo

Razza autoctona (nativa, indigena): originatasi, e inizialmente riconosciuta, in un determinato Paese (detto Paese d'origine); una razza allevata nel Paese dove è stata creata. Le razze autoctone sono un sottogruppo delle razze "localmente adattate", cioè razze che sono presenti in un Paese per un periodo di tempo sufficiente a renderle geneticamente adattate a uno o più sistemi produttivi tradizionali o ambienti

Razza comune: accezione popolare riferita a un gruppo di animali localmente diffusi ed allevati; talora coincidente con razza-popolazione

Razza esotica (straniera, non locale): originaria di un Paese straniero. Include le sottocategorie "razza recentemente introdotta" e "razza continuamente importata"

Razza ferale (rinselvatichita): precedentemente addomesticata che vive in uno stato di libertà (naturale o non gestita) sottoposta a selezione naturale. Una popolazione che vive in un regime di gestione minima è definibile "semi-ferale"

Razza naturalizzata: di origine estera, entrata a pieno titolo nel tessuto allevatoriale nazionale, interconnessa con il settore produttivo di appartenenza e da lungo tempo diffusa in modo continuativo e consistente su un territorio diverso da quello di origine

Razza introdotta: non appartenente al territorio o all'area di allevamento, introdotta in un ambiente diverso da quello di selezione per i più disparati motivi (sperimentazione, tentativo di naturalizzazione, scopi ornamentali, didattici, conservazionistici, etc.), con presenza temporalmente discontinua per numerosità e per areale.

Razza locale: accezione popolare riferita a una razza presente su un territorio circoscritto

Razza-popolazione: gruppi di animali derivanti dalle specie selvatiche per selezione ambientale e massale, costituiti da esemplari rimasti ai primi livelli post domesticazione, caratterizzati quindi da una grande variabilità morfologica. Talora definita "razza primitiva" o "razza primaria".

Razza standardizzata: deriva da razze-popolazioni per selezione di alcuni fenotipi o caratteri; la variabilità è più ridotta a causa dell'isolamento riproduttivo a cui è stata sottoposta. Rientrano in questa categoria le razze universalmente riconosciute per spiccata uniformità fenotipica. Talora definita "razza secondaria".

Razza mendeliana: selezionata a partire da un solo gene. Si tratta di una razze che si fonda sulla comparsa di mutanti spontanei, come ad esempio l'iperplasia muscolare nel bovino, l'albinismo nel coniglio, etc.

Razza ricreata (ricostituita): popolazione sviluppata da un insieme di razze che assomiglia fenotipicamente a una razza estinta. Spesso acquisisce il nome della razza estinta, anche se una nuova popolazione non ha alcun legame genetico con essa

Razza sintetica: derivata dalla combinazione di razze standardizzate o di razze-popolazioni meticciate con razza standardizzate

Razza transfrontaliera: presente in più di un Paese (da: "State of the World – Animal Genetic Resources", FAO)

Razzetta: strettamente limitata ad un territorio geografico preciso e limitato (ad esempio: razzetta d'Oropa o Pezzata Rossa d'Oropa). Termine in disuso.

Razza governativa: razze equine sorte su impulso di istituzioni, e la cui riproduzione e distribuzione avveniva sotto lo stretto controllo di queste, che garantivano il rispetto di alcuni parametri selettivi chiari e codificati. Termine in disuso.

Razza privata: razze equine con standard selettivi imposti dall'allevatore che hanno determinato nel tempo differenziazioni più o meno spiccate. Alcune di queste razze portavano il nome del casato o della famiglia, e possono alle volte essere riferite con l'aggettivo "di famiglia". Termine in disuso.

Selezione massale: tecnica che prevede l'individuazione e la selezione del tipo prevalente diffuso in una popolazione

SNP è un Single Nucleotide Polymorphism e cioè un polimorfismo a livello del singolo nucletide, causato da una singola mutazione

Sottorazza: v. testo

Specie: v. testo

Superovulazione: ovulazione di un numero anormalmente alto di ovuli

Tipo: v. testo

Trascrittoma è l'insieme di tutti i trascritti (RNA messaggeri) di un dato organismo o tipo cellulare

Variabile intrarazza: v. testo

Variabilità genetica è la misura statistica della grandezza delle differenze tra individui di una popolazione dovute alle differenze genotipiche

Varietà: v. testo