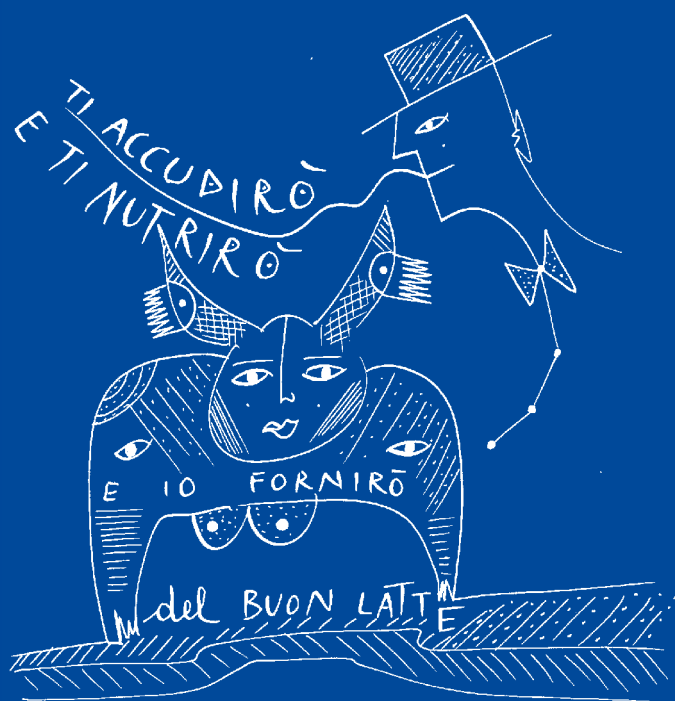


Gustavo C. Gandini - Giulio G. Pagnacco

RAZZE DOMESTICHE LOCALI

Capirle, conservarle
e promuoverle nel concreto



Manuale per studenti, ricercatori e tecnici



Milano University Press

RAZZE DOMESTICHE LOCALI

**Capirle, conservarle e
promuoverle
nel concreto**

Manuale per studenti, ricercatori e tecnici

Gustavo C. Gandini e Giulio G. Pagnacco

Razze domestiche locali. Capirle, conservarle e promuoverle nel concreto / Gustavo C. Gandini, Giulio G. Pagnacco. Milano: Milano University Press, 2024.

ISBN 979-12-5510-196-3 (print)

ISBN 979-12-5510-198-7 (PDF)

ISBN 979-12-5510-200-7 (EPUB)

DOI 10.54103/milanoup.185

Questo volume e, in genere, quando non diversamente indicato, le pubblicazioni di Milano University Press sono sottoposti a un processo di revisione esterno sotto la responsabilità del Comitato editoriale e del Comitato Scientifico della casa editrice. Le opere pubblicate vengono valutate e approvate dal Comitato editoriale e devono essere conformi alla politica di revisione tra pari, al codice etico e alle misure antiplagio espressi nelle Linee Guida per pubblicare su MilanoUP.

Le edizioni digitali dell'opera sono rilasciate con licenza Creative Commons Attribution 4.0 - CC-BY-SA, il cui testo integrale è disponibile all'URL: <https://creativecommons.org/licenses/by-sa/4.0/>.



 Le edizioni digitali online sono pubblicate in Open Access su: <https://libri.unimi.it/index.php/milanoup>.

© The Author(s) 2024

© Milano University Press per la presente edizione

Progetto grafico della copertina: Claude Marzotto Caotorta.

Immagini in copertina e nelle pagine interne del volume: Jean Blanchaert ©, per gentile concessione dell'autore.

Pubblicato da:

Milano University Press

Via Festa del Perdono 7 – 20122 Milano

Sito web: <https://milanoup.unimi.it>

e-mail: redazione.milanoup@unimi.it

L'edizione cartacea del volume può essere ordinata in tutte le librerie fisiche e online ed è distribuita da Ledizioni (www.ledizioni.it)

Sommario

Premessa	9
Prefazione	13
Capitolo 1. Antefatto	19
1.1 I primi passi della domesticazione	19
1.2 L'uomo ha continuato per secoli a plasmare gli animali domestici	23
1.3 La ricca diversità di razze locali è oggi minacciata. Il quadro dell'Italia	26
1.4 Domesticazione: un processo bidirezionale uomo ↔ animale	33
1.5 Come funzionano gli allevamenti	34
Capitolo 2. Le basi della diversità genetica	45
2.1 Fenotipo, somma di effetti genetici e ambientali	45
2.2 Geni e Cromosomi	46
2.3 Geni e popolazioni	50
2.4 Deriva genetica	53
2.5 Parentela e consanguineità	54
2.6 L'indice genetico	59
2.7 Variabilità fenotipica, genetica ed ereditabilità	61
2.8 Selezione e progresso genetico	64
2.9 Selezione e consanguineità	65
2.10 Depressione da consanguineità ed eterosi	67
Capitolo 3. Le razze locali e il loro allevamento	73
3.1 Il patrimonio genetico delle razze locali	73
3.2 La variabilità tra razze ed entro razze	78
Box 1. La lotta contro la tripanosomiasi in Africa: un aiuto dalla variabilità genetica (a cura degli autori)	82
3.3 Il patrimonio ambientale e culturale associato alle razze locali	83
3.4 Organizzazione internazionale della salvaguardia	85
Box 2. Il National Focal Point Italiano presso la FAO per le risorse genetiche animali (a cura di Luca Buttazzoni)	88

Capitolo 4. Misurare la variabilità genetica	95
4.1 Come conoscere la variabilità genetica	95
4.2 Come misurare la variabilità genetica entro razza	100
Box 3. Le Run of homozygosity (ROH) e le firme della selezione (a cura di Nicolò P.P. Macciotta)	102
4.3 Come misurare la variabilità genetica tra razze	107
Box 4. Un esempio completo di rappresentazione della biodiversità razziale (a cura di Alessandra Stella)	115
Capitolo 5. Gestire la variabilità genetica	123
5.1 La dinamica della consanguineità	123
Box 5. Varianza del successo riproduttivo (a cura degli autori)	128
5.2 Intervallo di generazione e soglie di ΔF	131
5.3 Parentela tra nonni, chiave di volta per controllare la consanguineità dei nipoti	132
Box 6. Parentela e consanguineità con tre generazioni (a cura degli autori)	134
5.4 Gestione della consanguineità: aspetti operativi	136
Box 7. Un esempio completo di contributi ottimali (a cura degli autori)	138
5.5 Gestione degli accoppiamenti	143
5.6 Selezione e controllo della consanguineità	145
5.7 Costruire un piano di gestione	148
5.8 Dalla grammatica alla pratica	149
Box 8. Il caso di una razza bovina (a cura degli autori)	151
Box 9. Un esempio completo, l'Asino di Martina Franca (a cura degli autori)	154
Box 10. La consanguineità nel cane (a cura degli autori)	158
Capitolo 6. Scegliere le razze da conservare	165
6.1 Il grado di rischio	165
Box 11. Anagrafe nazionale della biodiversità di interesse agricolo e alimentare (a cura degli autori)	170
6.2 Valore di conservazione	172
6.3 Come operare una scelta	175
Box 12. Un esempio di intervento di conservazione: come definire le priorità (a cura degli autori)	179
Capitolo 7. Razze vitali e sostenibili	185
7.1 La Convenzione sulla Diversità Biologica	185
7.2 Dalla conservazione alla valorizzazione	188

Box 13. Il Parmigiano delle Vacche Rosse, storia di una rinascita (a cura degli autori)	191
Box 14. Il formaggio Storico Ribelle e la capra Orobrica in Valtellina (a cura degli autori)	191
Box 15. I Servizi ecosistemici (a cura di Maurizio Ramanzin)	194
Box 16. La transumanza (a cura di Fabio Pilla)	197
Box 17. Razze locali e cultura: testimonianze dalle capre nelle regioni alpine (a cura di Michele Corti)	198
Capitolo 8. Il caso particolare delle api	203
8.1 Biologia e vita delle api	203
8.2 La selezione per via materna e paterna	205
8.3 La Buckfast	207
8.4 Uno sguardo al futuro	209
8.5 Riconoscimento varietale	210
Capitolo 9. Crioconservazione	215
9.1 Tipi di germoplasma per la creazione di criobanche	216
Box 18. La raccolta del materiale seminale nelle diverse specie (a cura di Flavia Pizzi e Federica Turri)	217
Box 19. Materiali e tecniche di conservazione del germoplasma in fase di sviluppo (a cura di Alberto M. Luciano)	221
9.2 Obiettivi della crioconservazione	223
9.3 Gestire le collezioni di materiale crioconservato	224
9.4 Criobanche nazionali e internazionali	228
Riflessioni conclusive	231
Appendici	235
1. Prontuario di formule statistiche di base	235
2. Deriva genetica	238
4. Modello infinitesimale, un solo gene: effetti e varianze	241
5. Depressione da consanguineità e vigore ibrido	245
6. Costruzione di una matrice di parentela genealogica	248
7. Dal DNA alla proteina	250
8. Costruzione di una matrice di parentela genomica	252

“Che cosa vuol dire addomesticare?” [...]

“È una cosa da molto dimenticata. Vuol dire *creare dei legami*. [...]

La Volpe tacque e guardò a lungo il Piccolo Principe: “per favore... addomesticami” disse. [...]

E quando l’ora della partenza fu vicina [...]

“Addio” disse la Volpe [...] “tu diventi responsabile per sempre di quello che hai addomesticato”.

ANTOINE DE SAINT-EXUPÉRY *

* Antoine de Saint-Exupéry, *Il Piccolo Principe*, R.C.S. 1994, traduzione di Nini Bompiani Bregoli.

Premessa

Nel 1972, a Stoccolma, la Conferenza delle Nazioni Unite sull'Ambiente Umano segnò una svolta epocale richiamando per la prima volta l'attenzione mondiale sul fatto che, per migliorare in modo duraturo le condizioni di vita del nostro pianeta, occorreva salvaguardare le risorse naturali a beneficio di tutti. A Stoccolma l'attenzione non fu posta solo sulla biodiversità selvatica; si assistette per la prima volta alla presa di coscienza del processo di erosione delle risorse genetiche animali, cioè dell'insieme delle razze degli animali domestici allevati per l'alimentazione dell'uomo e per l'agricoltura. Erosione e degrado legati al processo di intensificazione e industrializzazione agricola avviato negli anni '50 nei Paesi con zootecnia più avanzata e tutt'ora in corso in molte aree del mondo.

In questo libro trattiamo di come oggi sia necessario contribuire, in qualità di tecnici, ricercatori o semplici appassionati, ad arrestare il processo di deterioramento delle razze animali utilizzate in agricoltura, un processo del tutto parallelo a quello del degrado della biodiversità selvatica, delle foreste tropicali, delle barriere coralline. Processo che richiede la stessa attenzione, anche se le cause della minaccia di estinzione del gorilla di montagna, del rinoceronte di Giava e dell'orso bruno marsicano sono ovviamente diverse da quelle del suino nero siciliano, della vacca reggiana e dell'asino ragusano.

L'Italia è stato uno dei primi Paesi a impegnarsi nella salvaguardia della diversità delle razze zootecniche (concetto a cui ci si riferisce anche in termini di risorse genetiche animali). Nel 1982, dieci anni dopo la conferenza di Stoccolma, il Consiglio Nazionale delle Ricerche (C.N.R.) creava un Istituto dedicato in modo specifico alla tematica, l'Istituto per la Difesa e la Valorizzazione del Germoplasma Animale, che subito tracciò un quadro della situazione italiana, con chiare proposte di intervento.

Facciamo un salto temporale in avanti di 25 anni. L'impegno per la salvaguardia delle risorse genetiche conosce una forte accelerazione a livello mondiale nel 2007 con l'adozione, a Interlaken, del Global Plan of Action for Animal Genetic Resources sotto l'egida della FAO (Organizzazione delle Nazioni Unite per l'alimentazione e l'agricoltura) da parte di 109 Paesi inclusa l'Italia. Questi Paesi riconoscono che l'uso sostenibile, lo sviluppo e la conservazione delle risorse genetiche animali sono di importanza vitale per l'agricoltura, per la produzione di alimenti, per lo sviluppo delle aree rurali e per la salvaguardia dell'ambiente.

La responsabilità di implementazione del Global Plan of Action risiede nei Paesi che lo hanno sottoscritto. Data la natura complessa e varia delle risorse genetiche animali, la loro salvaguardia e il loro sviluppo si devono fondare su di un impegno interdisciplinare di competenze genetiche, zootecniche, economiche, ambientali e culturali. Richiedono la partecipazione di diversi attori, tra i quali

gli allevatori, le loro associazioni, il governo, il mondo della ricerca, le organizzazioni non governative e intergovernative, il pubblico, riunito o non in forme associative, i gestori delle aree protette, i gestori della cultura, della ristorazione, del turismo e non da ultimo della produzione e della commercializzazione di alimenti.

Questo manuale presenta i principali concetti e le tecniche per la salvaguardia e lo sviluppo delle razze locali in modo semplice, con alcuni approfondimenti in sezioni specifiche. Si rivolge a un pubblico diversificato, come associazioni di razza, gestori di aree protette, consorzi di prodotti animali, ricercatori, studenti universitari, politici e tecnici regionali e dei ministeri. Il manuale si indirizza a tutte queste figure per favorire lo sviluppo di una necessaria visione interdisciplinare di queste tematiche e la collaborazione tra settori diversi.

L'obiettivo è anche quello di fare conoscere il tema a un pubblico più vasto, stimolare una più ampia attività di ricerca e al tempo stesso l'interesse a essere in qualche modo tutti "attivisti" nella problematica, dal momento che una efficace gestione della condizione di minaccia richiede approfondimento scientifico accompagnato da capacità e volontà di intervento rapido.

La struttura del libro è semplice, diretta e corredata da esempi numerici pensati per facilitare la comprensione dei concetti meno agevoli. Il capitolo 1 introduce la diversità degli animali domestici allevati per l'alimentazione dell'uomo e per l'agricoltura, partendo dagli inizi del processo di domesticazione fino alla formazione delle razze attualmente allevate. L'attenzione è rivolta in particolare alle minacce che oggi incombono su questa diversità. Il capitolo 2, più tecnico di altri, è un sintetico vademecum delle regole generali che governano la trasmissione genetica dei caratteri da una generazione alla successiva. Con il capitolo 3 si introducono i ruoli ed i valori delle razze locali, portatrici di originalità genetica, ma anche custodi di diversità di cultura rurale, paesaggistica e di biodiversità animale e vegetale. Viene infine brevemente presentata la storia della conservazione di queste risorse genetiche animali e la sua attuale organizzazione. Il capitolo 4 affronta il problema di come misurare, con diversi strumenti e parametri, la variabilità genetica presente entro le razze e tra le razze, per essere in grado, nei successivi capitoli, di operare per il mantenimento di questa diversità. Il capitolo 5 entra concretamente e tecnicamente nella problematica della gestione di una popolazione a rischio di estinzione. Affronta il calcolo della numerosità effettiva di popolazione, la scelta dei riproduttori sulla base delle parentele per minimizzare la consanguineità nei nipoti ed infine i possibili compromessi tra salvaguardia della variabilità genetica e progresso genetico. Con il capitolo 6 si affrontano alcuni aspetti delle strategie di conservazione a livello nazionale e internazionale, in particolare come monitorare lo stato di salute delle risorse genetiche animali utilizzando il parametro "grado di minaccia di estinzione" e come, ove necessario per mancanza di risorse, fare una scelta delle razze sulle quali concentrare i nostri sforzi di salvaguardia. Il capitolo 7 è particolarmente rivolto

a chi concretamente opera per valorizzare le razze locali, al fine di allontanarle dal rischio di estinzione. Analizza le opzioni a disposizione, la valorizzazione dei prodotti alimentari, un percorso già da tempo in atto, ma anche il riconoscimento dei ruoli ambientale, paesaggistico e culturale di molte razze, un processo dove è ancora necessaria fantasia e capacità imprenditoriale. Il capitolo 8 ci conduce, con un lungo salto tassonomico, da mammiferi e uccelli agli insetti. In particolare alle api, della cui importanza ci siamo resi conto solo dopo avere osservato come alcune pratiche agricole industriali ne minaccino la sopravvivenza. Api che, da qualche anno, la FAO ha introdotto nelle politiche di salvaguardia delle risorse genetiche animali. Il capitolo 9 è dedicato alla conservazione *ex situ*, cioè alla conservazione tramite congelamento di materiale riproduttivo. Quali tecnologie abbiamo a disposizione e per conservare quali tipi di materiale biologico? Quali sono in fase di sviluppo? Come si crea una criobanca? Sono infine proposte alcune considerazioni conclusive che vorrebbero stimolare ulteriore discussione e approfondimento.

Tra i testi utili per approfondimenti, ricordiamo: Boes e coll., 2023¹; Oldenbroek, 2017²; FAO, 2013³; FAO, 2012⁴; Oldenbroek, 2007⁵. Per quanto riguarda i riferimenti bibliografici, sono stati riportati, dall'ampia offerta di letteratura scientifica sul tema, i soli titoli di maggiore rilievo relativi agli argomenti trattati nel testo.

Ringraziamo, in particolare, gli esperti che hanno contribuito, con la stesura di alcuni box, a importanti approfondimenti di specifiche tematiche, in particolare Luca Buttazzoni, Nicolò Macciotta, Alessandra Stella, Maurizio Ramanzin, Fabio Pilla, Michele Corti, Flavia Pizzi, Federica Turri e Alberto M. Luciano.

Questo libro è dedicato a Giuseppe Rognoni e a Louis Ollivier che, tra i primi, hanno promosso con lungimiranza la conservazione delle risorse genetiche animali e ci hanno trasmesso questa passione.

Milano, settembre 2024

-
- 1 Boes, J., Boettcher, P. e Honkatukia, M. (Curatori), *Innovations in cryoconservation of animal genetic resources – Practical guide*. FAO Animal Production and Health Guidelines, 2023
 - 2 Oldenbroek K. (Curatore), *Genomic management of animal genetic diversity*, Wageningen Academic Publishers, 2017
 - 3 FAO, *In vivo conservation of animal genetic resources*, FAO Animal Production and Health Guidelines, 2013
 - 4 FAO, *Cryoconservation of animal genetic resources*, FAO Animal Production and Health Guidelines, 2012
 - 5 Oldenbroek K. (Curatore), *Utilisation and conservation of farm animal genetic resources*, Wageningen Academic Publishers, 2007.

Prefazione

Grazie ad anni di investimenti in ricerca, sviluppo, trasferimento tecnologico e cooperazione internazionale, i sistemi alimentari mondiali producono attualmente abbastanza calorie per sostenere più di 9 miliardi di persone e l'agricoltura rimane il principale motore del sostentamento umano. Tuttavia, questa abbondanza non è distribuita in modo uniforme e gran parte del cibo viene sprecato. Di conseguenza, nonostante questa abbondanza, miliardi di persone soffrono ancora la fame e altre forme di malnutrizione. L'agricoltura è anche il maggior consumatore di risorse naturali, contribuisce ai cambiamenti climatici e ne subisce l'impatto. Per questo motivo dobbiamo trasformare i nostri sistemi alimentari per renderli più sostenibili, efficienti ed equi. Il bestiame è un elemento essenziale dei nostri sistemi alimentari, il che significa che anche questi sistemi di produzione devono trasformarsi.

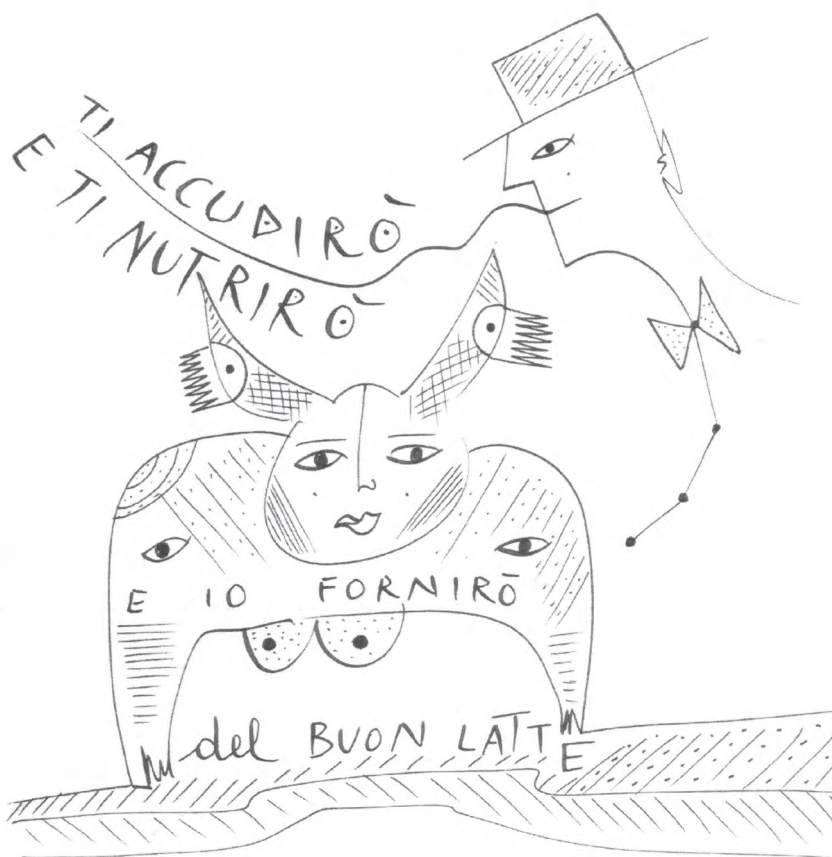
La trasformazione implica un cambiamento. Le risorse genetiche animali sono un elemento chiave della base biologica dei sistemi di produzione animale e la diversità di queste risorse sarà essenziale per la trasformazione sostenibile del settore zootecnico. Senza diversità genetica, non sarà possibile adattarsi ai cambiamenti climatici e alle richieste del mercato, né sarà possibile effettuare una selezione genetica per rendere più efficiente la produzione zootecnica.

I Paesi membri della FAO riconoscono da tempo l'importanza della diversità genetica animale. Hanno sviluppato e adottato il Piano d'Azione Globale per le Risorse Genetiche Animali, una politica globale che delinea le priorità e le azioni chiave che, una volta attuate, consentiranno ai Paesi, alle comunità e ai singoli stakeholder di garantire nel tempo la capacità delle nostre popolazioni di bestiame di fornire nutrimento, mezzi di sussistenza e altri servizi ecosistemici.

Dalla adozione, nel 2007, del Piano d'azione globale sono stati compiuti progressi sostanziali nella sua attuazione ma sono necessari sforzi continui per raggiungere gli obiettivi del piano. Molte delle razze del mondo non sono caratterizzate e le informazioni su queste risorse sono disperatamente necessarie per una loro corretta gestione. Molte razze locali non dispongono di programmi formali di allevamento che potrebbero migliorare la loro capacità di fornire in modo efficiente i loro prodotti e servizi, spesso unici. Molte razze rischiano oggi l'estinzione e/o l'erosione della loro variabilità genetica e, in questi casi, è necessario realizzare o rafforzare banche genetiche e programmi di conservazione in vivo. I fattori che contribuiscono a queste carenze sono la mancanza di politiche coerenti in alcuni Paesi per affrontare la corretta gestione delle risorse genetiche animali e la carenza di capacità tecniche. La diversità genetica è un bene pubblico globale ed è quindi motivata una maggiore collaborazione internazionale.

Purtroppo, una delle ragioni delle carenze nella gestione delle nostre specifiche popolazioni animali, e della diversità genetica in generale, è la mancanza di consapevolezza dell'importanza critica di queste risorse per la sostenibilità dei nostri sistemi alimentari. Questo libro, scritto da grandi esperti di gestione delle risorse genetiche animali, in Italia e non solo, può rappresentare un valido contributo alla divulgazione del perché e del come dobbiamo agire ora per garantire un futuro più roseo ai nostri sistemi alimentari.

Paul Boettcher
Animal Production Officer
Animal Genetic Resources – FAO
Roma



Il patto originario della domesticazione tra uomo e animale è ancora rispettato in molte razze locali allevate in modo estensivo, ma è spesso tradito in alcune tipologie di allevamento intensivo.

Capitolo 1. Antefatto

Sommario - Un breve excursus sull'origine degli animali domestici allevati per l'alimentazione dell'uomo e per l'agricoltura. Dai primi passi della domesticazione degli animali, con l'avvento del periodo Neolitico, alla formazione delle razze moderne. La domesticazione è il processo genetico che plasma gli animali per renderli in grado di vivere accanto all'uomo e fornirgli prodotti e servizi. Quali specie sono state addomesticate, dove e quando? Quante sono le razze delle principali specie domestiche? Quale diversità di razze locali abbiamo ancora in Italia e quali sono le minacce alla loro sopravvivenza? Infine, un quadro introduttivo su come sono strutturati e come funzionano gli allevamenti di bovini e suini.

1.1 I primi passi della domesticazione

Le origini della nostra specie, l'*Homo sapiens*, i suoi primi passi sulla Terra in direzione di quello che siamo oggi sono complessi argomenti di ricerca, ma anche temi capaci di suscitare forte interesse ed emotività. Conoscere i nostri antenati più lontani è un processo affascinante e un percorso complesso. Infatti, più andiamo indietro nel tempo più le informazioni a nostra disposizione si fanno rare e anche la documentazione scritta o grafica scompare: la distanza temporale e la carenza di testimonianze lascia aperte diverse ipotesi e interpretazioni, è come se guardassimo in uno stretto binocolo che lascia spazio solo a molte ipotesi.

Uno dei più importanti passi evolutivi dell'umanità è stata la domesticazione delle piante e degli animali, avviata nell'ultimo periodo della Età della pietra, circa 12.000 anni fa. Più in generale, nel periodo Neolitico si assiste a una vera e propria rivoluzione, a un cambio epocale del rapporto dell'uomo con la natura. Nei millenni precedenti l'uomo era stato, al pari degli altri animali, uno dei tanti elementi della natura, con un'impronta sull'ambiente del tutto trascurabile. Con la rivoluzione neolitica si avvia il processo di azione dell'uomo sulla natura che è proseguito fino ad oggi con strumenti sempre più potenti. Un processo che, se gestito in modo poco consapevole, rischia di portare gli ecosistemi del pianeta, la nostra unica e comune casa, a un profondo degrado se non alla loro distruzione. L'impatto della presenza umana sul pianeta è tale che alcuni studiosi propongono di chiamare l'era geologica in cui viviamo *Antropocene*, in quanto caratterizzata dalla forte e costante influenza delle attività dell'uomo sui processi biologici, chimici e geologici del pianeta Terra.

Ma ritorniamo al Neolitico. È in questo periodo che appare l'agricoltura, e il paesaggio naturale comincia a venire modificato dalle attività dell'uomo: coltivazioni, pascoli, insediamenti umani, sviluppo di tecniche che ancora oggi

usiamo, sempre più potenziate. Al Neolitico risale la domesticazione delle principali specie animali.

Ma cosa intendiamo precisamente con domesticazione? La domesticazione è il processo attraverso il quale l'uomo trasforma gli animali per renderli in grado di vivere all'interno della comunità umana e fornire prodotti e servizi utili a essa. Una trasformazione che comporta la modifica di alcune caratteristiche genetiche, che, in quanto genetiche, sono trasmesse alla prole. Si tratta quindi in un processo profondamente differente da quello dell'addestramento, che non viene geneticamente trasmesso e rimane limitato ai pochi soggetti direttamente manipolati dall'uomo. La pecora è una specie animale addomesticata da millenni dall'uomo per fornire latte, lana, carne. Una tigre può essere addestrata a saltare da uno sgabello a un altro sotto il tendone di un circo, ma non trasmetterà mai ai suoi figli questa capacità. La tigre nel circo non è un animale domestico, è un animale selvatico ammansito.

L'addomesticamento quindi plasma alcuni geni che controllano i caratteri che interessano all'allevatore, geni che, di conseguenza, escono dall'ambito della selezione naturale per passare sotto il controllo della selezione artificiale, operata appunto dall'uomo. La selezione naturale agisce indisturbata nelle specie selvatiche dove solo i più forti e adatti all'ambiente lasciano discendenti. Ma negli animali domestici la selezione naturale è affiancata da quella artificiale che, con modalità più o meno stringenti, sceglie i riproduttori che trasmettono alle nuove generazioni le caratteristiche che maggiormente interessano per gli utilizzi umani. L'addomesticamento non è quindi una condizione assoluta, ma relativa, con specie "quasi umane" come il cane e altre in cui l'impatto della selezione artificiale è molto limitato come le api.

Oggi, dopo alcune migliaia di anni dall'inizio della domesticazione, abbiamo animali domestici che ci forniscono un'ampia gamma di prodotti e di servizi tra i quali alimenti: latte, carne, uova, miele; materie prime: lana, pelli, piume; forza lavoro per l'agricoltura e trasporto, cavalcature; letame da utilizzare come combustibile e concime; strumenti di accumulo di risparmio e di assicurazione per superare momenti difficili; controllo della crescita della vegetazione. I prodotti e servizi offerti variano tra specie animali e in funzione delle necessità delle società in cui sono allevate.

Solo una piccola parte delle specie animali selvatiche che l'uomo aveva a disposizione sono state addomesticate. Tra i mammiferi di una certa dimensione, cioè con un peso corporeo superiore a 45 kg., solo uno su dieci è stato addomesticato. Delle circa 10.000 specie di uccelli esistenti al mondo, una decina è stata addomesticata come sorgente di cibo, poche altre come animali ornamentali o da compagnia. Per la FAO, le principali specie domestiche di mammiferi allevate per la produzione di cibo e per l'agricoltura sono 18: bovini (5 specie: bovino, zebù, bovino di Bali, gayal, yak), bufali (2 specie: bufalo di fiume, bufalo di palude), pecora, capra, renna, dromedario, cammello, lama, alpaca, maiale, cavallo,

asino, coniglio. Per gli uccelli la FAO elenca sei specie: pollo, tacchino, faraona, anatra (2 specie) e oca.

I motivi per cui solo alcune specie sono state addomesticate si possono ipotizzare analizzando quali caratteristiche potrebbero avere contribuito alla loro domesticazione. Probabilmente è stato necessario che queste caratteristiche fossero simultaneamente presenti in una certa specie perché questa entrasse nell'orbita della domesticazione. Tra queste caratteristiche rientrano, con ogni probabilità:

- un comportamento poco aggressivo e poco timoroso verso l'uomo;
- una dieta non specializzata e non troppo in competizione con l'uomo;
- una elevata facilità e capacità di riproduzione anche in condizione di cattività;
- una elevata velocità di crescita;
- un ciclo riproduttivo veloce con il raggiungimento dell'età fertile in breve tempo;
- una struttura sociale gerarchica, dove l'uomo può inserirsi all'apice;
- una facile convivenza di sessi ed età differenti.

Come indicato nella tabella che segue, le specie selvatiche da cui originano in nostri animali domestici sono state identificate, con largo consenso tra gli studiosi, grazie anche alle analisi del loro DNA. Le aree geografiche delle prime fasi di addomesticazione, individuate sulla base di reperti archeologici e di analisi genetiche, sono una quindicina e rimangono incerte per pochi casi. E come riportato si concentrano nel continente asiatico, con eccezione per i camelidi sudamericani (lama e alpaca), il tacchino e l'anatra muta (continente americano), l'asino e la faraona (Africa), e molto più recentemente il coniglio (Europa).

Specie domestica <i>Nomenclatura scientifica</i>	Antenato selvatico	Domesticazione a partire da (bp)	Area di domesticazione
Bovino <i>Bos taurus</i>	<i>Bos primigenius</i>	10.250	Asia sud occidentale
Zebu <i>Bos indicus</i>	<i>Bos primigenius</i>	8.000	Valle dell'Indo
Bovino di Bali <i>Bos javanicus</i>	<i>Bos javanicus</i>	5.500	Indonesia
Gayal <i>Bos frontalis</i>	<i>Bos gaurus</i>	incerto	India – Myanmar
Yak <i>Bos grunniens</i>	<i>Bos mutus</i>	5.000	Quinghai – Alto-piano del Tibet
Bufalo d'acqua <i>Bubalus bubalis</i>	<i>Bubalus arnee</i>	4.500	India
Bufalo delle paludi <i>Bubalus bubalis carabensis</i>	<i>Bubalus arnee</i>	5.000	Cina meridionale

Pecora <i>Ovis aries</i>	<i>Ovis orientalis</i>	9.750	Asia sud occidentale
Capra <i>Capra hircus</i>	<i>Capra aegagrus</i>	9.750	Asia sud occidentale
Renna <i>Rangifer tarandus</i>	<i>Rangifer tarandus</i>	2.500	Siberia settentrionale
Dromedario <i>Camelus dromedarius</i>	Dromedario selvatico	6.000	Probabilmente Arabia
Cammello <i>Camelus bactrianus</i>	<i>Camelus bactrianus ferus</i>	5.500	Turkmenistan, Iran
Lama <i>Lama glama</i>	<i>Lama guanicoe</i>	6.000	Ande centrali-meridionali
Alpaca <i>Vicugna pacus</i>	<i>Vicugna vicugna</i>	5.000	Ande centrali-meridionali
Maiale <i>Sus scrofa</i>	<i>Sus scrofa</i>	10.000; 8.500	Asia sud occidentale; Cina
Cavallo <i>Equus caballus</i>	<i>Equus ferus</i>	5.500	Kazakhstan
Asino <i>Equus asinus</i>	<i>Equus africanus</i>	5.500	Sudan
Coniglio <i>Oryctolagus cuniculus</i>	<i>Oryctolagus cuniculus</i>	1.400	Francia meridionale
Pollo <i>Gallus domesticus</i>	<i>Gallus gallus</i>	4.500; 8.000	India; Indocina
Tacchino <i>Meleagris gallopavo</i>	<i>Meleagris gallopavo</i>	2.000	Messico
Faraona <i>Numida meleagris</i>	<i>Numida meleagris</i>	2.000	Africa
Anatra <i>Anas platyrhynchos</i>	<i>Anas platyrhynchos</i>	1.000	Cina meridionale
Anatra muta <i>Carina moscata</i>	<i>Carina moscata</i>	4.000	America meridionale
Oca <i>Anser anser</i>	<i>Anser anser</i>	Incerto	Incerto

È complesso assegnare una data precisa all'inizio della domesticazione per le diverse specie, anche perché le analisi genetiche suggeriscono la presenza, dopo le fasi iniziali, di fenomeni di incrocio tra individui selvatici e animali domestici e anche tra individui domestici provenienti da diverse aree del mondo e da diversi centri di domesticazione: elementi che confondono il quadro. Le attuali stime, per quanto riguarda i mammiferi, indicano date intorno ai 9.000-10.000 anni fa per la domesticazione del bovino, della pecora, della capra e del maiale, 5.000-6.000 anni per cavallo, asino, dromedario, lama, alpaca, 2.500 e 1.400 anni fa, rispettivamente, per la renna e il coniglio.

In questo elenco della FAO mancano, in quanto non strettamente legati all'agricoltura, due nomi eccellenti, il cane, il primo animale ad essere stato

addomesticato, più di 14.000 anni fa, datazione ancora oggetto di dibattito tra studiosi, e il gatto, che ha una complessa storia evolutiva legata al fatto che i gatti domestici si sono incrociati più volte (e tuttora lo fanno) con diverse sottospecie selvatiche. Mancano anche altre specie generalmente considerate come domestiche ma di minore interesse per l'agricoltura, tra le quali la cavia, il furetto, il topo, il ratto, il piccione.

Riassumendo, una specie per essere considerata domestica deve essere stata allevata in cattività, controllandone la riproduzione, per diverse generazioni e conseguentemente essersi adattata a questa condizione. Sulla base di questa definizione generale è chiaro, come detto sopra, che il confine tra animale domestico, animale non domestico e animale in corso di domesticazione non è sempre netto. Abbiamo visto che le più importanti domesticazioni sono avvenute migliaia di anni fa. Probabilmente nel tempo più o meno lontano ci sono stati diversi tentativi falliti di domesticazione. Pochi decenni fa, per esempio, si è cercato di addomesticare alcune specie di antilopi africane per la produzione di carne, ma senza successo, probabilmente in quanto si trattava di specie molto timorose della presenza umana. Alcune specie, allevate anche in Italia quali il cervo, la quaglia, il fagiano e la lepre, non sono ancora passate attraverso un vero processo di addomesticamento. L'allevamento commerciale su larga scala del cervo è nato in Nuova Zelanda ed è oggi presente in diversi Paesi. Quaglie e fagiani sono ampiamente allevati anche in Italia a scopo alimentare e venatorio. Ma queste specie non sono state allevate in cattività per periodi sufficientemente lunghi e con l'obiettivo di modificarne le caratteristiche fisiche, comportamentali, fisiologiche e quindi genetiche, per considerarle in modo unanime specie domestiche.

1.2 L'uomo ha continuato per secoli a plasmare gli animali domestici

Le recenti tecniche di analisi del DNA ci hanno fornito strumenti potenti per comprendere il processo di domesticazione dei nostri animali, ma ricostruire con precisione una storia complessa che si è sviluppata nel corso di migliaia di anni richiederà ancora molto lavoro di ricerca. Rimanendo in una dimensione generale e sulla base di diversi studi e ipotesi, possiamo immaginarci un percorso che, avviato nei centri di domesticazione con la separazione di alcuni soggetti dalle popolazioni selvatiche e il loro inserimento nelle comunità umane, ha visto coinvolti diversi processi:

- *la dispersione degli animali dai centri di domesticazione*

Questo avvenne con le migrazioni umane, con la necessità di importare da regioni vicine animali per compensare perdite dovute a epidemie e carestie, dall'utilizzo di cavalli e dromedari come mezzi di trasporto, dai

comportamenti nomadici di alcuni popoli e dai loro spostamenti stagionali, come le transumanze. Come per le prime fasi della domesticazione, per un lungo periodo le informazioni si basano su reperti archeologici e sullo studio del DNA dove sono racchiuse preziose informazioni storiche che le tecniche di analisi più recenti ci aiutano a svelare. In tempi più recenti si aggiungono, quali elementi di informazione per l'analisi del tema, scritti, dipinti e incisioni. Le principali specie domestiche, con alcune eccezioni che rimangono legate all'ambiente originario quali il cammello, il dromedario, l'alpaca e il lama, sono oggi ampiamente allevate in tutti i continenti, anche molto lontano quindi dall'area originaria di domesticazione;

– *l'inserimento di nuovi soggetti selvatici*

Il patrimonio genetico delle popolazioni domestiche, dopo l'iniziale separazione da quelle selvatiche, si è certamente arricchito con l'introduzione, volontaria e involontaria, di nuovi soggetti selvatici, anche di popolazioni selvatiche diverse da quella originaria. Per esempio, studi recenti suggeriscono che il maiale arrivò in Europa dal Sud-est asiatico dove fu inizialmente addomesticato. In Europa andò incontro a ibridazioni ripetute con cinghiali europei facilitate dall'allevamento semi brado tanto da portarlo ad assomigliare geneticamente a questo, considerato erroneamente, fino a poco tempo fa, il suo unico antenato selvatico;

– *l'adattamento all'ambiente di allevamento*

La vita accanto all'uomo e la capacità di soddisfarne i bisogni richiede modifiche del comportamento, della morfologia, della fisiologia dell'animale e della sua produzione. Modifiche attuate, come vedremo più avanti, attraverso la selezione artificiale che si basa sulla riproduzione solo dei soggetti con le caratteristiche utili all'uomo. Quali furono i primi passi in questa direzione? È probabile che nelle specie di grandi dimensioni una riduzione della taglia fosse utile per facilitare la gestione degli animali, e, per lo stesso motivo, la scomparsa delle corna. Il mantello non doveva più facilitare la mimetizzazione con l'ambiente naturale per sfuggire ai predatori, ma poteva soddisfare la curiosità o il senso estetico degli allevatori. Inoltre, nuove aree geografiche di allevamento richiesero nuove caratteristiche di adattamento degli animali, attraverso una selezione naturale guidata dall'ambiente, ma anche una selezione artificiale guidata dall'uomo. Un esempio è quello delle razze di pecore dalla coda grassa che sono in grado di resistere alle dure sfide della vita nel deserto. La caratteristica della coda grassa aiuta gli animali a fare a meno del cibo quando non possono procurarselo, la stessa funzione che ha la gobba per dromedari e cammelli. Inoltre, la maggior parte dei mammiferi immagazzina il grasso in eccedenza in uno strato omogeneo, generalmente collocato intorno agli organi vitali, così da proteggerli e mantenerli al caldo. Queste pecore, però, vivono in ambienti aridi caratterizzati da temperature diurne molto alte e, a differenza

di molti altri mammiferi, hanno la continua esigenza di eliminare il calore in eccesso. L'evoluzione di queste razze ha così premiato quegli individui che, con il tempo, sono stati in grado di sviluppare un sistema alternativo per accumulare il grasso senza che questo influenzasse negativamente sulla loro termoregolazione, cioè nella coda.

Particolarmente esplosiva è stata la storia di alcune specie domestiche negli ultimi 250 anni circa, con la formazione di numerose razze all'interno della singola specie. Ma cosa si intende esattamente per razza? Una razza è un gruppo di animali di una determinata specie che ha caratteristiche morfologiche sufficientemente omogenee al suo interno tali da differenziarla da altre razze della stessa specie. Per mantenere questa differenziazione gli animali vengono accoppiati con soggetti della stessa razza mentre vengono evitati accoppiamenti tra razze diverse. Questo processo, che ha condotto progressivamente alla formazione di razze omogenee, ha avuto inizio nel 1700 in Inghilterra grazie all'opera di Robert Bakewell che dobbiamo considerare il padre dello sviluppo delle razze. Bakewell applicò i suoi metodi ai bovini Shorthorn, con una selezione accurata degli animali che avrebbero fondato la razza e attraverso precise regole di accoppiamento al fine di creare un gruppo di soggetti con caratteristiche simili, fissate nel loro genoma in modo da essere stabilmente trasmissibili alla progenie. Le parole chiave di questa rivoluzione sviluppatasi dopo Bakewell nella gestione degli animali domestici, e a tutt'oggi in rapida evoluzione, sono quindi:

- identificazione attraverso il cosiddetto segnalamento¹ o la registrazione matricolare degli animali;
- registrazione di madre e padre in modo da poter ricostruire i rapporti di parentela (genealogie);
- misurazione delle performance produttive e riproduttive dei singoli animali;
- controllo genetico e demografico delle popolazioni attraverso associazioni di allevatori in grado di gestire i libri genealogici.

Tutto questo ha portato allo sviluppo di razze più omogenee, oltre che più produttive. Queste pratiche sono state presto adottate in tutta Europa e in Nord America. Lo sviluppo di modelli statistici sempre più potenti e la possibilità di utilizzarli su estese popolazioni animali grazie all'uso di computer ha determinato un'accelerazione impressionante, a partire dal secondo dopoguerra, del processo di miglioramento genetico di molte razze delle principali specie. Lo sviluppo della fecondazione artificiale e della conservazione di seme ed embrioni in azoto liquido a -196°C ha permesso scambi di materiale genetico attraverso

1 In termini zootecnici il segnalamento, ben sviluppato soprattutto per gli equini, consiste nella descrizione del soggetto in base a caratteristiche del mantello che lo rendono riconoscibile a terzi. Oggi in tutte le specie si utilizzano forme di identificazione più moderne come tatuaggi o microchip.

Stati e continenti, interrompendo l'isolamento riproduttivo che, in alcuni casi, si era determinato con lo spostamento di animali. Ancora più importante, la fecondazione artificiale ha permesso di distribuire in tutta la popolazione il miglioramento genetico ottenuto su alcuni animali.

Le razze esistono quindi, da un punto di vista biologico, come gruppi di animali omogenei diversi da altri gruppi omogenei, all'interno dei quali l'uomo opera la sua selezione. Ma le razze esistono anche da un punto di vista primariamente culturale, nel senso che sono gruppi di animali attraverso i quali le società rurali sviluppano un processo identitario, che le rende uniche e inconfondibili, diverse dalle altre. Una recente direttiva europea, il Regolamento UE 1012 del 2016, indica precisamente che le razze sono popolazioni di animali sufficientemente uniformi per essere distinte da altri della stessa specie da uno o più gruppi di allevatori che hanno deciso di iscrivere tali animali in un Libro Genealogico. Si tratta quindi di una definizione che dà una maggiore enfasi al significato culturale di razza più che a quello biologico².

Infine, quando parliamo di animali domestici di che numeri parliamo? Quanti sono oggi gli animali domestici nel mondo? Le più recenti stime FAO del 2012 parlano di 1,5 miliardi di bovini, 1,2 miliardi di pecore, 1 miliardo di capre e altrettanti maiali, oltre a 21 miliardi di polli. Gli uomini, gli operatori e fruitori del processo di domesticazione, sono arrivati da poco a otto miliardi. A parte il pollo, la somma dei mammiferi domestici è circa il 70% della numerosità della popolazione umana, ci sono cioè in media 2 mammiferi domestici ogni 3 persone.

1.3 La ricca diversità di razze locali è oggi minacciata. Il quadro dell'Italia

Ci sono pochi Paesi in Europa che nel passato siano rimasti prigionieri di una frammentazione territoriale in decine di ducati, marchesati e principati così a lungo come l'Italia. Mentre nel resto del continente si formavano vaste aggregazioni statali importanti, in continua lotta tra loro, ma con una forte centralità di governo e di amministrazione, da noi il territorio era diviso in tanti staterelli, ciascuno con la sua moneta, il suo regnante, il suo dialetto, la sua piccola economia agricola e, immancabilmente, le sue vacche, maiali, pecore e cavalli. Su questo substrato di particolarità provinciali è stata costruita l'Italia che, come ben si sa,

2 Lo stesso Regolamento UE 1012 del 2016 disciplina i principi fondamentali della gestione genetica e riproduttiva delle razze domestiche. È significativo il fatto che, accanto alla selezione e alla conservazione della biodiversità zootecnica, il Regolamento parli anche di ricostituzione e di creazione di nuove razze. Viene riconosciuto e normato quindi un fatto fondamentale: la brevità della nostra vita ci impedisce di vederlo con chiarezza, ma tutta la storia della domesticazione di animali e piante è fondamentalmente una continua creazione di nuova biodiversità. Una storia che non è conclusa nel passato e che non può non continuare nel presente.

sarebbe stata un'operazione molto più facile che costruire gli italiani. E non è che dopo l'Unità del Paese, oltre 160 anni fa, ci si sia avviati rapidamente verso la realizzazione di quell'amalgama culturale o per lo meno linguistica che gli altri grandi stati Europei avevano già da tempo intrapreso. I particolarismi regionali hanno iniziato a sgretolarsi dopo la Grande Guerra, ma solo dopo la Seconda guerra mondiale, con le sconvolgenti novità portate da televisione, autostrade e soprattutto automobili e trattori, il fenomeno ha subito una accelerazione esponenziale. Nel secondo dopoguerra con l'aumento della ricchezza e lo sviluppo di quel tessuto industriale moderno che gli altri stati europei conoscevano bene da un secolo e più, la popolazione agricola si è riversata nelle città dove le fabbriche accoglievano fameliche manodopera in grande quantità. A farne le spese sono state naturalmente le campagne dove il lavoro è duro e non ci sono ferie. In campagna sono così rimasti gli anziani a coltivare i campi e ad allevare le mille cosiddette "razzette locali" poco produttive anche se adatte a quella che era stata per secoli una economia agricola basata sulla cascina o la masseria. Ma col tempo anche i vecchi hanno passato il testimone e, visto che spesso a raccogliero non c'era più nessuno, gli animali sono stati venduti. Però non si vive solo di lavatrici e utilitarie, bisogna anche mangiare, e così l'industria raggiunge anche la campagna. La produzione di carne, latte e uova diventa un'impresa che richiede strutture nuove con impianti moderni ed estesi su ampie superfici, niente a che vedere con la vecchia cascina dei tempi andati. La produzione è intensiva e specializzata: se si deve fare latte ci vuole la razza giusta che ne faccia tanto e per ammortizzare i costi la stalla deve prevedere anche centinaia se non migliaia di capi in produzione. E la razza giusta non è certo quella che allevavano i nonni, che di latte ne faceva poco, anche se aveva il pregio di accontentarsi di un foraggio misero e all'occorrenza tirava anche il carretto per portare l'uva in cantina. Però quella vacca rustica non sbagliava un parto e ogni anno, per dieci, quindici, e magari anche 20 anni, produceva un bel vitello che il macellaio pagava bene. I bovini avevano infatti oltre a latte e carne, anche un'altra importante funzione: la trazione. I vecchi testi di zootecnia usavano infatti una classificazione delle razze bovine che prevedeva razze a duplice o a triplice attitudine. L'esempio perfetto erano i buoi che tiravano l'aratro o i carri agricoli con tutta la cultura necessaria ad allevarli, produrre giochi e finimenti, addestrarli a lavorare insieme superando le loro ritrosie e anche il loro carattere, perché gli animali ne hanno uno, non sono macchine prodotte in serie. Per non parlare delle fiere e dei mercati coi folcloristici riti commerciali di trattazione e compravendita.

Tutto praticamente scomparso in pochi anni: dagli anni '70 il mondo agricolo ha praticamente completato una trasformazione radicale prodotta da quella che viene comunemente chiamata "meccanizzazione in agricoltura" con cui la trazione animale è stata sostituita da quella meccanica. Oggi solo chi ha più di 60 anni può avere un ricordo di quel mondo scomparso mentre gli attrezzi agricoli che vediamo come curiosi oggetti d'antiquariato nelle fiere di paese sono

totalmente privi di significato per la maggior parte dei distratti visitatori. Una vecchia pubblicità recitava: “il sogno di un tempo è ora realtà: un pollo sulla tavola di ogni italiano”, slogan che la dice lunga sulla scomparsa dei polli ruspanti di cascina, che prima di finire a tavola avevano almeno sei mesi da razzolare in libertà nell’aia, privilegio del palato di pochi. Oggi il pollo che tutti acquistiamo in rosticceria raggiunge lo stesso peso in meno di due mesi, tanto che non dobbiamo nemmeno preoccuparci di vaccinarlo contro le più importanti malattie, che sono proprie dell’età adulta.

Nel turbine di questi cambiamenti che hanno radicalmente trasformato la nostra società in meno di 30 anni, una molteplicità di “razzette” locali sono entrate in una progressiva sofferenza genetica dovuta a una riduzione numerica che spesso si è arrestata solo con l’estinzione. Il fenomeno ha interessato soprattutto le specie domestiche che hanno un maggior significato per l’uomo. In particolare i bovini che sono fondamentali per la produzione di latte e carne, ma anche i suini. In Italia abbiamo una tradizione casearia e salumiera di prima grandezza e queste due specie, bovini e suini, sono imprescindibili per alimentare un’industria che costituisce il fiore all’occhiello del made in Italy. La pianura padana garantisce una produzione foraggera di altissimo livello quantitativo e qualitativo per sostenere l’alimentazione necessaria a queste due specie secondo gli alti livelli di produzione richiesti. Un tempo formaggi e salumi venivano prodotti da razze bovine e suine locali, ciascuna con la sua caratteristica, la sua genetica, la sua alimentazione fornita da un particolare territorio, con metodi di allevamento, flore batteriche, strumenti di lavorazione e attenzioni igieniche diverse.

Oggi gli stessi prodotti vengono realizzati col latte e la carne di poche razze specializzate di origine estera, selezionate per produrre grandi quantità di latte e di carne, alimentate con metodi standard, ma in modo da soddisfare in maniera eccellente i loro fabbisogni. La pianura padana, se parliamo di bovini, è ormai interamente popolata da bovine di razza Frisona che un tempo, quando questa razza arrivò da noi circa un secolo fa, era chiamata Olandese. Una seconda razza da latte importante soprattutto per l’allevamento sull’arco alpino è la Razza Bruna, derivata dalla vecchia razza svizzera, la Bruna Alpina, ma nelle cui vene scorre ormai il sangue di un ceppo selezionato negli Stati Uniti. Un tempo la Bruna Alpina era largamente allevata in pianura, ma, essendo meno produttiva della Olandese, venne sostituita fecondando progressivamente le bovine Brune coi tori Olandesi³. Un tempo la pianura era popolata da molte altre razze come la Romagnola, la Bianca della Val Padana, o Modenese, la Reggiana. Se parliamo

3 La razza Frisona, pezzata bianca e nera, incrociata con la Bruna a mantello, appunto, bruno, genera vitelli in cui il nero prevale (domina) sul bruno e il colore unito prevale sul pezzato. Da questo “incrocio di sostituzione” come tecnicamente viene indicato, nascevano quindi bovini interamente neri che, nel parlare comune, venivano chiamati preti.

di suini, la genetica è, anche in questo caso, di provenienza estera, con razze selezionate in nord Europa per la crescita rapida e la prolificità: vanno citate la Large White, la Landrace e la Duroc.

La ragione per cui le razze oggi più allevate sono di provenienza estera è presto detta. Nei loro paesi di origine, la selezione è iniziata prima, con metodi avanzati promossi da allevatori con uno spiccato senso dell'allevamento e del commercio, in particolare inglesi, francesi e olandesi. La diffusione planetaria di queste poche razze ha reso ancora più efficiente la selezione che ha lavorato su popolazioni sempre più vaste in cui i pochi eccellenti riproduttori potevano diffondere la loro superiorità genetica su milioni di capi. Ma di questi argomenti parleremo meglio più avanti. Latti e carni vengono trasformati con metodi standardizzati e ottimizzati, con strumenti in acciaio ben sterilizzati, con cagli e fermenti industriali secondo procedure allineate alle rigorose normative in vigore. Le nostre produzioni sono note in tutto il mondo e spesso soggette a fraudolenti tentativi di imitazione. Solo per citare quelle più note: il prosciutto crudo di Parma e il San Daniele, salami, pancette e capocolli, gorgonzola, fontina, grana padano e parmigiano reggiano, caciocavallo e mozzarella, quest'ultima idealmente prodotta col latte di bufala, una specie diversa da quella bovina, presente da noi e in alcuni altri Paesi del Mediterraneo.

Anche gli equini hanno patito gli stessi fenomeni di riduzione numerica dei bovini e dei suini, anche se per ragioni diverse. Asini e cavalli hanno fornito all'uomo la forza motrice necessaria a spostamenti, guerre e lavoro, da alcuni millenni a questa parte. Con l'avvento del motore a scoppio la loro indispensabilità è venuta meno. Nell'intervallo tra le due guerre mondiali i cavalli sono scomparsi dalle città, sostituiti dalle automobili, mentre dopo la Seconda guerra sono progressivamente scomparsi anche dalle campagne, sostituiti dal trattore. Fino alla Prima guerra mondiale la cavalleria ha avuto un ruolo importante nelle campagne militari, ma non ve n'è quasi più traccia nella Seconda e oggi la cavalleria ha un ruolo limitato alle parate militari e alle cerimonie istituzionali. L'esercito, tuttavia, ha sempre fatto uso di muli⁴, per il trasporto di salmerie in montagna, dove i mezzi meccanici non riescono ad arrampicarsi. Anche l'asino, utilizzato da sempre come mezzo di trasporto povero, soprattutto nelle più impervie regioni appenniniche del meridione d'Italia, è stato alla fine sostituito da piccoli, ma indistruttibili motocarri.

Una storia un po' diversa è quella di ovini e caprini, specie legate ad un allevamento generalmente più povero, gestito in forma più pascolativa che stallina e ancorato ai distretti meno fortunati della dorsale appenninica soprattutto del

4 Il mulo è ottenuto dall'incrocio di un asino stallone e una fattrice cavallina. È un incrocio tra due specie diverse che dà luogo a prole, il mulo appunto, che però non è fertile. L'incrocio opposto cavallo stallone su fattrice asinina è meno praticato anche perché il bardotto che ne nasce non ha le pregevoli caratteristiche di forza e resistenza del mulo.

Meridione e delle Isole. Per queste due specie, che vengono spesso allevate insieme e in greggi numerose, si è forse mantenuta molta della variabilità genetica presente nei tempi andati. La vocazione produttiva principale degli ovini dovrebbe essere quella della carne e della lana, e in altri Paesi carne e lana sono effettivamente le ragioni uniche di questo allevamento. Ma in Italia e in altri paesi dell'area mediterranea trova spazio quasi esclusivamente la produzione del latte, finalizzata alla produzione casearia di qualità e di fama internazionale, come il pecorino romano o quello sardo. Nella molteplicità dei tipi genetici ovini presenti nella Penisola, sono poche le razze locali per le quali è stata fatta una selezione moderata, ma capace di valorizzarne al meglio le caratteristiche: la razza Sarda soprattutto, la Massese e la Comisana. Anche le capre sono prevalentemente vocate alla produzione lattiera e, oltre al Meridione, hanno un notevole sviluppo come allevamento intensivo e stallino nel Nord. Il loro latte trova destinazione nella produzione di formaggi, sulle orme di una analoga fiorente industria casearia francese, e nel consumo fresco, per le riconosciute proprietà nutrizionali che lo rendono utile per l'alimentazione di soggetti allergici. Anche in questo caso, pur sopravvivendo razze e razzette tradizionali, la produzione di latte caprino è praticamente in capo solo ad un paio di razze, che potremmo definire cosmopolite per la loro diffusione planetaria, la Saanen e la Camosciata, da noi presenti soprattutto nel Nord Italia.

Dopo questo excursus attraverso le principali specie di mammiferi domestici, il pollo, per il quale il processo di intensificazione e di industrializzazione dell'allevamento ha raggiunto i massimi livelli, è l'animale domestico in maggiore espansione numerica: nel 2000, a livello mondiale, si contavano 14,3 miliardi di polli che sono diventati 33 miliardi nel 2020. Parliamo delle due principali tipologie di pollo allevate in tutte le regioni del mondo, le galline ovaiole per la produzione di uova e i broiler per la produzione della carne. La cosa più sorprendente è la presenza di una struttura riproduttiva fortemente piramidale dove pochissimi gruppi industriali, attraverso i loro diversi brand, governano la generazione e l'allevamento di questi miliardi di animali. Esistono ovviamente ancora polli da cortile, ma la genetica del 99,9% dei polli del mondo è la stessa. Sottoposto a una intensa selezione che ne ha modificato profondamente le caratteristiche morfologiche e fisiologiche, oggi il broiler viene macellato all'età di 40 giorni e ad un peso medio di 2,6 kg; nel 1976 il peso medio raggiunto alla stessa età era di 1 kg, meno della metà di oggi.

Questo il panorama italiano, che si ripropone in modo simile anche in molti altri Paesi europei, a partire dai quali sono state generate e diffuse nel mondo la maggior parte delle razze. Forse però l'Italia può ancora vantare, nonostante tutto, una delle più ricche collezioni di biodiversità zootecnica presenti in Europa, in parte per la sua storia fatta di mille campanili, ma in parte anche per una collocazione geografica molto particolare. La Penisola si estende infatti dalla catena alpina, le cui valli, fino a poco tempo fa molto isolate, sono

caratterizzate da clima freddo, ad aree mediterranee con clima secco e talvolta desertico. Queste differenze ambientali presenti in un territorio, peraltro non molto vasto, hanno certamente contribuito a determinare una variabilità di tipi genetici ed ecotipi locali superiore a quella che si può osservare in Paesi, magari più vasti, ma con un paesaggio climatico e ambientale più omogeneo.

Ma ritorniamo al problema per il quale questo libro è stato scritto. La ricca biodiversità di razze, create nei millenni dall'ambiente naturale di allevamento e, più recentemente, dall'uomo, è oggi sottoposta a forte erosione e a rischio di estinzione. L'uomo ha acquisito in tempi recenti strumenti e capacità che, se non sufficientemente controllati, determinano un impatto fortemente negativo sulla natura e sui suoi processi. La biodiversità selvatica è minacciata dall'intervento umano sotto gli aspetti della distruzione dell'ambiente naturale, dell'uso di sostanze inquinanti, della produzione di gas serra che portano all'innalzamento della temperatura globale, e per via dell'introduzione di specie aliene.

Per la biodiversità zootecnica le questioni rilevanti riguardano i cambiamenti nell'organizzazione della produzione animale e nella selezione, temi che affronteremo nel dettaglio più avanti. Nei Paesi più ricchi, in Europa occidentale e in Nord America, a partire dagli anni '50 e '60 la richiesta di standard di vita più elevati ha portato a un incremento della domanda di prodotti di origine animale. La strategia adottata è stata quella di focalizzarsi su un numero limitato di razze e di incroci da utilizzare nei nuovi sistemi di produzione intensivi e cioè ad alto output (prodotti), ma anche ad alto input (alimentazione, cure, meccanizzazione, ricoveri, ecc.), fatto che ha comportato l'abbandono dei terreni collinari e montani poco adatti all'allevamento intensivo e lo spostamento della produzione in quelli di pianura più costosi ma più produttivi. Alcune di queste razze hanno avuto una forte espansione numerica, allargando la loro distribuzione a diversi Paesi e continenti, diventando in questo modo razze cosmopolite. Di conseguenza, molte altre razze non inserite nei moderni sistemi di produzione sono diminuite numericamente fino ad estinguersi o ad essere fortemente minacciate di estinzione.

Nei Paesi più poveri la domanda di prodotti animali legata alla crescita della popolazione umana e alla richiesta di più elevati standard di vita si è spesso tradotta nell'importazione di animali delle razze cosmopolite originarie dei Paesi con agricoltura avanzata, senza cercare di migliorare le razze locali adattate ai sistemi di produzione e alle condizioni ambientali, spesso difficili, di quei Paesi. Gli animali delle razze cosmopolite che, per produrre hanno elevate esigenze alimentari, richiedono attente cure veterinarie e temperature miti, non hanno generalmente soddisfatto le aspettative: le loro produzioni si sono rivelate inferiori a quelle delle razze locali. Si è ricorso quindi ad incroci casuali e non pianificati, con il risultato di non migliorare le produzioni e di inquinare le razze locali con i genomi cosmopoliti, e quindi, ancora una volta, con una perdita di variabilità razziale. Il problema è particolarmente grave per le razze che possiedono

caratteri unici, adattamento a climi e ambienti difficili, capacità di produrre con alimenti di bassa qualità e resistenza alle malattie locali.

Da alcuni anni la FAO gestisce un registro (DAD-IS) delle razze delle principali specie zootecniche nei diversi Paesi del mondo. Nella tabella che segue riportiamo la situazione dopo l'ultimo censimento del 2015, per alcune specie. La FAO distingue le razze locali, allevate in un solo Paese, da quelle transfrontaliere, allevate in due o più Paesi. Tra queste ultime includiamo le razze a diffusione mondiale che abbiamo chiamato cosmopolite. Vediamo che quasi tutte le specie hanno molte razze al loro interno, una vera ricchezza di diversità, createsi, come vedremo meglio più avanti, attraverso meccanismi genetici e culturali.

Specie	Europa e Caucaso		Mondo	
	n. razze locali	n. razze transfrontaliere	n. razze locali	n. razze transfrontaliere
Asino	50	1	157	13
Bovino	369	30	1019	205
Bufalo	9	1	123	15
Capra	183	14	576	86
Cammello	3	0	12	2
Cavallo	371	36	694	124
Coniglio	186	32	236	59
Dromedario	1	0	85	4
Maiale	188	17	543	59
Pecora	613	74	1155	227
Yak	2	0	28	0
Pollo	912	42	1514	155
Tacchino	40	7	92	23
Anatra	107	12	253	26
Anatra muschiata	6	0	24	1
Faraona	0	0	0	5

Ma, riallacciandoci a quanto detto sopra circa le modifiche dell'allevamento in Italia, quale è la situazione in termini di numero di razze e delle loro dimensioni numeriche? Prendiamo come esempio la specie bovina. Nel nostro Paese sono allevate 29 razze (entro parentesi le Regioni di distribuzione originaria): Agerolese (Campania), Burlina (Veneto), Cabannina (Liguria), Calvana (Toscana), Chianina (Toscana, Umbria, Lazio), Cinisara (Sicilia), Garfagnina (Toscana), Grigia alpina (Trentino Alto Adige), Marchigiana (Marche, Abruzzi, Campania), Maremmana (Toscana, Lazio), Modenese (Emilia Romagna, Lombardia), Modicana (Sicilia), Varzese (Piemonte, Liguria, Lombardia, Emilia Romagna), Oropa (Piemonte), Piemontese (Piemonte), Pinzgau (Trentino Alto Adige), Pisana (Toscana), Podolica (Puglie, Basilicata, Calabria),

Pontremolese (Liguria, Toscana), Pustertaler (Trentino Alto Adige), Reggiana (Emilia Romagna), Rendena (Trentino Alto Adige, Veneto), Romagnola (Emilia Romagna, Marche), Sarda (Sardegna), Sardo-modicana (Sardegna), Valdostana (Valle d'Aosta), Razza Bruna (tutta Italia), Frisona italiana (tutta Italia), Pezzata Rossa italiana (tutta Italia).

E in termini numerici? Alla fine del secolo scorso in Italia erano allevati circa sei milioni di bovini. Di questi, le tre ultime razze dell'elenco precedente, Bruna, Frisona e Pezzata Rossa, (razze importate da altri Paesi e che hanno una diffusione mondiale, razze cosmopolite), coprivano più dell'80% dei capi allevati. Alle rimanenti 26 razze apparteneva la rimanente percentuale dei capi. La situazione intorno al 1940 era diametralmente opposta: le tre razze importate coprivano meno del 20% dei capi e l'80% degli animali appartenevano a razze locali autoctone italiane, una biodiversità ben maggiore.

1.4 Domesticazione: un processo bidirezionale uomo ↔ animale

Abbiamo sopra raccontato la domesticazione degli animali come un processo di modificazione dell'animale selvatico da parte dell'uomo, per renderlo capace di vivere nella comunità umana e fornire a questa prodotti e servizi. In realtà la domesticazione ha creato molto di più, ha favorito il formarsi di una vera e propria relazione simbiotica tra uomo e animale. Una relazione di reciproca dipendenza che significa molto di più di una semplice fornitura di prodotti animali all'uomo. La domesticazione può essere infatti analizzata come processo bidirezionale dove non solo l'uomo modifica l'animale, ma anche l'animale modifica, o meglio addomestica, l'uomo. L'animale domestico consente per esempio all'uomo di vivere in ambienti estremi, dove non sarebbe in grado di vivere da solo. Pensiamo al deserto del Sahara o agli altipiani tibetani. E in questo processo l'animale contribuisce a plasmare l'uomo in modo da consentirgli di vivere in queste aree, di fatto lo addomestica: un vero patto di reciproca assistenza.

Una ricerca scientifica (Beja-Pereira e coll., 2003⁵) di qualche anno fa è andata oltre il concetto di simbiosi suggerendo l'esistenza di un processo di coevoluzione tra uomo e bovino, dove l'evoluzione in una specie influisce sulla evoluzione dell'altra e viceversa. Sappiamo che alcune popolazioni umane sono geneticamente predisposte a digerire il lattosio (lo zucchero del latte) anche in età adulta. A questo proposito lo studio ha evidenziato una stretta relazione geografica tra popolazioni umane tolleranti il lattosio e popolazioni bovine con un'alta presenza di varianti genetiche codificanti per la produzione di varianti proteiche

5 Beja-Pereira, A., Luikart, G., England, P. e coll. *Gene-culture coevolution between cattle milk protein genes and human lactase genes*. Nature Genetics, 2003

nel latte. Come sono state interpretate queste relazioni? Gli autori propongono che il vantaggio conferito dalla disponibilità di latte alimentare abbia portato, fin dal Neolitico, ad una coevoluzione genetico-culturale tra bovini domestici e popolazioni umane, con l'allevamento di grandi mandrie e una attiva selezione per la produzione di latte. Questa coevoluzione ha influenzato le frequenze dei geni delle proteine del latte e dei geni che determinano la tolleranza al lattosio nell'uomo adulto.

Possiamo fare qui una necessaria riflessione finale sulla domesticazione degli animali. Questa simbiosi sviluppatasi tra l'uomo e l'animale con la domesticazione è ancora assoluta in situazioni ambientali estreme, come tra un nomade Tuareg e il suo dromedario, dove la vita dell'uomo nel deserto dipende totalmente dall'animale e viceversa. Ma è tuttora presente anche tra un pastore dell'Appennino, le sue pecore e i suoi cani, come tra un allevatore di bovine Valdostane e le sue vacche. Questa simbiosi si è invece sempre più sgretolata con lo sviluppo dell'allevamento intensivo, quello di grandi dimensioni, industriale, che riduce e annulla il contatto tra uomo e animale e, anche per questo, dà facilmente origine a forme di sfruttamento non rispettose del benessere animale, dove il patto originario di simbiosi è stato in qualche modo tradito. Una riflessione che proponiamo a tutti coloro che pianificano e lavorano nello sviluppo dell'allevamento degli animali domestici.

1.5 Come funzionano gli allevamenti

A questo punto è opportuno capire meglio la struttura di un allevamento, comprendere come gli animali siano stratificati per sesso e per età, come avvenga il loro ricambio, per quali ragioni, quali parametri demografici entrino in gioco e cosa questi determinino nel concreto. E per capire le regole generali è più facile partire da un moderno allevamento di bovine da latte, per motivi che saranno presto chiari.

Bovini da latte - Qui troviamo dei vitelli da poco nati, delle manzette più grandicelle, delle manze in attesa di fare il loro primo parto e finalmente delle bovine (tecnicamente: vacche, piuttosto che mucche) adulte che partoriscono con maggiore o minore regolarità, con un intervallo interparto di circa un anno. Dopo ogni parto le vacche producono una lattazione della durata di circa 10 mesi. Di tori non vi è però traccia apparente. Ma come viene gestita la produzione in un moderno allevamento? Per usare dei numeri tondi supponiamo di fotografare un allevamento in cui vi siano cento vacche in produzione. Questo significa 100 vacche che ogni anno partoriscono un vitello e che hanno fatto il loro primo parto, da primipare, a circa due anni e mezzo: 30 mesi di età. Man mano che le bovine invecchiano e passano quindi all'ordine di parto successivo, l'allevatore può decidere di scartarne alcune perché hanno mostrato dei problemi di qualche natura. Di solito lo scarto si verifica a causa di produzione di

latte scarsa, patologie: soprattutto agli arti e alla mammella, in quanto l'animale, dovendo produrre latte, deve essere in perfetta forma. Così, in qualsiasi allevamento le bovine più anziane sono sempre meno numerose di quelle più giovani perché alcune vengono progressivamente scartate. Ma l'importante è notare che la somma di tutti questi scarti, se vogliamo che i capi in allevamento restino in numero costante, coincide col numero delle primipare che ogni anno entrano in allevamento. Quindi con la selezione faremo entrare in allevamento una generazione di primipare con una genetica nuova e un po' più avanzata di quella espressa dalle bovine già presenti. Queste primipare saranno sempre figlie delle bovine già presenti in allevamento, ma per parte di padre, con l'utilizzo dell'inseminazione artificiale, come vedremo più avanti, avranno ricevuto un 50% di geni migliorati e l'allevamento ne avrà guadagno in termini di qualità genetica. La tabella che segue descrive coi numeri una possibile situazione.

Ordine di parto	Età in mesi	Numero di capi	Numero di scarti
1	30	30	7
2	42	23	6
3	54	17	5
4	66	12	4
5	78	8	2
6	90	6	3
7	102	3	2
8	114	1	1
Totale		100	30

In questo allevamento solo una bovina su 100 raggiunge la venerabile età di 114 mesi, che corrispondono a 9 anni e mezzo, portando a compimento 8 parti. Ma l'età media di queste bovine è naturalmente molto minore e si calcola facilmente (con una media ponderata per le numerosità) in circa 4 anni e 4 mesi. Così come molto inferiore sarà il numero medio di parti che nella sua vita una bovina potrà fare: 2,8. Come si vede le bovine che vengono scartate ogni anno sono in tutto 30, e questo numero coincide, per mantenere costante la numerosità della mandria, con il numero delle primipare che ogni anno entrano in allevamento. Questo rapporto, 30 su 100, viene indicato come "quota di rimonta" e si tratta di un parametro importante per descrivere un allevamento. Una quota di rimonta bassa indica minori scarti e una maggiore longevità degli animali che restano in produzione più a lungo, mentre una quota di rimonta alta indica che il ricambio è celere e gli animali vengono sostituiti da quelli più giovani senza avere il tempo di invecchiare.

Se si considera che una bovina, secondo questo schema, ha il suo primo parto a 30 mesi, dobbiamo tenere presente che fino a quel momento per l'allevatore

quell'animale è stato solamente un costo, soprattutto di alimentazione, e solo dopo quei due anni e mezzo la sua produzione comincerà a fornire un reddito. Insomma, se la prima parte della vita di una bovina è solo un onere economico, sarebbe buona cosa che, raggiunta l'età in cui inizia a produrre, l'animale rimanesse in stalla per quanti più anni possibile. Le razze da latte moderne, con le loro grandi produzioni, tendono ad essere più delicate, le bovine a rimanere gravide con maggiore difficoltà e, in sostanza, ad esaurire le proprie risorse più in fretta. Tutto questo determina quote di rimonta elevate e quindi sfavorevoli. Le rustiche razzette dei tempi andati, con le loro modeste produzioni, l'innata robustezza e la fertilità da orologio svizzero che le caratterizzava, avevano carriere lunghe, arrivando a fare anche 15 o perfino 20 parti nella loro vita, e questo voleva dire quote di rimonta molto basse e molto favorevoli. La specializzazione produttiva porta certamente ad elevate produzioni, ma, se vogliamo fare un confronto tra le razze ultra selezionate di oggi e quelle di una volta non dobbiamo cadere nell'errore di fare confronti misurando solo il latte munto: infatti se, per le razze produttive attuali si tiene conto del troppo rapido e sfavorevole ricambio aziendale, delle difficoltà a concepire, della delicatezza degli arti e delle mammelle e delle esigenze alimentari da formula uno, il confronto con razze più rustiche e meno produttive non è poi così incontestabilmente favorevole come potrebbe apparire a prima vista.

Naturalmente, da 100 bovine che partoriscono ci aspettiamo mediamente 50 vitelli maschi e 50 femmine, ma ci sono molti inconvenienti che possono complicare le cose: aborti, patologie neonatali, incidenti veri e propri. Di quelle 50 vitelle teoriche arriveranno ad essere pronte per il primo parto giusto quelle 30 che servono come rimonta o poche di più. Da questo schema si dovrebbe capire bene che in questo allevamento oltre alle 100 bovine in produzione ci sono vitelli e vitelle nate da poco e manze che crescono e si preparano alla loro carriera produttiva. I vitelli maschi non hanno ruolo in un allevamento da latte e l'allevatore li vende di solito ad un ingrassatore che li cresce fino a un peso adeguato a consentirgli un ritorno economico dalla loro vendita al macello, anche se una razza da latte non produce certo vitelli ideali per la carne. Nei moderni allevamenti da latte i tori sono scomparsi o quasi: per fecondare le bovine si utilizza ormai al 100% l'inseminazione strumentale, chiamata di solito fecondazione artificiale (FA). L'allevatore può acquistare il seme di tori selezionati che genereranno figlie più produttive delle madri e realizzerà così nel suo allevamento una maggiore produzione di latte e un migliore ritorno economico d'impresa. In tempi recenti si sono affermate anche tecniche di sessaggio del seme che consentono all'allevatore di fecondare le sue vacche con un'elevata garanzia che al parto nasca una vitella femmina. Si tratta di una innovazione importante che consente ad esempio di destinare le bovine meno performanti nella produzione di latte alla fecondazione con tori di razze da carne, in modo da produrre vitelli di incrocio più apprezzati per questa produzione e quindi più remunerativi. La

tecnologia del sessaggio del seme ha naturalmente un costo, che si giustifica per i bovini in cui la FA ha grandissima diffusione.

Nei cosiddetti piccoli ruminanti, ovini e caprini, la FA è molto più complessa da realizzare per ragioni che non approfondiamo e di cui si dirà ancora brevemente nel capitolo 9 ed è quindi applicata in maniera molto sporadica e limitata. Di conseguenza quel 50% di capretti e agnelli maschi che ad ogni parto vengono al mondo, a parte i pochi che l'allevatore sceglie come futuri becchi e arieti, viene destinato alla macellazione, spesso in concomitanza con le festività di Natale e soprattutto di Pasqua.

Suini – I suini sono un'altra specie straordinaria. A differenza dei bovini che fanno un parto all'anno, i suini ne fanno due o persino di più, ma ancora più straordinario è che ad ogni parto una scrofa può produrre un numero impressionante di suinetti, anche 12 o 14 che alla nascita pesano ciascuno un chilo o poco più. Ma poi questi suinetti crescono così rapidamente che in meno di un anno raggiungono la taglia e la maturità sufficiente per la macellazione (1,5 - 2 quintali). La vocazione produttiva è naturalmente quella della carne, e per questo carattere i suini sono stati selezionati con successo, soprattutto nel Nord Europa da dove, in effetti, provengono le razze migliorate che ormai hanno una distribuzione mondiale. In Italia le più diffuse sono la Large White e la Landrace, caratterizzate da mantello bianco, e la Duroc, a mantello fulvo. Nel Nord Europa la produzione è focalizzata su tagli di carne magra, destinati al consumo fresco, per cui il momento ideale della macellazione coincide con un peso di poco superiore al quintale, raggiunto a circa sei mesi di età. La selezione tende quindi a raggiungere il peso ideale nel minor tempo possibile: se si aspetta troppo, il metabolismo del suino inizierà a cambiare e a privilegiare, rispetto al muscolo, la deposizione di grasso.

In Italia lo scenario è tutto diverso. Da noi l'uso più pregiato della carne suina è quello della sua trasformazione in salumi e, nella molteplicità di queste specialità apprezzate anche all'estero, la corona spetta indubbiamente al prosciutto crudo. Per produrre il prosciutto crudo, che si ricava dalle cosce del suino, è necessario che la carne abbia una maturità e una copertura di grasso che può essere raggiunta solo a 10 mesi di età almeno, quando il peso si aggira sui 160 kg. Questi suini, detti pesanti per confronto con quelli leggeri allevati per la carne fresca, costituiscono il motore dell'industria salumiera italiana e, come i bovini da latte, sono dislocati in larga maggioranza nella pianura del Po. Un'altra differenza cruciale coi bovini è che i suini arrivano alla maturità sessuale molto presto, a 6 o 7 mesi, e anche la durata della gestazione è molto breve: 114 giorni, un numero facile da ricordare perché corrisponde a 3 mesi, 3 settimane e 3 giorni, da confrontare coi 285 lunghi giorni di gestazione necessari ai bovini per partorire un solo vitello. I suinetti neonati vengono allattati dalla madre e restano con lei per poche settimane prima di essere separati e allevati coi loro coetanei. Se l'allevamento è orientato alla produzione di carne da consumo

fresco la macellazione avviene ad animali ancora impuberi, ma se l'allevamento è di suini pesanti e la macellazione è spostata a 10 mesi, i maschi devono essere castrati nei primi giorni di vita per evitare problemi sia in allevamento che nel sapore delle carni. Anche nei suini si pratica la FA ma, per le caratteristiche specifiche di questo animale, si deve utilizzare il seme fresco raccolto ed utilizzato entro pochi giorni, e quindi l'uso della FA avviene prevalentemente entro lo stesso allevamento che lo raccoglie. Questo costituisce un freno per la selezione perché il seme dei verri migliori difficilmente potrà distribuirsi in modo esteso nel territorio.

Il breve intervallo tra la nascita e la maturità sessuale in questa specie ci serve per introdurre un parametro importante nell'allevamento zootecnico che è l'intervallo di generazione. Se dovessimo darne una definizione sintetica, l'intervallo di generazione è l'età media dei genitori alla nascita dei loro figli. Nei suini, tenendo conto che una scrofa fa il suo primo parto a un anno, possiamo individuare l'intervallo di generazione a circa 2 anni, un intervallo molto più breve di quello delle bovine che abbiamo visto essere intorno ai 4 o 5 anni. L'importanza dell'intervallo di generazione è subito intuibile se pensiamo che la selezione punta ad avere figli migliori dei genitori e, quindi, più rapida è la sostituzione delle generazioni più in fretta marcerà la selezione. Se invece ci focalizziamo sui nostri problemi di conservazione genetica, un intervallo di generazione celere è decisamente controproducente come vedremo meglio alla sezione 5.2. In un caso del genere, come in effetti avviene per i suini, le generazioni si rinnovano così in fretta che una razzetta suina ci impiega molto meno tempo a ridursi numericamente ed infine ad estinguersi rispetto ad una razzetta bovina. Quando, negli anni '70 dello scorso secolo, si è iniziato a capire che la diffusione di razze cosmopolite più produttive stava riducendo le vecchie razzette al lumicino e, in qualche caso, ad un'estinzione di fatto, fu ancora possibile, per i bovini, recuperare qualche vecchia vacca, magari di 15 o anche 20 anni di età, che era sopravvissuta fino ad allora provenendo da un'epoca tramontata. Queste vecchie bovine erano sopravvissute perché non avevano mai sbagliato un parto e l'allevatore le aveva tenute in stalla anche per convenienza, ma soprattutto per affetto. Per i suini invece fu ben più difficile trovare vecchie scrofe delle numerose razze che arricchivano un tempo il nostro panorama di biodiversità zootecnica. Una scrofa di 4 o 5 anni è già vecchia e negli anni '70, a parte poche eccezioni, molte razze suine erano già scomparse da tempo coi loro mantelli scuri e cute pigmentata per proteggerle dai raggi solari: l'incrocio di sostituzione anche per i suini aveva fatto il suo lavoro. Nel caso dei suini, comunque, qualche razza è sopravvissuta, soprattutto nelle regioni del Centro-Sud e nelle Isole, la Cinta Senese, l'Apulo Calabrese, la Casertana, il Nero Siciliano, la Sarda. Recentemente, tuttavia, in alcuni casi sono stati fatti dei tentativi di ricostruzione genetica di razzette ormai scomparse, ma si tratta di ricostruzioni che

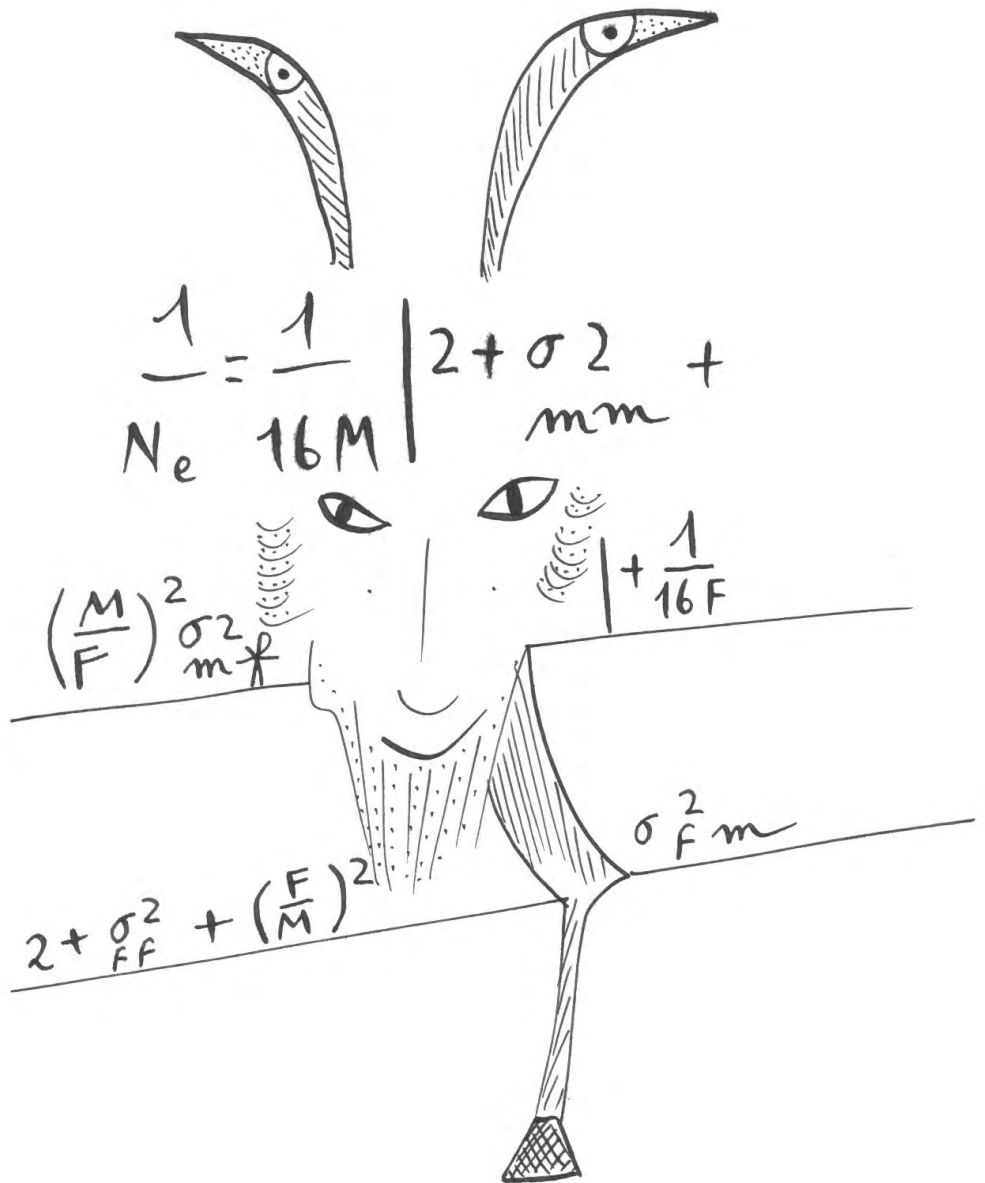
hanno sfruttato la comparsa occasionale in qualche soggetto di pigmentazioni del mantello che richiama i colori delle razze scomparse.⁶

Un aspetto genetico importante che trova nei suini una applicazione concreta è l'effetto della cosiddetta eterosi, su cui è qui opportuno dare qualche chiarimento. È frutto di esperienza concreta e comune che, sia per le specie vegetali che per quelle animali, l'incrocio tra individui provenienti da varietà o razze diverse (sempre entro la stessa specie naturalmente) generi talvolta una progenie particolarmente pregevole per qualche carattere interessante. Non si tratta di una regola generale, ad esempio nei bovini da latte questa pratica non produce risultati particolarmente convenienti, se consideriamo la semplice produzione di latte. L'incrocio tra due razze produce però soggetti interessanti per aspetti legati a rusticità, fertilità e resistenza alle malattie, soggetti che tuttavia possono difficilmente competere con la superiorità conferita dalla selezione in purezza realizzata entro le razze incrocianti. In riferimento a questa specie, vengono oggi utilizzati schemi riproduttivi di incrocio che, in termini economici, possono risultare molto convenienti quando non venga considerato solo il latte prodotto ma anche i costi generali dell'allevamento. Questa pratica, che nei bovini può avere la sua ragion d'essere per la produzione di vitelli di maggior pregio per la carne, dispiega tutta la sua potenza in riferimento ai suini. Qui l'effetto dell'eterosi si manifesta in modo eccellente nella produzione di scrofe da incrocio che manifestano meglio delle due razze incrocianti la loro attitudine materna. Queste scrofe ibride partoriscono più suinetti, sono madri più attente nella cura dei piccoli e hanno maggiori produzioni di latte che aiutano la prole a crescere in vigore e in salute: insomma sono quanto di meglio un allevatore possa desiderare per produrre, da queste scrofe, tanti suini da carne a garanzia del reddito della sua impresa. L'essenza di questo fenomeno di eterosi consiste nel fatto che gli individui di incrocio hanno, per alcuni caratteri, valori che sono molto superiori alla media delle due razze parentali e spesso sono addirittura migliori della migliore delle due stesse razze. Questa condizione di vigore ibrido ha però la caratteristica di manifestarsi nella prima generazione di incrocio, che viene definita F1 (ossia primo incrocio filiale). Se questi soggetti F1 dovessero essere incrociati tra loro a produrre una F2 ci accorgeremmo subito che tutti i benefici che avevamo apprezzato nella F1 si diluiscono subito, portando rapidamente questi incroci a livelli che li privano di ogni particolare attrattiva. Gli individui F1 sono quindi ottimi prodotti che vengono spesso definiti incroci terminali proprio perché sarebbe un errore utilizzarli come riproduttori. L'allevamento suino fa quindi largo uso di incroci tra razze che naturalmente devono però essere allevate e selezionate mantenendole in purezza, in modo da

6 Il lavoro di ricostruzione di una razza scomparsa è riconosciuto nel Regolamento UE 1012 del 8/06/2016, recepito dall'Italia col Decreto legislativo 52 del 11/05/2018, citato in precedenza.

avere un serbatoio sempre disponibile di soggetti maschi e femmine da incrociare tra loro a seconda delle necessità. A questo proposito è opportuno sottolineare che disporre di razze allevate in purezza richiede che si possa pienamente controllare il momento riproduttivo. Senza la certezza dell'accoppiamento, razze diverse finirebbero per mescolarsi creando un'infinità di situazioni ibride, poco idonee ad una selezione o conservazione genetica di successo. Tutte le specie domestiche si riproducono in queste condizioni controllate e non vi è quindi motivo di preoccupazione, con l'unica eccezione forse delle api, di cui parleremo nel capitolo 8.

Nel prossimo capitolo, in cui inizieremo ad esaminare gli aspetti genetici che stanno alla base della selezione e della conservazione delle specie domestiche, avremo modo di comprendere meglio quali meccanismi entrino in gioco nel determinare le dinamiche delle produzioni animali e della demografia zootecnica. Ritorniamo quindi anche sul fenomeno dell'eterosi, con gli approfondimenti genetici necessari.



La genetica delle piccole popolazioni ci fornisce gli strumenti per conoscere e mantenere la loro variabilità.

Capitolo 2. Le basi della diversità genetica

Sommario - Questo capitolo è più tecnico di altri e vuole costituire un breve e sintetico vademecum delle regole generali che governano la trasmissione dei caratteri da una generazione alla successiva. Parleremo quindi di geni e cromosomi e come questi si muovano nelle popolazioni. Vedremo cosa significhi variabilità genetica, come questa possa ridursi in particolari condizioni, e come venga utilizzata per la selezione. Alcuni argomenti potranno apparire un po' complessi, ma anche una lettura superficiale potrà contribuire a una migliore comprensione dell'argomento di questo libro.

2.1 Fenotipo, somma di effetti genetici e ambientali

Se consideriamo gli individui che appartengono ad una stessa razza animale o varietà vegetale osserviamo certamente una certa variabilità. Considerato che quello che possiamo vedere ad occhio nudo è il fenotipo, possiamo tranquillamente definire questa variabilità nei termini di variabilità fenotipica. La variabilità fenotipica negli animali domestici spesso, a prima vista, non appare così evidente. La selezione artificiale ha lavorato per decenni o addirittura per secoli con la finalità di rendere gli animali di una stessa razza molto simili tra loro. Selezionare per il colore del mantello, la sua pezzatura o altri caratteri morfologici come le corna o le proporzioni corporee è relativamente semplice: basta escludere dalla riproduzione gli animali che presentano aspetti che non rispettano le caratteristiche ricercate, solitamente codificate in un apposito disciplinare di allevamento e indicate come “standard di razza”. Col tempo i fenotipi indesiderati si fanno rari fino a scomparire e la razza che ne emerge appare composta da animali tutti apparentemente uguali o molto simili. Il successo di questa facile selezione è dovuto al fatto che il fenotipo (P, *Phenotype*) è il prodotto dell'attività di geni (G, *Genotype*) cui si somma anche una componente ambientale (E, *Environment*) più o meno importante, secondo una semplice equazione che tornerà spesso utile nel seguito:

$$P = G + E$$

L'apparente omogeneità che osserviamo all'interno di una razza, tale da rendere gli animali molto simili tra loro, è quindi conseguenza del fatto che i geni che agiscono su questi caratteri, come tipicamente il colore del mantello, sono tutti uguali in quanto le forme alternative di questi geni, che codificavano per colori diversi, sono state eliminate dalla selezione. Nel caso del colore del mantello la selezione sarà di facile successo perché, per questo fenotipo, la componente ambientale (E) è poco importante. Se, ad esempio, i geni determinano il colore fulvo del mantello, il ruolo dell'ambiente sarà irrilevante: l'età avanzata

con il conseguente incanutimento potrà magari ingrigire un po' il colore originario, oppure l'esposizione al sole potrà determinare un certo grado di sbiadimento della tinta, ma un animale fulvo sarà sempre riconoscibile come tale. Se una razza è caratterizzata da una forte omogeneità, le differenze saranno invece evidenti, confrontando animali di razze diverse. Le vacche Frisone e le vacche Brune sono facilmente distinguibili e la differenza è lampante perché il carattere colore è evidente ad occhio nudo. La differenza però non è più così chiara se consideriamo caratteri (fenotipi) più sofisticati. Ad esempio, le vacche, dopo aver partorito, producono latte che presenta un tenore variabile in proteine. Questo tenore, per essere misurato, richiede apparecchiature complesse e non può essere apprezzato a occhio nudo come il colore del mantello. Anche le proteine nel latte sono un fenotipo, ma, a differenza del mantello, risentono in modo molto più marcato della componente ambientale (E) della precedente equazione. Sebbene ci siano vacche che geneticamente producono molta proteina nel latte e altre che, sempre a causa dei loro geni, ne producono poca, questo carattere è anche influenzato dall'ambiente. E in questo caso, tipicamente, è l'alimentazione che viene somministrata agli animali a fare la differenza. Qui la selezione è più difficile: i geni delle proteine non sono stati resi tutti uguali dalla selezione come quelli del colore e, per di più, interviene l'ambiente a confondere e a complicare le cose. Abbiamo quindi una variabilità fenotipica che riflette la presenza di una variabilità genetica e di una variabilità ambientale. La semplice equazione vista poco sopra che spiega come il fenotipo sia il risultato di genetica e ambiente, si amplia quindi alla variabilità che questi fattori esprimono. Indicando con $V(P)$ la variabilità fenotipica potremo scrivere:

$$V(P) = V(G) + V(E)$$

Torneremo nel seguito su questa espressione da cui, come vedremo, si possono ricavare tante importanti riflessioni e conseguenze.

2.2 Geni e Cromosomi

Per capire meglio quanto detto fin qui, è necessario, a questo punto, introdurre un ulteriore importante concetto. In tutti gli animali, uomo incluso, i geni sono organizzati in cromosomi che possiamo immaginare come dei vagoni che veicolano i geni come fossero dei passeggeri al loro interno. Ci si consenta questo paragone, che non ha un valore scientifico ma illustrativo. Il numero dei cromosomi varia per ciascuna specie e, ad esempio, per i bovini il numero è 30. Al momento del concepimento di un nuovo individuo, la cellula uovo (oocita) fornita dalla madre, la bovina in questo caso, è corredata con un set completo di 30 vagoni con tutti i passeggeri a bordo. Questo treno rappresenta il genoma della specie e tutti i geni vi sono rappresentati. L'oocita viene fecondato da uno spermatozoo che contiene a sua volta un set completo di 30 vagoni. In sostanza

la cellula gametica femminile, l'ovocita, e la cellula gametica maschile, lo spermatozoo, contribuiscono allo zigote, l'ovocita fecondato che costituisce la prima cellula del nuovo individuo, due patrimoni genetici completi, due genomi di cui quindi uno sarà di origine paterna e l'altro di origine materna. Il nuovo individuo che si svilupperà a partire dallo zigote sarà un individuo diploide, cioè con due genomi. E se andremo a cercare i cromosomi in una qualsiasi delle cellule che si saranno originate dallo zigote di partenza, ne troveremo sempre 60 ossia $2n$, dove n è il numero aploide caratteristico della specie, i bovini in questo caso. Naturalmente, per chiudere il cerchio è necessario precisare che tutte le cellule che compongono un organismo si generano a partire dallo zigote originario mediante un processo di duplicazione cellulare che viene tecnicamente chiamato mitosi e quindi tutte le cellule sono diploidi come lo zigote da cui discendono. I due genomi confluiti la prima volta nello zigote sono quindi presenti nel nucleo di ogni cellula che compone il nuovo individuo. Invece, per produrre i gameti, che come abbiamo visto sono aploidi, è necessario partire sempre da cellule diploidi, ma presenti in appositi organi e, con un particolare processo di divisione che viene chiamato meiosi, arrivare alla produzione di gameti aploidi. Questa particolare divisione cellulare che, partendo da cellule diploidi, porta alla formazione di gameti aploidi avviene in organi particolari: le ovaie e i testicoli. Ci sono molte conseguenze e implicazioni di questo processo che costituisce il cuore della riproduzione. Man mano che sarà necessario approfondirne i diversi aspetti ci ritorneremo per vedere meglio come questi dettagli possano determinare conseguenze molto importanti. Ma qui dobbiamo mettere in evidenza subito il primo e fondamentale elemento, ovvero che ogni individuo porta due copie di ogni gene, una di origine materna e una di origine paterna. Il fatto di avere due copie di ogni gene potrebbe sembrare ridondante e in parte è vero, ma in realtà costituisce una vera e propria assicurazione sulla vita per ogni individuo. È come il fatto di avere due occhi: uno sarebbe sufficiente per vedere, ma averne due ci mette al riparo dal rischio che se uno dei due non funzionasse a dovere, ci sarebbe sempre l'altro per trovare la strada di casa.

I due geni fratelli che si trovano sui due cromosomi, che a questo punto possiamo definire omologhi, sui quali stiamo ragionando, possono essere esattamente identici tra loro oppure presentare qualche piccola differenza. Occorre qui introdurre due nuovi termini. Il primo è "alleli", ovvero le forme che quel gene può assumere. Il secondo termine è "omozigote", riferito a un individuo che presenta due forme alleliche identiche, mentre – e questo è il terzo termine – si definisce "eterozigote" se sono diverse le forme alleliche. Facciamo un esempio concreto. Uno dei geni che determinano il colore del mantello dei cavalli è il gene *Agouti*¹. Questo gene presenta due forme alleliche: la forma

1 *Agouti* è il nome di un roditore del centro America in cui ogni singolo pelo presenta un bandeggio nero alternato ad altri colori, caratteristica che è stata molto approfondita in studi

A codifica per il colore baio, mentre la forma a codifica per il colore morello. Ogni forma allelica, e, come vedremo possono esservene più di una per un dato gene, viene convenzionalmente indicata con un simbolo o una lettera diversa, ad esempio A , B , C etc. Nel caso del gene *Agouti* come in molti altri casi viene utilizzata la lettera “a” maiuscola e minuscola. Si tratta anche qui di una convenzione molto comoda che serve ad indicare che A (leggi a grande) è “dominante” su a (leggi a piccolo). Per capire appieno il significato del termine “dominante” vediamo nella tabella seguente come si comportano i colori di un cavallo a seconda degli alleli che vengono ereditati dal padre e dalla madre.

Gameti materni	Gameti paterni	
	A	a
A	AA (Baio)	Aa (Baio)
a	aA (Baio)	aa (Morello)

Si vede bene che gli individui eterozigoti (Aa e aA) sono fenotipicamente indistinguibili da quelli omozigoti per l'allele dominante (AA). Perché si manifesti il carattere recessivo, il morello (nero), è necessario invece che l'allele a non sia dominato e quindi oscurato dal suo allele dominante A . Quindi il fenotipo morello si avrà solo con individui omozigoti aa . Ora, per tornare alle razze selezionate per mantelli diversi di cui si discuteva più sopra, avremo, ad esempio, il cavallo Maremmano il cui mantello è sempre baio perché la selezione ha metodicamente eliminato i mantelli morelli e quindi l'allele a ; di conseguenza la razza è tutta composta da animali omozigoti AA ². Invece il cavallo Murgese ha fatto del mantello morello la sua bandiera ed ha eliminato con altrettanta meticolosità l'allele A . Di conseguenza i Murgesi saranno tutti con genotipo omozigote aa al gene *Agouti*.

I cavalli non sono però tutti bai o morelli, ci sono anche quelli sauri e questo carattere ci permette di approfondire qualche altro concetto. Il colore sauro è determinato da un altro gene, diverso da *Agouti*, che viene indicato come gene *Estensione* e che presenta anche lui due forme alleliche alternative: E che domina su e . I cavalli sauri sono sempre omozigoti ee , mentre la presenza dell'allele E (EE oppure Ee) non determina la comparsa di un particolare colore, ma semplicemente permette l'espressione di altri colori codificati ad esempio da *Agouti*. Quindi si deve tenere conto di tutte le possibili combinazioni a questi due geni per capire di che colore nascerà un puledro, come riporta la tabella seguente.

genetici sui colori dei mantelli.

2 A ben vedere nei cavalli Maremmani eliminare i mantelli morelli non garantisce *tout court* la scomparsa dell'allele a . Questo infatti potrebbe continuare a circolare nella popolazione allo stato eterozigote mascherato dalla forma dominante A . Mantelli morelli potrebbero occasionalmente comparire dall'accoppiamento di individui eterozigoti Aa . Sarà invece molto più facile eliminare A nei cavalli Murgesi.

	AA	Aa	aa
EE	<i>AAEE (Baio)</i>	<i>AaEE (Baio)</i>	<i>aaEE (Morello)</i>
<i>Ee</i>	<i>AAEe (Baio)</i>	<i>AaEe (Baio)</i>	<i>aaEe (Morello)</i>
<i>ee</i>	<i>AAee (Sauro)</i>	<i>Aaee (Sauro)</i>	<i>aaee (Sauro)</i>

Questo esempio insegna che i geni possono interagire tra di loro anche in modo complesso. In questo caso il genotipo omozigote *ee* al gene *Estensione* oscura completamente l'effetto del gene *Agouti* che determinava i mantelli bai e morelli. Questo effetto di oscuramento, che invece scompare coi genotipi *EE* ed *Ee*, si chiama “epistasi” ed è qualcosa che assomiglia alla dominanza che abbiamo visto poco sopra. Mentre però la dominanza si esercita tra i due alleli di uno stesso gene, l'epistasi agisce tra due geni diversi. Naturalmente dopo Maremmani e Murgesi, altri cavalli, gli Haflinger ad esempio, sono stati selezionati per il mantello sauro e tutte le forme alleliche *E* sono state escluse facendo di conseguenza sparire i mantelli bai e morelli. Negli animali domestici ci sono moltissimi esempi di epistasi e qui non vogliamo addentrarci ulteriormente su questo problema. Il punto da sottolineare è però che la realtà può essere complessa, anche molto più complessa di come apparentemente può sembrarci e prima di arrivare a conclusioni precipitose sui meccanismi di azione dei geni è quindi bene essere molto prudenti. Un buon esempio del fatto che la prudenza nell'analizzare i fatti non è mai troppa è dato da quest'altra curiosa storia tratta da una specie del tutto diversa, il pollo.

Il colore delle zampe dei polli è prodotto da un gene che nella forma omozigote *WW* o eterozigote *Ww* determina il colore bianco (White). Solo il genotipo recessivo *ww* manifesta il colore giallo, ma questo avviene solo se la dieta cui gli animali sono sottoposti contiene caroteni. Questi sono pigmenti gialli comunemente presenti nelle carote e in molti altri vegetali. Un allevatore utilizza del mais giallo, contenente quindi caroteni, per alimentare due diverse razze di polli³, una omozigote *WW* e una *ww*. I polli *WW* presentano zampe bianche mentre quelli *ww* zampe gialle. L'allevatore concluderà che il colore delle zampe è determinato dalle differenze genetiche tra le due razze (ossia che la componente ambientale dell'equazione $P = G + E$ è nulla). Se però l'allevatore avesse utilizzato del mais bianco senza caroteni per entrambe le razze tutti i polli avrebbero avuto zampe bianche. Un secondo allevatore alleva solamente una razza di polli *ww* che però alimenta in gruppi separati con due tipi di mais: giallo e bianco. I polli che alimenta con mais bianco sviluppano zampe bianche,

3 Spesso, nei polli e nei conigli vengono indicate come razze delle varietà che presentano fenotipi legati al piumaggio o al mantello molto diversi. Magari si tratta di differenze sotto il controllo di un solo gene che presenta alleli diversi. Il fenotipo visibile codificato da questi geni può anche essere il solo fattore di distinzione tra le razze.

mentre quelli che alimenta con mais giallo sviluppano zampe gialle. Concluderà che il diverso fenotipo dipende esclusivamente dalla dieta ossia dall'ambiente (la componente G della solita equazione è nulla). Questo esempio illustra in modo lampante che un singolo genotipo ww può produrre fenotipi differenti a seconda dell'ambiente (carotenici o no) e che un singolo fenotipo (zampe bianche) può essere prodotto da vari genotipi, a seconda dell'ambiente.

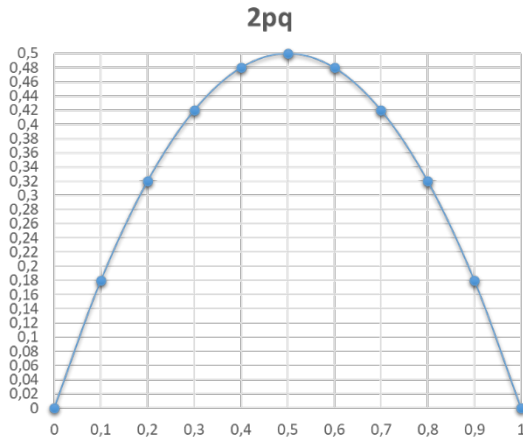
2.3 Geni e popolazioni

Siamo ora arrivati al punto in cui è necessario introdurre un nuovo concetto, quello di frequenza allelica, per spiegare il quale dobbiamo ricorrere all'algebra. Per parlare di frequenza allelica in questa sede ripartiamo dai cavalli bai e morelli, utilizzando la tabella che abbiamo visto poco sopra e che definisce i genotipi a partire dalle combinazioni degli alleli al gene *Agouti*. In quella tabella i due alleli A e a erano rappresentati alla pari senza alcun riferimento al loro grado di diffusione nella popolazione. Anzi, come abbiamo visto, Maremmani e Murgesi presentavano delle situazioni estreme in cui era presente o solo l'allele A (Maremmani bai) o solo quello a (Murgesi morelli). Supponiamo ora di ridisegnare la stessa tabella immaginando che l'allele A sia più diffuso rispetto all'allele a in una popolazione generica di cavalli non selezionati per il colore che presentano quindi entrambi i mantelli. Facciamo conto che in questa popolazione di fantasia A abbia una frequenza di 0,7 e che di conseguenza a si fermi allo 0,3. Ovviamente la somma delle due frequenze deve fare 1 perché non vi sono altri alleli a questo gene. Il concetto di frequenza è un concetto simile a quello di probabilità. In questo contesto è come dire che, pescando nel gene *Agouti* di questa popolazione un allele a caso, avremo il 70% di probabilità di pescare A e il 30% di pescare a . Immaginiamo a questo punto due contenitori separati, uno di oociti e uno di spermatozoi. Se volessimo produrre un nuovo individuo (ossia formare uno zigote) dovremmo pescare a caso dai due contenitori un gamete maschile e uno femminile. Il genotipo del nuovo individuo sarà determinato dalle probabilità con cui pescheremo A e a dai due contenitori. La tabella che segue descrive le probabilità di tutte le combinazioni e quindi dei genotipi possibili.

	Freq. $A = 0,7 = p$	Freq. $a = 0,3 = q$
$A = 0,7$	$AA = 0,49 = p^2$ Cavalli Bai	$Aa = 0,21 = pq$ Cavalli Bai
$a = 0,3$	$aA = 0,21 = qp$ Cavalli Bai	$aa = 0,09 = q^2$ Cavalli Morelli

Una legge fondamentale in genetica dice che se indichiamo con p la frequenza di A e con q la frequenza di a , tali che $p + q = 1$, allora, in particolari condizioni che vedremo tra breve, la frequenza dei tre genotipi AA , Aa e aa avranno frequenza, rispettivamente, p^2 , $2pq$ e q^2 . Il quadrato sopra rappresentato aiuta a capire come queste frequenze corrispondono esattamente alle superfici dei due quadrati relativi agli omozigoti e dei due rettangoli relativi agli eterozigoti. Quindi, in questa popolazione equina avremo il 9% di cavalli morelli e il 91% di cavalli bai ($0,91 = 0,49 + 2*0,21$). Insomma, se nel Maremmano è fissato l'allele A e nel Murgese è fissato l'allele a , non è detto che in tutte le razze equine ci sia una situazione di questo genere. Anzi, nella maggior parte dei casi a prescindere dai cavalli, nelle popolazioni è sempre presente una miscela dei due alleli presenti con frequenze diverse.

È importante ora focalizzare l'attenzione sul valore $2pq$, quello che definisce la frequenza degli eterozigoti. Gli eterozigoti sono dati dalla somma dei due rettangoli di pari superficie pq e qp . La proporzione degli eterozigoti ad un qualsiasi gene che presenti due alleli è quindi data da $2pq$. Nella figura che segue sono rappresentati, in ordinata i valori di $2pq$ al variare delle frequenze di A e, a in ascissa.



Questa parabola rovesciata dice innanzitutto che se la frequenza di A (p) è zero (il punto in basso a sinistra), allora anche gli eterozigoti sono assenti. In questa situazione possiamo definire “estinto” A e di conseguenza “fissato” a , la cui frequenza $q = 1$. La curva descrive tutte le possibili situazioni in cui la frequenza di A cresce da 0 a 1 e di conseguenza quella di a cala da 1 a 0. Come si vede la frequenza degli eterozigoti raggiunge il massimo ($2pq = 0,5$) quando le frequenze dei due alleli sono bilanciate, ossia $p = q = 0,5$. L'importanza di questa curva sta nel fatto che descrive in modo plastico la variabilità genetica di una popolazione a questo gene. Di fatto la variabilità genetica dipende dalla proporzione degli eterozigoti, se questi diminuiscono perché uno dei due alleli si avvicina alla fissazione o all'estinzione, significa che ci avviciniamo alla situazione in cui la maggior parte degli individui della popolazione sono omozigoti identici. Quando uno dei due alleli si fissa e l'altro, di conseguenza, si estingue, tutti gli individui sono tra loro identici e la variabilità genetica a questo gene scompare. Come vedremo presto, negli animali domestici ci possono essere diverse ragioni che portano le frequenze alleliche a scendere sui fianchi della parabola cadendo verso uno o l'altro di questi due punti trappola in cui la variabilità genetica si azzerava. Se questo si verifica abbiamo irrimediabilmente perso un allele che costituiva magari una peculiarità unica di quella razza, perché nel momento in cui un allele si estingue non è possibile ricostruirlo in laboratorio e inserirlo nuovamente nella popolazione. Perdere un allele non è certo grave come perdere un'intera popolazione, ma costituisce comunque una riduzione della variabilità genetica di una razza, tale da comprometterne le caratteristiche che la rendevano pregevole: si tratta pur sempre di un danno, se possibile da evitare, alla biodiversità zootecnica.

Come si diceva, la regola per cui dato p (e di conseguenza $q = 1 - p$), le frequenze dei tre genotipi ad un certo gene si calcolano da p^2 , $2pq$ e q^2 , richiede una

fondamentale precisazione: affinché questa regola sia valida è necessario che la popolazione sia composta da un gran numero di individui, che questi siano perfettamente liberi di accoppiarsi tra loro e che alcuni genotipi a quel certo gene non siano in qualche modo penalizzati o avvantaggiati. Se questa condizione tiene, allora, e questo è un fatto fondamentale, al susseguirsi delle generazioni nel corso del tempo, le frequenze alleliche e genotipiche a quel gene restano stabili nel tempo. Insomma se quella popolazione di cavalli in cui si contava il 9% di mantelli morelli fosse molto numerosa e gli accoppiamenti avvenissero in piena libertà, continueremmo a contare una stessa percentuale di morelli anche a distanza di molti anni. Le cose naturalmente cambierebbero se le giumente, ad un certo punto preferissero accoppiarsi con stalloni morelli anziché bai. A quel punto si instaurerebbe una certa selezione a vantaggio del gene a e piano piano questo potrebbe crescere di frequenza fino a soppiantare la forma A portando alla rarefazione dei mantelli bai fino anche alla loro scomparsa. Per dare il nome ad ogni cosa, questa condizione di equilibrio per cui frequenze alleliche e genotipiche restano stabili nel tempo perché la popolazione è ampia, l'accoppiamento è casuale e non c'è selezione, prende il nome di Equilibrio di Hardy-Weinberg (HWE), dal nome dei due studiosi che teorizzarono la cosa all'inizio del '900. La condizione di HWE tuttavia in qualche caso vacilla e, se questo avviene, si può cadere in quella spiacevole situazione in cui la variabilità genetica può diminuire e alla fine anche azzerarsi.

2.4 Deriva genetica

Una prima causa di perdita di variabilità genetica è la cosiddetta deriva genetica. Nelle popolazioni animali ogni generazione discende da quella che la precede attraverso i gameti che i genitori trasmettono ai figli. In questo processo di trasmissione si verifica quindi un fenomeno di campionamento che potrebbe determinare nella progenie frequenze alleliche un po' diverse da quelle parentali. Si tratta di un fenomeno che si verifica comunque, ad ogni passaggio generazionale, ma che manifesta effetti più marcati in presenza di popolazioni di ridotta numerosità o, più ancora, in caso di colli di bottiglia, ossia di riduzioni drastiche e improvvise della dimensione della popolazione. La deriva genetica determina quindi una variazione di frequenze alleliche in contrasto con i principi dell'equilibrio di Hardy-Weinberg, visti alla sezione precedente, che stabiliscono che queste restino costanti nel tempo. Queste variazioni sono casuali e quindi non hanno una direzione prevedibile. In altre parole, ad ogni generazione la variazione può determinare un incremento o un decremento di un determinato allele in modo casuale, a differenza di quanto avverrebbe in presenza di una selezione che premi l'incremento di un allele favorevole piuttosto che il suo decremento. Inoltre, per ragioni puramente statistiche, quando questa variazione casuale porta le frequenze ad allontanarsi dal punto di massima eterozigosi e ad

avvicinarsi ai cosiddetti punti trappola, la discesa sarà per così dire mediamente più facile rispetto ad una risalita verso la massima eterozigosi. Insomma, coi tempi generazionali necessari e con tutte le oscillazioni possibili, si arriverà ad una progressiva riduzione dell'eterozigosi fino alla sua definitiva scomparsa per quel gene. I tempi necessari affinché questo avvenga sono, come è logico, tanto più rapidi quanto più ridotto è il numero degli animali.

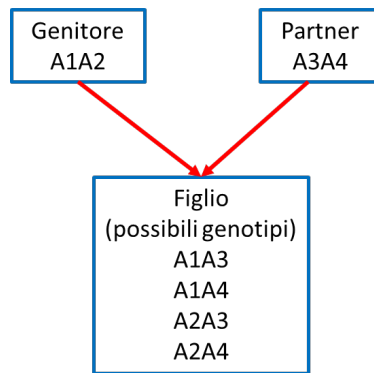
Facciamo un esempio con la nostra solita popolazione di cavalli che ora ipotizziamo sia di piccole dimensioni e composta da soli 100 (N) animali. In questa popolazione la frequenza dell'allele A è 0,7 (p) e quella di a 0,3 (q). Avremo quindi 49 cavalli di genotipo AA (p^2N), 42 Aa ($2pqN$) e 9 aa (q^2N). Ora, assumendo che la numerosità rimanga stabile nel tempo, avremo ancora 100 cavalli nella prossima generazione: non siamo quindi in presenza né di una riduzione numerica né di un collo di bottiglia. Questi nuovi nati però, potrebbero non rispecchiare esattamente la proporzione di genotipi dei loro genitori (49 AA , 42 Aa e 9 aa), ma essere, per esempio, 55 AA , 40 Aa e 5 aa . Insomma i riproduttori che hanno casualmente passato i loro geni alla generazione seguente hanno trasmesso 200 alleli di cui 150 A e 50 a . Le frequenze alleliche sono quindi variate in una sola generazione in modo sensibile, la frequenza di A è salita da 0,7 a 0,75 con analogo discesa di quella di a da 0,3 a 0,25. In conseguenza di questa variazione casuale l'eterozigosi è diminuita passando da 0,42 a 0,375, con un corrispondente aumento dell'omozigosi da 0,58 a 0,625.

In questo modo, a partire dal secondo dopoguerra, la progressiva riduzione numerica avvenuta in molte razze che popolavano la penisola ha portato, se non all'estinzione della razza, che pure in molti casi si è verificata, all'estinzione di alleli magari unici in razze peraltro sopravvissute, ma geneticamente impoverite. Ma anche senza arrivare all'estinzione di alleli, la deriva genetica comporta comunque un aumento di omozigosi in conseguenza della perdita di eterozigosi. Le due condizioni, omozigosi ed eterozigosi sono infatti a somma uno: se cresce una, diminuisce l'altra. Per un approfondimento più tecnico si consulti su questo argomento l'appendice 2.

2.5 Parentela e consanguineità

Un'altra potente causa di aumento dell'omozigosi è l'accoppiamento di individui parenti, fatto che ci costringe ad entrare in qualche dettaglio circa il significato di parentela e in quello di consanguineità. Possiamo già dire subito che la consanguineità è prodotta dall'accoppiamento di individui parenti, una condizione che può verificarsi quasi di necessità se i partner con cui un individuo può accoppiarsi non sono tanti. Dobbiamo però andare con ordine e definire *in primis* la parentela. I parenti sono individui che condividono dei geni a causa del fatto che hanno qualche antenato in comune, più o meno addietro nel loro pedigree (l'albero genealogico degli animali), antenato dal quale possono

aver ricevuto un gene che, per l'appunto, hanno in comune. Naturalmente può anche essere che uno sia l'antenato dell'altro come ad esempio capita tra genitore e figlio. Ragionando in termini umani noi possiamo definire parenti anche cognati e suoceri, ma è evidente che in questi casi non vi è una condivisione di geni, quindi questo tipo di parentela potrà avere rilevanza in termini legali, ma certamente non in termini genetici. Per la genetica la parentela è definita dalla probabilità di condividere uno stesso gene. Facciamo un esempio semplice. Proviamo a tracciare il percorso dei geni che collegano un figlio al suo genitore e al partner con cui questo si è accoppiato. Immaginiamo un gene (A) con quattro forme alleliche distinte (A1, A2, A3, A4) che ci permettono di riconoscere con esattezza tutti i percorsi.

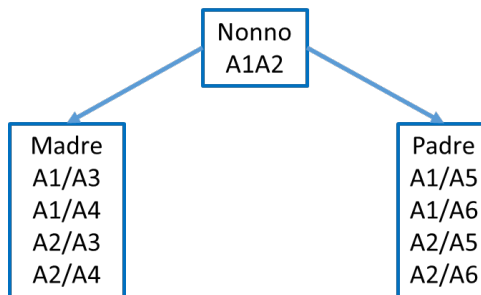


Proviamo ora fare una estrazione a caso, sempre nel gene A, pescando un allele nel genitore e uno nel figlio. Supponiamo di pescare A1. La probabilità di pescare A1 nel genitore è $\frac{1}{2}$ e la probabilità di pescare lo stesso A1 nel figlio è due ottavi, ovvero $\frac{1}{4}$. Quindi, facendo un'estrazione a caso al gene A nel genotipo di genitore e figlio, la probabilità di pescare simultaneamente A1 è pari a $\frac{1}{8}$ ($= \frac{1}{2} \times \frac{1}{4}$). Analogamente avremo identica probabilità di $\frac{1}{8}$ di pescare simultaneamente A2 da genitore e figlio. Quindi avremo $2 \times \frac{1}{8} = \frac{1}{4}$ di probabilità che, facendo un'estrazione a caso nei due genotipi di genitore e figlio, si peschi lo stesso gene identico che questi due individui condividono a causa della loro parentela. Però questa è la situazione che troviamo facendo una sola estrazione, ma i due individui sono diploidi e non aploidi. Quindi per avere una misura della probabilità di geni identici condivisi da genitore e figlio dovremo ripetere una seconda volta l'estrazione, ovviamente con identico risultato. Quindi questo $\frac{1}{4}$ deve essere moltiplicato per due. Ed ecco calcolata la parentela tra un genitore e un figlio: 0,5. E in effetti il genoma diploide di un figlio è costituito per metà dai geni forniti dal padre e per metà da quelli forniti dalla madre, quindi non ci voleva certo tutto questo complesso dissertare di probabilità per arrivare alla conclusione che genitore e figlio condividono metà dei loro geni. La parentela

tra genitore e figlio è quindi il doppio di una probabilità. Tecnicamente questa viene definita parentela additiva e può assumere valori compresi tra zero e due. Ma la situazione non è sempre così semplice, come si può facilmente intuire.

Con regole molto più semplici di quelle viste qui sopra, possono essere calcolate anche le parentele più contorte in cui gli antenati in comune siano molti, vicini e lontani nel tempo e magari raggiungibili anche attraverso percorsi multipli e tortuosi. Negli animali domestici alcune parentele di base sono facili da ricordare e rispecchiano la struttura familiare tipica delle diverse specie. In alcune specie come cani, gatti, suini o conigli, dall'accoppiamento tra una femmina e un maschio discende un gruppo di “fratelli pieni”, che hanno cioè stesso padre e stessa madre. La parentela tra i suinetti che una scrofa allatta è, in questo caso, 0,5 come quella tra genitore e figlio. Si tratta di specie che partoriscono simultaneamente tanti piccoli, ma, beninteso, alla prossima occasione possono accoppiarsi con un partner diverso. Nei ruminanti (bovini, ovini, caprini ed altri) il parto porta generalmente alla nascita di un solo figlio, più raramente dei gemelli, e quindi avremo frequentemente delle famiglie di “mezzi fratelli”, ossia individui che hanno un padre in comune, ma madri diverse (i maschi fecondano numerose femmine). In questo caso la parentela tra i mezzi fratelli è 0,25. Insomma la complessità delle genealogie negli animali può anche essere davvero grande e gli allevatori appassionati hanno spesso una vocazione che può essere paragonata ad una forma di tifo sportivo per questo tipo di araldica. Conoscono per nome tori e stalloni e sanno spesso declinare ascendenze e discendenze di ognuno con tutte le possibili diramazioni laterali.

Ma per tornare al filo del nostro discorso, veniamo a come l'accoppiamento tra individui parenti possa generare un aumento di omozigosi. In questi accoppiamenti tra parenti la presenza di copie di uno stesso allele provenienti da un antenato comune in entrambi i genitori, determina, con una certa probabilità, l'omozigosi per quell'allele nella progenie. Per chiarire il punto con un esempio estremo, immaginiamo la possibile progenie che origina dall'accoppiamento tra due mezzi fratelli come rappresentata nello schema seguente.



Abbiamo un nonno con genotipo A1A2 che ha prodotto, da due madri diverse (non indicate nello schema), un figlio e una figlia (indicati nello schema come madre e padre). L'accoppiamento tra questi due mezzi fratelli genera una progenie con i possibili genotipi tabellati come segue (in testa alle colonne gli alleli di origine materna e in testa alle righe quelli paterni).

	A1	A2	A3	A4
A1	A1A1	A1A2	A1A3	A1A4
A2	A2A1	A2A2	A2A3	A2A4
A5	A5A1	A5A2	A5A3	A5A4
A6	A6A1	A6A2	A6A3	A6A4

Si tratta di un accoppiamento incestuoso che negli umani sarebbe impensabile (anche se i Faraoni egiziani ricorrevano talvolta a questi estremi per ragioni dinastiche), ma che negli animali, seppure evitato, non desta altrettanto scandalo. Come si vede dalla tabella, due delle 16 possibili combinazioni manifestano genotipi omozigoti per uno o l'altro dei due alleli del nonno. Due sedicesimi, pari a $\frac{1}{8}$, corrisponde a metà della parentela tra i due genitori che, essendo mezzi fratelli hanno parentela pari a $\frac{1}{4}$.

Possiamo a questo punto definire in simboli quanto esposto. Per la parentela additiva tra due individui, che in termini generali definiamo individuo i e individuo j , si utilizza a_{ij} . Possiamo quindi indicare la parentela tra mezzi fratelli come $a_{ij} = 0,25$. Per la consanguineità di un individuo che esprime la probabilità di omozigosi in conseguenza della parentela tra i suoi genitori, si utilizza il simbolo F_k dove, nel nostro caso, k è figlio di i e j . Questa semplice simbologia ci aiuta a definire il rapporto fondamentale che lega la parentela dei genitori alla consanguineità del figlio, cioè:

$$F_k = \frac{a_{ij}}{2}$$

Gli accoppiamenti tra parenti stretti, salvo necessità estreme, vengono evitati negli animali domestici, come negli umani⁴, per la accresciuta probabilità che in conseguenza di tali incroci possano nascere individui con patologie o malfunzioni indesiderabili. Infatti, se ad esempio A2 fosse un allele codificante per una

4 Le famiglie dell'aristocrazia europea sono un buon esempio di genealogie intricate in cui la necessità di non inquinare la nobiltà del casato con matrimoni di stirpe non nobile costringeva spesso ad unioni tra cugini o parenti più o meno stretti. Da questi accoppiamenti nascevano spesso degli infelici oppure non nascevano affatto discendenti perché molte forme di eredità patologica sono incompatibili con lo sviluppo embrionale di un nuovo nato. Nelle culture primitive la nascita di questi sfortunati individui poteva facilmente essere interpretata come la punizione della divinità per la violazione di una legge inviolabile, un tabù.

di queste malfunzioni, la sgradita conseguenza che ne deriverebbe apparirebbe solo in presenza di una condizione omozigote di questo gene: A2 sarebbe quindi recessivo. Nonno e genitori, che portavano il gene in forma eterozigote, compensavano con l'allele omologo, perfettamente funzionante, l'inconveniente di essere dei "portatori sani" della patologia. Qui si vede bene quella forma di assicurazione che abbiamo visto più sopra per cui il gene "buono" che funziona regolarmente assicura una vita normale al portatore del gene "cattivo", mostrando di esprimere quella utile dominanza sulla forma recessiva "cattiva". Ma la dominanza consiste semplicemente nel fatto che l'allele dominante funziona regolarmente e impedisce quindi alla forma recessiva di esprimersi nel fenotipo. Nel termine dominanza non c'è quindi alcuna implicazione di aggressiva superiorità.

Le popolazioni di animali domestici che hanno sperimentato o stanno tuttora sperimentando una riduzione numerica per le vicende che abbiamo raccontato nel capitolo 1, vanno incontro quindi, ad un aumento della omozigosi sia come conseguenza della maggiore deriva genetica rispetto alla loro precedente condizione di popolazione di vasta numerosità, e ad un incremento di consanguineità a causa dell'accoppiamento tra parenti che si rende necessario sempre per il ridotto numero dei candidati alla riproduzione. Questo incremento di consanguineità (ΔF) può essere previsto, calcolato e controllato e costituisce un pilastro fondamentale nella gestione genetica di piccole popolazioni. L'argomento è della massima importanza e verrà trattato estesamente nel capitolo 5. Ma qui, dopo aver posto le basi dei concetti di frequenza genica e di parentela, procediamo a un nuovo importante approfondimento proprio relativo alla relazione che lega questi due concetti.

L'aumento di consanguineità produce a ogni generazione un incremento dei genotipi omozigoti, a scapito di quelli eterozigoti. Questa perdita di eterozigosi, che è direttamente proporzionale ad F , determina la progressiva rarefazione di questi genotipi fino alla loro teorica scomparsa quando la consanguineità raggiunge il suo valore massimo di 1. L'aumento dei genotipi omozigoti e la riduzione di quelli eterozigoti possono essere quindi utilizzate per stimare F a partire anche da un solo gene in cui si osservi uno scostamento dai valori attesi in condizione di HWE. Un fatto importante però è che, sebbene le frequenze dei genotipi cambino per effetto della consanguineità, le frequenze alleliche restano invariate. L'appendice 3 fornisce qualche ulteriore dettaglio, assieme ad un semplice esempio numerico. L'aumento dell'omozigosi in una qualsiasi popolazione è sempre temuto dagli allevatori perché produce di norma tre effetti indesiderabili:

- A. facilita la comparsa di fenotipi indesiderati determinati da forme alleliche recessive, sempre presenti nella popolazione (il cosiddetto carico genetico) ma che passano inosservate perché spesso in forma eterozigote e quindi

- veicolate da individui portatori sani, mentre in forma omozigote si manifestano nel fenotipo;
- B. determina una perdita di variabilità genetica (diminuzione di $2pq$);
 - C. produce un certo grado di depressione da consanguineità che abbassa la media di tutti i caratteri; soprattutto, ma non solo, quelli legati alla sfera riproduttiva. Vedremo nel dettaglio questo aspetto alla fine di questo capitolo, alla sezione 2.10.

2.6 L'indice genetico

La preoccupazione fondamentale di ogni allevatore è naturalmente quella di far quadrare il bilancio, quindi minimizzare le spese e massimizzare gli incassi. La spesa principale in un allevamento intensivo è oggi l'alimentazione del bestiame, alimentazione che deve soddisfare correttamente i fabbisogni degli animali mantenendoli in salute, condizione necessaria per una produzione sana e abbondante di latte e carne. Oltre che alla alimentazione, un allevatore avveduto guarda con attenzione alla genetica perché sa che, da questo punto di vista, gli animali non sono tutti uguali. Qui naturalmente intendiamo le diversità genetiche tra animali, se parliamo di bovini, per la loro attitudine a produrre più o meno latte, a produrre un latte più o meno ricco di proteina e grasso, a mostrare quella correttezza e robustezza morfologica che annuncia una vita produttiva lunga e sana. Lo stesso vale naturalmente anche per i suini che devono avere le giuste caratteristiche per dare tagli magri e coperture di grasso coerenti con la vocazione produttiva della specie. E qui entra in gioco l'indice genetico: un indicatore, un numero, calcolato per ogni animale, che permette di fare delle scelte utilizzando i riproduttori con l'indice più alto. L'indice genetico è materia molto "matematica" e complessa, e qui ne parleremo senza addentrarci troppo nell'aspetto tecnico, anche perché il panorama su questo argomento si è evoluto in maniera rapidissima, soprattutto negli ultimi quindici anni, cambiando radicalmente uno scenario che sembrava ormai immutabilmente cristallizzato alla fine dello scorso secolo.

Un indice genetico è un indicatore della bontà dei geni che un animale possiede e che quindi può trasmettere ai suoi figli. Normalmente viene calcolato per un particolare carattere, come ad esempio la produzione di latte. Ci saranno quindi animali con un indice positivo e altri con un indice negativo perché spesso l'indice viene misurato come deviazione da uno zero centrale. Ad esempio, una bovina potrebbe avere un indice genetico per il latte di +400 kg. Significa che i molti geni che controllano la produzione di latte, i cui alleli possono avere effetti positivi o negativi sulla produzione, hanno in quella bovina, come somma, un effetto totale di 400 kg di latte in più rispetto ad un valore medio di riferimento posto pari a zero. Insomma, la produzione di latte non è uguale per tutte le bovine e questa, dal punto di vista dei geni che porta, è un'ottima

vacca perché la sua produzione di latte dipende, certamente dal fatto che viene alimentata in modo corretto dall'allevatore, ma altrettanto certamente dalla sua dotazione genetica. L'aspetto importante dell'indice genetico è di consentire, sulla base della quantità di latte che la bovina produce, ossia dal fenotipo, di calcolare l'effetto di quei geni, separandolo dall'effetto dell'alimentazione e delle altre condizioni ambientali che comunque influiscono sul fenotipo. Oltre agli effetti ambientali, l'indice tiene conto anche dello stesso fenotipo misurato su altri animali imparentati con quello da indicizzare. Come abbiamo visto, infatti, la parentela quantifica la condivisione di geni identici e determina una somiglianza tra animali. Somiglianza utile ad ottenere una migliore stima del merito genetico di ogni individuo. Perché, come il colore del mantello, anche la produzione di latte è un fenotipo e come tale è soggetta alla stessa regola che abbiamo visto prima: $P = G + E$. Insomma, noi misuriamo il fenotipo (P) e quindi determiniamo quanto latte quella bovina produce, poi con calcoli spesso molto complessi, scorporiamo da P la parte G e la parte E. La parte G rappresenta proprio l'insieme degli effetti genetici che agiscono su P e costituisce il merito genetico di quell'animale per il fenotipo che abbiamo misurato. Ad essere onesti, questo G non riusciamo a calcolarlo in modo esatto, ma siamo comunque in grado di farcene un'idea, che può essere, in qualche caso, anche molto precisa. Non possiamo cioè calcolarlo, ma possiamo stimarlo, e infatti viene spesso indicato come EBV, *Estimated Breeding Value*, valore riproduttivo stimato. Il valore stimato di G costituisce esattamente l'indice genetico che ci serve per scegliere gli animali migliori, per fare cioè la selezione. Stima che funziona anche piuttosto bene, visto che la vacca Olandese, arrivata in Italia più di cento anni fa, è passata dal produrre in media 30 quintali di latte in una lattazione al produrne più di 100 ai nostri giorni. A differenza del colore del mantello, di cui si è detto più sopra, i caratteri quantitativi come la produzione del latte risentono in maniera marcata dell'effetto dell'ambiente (E), effetto che crea una sorta di nebbia che è necessario dipanare per poter scorgere il valore del G sottostante. Insomma, mentre il colore è una qualità che l'ambiente non riesce quasi per nulla a mascherare, le produzioni in generale sono delle quantità su cui molti geni convergono e su cui l'ambiente ha larga influenza. Proprio per questo, per i caratteri quantitativi è necessario utilizzare un indice genetico che disambigui i fattori in campo e metta in luce il merito genetico.

La selezione fatta utilizzando gli indici genetici, scegliendo e utilizzando cioè come riproduttori i soggetti che hanno un indice elevato, viene indicata come *selezione per gli effetti additivi*. Si tratta di una selezione che, attraverso gli indici genetici, accumula nelle generazioni future gli effetti favorevoli che appunto si addizionano, per così dire, nel genoma della popolazione rendendola più coerente con gli obiettivi della selezione. Questo tipo di selezione è largamente praticata in tutte le razze allevate, con i vantaggi e i limiti legati alle condizioni riproduttive e biologiche di ogni specie. Anche nei suini viene praticata entro razza una

puntuale selezione per gli effetti additivi, cui si affianca la pratica dell'incrocio tra razze diverse per valorizzare quei fenomeni di eterosi che abbiamo visto più sopra.

L'indice genetico di un individuo è quindi la stima del suo BV (*Breeding Value*), ossia il suo *Estimated Breeding Value* (EBV). Per calcolarlo abbiamo bisogno delle misure fenotipiche rilevate sugli individui. Questo richiede costosi interventi in allevamento per operare tutte le misurazioni necessarie sugli animali e si rende anche necessaria l'attesa che questi fenotipi si esprimano e siano quindi misurabili.

In tempi recenti, all'indice genetico si è affiancato l'indice genomico (GBV) che non richiede le misure fenotipiche e che quindi può essere calcolato con molto anticipo rispetto all'indice genetico (prima che gli animali producano un fenotipo). Questo approccio si è diffuso grazie alla messa a punto di tecniche economiche di genotipizzazione di decine o anche centinaia di migliaia di marcatori genetici distribuiti nell'intero genoma. Il calcolo di un indice genomico però richiede preliminarmente che si disponga di una popolazione fornita sia di fenotipi che di genotipi (popolazione di *training*). Questa popolazione serve per stimare, con metodi statistici anche molto sofisticati, gli effetti genetici ad ogni marcatore genotipizzato.

2.7 Variabilità fenotipica, genetica ed ereditabilità

Per tornare alla produzione di latte delle vacche di oggi, che, come si è detto, è molto elevata, supponendo 90 quintali in una lattazione, non si deve credere che ciascuna vacca produca la stessa quantità⁵ di latte delle altre, esiste una variabilità intorno a questa media e si tratta di quella variabilità fenotipica che abbiamo già incontrato. Ma, come abbiamo visto, nascosta in quella variabilità fenotipica c'è una variabilità genetica e una variabilità ambientale, sempre in riferimento a quella semplice equazione che dice: $V(P) = V(G) + V(E)$. Abbiamo già parlato di questi aspetti, ma qui possiamo fare un passo in più e quantificare meglio queste variabilità e, come al solito, per capirci meglio, lo facciamo con un esempio. Per prima cosa sostituiamo il termine variabilità, il cui significato è

5 Per dare un'idea concreta del significato di questi numeri, una bovina di oggi può arrivare a pesare anche 5 o 6 quintali, mentre le vecchie razzette locali da latte erano molto più leggere. Novanta quintali di latte (15 o 20 volte il peso di una bovina) sono la quantità prodotta in circa 10 mesi di lattazione con una media giornaliera di circa 30 – 35 kg. Queste produzioni straordinarie danno con chiarezza l'idea di come questi animali, curati e nutriti con mille attenzioni, vivano in una condizione di fatica e stress permanenti che ne accorciano certamente la vita. Sebbene si tratti indubbiamente di una innaturale forzatura del metabolismo di questa specie straordinaria, non dobbiamo dimenticare che queste elevatissime produzioni contribuiscono a garantire la sicurezza alimentare di una popolazione umana che, nel 2023, ha raggiunto 8 miliardi di individui.

chiaro a tutti, col termine varianza, che misura in maniera matematica la variabilità, con una precisa formula calcolabile a partire dai dati numerici disponibili. Così la varianza fenotipica $V(P)$ si può calcolare facilmente dai dati produttivi degli animali. Avendo a disposizione un nutrito campione di osservazioni sulla produzione di latte rilasciato in una lattazione e misurato in quintali, potremmo calcolare la varianza fenotipica che risulterebbe all'incirca 100. Ma qui bisogna fare attenzione perché le varianze sono grandezze al quadrato, quindi è come dire 100 quintali al quadrato, valore che sembra francamente assurdo. Ma possiamo rimediare subito a questa stranezza facendo la radice quadrata della varianza e tornando quindi alla familiare scala dei quintali puri e semplici. La radice della varianza si chiama deviazione standard (DS) e qui è evidentemente 10 q.li. La DS misura la variabilità delle produzioni sulla stessa loro scala e spesso viene associata alla media con un simbolo "più o meno". Quindi possiamo scrivere, con quella simbologia concisa che è propria del linguaggio scientifico, che la produzione di latte delle bovine in quintali è 90 ± 10 : cioè media \pm DS.

Torniamo però alle varianze. Mentre possiamo calcolare facilmente la varianza fenotipica a partire dai dati fenotipici, con metodi più complessi e disponendo delle parentele tra gli animali, possiamo anche calcolare la varianza genetica $V(G)$. Nel caso della produzione di latte bovino questi calcoli sono stati fatti un'infinità di volte e, possiamo dire che la $V(G)$ è pari a 25 q.li² circa e, di conseguenza, $V(E) = 75$ q.li². Qui si vede molto bene che la variabilità ambientale, misurata da $V(E)$, è preponderante rispetto a quella genetica e quindi per ogni singolo animale la componente G risulterà notevolmente mascherata da E . Proprio per fare fronte alle ambiguità nell'interpretazione dei dati, entra in gioco l'indice di selezione per individuare G senza farsi fuorviare da E .

Siamo ora pronti ad introdurre un parametro genetico fondamentale: l'ereditabilità. Un coefficiente che misura, su una scala percentuale da uno a cento, quanto facilmente un certo carattere viene trasmesso da una generazione alla successiva.

$$h^2 = \frac{V(G)}{V(P)}$$

Il simbolo per l'ereditabilità è h perché, al solito, si basa sull'inglese *heritability*. Il simbolo è al quadrato perché è un rapporto tra varianze che sono grandezze al quadrato. Il rapporto dice quanta parte della variabilità fenotipica tra animali è spiegata dalla variabilità genetica tra gli stessi. Se il rapporto è alto, l'ambiente pesa poco e il carattere si eredita con facilità; se è basso l'ambiente pesa molto e il carattere si eredita con difficoltà, ostacolando una facile e veloce selezione. Per gli animali domestici, e non solo, la variabilità genetica è un parametro cruciale. Senza $V(G)$ gli animali sono tutti geneticamente identici e potranno vedersi delle differenze solo se causate da effetti ambientali. In queste condizioni non ha senso cimentarsi in alcuna forma di selezione e anche la conservazione

perde ogni significato. Animali identici sarebbero come dei cloni prodotti con lo stampino, esattamente come un vivaista riproduce una pianta di interesse ricavandone mille identiche talee. Ma gli animali non hanno questa forma di riproduzione, si moltiplicano mediante riproduzione sessuata che, attraverso la meiosi dei gameti maschili e femminili, mantiene viva e vegeta la variabilità genetica.

Ritorniamo, a questo punto, all'indice di selezione che, come abbiamo detto, è una stima dello sconosciuto G di ogni animale. Questo G (che si chiama anche valore genetico additivo o valore riproduttivo) è dato dalla somma degli effetti dei molti e sconosciuti geni che esercitano il loro effetto sul carattere che ci interessa. Alcuni geni avranno effetti più forti, altri effetti più sfumati, e ciascuno di questi geni avrà poi alleli con frequenze diverse. Il fatto che, nel concreto, si sappia poco o nulla di quanti siano questi geni, dove si trovino, in quale cromosoma e in che punto di esso, come esercitino il loro effetto, quale sia la dimensione dell'effetto che determinano sul carattere che ci interessa, del fatto cioè che questo G sia in sostanza una scatola nera all'interno della quale non si riesca a scorgere (allo stato attuale delle conoscenze) quasi nulla, non costituisce realmente un problema.

Insomma, mentre la genetica è fatto concreto e assolutamente scientifico, l'interpretazione che noi diamo della variabilità di caratteri complessi come la produzione di latte, e mille altri, è basata su un modello, chiamato appunto modello genetico infinitesimale, che ha compiuto da poco un secolo di vita. Di solito, in ambito scientifico, i modelli sono utili strumenti di indagine e generano un avanzamento delle conoscenze che inevitabilmente portano a scoperte che mettono in crisi il modello di partenza per proporre uno nuovo, meglio capace di interpretare la realtà. Il modello infinitesimale regge invece benissimo gli anni ed è anzi il responsabile dello straordinario miglioramento genetico che nell'ultimo secolo ha caratterizzato le produzioni di tutte le specie e razze domestiche che a tale modello hanno fatto ricorso. Gli appassionati che volessero approfondire qualche concetto ulteriore del modello genetico infinitesimale possono cimentarsi con l'Appendice 4. Per gli aspetti che stiamo qui esplorando il punto focale è proprio l'effetto che ogni singolo gene esercita sul carattere che ci interessa. Questo effetto, a volte grande e a volte piccolo, ha un nome e si chiama "effetto di sostituzione genica" e, naturalmente, ha anche un simbolo: la lettera greca alfa (α). Non è qui il caso di addentrarci in ragionamenti sofisticati, ma un dettaglio è importante: ogni gene che agisce su un carattere ha il suo α , il suo p e il suo q (le frequenze dei suoi alleli) e dà il suo piccolo contributo alla variabilità genetica di quel carattere proprio in funzione di p , q e α secondo la semplice formula seguente.

$$V(G) = \sum 2pq\alpha^2$$

La varianza genetica totale di un carattere complesso come la produzione di latte, ad esempio quei 25 q.li² che abbiamo visto sopra, sarà quindi data dalla somma di tutti i $2pq\alpha^2$ relativi ad ogni gene implicato. Ed ecco che magicamente ricompare di nuovo quel $2pq$ che, parlando della variabilità ad un singolo gene, abbiamo visto essere l'indicatore fondamentale della sua presenza e della sua grandezza: $2pq$ è quindi la misura della variabilità genetica

2.8 Selezione e progresso genetico

L'uso dell'indice di selezione permette di utilizzare come riproduttori animali che, con buona probabilità, lasceranno ai loro figli i geni, o per meglio dire, gli alleli, portatori di robustezza, produttività e salute negli animali. Quando usiamo il termine riproduttore facciamo riferimento proprio a questo: un animale che lascia discendenti nella generazione successiva. Naturalmente tutti o quasi gli animali di un allevamento si riproducono perché la riproduzione sta alla base della produzione, ma un conto è produrre un vitello qualsiasi per avere una lattazione conseguente al suo parto, un conto è produrre un vitello destinato ad essere allevato per diventare padre di future generazioni, un toro. L'uso di riproduttori selezionati genera quindi quello che viene chiamato miglioramento genetico, consistente in un progressivo incremento della media produttiva degli animali relativamente ai caratteri di cui l'indice tiene conto. Quasi sempre l'indice non migliora solo una singola caratteristica fenotipica, come i kg di latte prodotti in una lattazione, come abbiamo visto nell'esempio di cui abbiamo fatto uso, ma migliora una molteplicità di caratteri, che vengono aggregati con vari criteri di ponderazione in un indicatore unico. Così, per i bovini da latte si selezionano innanzitutto gli animali migliori per la produzione di latte, ma poi anche per la qualità in termini di grasso e proteina contenute nel latte, per la corretta morfologia funzionale presidio di una vita lunga e sana dell'animale, per la solidità di arti che permettano alla bovina di muoversi in sicurezza e con un apparato mammario robusto, capace di produrre molto latte, con mammelle ben adattabili alle macchine oggi in uso per la mungitura. Si capisce quanto possa essere complesso mettere a punto tutte le procedure per misurare in modo standard questi caratteri, per gestirli in un archivio informatico, per elaborarli in un indice di selezione e, infine, per spiegare e divulgare il tutto agli allevatori interessati incoraggiandoli ad utilizzare questo strumento nel loro allevamento. Ma il risultato di tutto questo, e di altro di cui parleremo nel seguito, è garantire reddito degli allevatori conseguente all'incremento della media produttiva. Incremento produttivo dovuto, in soldoni, alla superiorità genetica degli animali della generazione attuale rispetto a quelli della generazione precedente. La misura della differenza produttiva, dovuta solo a fattori genetici, tra gli animali di oggi rispetto a quelli di ieri si chiama ΔG e descrive la risposta alla selezione, detta anche progresso genetico, ottenuta attraverso la scelta dei

migliori riproduttori. Questo ΔG è tanto più favorevole quanto più intensa è la selezione. La media della popolazione cioè crescerà tanto più in fretta quanto più efficacemente troveremo i pochi migliori riproduttori e li utilizzeremo con generosità su tutta la popolazione. E naturalmente qui occorre parlare dei tori che sono i massimi responsabili nei bovini da latte della spettacolare risposta alla selezione che stiamo osservando da quasi cent'anni a questa parte.

Dei tori e di come siano praticamente scomparsi dagli allevamenti con la diffusione capillare della FA abbiamo già detto. Attraverso la FA un toro può produrre migliaia di dosi di seme che si conservano egregiamente in sottili paillettes da 0,25 o 0,50 ml a $-196\text{ }^{\circ}\text{C}$ in azoto liquido, anche per decenni, senza perdere praticamente nulla della vitalità degli spermatozoi contenuti. Con una sola di queste paillette è possibile inseminare una bovina e, se l'operazione è fatta da mano esperta, al momento giusto e in una bovina fertile, se ne può ottenere la fecondazione e la conseguente gravidanza. Operatività che funziona senza intoppi nei bovini; l'allevatore non ha la necessità di mantenere in stalla un toro con l'impegno che questo comporta, ma deve solo avere un bidone pieno di azoto liquido con le paillettes che gli servono per fecondare le sue bovine man mano che arrivano al calore. Sfortunatamente, per gli ovini e i caprini le cose sono molto più complicate e questo rende queste due specie meno fortunate dal punto di vista del miglioramento genetico. Tuttavia, affinché il miglioramento genetico si realizzi non basta prendere un toro qualsiasi e fargli produrre migliaia di paillettes. Bisogna che il toro sia fornito di un indice di selezione molto alto in modo che tutte le figlie che nasceranno da quelle paillettes esprimano i buoni geni ricevuti dal padre. È chiaro quindi che se la FA viene utilizzata in maniera estensiva su tutta la popolazione, saranno sufficienti pochi tori con un eccellente indice di selezione per fecondare tutte le bovine disponibili. Un tale modo di operare determina una selezione molto intensa e genera un ΔG assolutamente favorevole.

Però, c'è un però.

2.9 Selezione e consanguineità

I pochi tori che vengono utilizzati in FA nella maniera descritta genereranno gruppi di figlie e figli mezzi fratelli che, secondo una spirale di parentele crescenti, determineranno, non nell'immediato, ma in pochi passaggi generazionali, un inevitabile aumento della parentela e, conseguentemente, della consanguineità nella popolazione, ossia si verificherà quel fastidioso ΔF di cui abbiamo già detto in precedenza. Insomma, la selezione, che sceglie i pochi migliori riproduttori per generare un favorevole e apprezzabile miglioramento genetico, produce inevitabilmente uno speculare incremento di consanguineità, tanto maggiore quanto più intensa è la selezione. Si tratta di un problema che, quando la popolazione è molto ampia, e soprattutto quando la FA ha una diffusione limitata,

può essere ragionevolmente trascurato, come in effetti è stato per decenni. Ma col passare del tempo le tecniche di calcolo dell'indice di selezione si sono fatte più sofisticate e, considerato che è sempre il migliore a generare il migliore, è successo che i tori in uso in FA, lungi dall'essere presi a caso nella popolazione, fossero strettamente imparentati, spesso cugini, fratelli. A questa forte parentela tra i tori si accompagna una quasi altrettanto forte parentela tra le vacche, col risultato che, anche nelle popolazioni con numerosità molto ampie, il problema del ΔF ha iniziato a presentarsi in maniera insidiosa. Se poi la diffusione della FA diventa completa, davvero non c'è più molto spazio per frenare l'incremento di consanguineità perfino in popolazioni che hanno una diffusione planetaria e numerosità che, all'apparenza, dovrebbe garantire una certa sicurezza. Se la situazione è questa per le razze cosmopolite, possiamo immaginare facilmente come possa essere rischiosa per piccole razze di poche migliaia di capi. È necessario avere delle visioni strategiche e operare con lucidità per rimediare prima che sia troppo tardi a situazioni striscianti di erosione della variabilità genetica.

A questo punto dovrebbe essere chiaro che, se si è in presenza di una piccola popolazione, una razza di poche centinaia o anche poche migliaia di capi, è necessario rinunciare in partenza a puntare tutto su una selezione potente che cerchi di massimizzare il ΔG ignorando le conseguenze che questo modo di operare determina sulla consanguineità. Tale strategia sarebbe di corto respiro: avremmo risultati lusinghieri nel breve termine, ma andremmo incontro ad amare delusioni nel lungo periodo. D'altra parte, puntare su un'intensa selezione è di sicuro una strategia attraente per gli allevatori che vedono bene come il progresso genetico determini un incremento del loro ritorno economico. Se invece, consapevoli dei rischi di aumento di omozigosi e quindi di perdita di variabilità che abbiamo visto, gli allevatori puntassero con altrettanta determinazione nella direzione opposta e si convincessero a preservare questa variabilità genetica rinunciando a fare selezione e quindi a qualsiasi beneficio economico dall'allevamento, il rischio potrebbe essere paradossalmente altrettanto grave. Infatti, un allevamento che non dà reddito è un allevamento destinato a morire. Il modo più sicuro di garantire un futuro ad una piccola razza è proprio quello di promuovere il consumo dei suoi prodotti derivati, carne o latte che siano. Solo con un mercato dove questi prodotti sono apprezzati e richiesti, gli allevatori trarranno un reddito sicuro e continuativo dagli animali che allevano e cercheranno un ragionevole compromesso tra una selezione che migliori il loro reddito di impresa e una attenzione verso la conservazione della variabilità genetica della loro razza che garantisca nel tempo le caratteristiche che la rendono così apprezzabile. Insomma, il problema della conservazione delle razze domestiche, come spesso avviene, è un problema di compromesso. Qui il compromesso da trovare è tra ΔG e ΔF . E su questo la genetica può dare sicuramente il suo contributo, ma poi sono necessari altri ingredienti che vedremo nel seguito e che rappresentano forse la vera sfida nella salvaguardia delle razze domestiche.

Su questa scala di compromesso tra ΔG e ΔF non esiste una soluzione univoca che valga per tutte le situazioni, quanto piuttosto una scala di sfumature. Ogni realtà ha la sua specificità e dovrebbe essere valutata con l'attenzione e con la flessibilità necessaria a correggere prontamente il tiro in relazione al mutare delle condizioni. Vedere solo bianco o nero non fa bene alla conservazione genetica delle nostre razze domestiche.

2.10 Depressione da consanguineità ed eterosi

Prima di concludere questo capitolo dobbiamo ritornare, alla luce dei concetti che abbiamo visto, sul fenomeno della eterosi di cui abbiamo parlato alla fine del capitolo 1. L'eterosi è in qualche modo l'aspetto specularmente opposto della depressione da consanguineità, fenomeno che nasce da quell'aumento dei genotipi omozigoti che abbiamo visto alla fine della sezione 2.5. Per comprendere la depressione da consanguineità e l'eterosi è necessario associare a ciascun genotipo un valore fenotipico. Dobbiamo cioè immaginare che il gene, di cui stiamo studiando le frequenze genotipiche, abbia anche un effetto di qualche natura su un dato fenotipo. Ad esempio, possiamo immaginare che le scrofe con genotipo supponiamo AA partoriscono più suinetti, quelle BB ne partoriscono di meno, e quelle eterozigoti AB un numero intermedio. Ora, l'aumento dei due genotipi omozigoti, che possiamo immaginare abbiano effetti simmetrici e opposti sulla media del carattere, non dovrebbe determinare alcuna variazione sulla media del carattere (il numero dei suinetti partoriti). Ma la riduzione degli eterozigoti, quando il loro effetto non è esattamente intermedio tra quello dei due omozigoti, può fare la differenza. Cruciale quindi per la depressione da consanguineità, e anche per l'eterosi è la misura di quanto gli eterozigoti si scostino dalla media dei due omozigoti. Questo scostamento viene indicato come *dominanza* e definito dalla lettera d . Di tratta di uno scostamento molto utile per definire le diverse condizioni di dominanza che possiamo osservare analizzando diversi fenotipi. Rimandando all'appendice 5 per ulteriori approfondimenti, qui è importante comprendere che se d è pari a zero, ossia gli eterozigoti coincidono con la media degli omozigoti, non osserveremo alcuna depressione da consanguineità e non potremo avvantaggiarci neppure di alcun beneficio dall'eterosi. Ma se d indica uno scostamento importante, che in alcuni casi può anche produrre un effetto molto marcato, la media del fenotipo controllato da quel gene risentirà sensibilmente della frequenza degli eterozigoti in cui d si esprime. Con l'aumentare dell'omozigosi e con la conseguente riduzione della frequenza degli eterozigoti la media del fenotipo tenderà a calare e a mostrare quindi il caratteristico fenomeno della depressione. Una situazione inversa si verifica quando viene prodotta una generazione F1 incrociando tra loro due razze diverse e quindi con frequenze alleliche diverse. Quel gene che manifesta una forte dominanza, e che è quindi responsabile della indesiderabile depressione

legata all'incremento di omozigosi, diventa improvvisamente importantissimo e molto utile. Incrociando le due razze, ma solo nella prima generazione F1, il numero degli eterozigoti è infatti molto maggiore di quello atteso in base a HWE. Avremo cioè una popolazione così ricca di eterozigoti da manifestare quel fenotipo favorevole con grande frequenza, a tutto vantaggio dell'allevatore.



Tante razze, tante caratteristiche diverse: una biodiversità da salvare.

Capitolo 3. Le razze locali e il loro allevamento

Sommario – Le razze locali sono custodi di patrimoni genetici molto diversificati, a volte unici. Patrimoni genetici che si traducono in capacità di adattamento ad ambienti diversi, a volte estremi, con diversa tolleranza e resistenza a determinati patogeni, con produzioni qualitativamente diverse e potenzialmente di grande interesse per le loro caratteristiche nutrizionali. La diversità delle razze è anche custode di una ampia diversità di cultura rurale, paesaggistica e di biodiversità selvatica animale e vegetale. Tutto ciò indica con chiarezza la necessità di salvaguardare le razze locali, per un loro utilizzo oggi e nel futuro. In questo capitolo viene infine presentata una breve storia della conservazione di queste risorse genetiche animali e della sua attuale organizzazione.

Nel primo capitolo abbiamo visto come il processo di intensificazione e industrializzazione dell'agricoltura, avvenuto nei Paesi più ricchi e avanzati sotto l'aspetto zootecnico, a partire dagli anni '50 del secolo scorso, abbia portato, in particolare in Europa, alla sostituzione di molte razze zootecniche locali con un piccolissimo numero di razze a distribuzione mondiale, quindi a un forte processo di erosione delle risorse genetiche animali. Perché è necessario contrastare questo fenomeno? Quali sono i valori associati alla diversità delle razze locali? Che cosa rischiamo di perdere se il processo di erosione continua? In questo capitolo affrontiamo queste tematiche avendo presente che la salvaguardia delle risorse genetiche animali deve partire dalla conoscenza dei valori delle razze locali e del loro allevamento tradizionale. Si tratta, come vedremo, di una pluralità di elementi: non solo patrimoni genetici unici, ma anche opportunità di sviluppo sociale ed economico delle aree rurali, di ricchezza culturale, diversità paesaggistica e biodiversità floristica e faunistica.

3.1 Il patrimonio genetico delle razze locali

Gli animali appartenenti a una determinata razza, benché piuttosto omogenei, non sono tutti identici: tra loro è presente una certa variabilità dovuta al fatto che gli animali possono avere ad alcuni loci varianti genetiche diverse e che possono essere stati esposti a situazioni ambientali differenti quali alimentazione, esercizio fisico, patologie, ecc. Nelle strade delle nostre città osserviamo cani di una stessa razza, per esempio golden retriever, più o meno alti o pesanti, con mantello più o meno chiaro, con carattere più o meno dolce. Chi lavora in allevamenti bovini di razza Frisona italiana ha quotidianamente a che fare

con vacche che, all'occhio dell'osservatore occasionale, possono sembrare tutte uguali, ma che spesso l'allevatore riconosce immediatamente e individualmente per nome. Ne conosce la storia e il temperamento, la maggiore o minore produzione di latte, la suscettibilità a zoppie o a mastiti e, in generale, alle patologie sempre in agguato in ogni allevamento. All'interno di ogni razza abbiamo quindi una ampia variabilità tra individui, che vedremo essere un'importante ricchezza da salvaguardare perché la presenza di questa variabilità costituisce una vera e propria assicurazione contro le mutevoli condizioni che il futuro potrà riservarci.

Per quanto vari, gli animali appartenenti ad una stessa razza sono però tra loro più simili di animali appartenenti a razze diverse. Cosa che ci permette di distinguere le razze e di capire con una certa facilità a quale razza un animale appartenga. Se estendiamo questo concetto della variabilità tra le razze di una stessa specie alla variabilità tra le specie di uno stesso genere tassonomico (per esempio, leone, tigre, giaguaro e leopardo appartengono tutti al genere *Panthera*) possiamo dire che gli animali appartenenti a specie diverse sono tra loro molto dissimili, tanto che non possono (a parte rare eccezioni) riprodursi tra loro. La definizione di specie si basa infatti proprio su questa inequivocabile caratteristica. La capacità di riprodursi dando luogo a prole fertile è appunto il requisito che ci permette di definire gli animali di una stessa specie.

Se la nostra analisi si limita alle caratteristiche fenotipiche che osserviamo visivamente, in alcuni casi potremmo essere tratti in inganno nell'attribuzione di animali ad una singola razza o a diverse razze, ad una singola specie o a diverse specie. Pensiamo a una capra e a una pecora, specie diverse ma simili, il cui riconoscimento può non essere immediato da parte di un osservatore poco esperto. Oppure pensiamo a un alano e ad un chihuahua, razze canine diversissime, ma appartenenti alla stessa specie e quindi interfertili. Naturalmente, un osservatore esperto è perfettamente in grado di riconoscere e distinguere razze e specie, ma in determinati casi l'analisi genetica ci può venire in aiuto permettendoci di riconoscere entro una stessa specie situazioni più sfumate, magari ambigue, che anche l'occhio di un esperto non ha la possibilità di distinguere.

Più avanti vedremo quali strumenti abbiamo per misurare e quindi quantificare la diversità genetica tra razze ed entro razza. Ma prima cerchiamo di capire in forza di quali meccanismi la variabilità genetica che troviamo in una razza si sia generata ed accumulata.

Il primo meccanismo che genera variabilità è quello della *mutazione*, cioè la comparsa in un nuovo nato di una forma allelica che non era presente nei genitori. La mutazione più semplice è quella che avviene in una singola base del DNA, che vedremo con un certo dettaglio nella sezione 4.1 e cui diamo già qui il nome di SNP ossia Polimorfismo di un Singolo Nucleotide. Il cambiamento di una singola base (nucleotide) del DNA avviene mediamente con una probabilità molto bassa, da una volta su 10.000 a una volta su 1.000.000. La mutazione

è fondamentalmente un errore di copiatura del DNA per cui in una certa posizione il nucleotide corretto viene rimpiazzato da uno diverso. Si tratta quindi di un fenomeno raro, casuale e non determinato da un particolare intento finalizzato ad uno scopo. Sebbene sia un fatto molto raro, non dobbiamo dimenticare che il DNA è un filamento di enorme lunghezza e, se una mutazione dovesse occorrere ogni milione di nucleotidi, gli eventi possibili in un nuovo individuo, un mammifero qualsiasi, considerando l'intera lunghezza del DNA, sarebbero 3.000 circa. Inoltre, questo fatto avviene in tutti gli animali di una certa popolazione e quindi, a maggior ragione, non è qualcosa di trascurabile. La maggior parte delle mutazioni non hanno alcun riscontro nel fenotipo dell'animale, ma, occasionalmente, possono averlo e in determinate condizioni possono diffondersi nelle generazioni successive e comparire quindi con una certa frequenza quando queste mutazioni venissero successivamente ricercate.

Un altro meccanismo che determina variabilità tra individui è la *ricombinazione*. Nella sezione 2.2 abbiamo già visto gli aspetti centrali della genetica e della riproduzione, in particolare come due alleli ad uno stesso gene vengano trasmessi alla generazione successiva, avvalendoci dell'esempio del colore del mantello baio e morello nei cavalli. Per comprendere il significato di ricombinazione possiamo usare un esempio, sempre relativo al mantello dei cavalli, che fa entrare in gioco il gene Estensione (E), che abbiamo visto determinare il mantello sauro se presente in forma omozigote ee , e un altro gene che determina il carattere roano (una miscela di peli bianchi e colorati nel mantello). Il roano è prodotto da una mutazione dominante (Rn) mentre la forma selvatica (rn , recessiva) non manifesta il carattere. Questi due geni (E e Rn) sono collocati molto vicini tra loro lungo il filamento del DNA, per cui, in condizioni normali, vengono ereditati insieme. Ad esempio, un cavallo può essere eterozigote ad entrambi questi geni ed essere quindi simultaneamente baio e roano.



Oppure essere omozigote ee , quindi sauro, e non presentare la mutazione del roano. In questo caso il mantello sarà quindi semplicemente sauro.



Durante la meiosi, alla formazione dei gameti, quest'ultimo cavallo produrrà gameti tutti identici che possiamo rappresentare come ($e---rn$). Il primo cavallo invece ne produrrà due tipi in pari proporzione: ($E---Rn$) ed ($e---rn$). Se questi due cavalli si accoppiassero, la loro progenie sarebbe per metà identica ad un genitore e per l'altra metà identica all'altro genitore. Insomma, i due geni si comporterebbero come se fossero uno solo con due alleli che potremmo interpretare (erroneamente) come l'allele del sauro e quello del baio-roano. Cosa che però non è, infatti, occasionalmente, può verificarsi la ricombinazione che separa i due geni. Nel nostro caso, se la ricombinazione avvenisse nel secondo cavallo non succederebbe nulla, ma, se avvenisse nel primo, i gameti prodotti potrebbero essere in parte diversi. Anziché 50% ($E---Rn$) e 50% ($e---rn$) potrebbero comparire anche, con frequenza minore, gameti ricombinanti ($E---rn$) ed ($e---Rn$). Il risultato dell'accoppiamento di questi stessi cavalli sarebbe a questo punto un po' diverso da prima. Infatti, oltre ai poco meno di metà bai roani e altrettanti sauri, avremmo la comparsa, sebbene rara, di bai e sauri roani: combinazioni non presenti nei genitori. Potremmo cioè avere:

E	Rn	e	rn	E	rn	e	Rn
e	rn	e	rn	e	rn	e	rn
Baio roano 45%		Sauro 45%		Baio 5%		Sauro roano 5%	

La ricombinazione avviene durante la meiosi, quando i due cromosomi, già duplicati, sono appaiati come quattro cromatidi. In quel momento i cromatidi possono scambiarsi delle porzioni in modo casuale e bilanciato, determinando nei gameti la formazione di cromosomi ricombinanti che presentano combinazioni che non erano presenti nei genitori. Questo scambio viene indicato col termine inglese di *crossing-over*. La probabilità che questo avvenga, e che quindi i due geni (E e Rn nel nostro esempio) ricombinino, è tanto maggiore quanto maggiore è la loro distanza lungo il filamento del DNA in cui si trovano. Oltre una certa distanza la frequenza dei gameti ricombinanti è pari a quella dei gameti parentali (cioè quelli presenti nei genitori) e quindi i due geni segregano, ovvero sono trasmessi alla progenie, in modo indipendente, come se si trovassero su cromosomi diversi.

La comparsa di mutazioni e il continuo rimescolamento dei geni da una generazione all'altra fa sì che diventi praticamente impossibile trovare in una certa razza due individui esattamente identici tra loro. I soli individui possibili, geneticamente identici, sono i gemelli monozigotici che si creano da una singola cellula uovo fecondata da un singolo spermatozoo, che nelle fasi molto iniziali del suo sviluppo si divide in due parti che completano separatamente il loro sviluppo e che quindi hanno patrimonio genetico identico. Questi gemelli, detti

spesso identici, hanno tra loro un coefficiente di parentela pari ad 1, che è doppio rispetto al coefficiente di parentela tra due gemelli dizigotici che si formano da due oociti diversi fecondati da due spermatozoi diversi. I gemelli dizigotici sono, di fatto, come due normali fratelli pieni, cioè con stesso padre e stessa madre, che nascono insieme¹.

Mutazione e ricombinazione sono certamente dei formidabili generatori di variabilità genetica, ma non sono sicuramente i soli. Immaginiamo uno o più gruppi di animali appartenenti ad una certa razza che, per qualche ragione, vengono separati dal punto di vista riproduttivo dalla razza madre, avvegnà cioè una *migrazione*. Questi gruppi di animali potranno essere di fatto i fondatori di nuove razze. Idealmente, questi animali dovrebbero e potrebbero rappresentare in modo perfetto tutta la variabilità genetica presente nella razza madre, ma possiamo facilmente immaginare che questo non sia necessariamente vero. In particolare, se i gruppi fondatori sono piccoli, potrebbero non avere alcune caratteristiche della popolazione di origine e questo è il cosiddetto effetto fondatore.

La quarta forza che opera sulla variabilità genetica delle razze è la *deriva genetica*, un fenomeno che abbiamo già visto e descritto nella sezione 2.4 (vedi anche appendice 2) come errore di campionamento. I nuovi gruppi di animali andranno poi incontro a forze selettive, non necessariamente uguali a quelle della razza madre o delle altre razze sorelle. Può essere il caso di processi di selezione diversi, per esempio orientati alla produzione intensiva di carne o di latte, che possono essere più efficaci in un nucleo ristretto di animali sottoposto a controlli più stringenti di quanto non si possa fare in una popolazione più ampia e dispersa in un vasto territorio. In questi gruppi ristretti quindi la mutazione potrà introdurre varianti alleliche diverse, la deriva genetica potrà fare il suo lavoro modificandone le frequenze in modo casuale, la selezione modificherà le frequenze alleliche secondo obiettivi diversi e, infine, nuovi animali provenienti da altre razze potrebbero venire introdotti per apportare in questo nucleo fenotipi ritenuti utili (in termini di genetica di popolazione questi contributi genetici provenienti dall'esterno vengono indicati col termine migrazione).

Nel breve orizzonte temporale della nostra vita magari non riusciamo a vedere tutte queste forze all'opera, o per lo meno non ne vediamo nel concreto il risultato, ma stiamo in realtà descrivendo la genesi di una nuova razza prodotta quindi da effetto fondatore, selezione naturale ed artificiale, mutazione, deriva genetica e migrazione. Queste forze sono la vera fucina della variabilità tra razze. Razze che si sono prodotte in orizzonti temporali facilmente quantificabili in secoli e che si continuano a creare sotto i nostri occhi più o meno consapevoli.

1 Nei Bovini i parti gemellari non sono così frequenti come negli ovini e caprini, ma possono determinare il curioso fenomeno del Freemartinismo. Gli ormoni prodotti dal gemello maschio possono alterare lo sviluppo sessuale della gemella grazie al fatto che le due placente nei bovini presentano facilmente anastomosi vascolari. La femmina (definita taura in Italia centrale) nasce e si sviluppa regolarmente, ma è sterile.

All'inizio del '800, pensatori del calibro di Alexander von Humboldt e Charles Darwin misero in dubbio un concetto fortemente radicato e connaturato alla cultura, anche religiosa dell'epoca: la fissità delle specie, create come tali nel racconto della Genesi ed immutabili prodotti della divina sapienza. Grazie a quei pensatori e a moltissimi altri ricercatori straordinari che li seguirono noi oggi comprendiamo la natura della selezione naturale e di come questa abbia agito con una profondità temporale ben diversa da quella calcolata sulla base della narrazione biblica. Quello che vale per le specie vale anche per le razze che evolvono continuamente con meticciamenti ed incroci, plasmate dalle forze che abbiamo visto. La biodiversità delle razze animali e vegetali allevate dall'uomo non è quindi un fatto cristallizzato, ma è qualcosa di dinamico in continua evoluzione. È pertanto limitante operare unicamente per una pura conservazione dello stato di fatto presente, rifiutando la possibilità di creare qualcosa di nuovo. La nostra tavola è ogni giorno imbandita di una biodiversità inimmaginabile per il triclinio di un antico Romano.

3.2 La variabilità tra razze ed entro razze

Riprendiamo ora il discorso sulla variabilità. Dalle riflessioni fatte in precedenza dovrebbe essere chiaro che il patrimonio genetico di ogni specie zootecnica è costituito dalla variabilità tra le razze che alla specie appartengono e dalla variabilità presente all'interno delle singole razze. Proviamo ad approfondire un poco quale sia il valore zootecnico di queste due componenti.

Immaginiamo, per fare un esempio concreto, la specie bovina allevata in Italia per le sue due fondamentali caratteristiche: la capacità di produrre latte e di produrre carne. Naturalmente in Italia sono presenti molte razze bovine con caratteristiche produttive molto diverse. Un antico modo di classificarle era quello di distinguerle tra razze specializzate, quindi con una vocazione produttiva diretta verso un solo carattere: tipicamente la carne o il latte, e razze a duplice attitudine, capaci di produrre latte in quantità ragionevole, ma anche una buona carne. I vecchi testi citavano anche razze a triplice attitudine, razze capaci di fare latte, carne e lavorare nei campi tirando un carretto o addirittura arando; ma questo è un mondo da noi ormai scomparso. La specializzazione cui è andato incontro il settore ha fatto sparire le ultime e ha limitato in parte lo spazio alle seconde. Sta di fatto che tra latte, carne e duplice attitudine il panorama resta comunque ricchissimo e quanto si verifica in Italia potrebbe essere esteso tranquillamente alla popolazione bovina europea o mondiale. Questa variabilità tra attitudini produttive può essere proiettata facilmente ad una quantità enorme di altri caratteri come colore del mantello, altezza, peso, fertilità, resistenza a patologie, longevità, eccetera. Ognuno di questi numerosi fenotipi (P) ha una sua media in ciascuna razza e una sua variabilità intorno alla media. Consideriamo, per cominciare, il fenotipo:

$$P_{ij} = R_i + w_{ij}$$

Ossia il fenotipo che osserviamo in un qualsiasi individuo, che chiamiamo genericamente j e che appartiene alla razza i , dipende:

- A. dalla media della razza cui quell'individuo appartiene (R_i);
- B. dallo scostamento dell'individuo dalla media della sua razza (w_{ij})

Insomma, ci sono tante diverse medie di altrettante razze attorno alle quali i singoli individui di ogni razza esprimono il loro fenotipo con deviazioni positive o negative.

Consideriamo ora non i singoli individui, ma la variabilità di questi loro fenotipi. Per entrare nello specifico misuriamo la variabilità attraverso quella quantità statistica, la varianza, che abbiamo già conosciuto nel capitolo 2 (vedi appendice 1):

$$V(P) = V(P_R) + V(P_w)$$

Ossia, la varianza fenotipica complessiva che osserviamo tra gli individui di una specie $V(P)$ è scomposta nella varianza fenotipica tra le medie delle diverse razze di quella specie, $V(P_R)$ e la varianza fenotipica dei singoli individui entro le loro razze di appartenenza, $V(P_w)$. Queste due varianze si sommano a determinare la varianza fenotipica complessiva della specie.

Naturalmente il fenotipo è importante, ma più importante ancora è quella componente genetica (G) che, come abbiamo già visto in precedenza con un certo dettaglio, è inclusa nel fenotipo e ne costituisce cioè una parte. Possiamo quindi passare facilmente da P a G :

$$V(G) = V(G_R) + V(G_w)$$

Equazione che ci spiega come la varianza genetica complessiva di specie, $V(G)$, si scomponga nella varianza genetica tra razze $V(G_R)$, e nella varianza genetica entro razze $V(G_w)$. Se analizziamo, in una data specie e per un dato carattere, il rapporto

$$\frac{V(G_R)}{V(G)}$$

possiamo capire facilmente l'importanza di mantenere la diversità tra razze: l'importanza sarà tanto maggiore quanto più grande sarà il valore del rapporto che può assumere teoricamente valori compresi tra 0 (nessuna diversità tra razze) a 1 (tutta la diversità è tra razze e non c'è variabilità tra gli individui all'interno delle razze).

La variabilità tra razze determinatasi nei secoli ci permette di avere razze che producono in ambienti anche estremamente diversi: pascoli montani o di pianura, allevamenti intensivi o estensivi, zone aride o paludose, con produzioni

diverse che esprimono uno specifico adattamento alle condizioni ambientali. Perdere questa variabilità significa perdere la possibilità di produrre in ambienti anche molto diversi e di avere prodotti tipici e specifici di un tipo di allevamento con una particolare razza in un territorio specifico. Significa, in sostanza, il rischio di perdere razze fortemente originali e capaci di determinate produzioni in ambienti particolari. Il diverso patrimonio genetico delle razze si traduce infatti in adattamento ad ambienti diversi, differente resistenza a determinate malattie e diversa quantità e qualità delle produzioni.

La variabilità all'interno delle razze ci permette invece di fare selezione entro razza per migliorare le produzioni, scegliendo gli animali con le caratteristiche più desiderabili da utilizzare come riproduttori per migliorare la razza. Gli allevatori praticano la selezione sempre all'interno di una precisa razza, di cui si sentono appassionati custodi. La variabilità permette anche alla selezione naturale di operare per mantenere un adeguato adattamento all'ambiente. La variabilità è la condizione di base per il cambiamento e per l'evoluzione. Se gli animali fossero tutti identici e le razze tutte identiche, il sistema sarebbe immobile e rigido, non potrebbe adattarsi ai cambiamenti ambientali e anche, naturalmente, alle mutabili esigenze del mercato.

Di fronte alla necessità di conservare queste due componenti, la strategia adottata in Europa e in Nord America negli anni '50 e '60 dello scorso secolo è stata, col senno di poi, alquanto confusa. Per soddisfare l'esplosivo incremento della domanda di prodotti di origine animale è stata privilegiata la strategia di intensificazione e industrializzazione dei sistemi di produzione, basati su un piccolo numero di razze sottoposte ad un miglioramento genetico estremo, altamente produttive, commercialmente valorizzate e diffuse in tutto il mondo. Parallelamente, c'è stato un abbandono dei sistemi tradizionali, dell'allevamento nelle aree più difficili e delle numerose razze associate a questi ambienti che, non inserite nei moderni sistemi di produzione, sono state abbandonate dagli allevatori perché non più economicamente competitive con i nuovi sistemi di produzione e, come abbiamo già visto, sono andate incontro ad una riduzione estrema del loro numero che ne ha portate molte all'estinzione finale. Tuttavia, a partire dagli anni '80 del secolo scorso, con l'aumento del benessere e la conseguente maggiore attenzione pubblica verso le tematiche di un allevamento sostenibile e della conservazione della biodiversità, la situazione è cambiata ed è stato fatto uno sforzo importante da parte di molte istituzioni per salvare ciò che ancora si poteva salvare.

Il processo di sostituzione della grande varietà di razze originarie con poche razze selezionate per adattarsi ai sistemi intensivi è stato più o meno marcato nelle diverse specie. I polli, ad esempio, hanno subito una fortissima riduzione della variabilità genetica, immediatamente seguiti dai suini, e dai bovini da latte. Minore impatto vi è stato sui bovini da carne e i cosiddetti piccoli ruminati: ovini e caprini. Senza allargarci a regioni del mondo che presentano condizioni

ambientali particolarmente difficili e dove solo alcune razze possono produrre e quindi sostenere le necessità umane, anche in Italia c'è l'esigenza di disporre di razze diverse per produrre in ambienti diversi. Sulle Alpi, ad esempio, per potere pascolare su alpeggi che arrivano a quote glaciali, le vacche devono essere di taglia medio piccola, con arti corti e unghioni robusti. Animali di questo tipo hanno un baricentro basso che permette loro di arrampicarsi su pascoli ripidi e camminare su pendii scoscesi senza sbilanciarsi. Inoltre, non devono avere esigenze alimentari elevate, ma essere capaci di ricavare dagli alpeggi alimento sufficiente per produrre latte di buona qualità. Al contrario, una bovina selezionata per l'allevamento intensivo è capace di produrre grandi quantità di latte in un contesto stallino di pianura purché alimentata con elevate quantità di foraggio e concentrati dosati con estrema precisione per soddisfare le sue specifiche esigenze alimentari. Per fare dei paragoni, troviamo le stesse differenze tra automobili, come una Ferrari o una Panda a quattro ruote motrici. Se devo percorrere una strada sterrata in montagna sceglierò la seconda, che mi permetterà di andare molto più veloce e sicuro della prima. Viceversa, se devo percorrere un'autostrada userò la Ferrari. Nella macchia mediterranea della maremma toscana e laziale, solo la razza Maremmana è in grado di vivere, di portare avanti una gravidanza e di svezzare un vitello, facendosi largo tra i rovi e la boscaglia della vegetazione di un territorio un tempo paludoso grazie alle ampie corna, alla pelle spessa, agli arti alti e robusti e alle frugali esigenze alimentari. Nei boschi sulle pendici dei Nebrodi, il suino Nero siciliano, come la Maremmana, è in grado di produrre carne di ottima qualità valorizzando risorse di pascolo altrimenti inutilizzabili. Perdere razze locali come la Valdostana, la Grigia alpina, la Rendena, la Maremmana, il suino Nero siciliano o la Cinta senese significherebbe perdere la possibilità di produrre in ambienti particolari e difficili.

Se ci trasferiamo in altre parti del mondo abbiamo esempi di adattamento di alcune razze a situazioni climatiche particolari. Gli animali, in generale, soffrono le alte temperature, con differenze di tolleranza al caldo tra le specie, tra le razze e tra animali di una stessa razza. Quello che ci interessa in questo tipo di situazioni è che all'interno delle specie ci siano razze più resistenti di altre alle alte temperature. Un quadro analogo lo troviamo nell'adattamento alla scarsità di acqua e nella tolleranza o resistenza a determinati agenti patogeni, dove alcune razze dimostrano una notevole superiorità rispetto ad altre, mentre anche entro razza è presente un'importante variabilità individuale. Questi tre aspetti, calore, siccità e patogeni, sono di grande importanza oggi di fronte ai drammatici cambiamenti climatici in atto che potrebbero rendere impossibile l'allevamento delle razze attualmente presenti in particolari ambienti, aspetti che dovrebbero essere prioritari nel mondo della conservazione delle razze.

Box 1 *La lotta contro la tripanosomiasi in Africa: un aiuto dalla variabilità genetica* (a cura degli autori)

La tripanosomiasi africana è una malattia causata da un protozoo parassita *Trypanosoma brucei* che colpisce sia l'uomo che gli animali. Qui ci riferiamo ai bovini allevati in Africa occidentale. Il tripanosoma infetta il sangue degli animali causando febbre, debolezza, letargia, perdita di peso, anemia e anche morte, quest'ultima più spesso in animali malnutriti. Il parassita è trasmesso dal morso della *Glossina morsitans*, conosciuta anche come "mosca tse-tse". Quando la mosca morde un animale già infetto diventa a sua volta infetta e può trasmettere la malattia ad altri soggetti. Vaste aree dell'Africa a sud del Sahara sono più o meno infestate dalle mosche tse-tse. Come è possibile allevare in queste zone il bestiame necessario al sostentamento delle popolazioni locali?

Tutte le diverse opzioni adottabili presentano problemi. L'eradicazione dell'insetto vettore è forse possibile solo in aree isolate, ma con il rischio di inquinamento chimico ambientale. Lo sviluppo di un vaccino, ad oggi, non è stato possibile perché il parassita cambia rapidamente le sue caratteristiche antigeniche e sfugge alla protezione anticorpale. Trattamento e profilassi farmacologica sono inoltre costosi e presentano il rischio di selezionare ceppi resistenti.

Un aiuto ci viene dalla variabilità genetica presente nelle razze bovine africane, determinatasi nei secoli sotto la pressione della selezione naturale. Da alcuni anni sono state identificate, infatti, razze che sono tripanosoma-tolleranti, cioè più o meno resistenti al parassita. La campionessa, in termini di tolleranza, è la razza bovina N'Dama, originaria degli altipiani della Guinea, e oggi allevata in Guinea Bissau, Gambia, Mali, Costa d'Avorio, Liberia, Nigeria, e Sierra Leone. La maggiore o minore tolleranza di altre razze sembra proporzionale al tempo in cui sono state esposte alla presenza del tripanosoma, una chiara evidenza di selezione naturale. Inoltre, all'interno delle razze tolleranti si osserva una variabilità tra individui più o meno resistenti che, oggi, si cerca di sfruttare con programmi di selezione genetica.

Le perdite economiche dovute a infezioni da tripanosoma non si limitano al latte e alla carne bovina, ma si estendono alla produzione agricola, per la ridotta disponibilità di animali da tiro, per l'aratura, e di letame per fertilizzare i campi.

Come ultimo aspetto non possiamo dimenticare che la genetica ha una forte influenza non solo sulla quantità delle produzioni, ma anche sulla loro composizione, quindi sulla loro qualità: sui macro nutrienti (carboidrati, proteine e grassi) e micro nutrienti (vitamine, minerali e oligoelementi). Sebbene la qualità

dei prodotti che arrivano sulla nostra tavola possa essere fortemente influenzata dai processi di trasformazione della materia prima, la possibilità di disporre di una varietà di materie prime che siano intrinsecamente portatrici di quelle caratteristiche nutrizionali che sempre più spesso richiediamo, è di fatto impagabile. È un valore aggiunto per la nostra alimentazione e anche, come vedremo più avanti nel capitolo 7, per quel contributo che, consumando quei prodotti, apportiamo alla sopravvivenza di una razza a rischio e al mantenimento di tutte quelle interazioni tra animale, uomo e ambiente di cui comprendiamo sempre di più la cruciale importanza.

3.3 Il patrimonio ambientale e culturale associato alle razze locali

Guardare al valore della diversità delle razze solo in termini di variabilità fenotipica e genetica è, occorre dire, fortemente riduttivo. Le razze sono indubbiamente portatrici di geni, ma presentano anche altre importanti caratteristiche. Molte razze locali infatti contribuiscono alla ricchezza culturale delle aree rurali e alla formazione e al mantenimento di agro-ecosistemi di elevato valore naturalistico e paesaggistico.

Nel 2005, a seguito del progetto *Valutazione degli ecosistemi del millennio*² voluto dall'ONU (*Millenium Ecosystem Assessment*) per valutare lo stato di erosione in atto della biodiversità, è stato introdotto il concetto di Servizio Eco-sistemico. In buona sostanza, i servizi ecosistemici (SE) sono quei benefici materiali ed immateriali che gli ecosistemi forniscono al genere umano. In particolare, molte razze locali allevate con sistemi di produzione tradizionali, con la loro attività di pascolamento mantengono importanti ecosistemi di prateria che, in assenza di queste razze, scomparirebbero inghiottiti dal bosco o degradati in aree incolte. Questi prati-pascoli ci offrono diversi servizi ecosistemici, tra i quali il mantenimento della biodiversità floristica e animale, la regolazione delle acque meteoriche e glaciali, l'assorbimento del carbonio atmosferico, il mantenimento di una diversità di cultura rurale. Un altro esempio di servizio eco sistemico fornito dai prati-pascoli è il sostentamento di grandi popolazioni di insetti impollinatori, incluse le api che, con la loro raccolta di nettare per la produzione di miele, contribuiscono in modo determinante all'impollinazione entomofila di piante da frutto e da orto utili all'uomo.

Se ci soffermiamo a considerare lo scenario del nostro Paese, possiamo fare qui alcune osservazioni sul ruolo di alcune razze locali nel mantenimento della biodiversità selvatica, e quindi del paesaggio, e sul mantenimento di una

² <https://www.millenniumassessment.org/>

cultura rurale, eredità dei nostri nonni che in pochi decenni rischia di scomparire irrimediabilmente.

Lo sviluppo dell'agricoltura intensiva avviata nel secondo dopoguerra, di cui abbiamo già parlato, è caratterizzata, tra le altre cose, dalla cosiddetta monocoltura, oltre che dall'utilizzo massivo di diserbanti e pesticidi. L'imponente produzione zootecnica della pianura padana si basa su una produzione massiccia di mais che costituisce il cereale prevalente coltivato in quest'area. In questo scenario il paesaggio agrario è andato incontro ad una fortissima semplificazione. La presenza di alberi che un tempo costituivano vere foreste planiziali, siepi, cespugli e aree non coltivate si è ridotta al minimo, se non è addirittura venuta a mancare. Di conseguenza si assiste alla progressiva scomparsa da questo ambiente di un'enorme numero di specie animali, soprattutto uccelli e piccoli mammiferi, con i loro predatori naturali che un tempo vivevano in queste aree a margine dei campi. Sono scomparse anche molte specie vegetali che attiravano numerosi insetti impollinatori e i loro predatori. Oggi la vegetazione spontanea è quindi ridottissima e vasti territori sono occupati esclusivamente da un'unica specie coltivata, tipicamente il mais. Se confrontiamo questo ambiente di pianura col paesaggio collinare appenninico o quello montano delle quote più alte, le differenze sono straordinarie. Gli appezzamenti coltivati sono intercalati a zone di bosco, il seminativo è alternato a piantumazioni arboree da frutto o da legno, le coltivazioni alternano cereali come orzo e frumento a leguminose come l'erba medica, il vigneto è intercalato al girasole e a molte altre e varie coltivazioni. Questi ambienti hanno favorito la conservazione di una importante ricchezza floristica e faunistica, dove ricompare il capriolo e il cervo con il loro predatore naturale, il lupo. Nelle aree più in quota il pascolo estivo di bovini, pecore, capre e cavalli, il cosiddetto alpeggio, ha favorito la conservazione di una importante biodiversità. Tutti questi habitat sono oggi definiti *high nature value farmland* e protetti dalla normativa comunitaria per l'alta biodiversità che custodiscono.

Se poniamo attenzione a queste differenze, ci rendiamo conto facilmente di come l'agricoltura e l'allevamento abbiano plasmato il paesaggio agrario. Da una parte prevale l'omogeneità cromatica ed una riduzione della biodiversità a tutti i livelli, dall'altra parte il paesaggio conserva una grande varietà, con mille tonalità di verde, una ricca flora e fauna che mantengono quelle ricche e complesse interazioni ormai quasi scomparse nei territori di pianura coltivati intensivamente. È un paesaggio a mosaico, con alcune chiazze di bosco, alternate a radure di prato e di pascolo, con una varietà di tessitura e di colori apprezzata da tutti, che vive oggi anche un momento di riscoperta da parte di un turismo meno frenetico e più consapevole.

Le razze locali hanno inoltre giocato per secoli un ruolo fondamentale nelle società rurali. In epoca preindustriale la vita si svolgeva in massima parte intorno alla fatica dei campi, dove queste razze lavoravano accanto all'uomo in una sorta di reale simbiosi, magistralmente documentata da pittori di straordinaria

sensibilità come Giovanni Segantini o Francesco Londonio. Le razze locali sono, di fatto, documenti viventi della storia dell'uomo e devono essere considerate, a tutti gli effetti, veri e propri beni culturali. Alcune sono ancora oggi punto di riferimento di antiche tradizioni locali, e quindi custodi e presidi contro il processo in atto di erosione della diversità culturale rurale. In alcune aree sono ancora diffusi, grazie alla presenza di bestiame, muretti a secco, siepi vive di recinzione, vecchie stalle, collari, gioghi, attrezzi in legno per la caseificazione fatti secondo le vecchie tradizioni. Vengono mantenute vive iniziative di folklore e artigianato come feste, mostre, fiere (storiche o più recenti) spesso legate a singole razze. Del ruolo di custode del paesaggio tradizionale e della cultura rurale parleremo ancora nel capitolo 7, dedicato alle strategie per valorizzare economicamente le razze a rischio di estinzione e ridare loro vitalità.

Le idee esposte in quest'ultima sezione ci suggeriscono quindi come la complessa e multiforme diversità tra le razze domestiche possa giocare un ruolo molto importante per lo sviluppo futuro di una zootecnia sostenibile. Una zootecnia capace cioè di reggere l'impatto di quei cambiamenti di mercato che gli sconvolgimenti climatici, di cui iniziamo ora a percepire l'effetto, determineranno negli anni a venire. Cambiamenti che potranno anche implicare l'insorgenza di nuove patologie portate dalla globalizzazione, di cui la recente pandemia da SARS-COV2 ha fornito per la nostra specie un saggio premonitore. Ma anche nelle condizioni attuali la presenza di questa biodiversità zootecnica fornisce comunque opportunità di sviluppo economico e sociale per quelle aree rurali marginali che un'agricoltura solo intensiva non potrebbe sostenere.

3.4 Organizzazione internazionale della salvaguardia

Al termine di questa panoramica sulla variabilità delle risorse genetiche animali, sul processo di erosione in atto e sulla conseguente necessità di un impegno di conservazione, è opportuno fare un accenno al ruolo che giocano in questo ambito le principali istituzioni internazionali. Coloro che lavorano in questo campo potranno sempre fare riferimento a questi due pilastri:

- la Convenzione sulla Diversità Biologica di Rio de Janeiro³;
- il Programma promosso dalla FAO per la Gestione delle Risorse Genetiche Animali⁴.

La Convenzione sulla Diversità Biologica (CBD), redatta nel 1992 a Rio de Janeiro ed entrata in vigore nel dicembre 1999, in quanto trattato internazionale giuridicamente vincolante, ha assegnato un valore giuridico alla biodiversità. Per la CBD la biodiversità include, accanto alle specie selvatiche, quelle addomesticate o coltivate, e cioè le specie animali e vegetali, il cui processo di evoluzione

3 <https://www.cbd.int/>

4 <https://www.fao.org/>

è stato influenzato dall'uomo per fare fronte alle sue esigenze. I tre principali obiettivi della CBD, declinati nel suo primo articolo sono: i.) la conservazione della biodiversità; ii.) il suo uso sostenibile; iii.) l'equa ripartizione dei benefici derivanti dall'utilizzo delle risorse genetiche.

La Convenzione non si limita quindi solo all'aspetto della conservazione per le future generazioni, ma invita i Paesi proprietari ad un utilizzo consapevole e sostenibile di queste risorse. Un utilizzo che quindi non ne intacchi il potenziale per le generazioni future, e che sia attento ad una corretta condivisione dei benefici che originano dal suo impiego e che sia anche rispettoso verso quelle popolazioni locali che, in molti casi, per secoli hanno custodito queste risorse e ne conoscono i benefici meglio di chiunque altro. Un aspetto, quest'ultimo, a lungo discusso nel cosiddetto protocollo di Nagoya, ratificato nel 2022. L'organo di governo della CBD: la Conferenza delle Parti, ovvero dei Governi che hanno ratificato il trattato, si riunisce ogni due anni per definire priorità e programmi di lavoro. Riprenderemo questo punto, con ulteriori approfondimenti, nel capitolo 7.

L'Organizzazione delle Nazioni Unite per l'alimentazione e l'agricoltura (FAO) è stata fondata nel 1945 e, dal 1951, ha sede a Roma. Ne sono membri 194 Paesi ai quali si aggiunge l'Unione Europea. Avendo lo scopo di promuovere le politiche produttive nel settore agricolo e di lottare contro la malnutrizione, la FAO si occupa attivamente della salvaguardia e dello sviluppo delle risorse genetiche animali di interesse per l'agricoltura ed è un punto di riferimento per tutti coloro, ricercatori, attivisti, governi e istituzioni, che si occupano della problematica. Le attività della FAO nel settore delle risorse genetiche animali hanno avuto un forte impulso dagli anni '80, in collaborazione con l'Organizzazione delle Nazioni Unite per l'ambiente (UNEP) e con la European Federation of Animal Science (EAAP), in Italia spesso conosciuta come FEZ (Federazione europea di zootecnia), anch'essa da sempre attiva sulla tematica. Questi che seguono sono alcuni punti importanti in cui la FAO ha continuato a svolgere un ruolo cruciale.

- Nel 2007 alla International Technical Conference on Animal Genetic Resources for Food and Agriculture, sotto l'egida della FAO, la comunità internazionale ha adottato il Global Plan of Action for Animal Genetic Resources. Il Piano include 23 priorità strategiche raggruppate in quattro aree prioritarie. La responsabilità principale nella implementazione del Global Plan of Action risiede nei governi nazionali. La Commissione della FAO per le Risorse Genetiche Animali per l'Alimentazione e l'Agricoltura ne supervisiona, monitora e valuta l'implementazione.
- Nel 2015 la FAO ha pubblicato il Secondo Report sullo Status delle Risorse Genetiche animali per l'alimentazione e l'agricoltura a livello mondiale. È di imminente pubblicazione il terzo report.

- Sotto l'egida della FAO, l'European Regional Focal Point for Animal Genetic Resources (ERFP) opera come piattaforma regionale a supporto della conservazione e dell'uso sostenibile delle risorse genetiche animali in Europa, e per facilitare l'implementazione in questa regione del Global Plan of Action for AnGR della FAO.
- DAD-IS, il Domestic Animal Diversity Information System, è un database, consultabile da chiunque lo desideri, che contiene informazioni, fornite dai diversi Paesi, sulle razze registrate nel mondo, fotografie e collegamenti ad altre risorse on line sulla diversità del bestiame allevato. Riporta inoltre il grado di minaccia di estinzione delle diverse razze.

L'Italia ha ratificato e reso esecutiva la Convenzione della Biodiversità con la legge n.124 del 14 febbraio 1994. Con il DM del 6 luglio 2012 ha stabilito i principi per l'istituzione di un sistema nazionale di tutela e di valorizzazione della biodiversità di interesse agricolo e alimentare. Il sistema nazionale di tutela e di valorizzazione fa riferimento alla legge 1 dicembre 2015, n.194, dove sono previsti l'Anagrafe nazionale, la Rete e il Portale nazionale e il Comitato permanente per la biodiversità di interesse agricolo e alimentare.

L'Italia partecipa alle iniziative internazionali sopra riportate. Il principale punto di riferimento è il National Focal Point AnGR italiano presso la FAO per le Risorse Genetiche Animali, attualmente con sede presso il CREA (Consiglio per la ricerca in agricoltura e l'analisi dell'economia agraria). Per lo sviluppo del Global Plan of Action è necessaria una fattiva collaborazione tra i diversi centri di ricerca (Università, CNR, Ministero) attivi sulla tematica.

Per la consultazione di documenti e programmi aggiornati, si può fare riferimento ai siti web della FAO⁵ e dell'ERFP⁶.

5 <https://www.fao.org/>

6 <https://www.animalgeneticresources.net>

Box 2. Il National Focal Point Italiano presso la FAO per le risorse genetiche animali (a cura di Luca Buttazzoni)

Dopo la Convenzione sulla Diversità Biologica (Rio de Janeiro, 1992) l'interesse nei confronti della tutela delle risorse genetiche animali si intensificò e nel 1994 la FAO istituì la *Global Strategy for Management of Animal Genetic Resources*, organizzata in: a) Un ufficio centrale presso la FAO a Roma; b) Un National Focal Point (NFP) in ogni Paese aderente; c) Un Regional Focal Point (RFP) in ognuno dei cinque Continenti.

Nel 1995 il Ministero agricolo istituì il *National Focal Point for Animal Genetic Resources* (NFP-AnGR) presso il CeSGAVE (oggi ConSDABI) e accreditò presso la FAO il prof. Donato Matassino come *National Coordinator*. Il prof. Matassino resse le sorti del NFP per un lungo periodo di impostazione, fino a fine 2016, con un interregno del prof. Giovanni Bittante dell'Università di Padova, tra il 2008 e il 2010. Alla fine del 2016 il Ministero agricolo trasferì il *National Focal Point* presso il CREA nominando come coordinatore prima il dr Riccardo Aleandri e dall'ottobre 2017 il dr Luca Buttazzoni.

L'*European Regional Focal Point* (ERFP) venne istituito nel 2001 ed è composto dai Coordinatori dei *National Focal Point* di tutti Paesi della Regione Europea, dall'Atlantico agli Urali. L'ERFP opera anche con comitati permanenti (documentazione, *ex-situ* e *in-situ*) e con gruppi di lavoro temporanei a tema.

Nel frattempo, la FAO perseguiva un lavoro di sistematizzazione delle attività di conservazione delle risorse genetiche animali e, nel settembre 2007, la prima "*International Technical Conference on Animal Genetic Resources for Food and Agriculture*" tenutasi ad Interlaken, in Svizzera, adottò il "*Global Plan of Action for Animal Genetic Resources*" (GPA), un piano che ancora oggi costituisce la *summa* di ciò che ciascun Paese deve attuare se vuole preservare le proprie risorse genetiche.

Circa ogni cinque anni la FAO chiede ai NFP di tutto il Mondo di valutare lo stato di attuazione del GPA anche al fine di suoi possibili aggiornamenti. Il NFP italiano ha recentemente consegnato alla FAO il proprio "*Country Progress Report*", come contributo alla stesura del terzo "*Report on the State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture*" di prossima pubblicazione. Circa ogni 10 anni, con questi Report, la FAO fa il punto sullo stato delle Risorse Genetiche Animali nel Mondo.

Ma il primo impegno del NFP è il continuo aggiornamento della banca dati FAO *Domestic Animal Diversity – Information system* (DAD-IS). Si tratta di una banca dati che contiene informazioni molto dettagliate (consistenze, descrizioni, fotografie, servizi ecosistemici forniti, materiale conservato *in vitro*, ecc.) sulle razze di animali domestici allevati in tutti i Paesi

del mondo. La banca è liberamente accessibile sul sito <https://www.fao.org/dad-is/en/>.

DAD-IS è una banca dati di razze, non di individui. Pertanto, essa si occupa della variabilità tra razze, lasciando la gestione della variabilità entro razza ai Libri genealogici di ciascun Paese.

Il *National Focal Point* italiano registra in DAD-IS solamente razze per le quali sia stato approvato un programma genetico da parte del Ministero dell'agricoltura, della sovranità alimentare e delle foreste (MASAF). Il motivo è che il vigente Reg.(UE) n. 1012/2016, applicabile dal 1° novembre 2018, ha fornito dopo un lungo dibattito, una definizione di «razza» basata su requisiti molto chiari: che la razza abbia un proprio fenotipo distinto e riconoscibile da parte di un gruppo di allevatori; che detti allevatori vogliano iscrivere gli animali della razza in un Libro genealogico. Pertanto, l'adesione al Libro genealogico è parte integrante della stessa definizione di «razza».

Il Reg.(UE) 1012/2016 è stato integrato in Italia dal D.Lgs 11 maggio 2018, n.52. Esso regola, assieme a qualche decreto attuativo, tutto il sistema della riproduzione degli animali da reddito di razza pura e dei suini riproduttori ibridi. In estrema sintesi, le registrazioni degli animali (Libri genealogici) vengono utilizzate per l'attuazione dei Programmi genetici da parte degli Enti Selezionatori, in Italia le Associazioni Allevatori di razza e di specie. Il *National Focal Point* opera in stretta collaborazione con il MASAF e con le Associazioni Allevatori.

In DAD-IS sono oggi presenti (aprile 2024) 285 razze allevate in Italia e dotate di Libro genealogico: 35 bovine, 1 bufalina, 31 equine, 8 asinine, 71 ovine, 45 caprine, 46 cunicole, 34 avicole e 2 di api.

Gli elenchi sono necessariamente dinamici: è in corso l'iter di approvazione di una razza ovina, una caprina e due di pollo. Una volta ufficialmente riconosciute con decreto Ministeriale, queste razze verranno aggiunte in DAD-IS. Di tre razze ovine e tre caprine, invece, non si ha notizia fin dal 2018, e se non interverranno novità esse saranno dichiarate estinte.

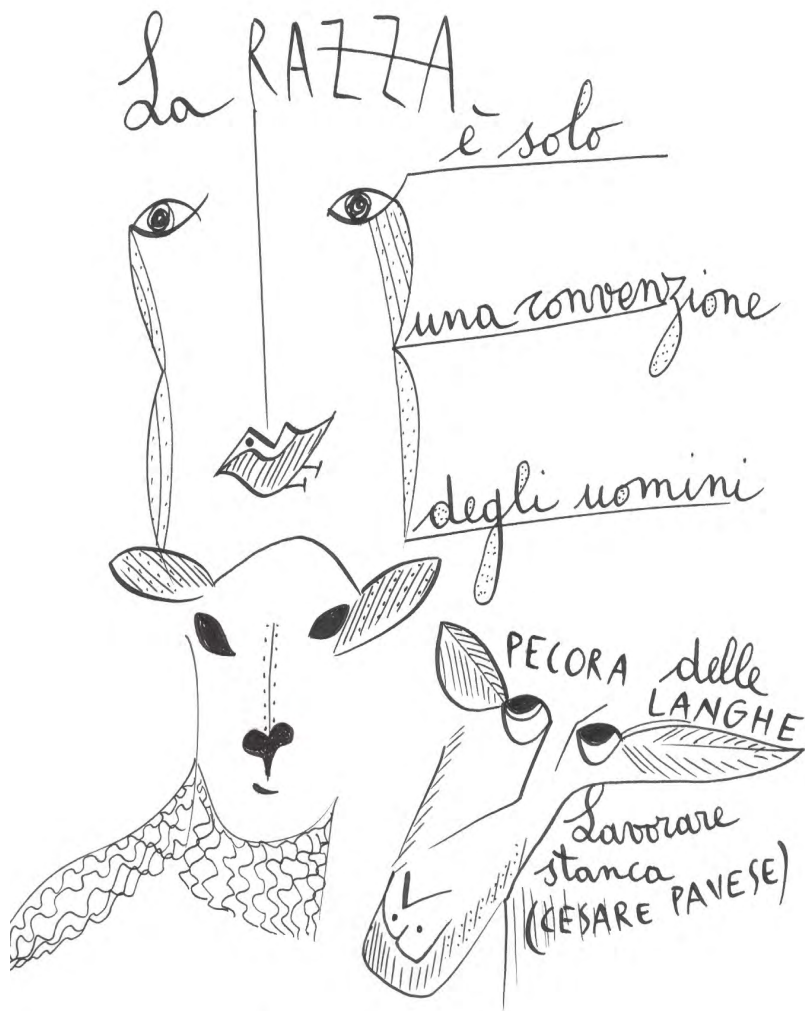
Esiste in Italia anche un altro filone normativo: la Legge 1 dicembre 2015, n.194 sulla tutela della biodiversità di interesse agricolo. La legge prevede un'anagrafe nazionale della biodiversità in cui registrare tutte le risorse genetiche di interesse alimentare ed agrario locali di origine vegetale, animale o microbica soggette a rischio di estinzione o erosione genetica

Sono inseriti di diritto nell'Anagrafe «*Le specie, le varietà o le razze già individuate dai repertori o dai registri vegetali delle regioni e delle province autonome di Trento e di Bolzano ovvero dai libri genealogici e dai registri anagrafici di cui alla legge 15 gennaio 1991, n. 30 [Oggi sostituita dal D.Lgs 52/2018 N.d.R.], e al decreto legislativo 30 dicembre 1992, n. 529, nonché i*

tipi genetici autoctoni animali in via di estinzione secondo la classificazione FAO⁷»

Il riferimento alla classificazione FAO ha portato al coinvolgimento del NFP nella stesura degli elenchi delle razze e dei tipi genetici a rischio di erosione genetica secondo i criteri FAO. Gli elenchi comprendono sia le razze riconosciute dal MASAF che i tipi genetici riconosciuti dalle Regioni. Nella revisione degli elenchi sono state rimosse alcune razze per le quali esiste un Libro genealogico e la cui consistenza aveva superato la soglia di rischio. Se, da un lato, i sussidi di mantenimento per una razza a rischio di erosione genetica sono un efficace intervento di emergenza, la conservazione non può fornire sussidi a tempo indeterminato, ma deve aiutare gli allevatori a trovare modi per garantire l'autonoma sostenibilità economica delle razze conservate.

⁷ FAO, *In vivo conservation of animal genetic resources*, FAO Animal Production and Health Guidelines, 2013



L'analisi della variabilità genetica all'interno delle razze e tra le razze rivela la loro ricchezza e la loro storia.

Capitolo 4. Misurare la variabilità genetica

Sommario - In questo capitolo ci occupiamo della variabilità genetica e della sua misura entro le razze e tra le razze o, più in generale, entro e tra popolazioni animali. Parleremo ancora di fenotipi e di genealogie, ma approfondiremo alcuni aspetti del DNA e della sua lettura che hanno cambiato radicalmente il panorama della genetica negli animali domestici. Genetica sia in chiave selettiva che in chiave di conservazione di cui qui ci occupiamo. Vedremo infine come misurare la variabilità tra razze diverse quantificandone la distanza, come rappresentare queste differenze e cosa significhi davvero razza e razza pura.

Come abbiamo visto nella sezione 3.1, la presenza di diversità genetica tra gli individui è condizione necessaria per la vitalità delle razze. In primo luogo la perdita di variabilità genetica, e quindi l'aumento di omozigosi, determina un aumento di depressione da consanguineità con conseguente deterioramento di alcune caratteristiche importanti, prime fra tutte una minore fertilità e resistenza a patologie. Sulla depressione da consanguineità vedi anche gli approfondimenti in appendice 5. Inoltre, l'aumento di omozigosi può comportare, come si è già detto, la comparsa di patologie genetiche codificate da geni recessivi. La perdita di eterozigosi può anche compromettere la disponibilità di varianti genetiche che permettano alla razza di adattarsi ai cambiamenti ambientali o a nuove richieste da parte dell'uomo, oppure di geni che caratterizzano la specificità di alcune produzioni e che quindi possono costituire un valore distintivo di un particolare tipo genetico.

L'obiettivo principale, quando abbiamo a che fare con popolazioni numericamente piccole, è quindi il mantenimento di un alto livello di diversità genetica. Ma, prima di tutto, abbiamo bisogno di strumenti per misurare questa diversità genetica, per conoscerne lo stato attuale, per seguirne l'evoluzione, per sviluppare adeguate strategie di conservazione, per monitorare l'efficacia di strategie utilizzate per il suo mantenimento, per mettere a confronto le razze e infine per misurarne somiglianze e diversità genetiche. Occorrono quindi strumenti per analizzare la variabilità genetica entro razza e quella tra razze. Prima di vedere gli specifici parametri di misurazione, cominciamo col fare una rassegna degli strumenti di cui disponiamo.

4.1 Come conoscere la variabilità genetica

Sembrirebbe una banalità, ma talvolta ci sfugge il fatto che per fare qualsiasi cosa dobbiamo prima di tutto conoscere di cosa si tratti. Nel nostro caso, l'argomento è la conservazione delle razze in pericolo di eccessiva riduzione numerica, o al limite, di estinzione. Quindi, non saremo mai in grado di conservare

ciò che non conosciamo e non sappiamo misurare. Per analizzare la variabilità genetica all'interno di una razza disponiamo di tre strumenti generali di lavoro: i) la misurazione e l'analisi dei fenotipi, ii) lo studio delle genealogie e, iii) l'analisi del DNA e della sterminata informazione che questo ci mette a disposizione. Questi strumenti sono a disposizione anche per lo studio della variabilità tra razze diverse, con l'esclusione delle genealogie che, per definizione, vengono raccolte solo entro razza e quindi costituiscono informazioni che difficilmente connettono razze diverse.

4.1.1 Fenotipi

Dei fenotipi abbiamo parlato ampiamente nella sezione 2.1 e torneremo solo fuggacemente sull'argomento. Col termine fenotipo intendiamo, in termini generali, ciò che si osserva e si misura delle caratteristiche di un animale: dal colore del mantello, alla quantità di latte prodotta da una pecora; dalla qualità di questo latte, al numero di uova prodotte in un anno da una gallina ovaiole e da tante altre caratteristiche che possiamo individuare. I fenotipi sono influenzati dai geni e dall'ambiente in cui l'animale ha prodotto, tipicamente l'alimentazione, la temperatura ambientale, ecc. Già abbiamo visto come la variabilità dei fenotipi possa essere ricondotta alla somma della variabilità genetica e di quella ambientale, secondo l'equazione: $V(P) = V(G) + V(E)$. Per conoscere la variabilità fenotipica si utilizza la varianza, per le cui regole di calcolo rinviamo il lettore all'appendice 1.

Come abbiamo visto nella sezione 2.7, la varianza fenotipica nasconde al suo interno la varianza genetica, che ne è una parte importantissima in quanto rappresenta le differenze tra gli animali esclusivamente attribuibili a cause genetiche e quindi, almeno in parte, trasmissibili alle generazioni successive. Per separare la varianza genetica da quella fenotipica sono necessari modelli di calcolo specialistici, nei quali non ci addentriamo, ma che comunque richiedono l'abbinamento del dato fenotipico con quello genealogico. Senza la conoscenza delle relazioni di parentela tra gli animali non è quindi possibile scorporare $V(G)$ da $V(P)$ e pertanto non è possibile conoscere nemmeno $V(E)$. Sempre nella sezione 2.7 abbiamo visto come separando $V(G)$ da $V(P)$ sia possibile definire un parametro cruciale: l'ereditabilità (h^2):

$$h^2 = \frac{V(G)}{V(P)}$$

Conoscere l'ereditabilità di un carattere ci fornisce indicazione sulle opportunità che abbiamo per selezionare i riproduttori per quel carattere. Nel nostro caso, relativo alla conservazione genetica, ci dice se un fenotipo presenta una sottostante variabilità genetica sulla quale agire in modo da non perderla con inopportune pratiche gestionali della popolazione.

4.1.2 Genealogie

Nelle popolazioni zootecniche gli animali alla nascita vengono identificati con un numero di matricola univoco valido in tutta l'UE, e vengono registrate le matricole della madre e del padre. L'informazione "figlio-padre-madre" costituisce quindi la stringa informativa di base per la costruzione del pedigree di ogni individuo, che sarà costituito con i dati dei genitori, nonni, bisnonni e via risalendo. Si crea in questo modo, nel tempo, un archivio dal quale è possibile estrarre le relazioni di parentela tra tutti gli individui di una razza: questo archivio ne costituisce quindi il Libro Genealogico (LG).

Il LG ha per gli animali lo stesso valore che potrebbero avere per noi umani le genealogie delle famiglie nobili discendenti da illustri antenati. Alcuni LG richiedono, per l'iscrizione di un nuovo nato, che questo provenga da genitori a loro volta iscritti. In questo modo solo gli animali iscritti possono vantare un'ascendenza certificata e, di conseguenza, il loro valore commerciale risulta accresciuto in virtù di questa nobiltà. Alcuni LG richiedono che ogni nuovo iscritto abbia almeno cinque generazioni registrate, altri, più tolleranti ne richiedono solo tre. Oltre a questi LG chiusi, esistono poi libri genealogici cosiddetti aperti, che accettano nuovi iscritti senza o con incomplete genealogie, purché abbiano un fenotipo allineato agli standard della razza codificati nelle Norme tecniche del LG.

Risalendo indietro nelle generazioni, tuttavia, si arriva comunque ad un punto che costituisce il momento iniziale in cui le registrazioni sono iniziate. Si risale, cioè, a quelli che vengono definiti i fondatori, gli animali iscritti, per così dire, alla prima pagina del LG, animali di cui non si conoscono i genitori. E proprio a questo livello c'è un limite dell'uso dei pedigree per misurare la variabilità genetica, cioè il fatto che dobbiamo assumere che questi fondatori non siano parenti tra loro, mentre potrebbero benissimo esserlo. Per questo stesso motivo il confronto della parentela media, della consanguineità e di altri parametri calcolati sulle genealogie in razze diverse deve tenere conto della profondità e completezza delle informazioni genealogiche nelle singole razze. Per esempio, in una popolazione dove si conoscono solo due generazioni, figli e genitori, la consanguineità dei figli sarà ovviamente pari a zero in quanto non conosciamo le relazioni di parentela tra genitori.

La registrazione della paternità e maternità non è sempre così semplice e sicura come si potrebbe pensare. Nei piccoli ruminanti dove la FA è assai poco diffusa, ad esempio, è piuttosto facile riconoscere al parto la madre di un capretto o di un agnello, ma per identificare il padre è necessario, al momento della monta, che le madri siano state imbrancate con un unico maschio identificato in modo certo. Questo richiede attenzioni gestionali che non tutti affrontano, per il lavoro e i costi che queste comportano. In altre specie, dove invece la FA è pratica corrente, ma anche in condizione di monta naturale (bovini, equini e suini), la registrazione del padre è più facile, sebbene richieda comunque una certa

attenzione e precisione da parte dell'allevatore. Le registrazioni nel LG possono quindi essere incomplete e presentare anche errori che hanno certamente ripercussioni spiacevoli quando queste vengono utilizzate per la selezione o per la conservazione genetica di una razza. Gli errori di registrazione possono essere casuali e, per così dire, "colposi", ma possono anche essere "dolosi" per i più svariati motivi. Il risultato finale di tutte queste complesse realtà allevatoriali è che le carenze informative, gli errori e la poca profondità nei pedigree determinano definizioni errate delle parentele e della consanguineità nella popolazione con conseguente pericolo di sottostima della reale situazione di eventuale rischio di una razza.

È opportuno, infine, sottolineare che le parentele calcolate secondo quanto abbiamo visto alla sezione 2.5 sono sempre dei valori attesi. Ad esempio, due mezzi fratelli hanno una parentela di 0,25, ma, in linea teorica, potrebbero avere valori anche molto diversi, idealmente compresi tra zero e 0,5. E anche i coefficienti di consanguineità sono valori attesi.

4.1.3 Marcatori genetici

Fino a pochi decenni fa i geni erano conosciuti fondamentalmente perché producevano un fenotipo in qualche modo osservabile. La caratteristica di un gene, codificato nel DNA, è infatti quella di essere tradotto, grazie ad un complesso apparato presente in tutte le cellule, in una sequenza di aminoacidi che costituiscono le proteine, e, di fatto, queste sono concettualmente già il fenotipo. Il meccanismo per cui da una sequenza lineare di basi del DNA si arriva ad una sequenza lineare di aminoacidi è descritto con qualche maggiore dettaglio nell'appendice 7. Qui è opportuno solo ricordare che ogni combinazione di tre basi del DNA (le basi del DNA sono di 4 tipi: Adenina, Guanina, Citosina e Timina, rappresentate dalle loro lettere iniziali A, G, C e T) codifica per un preciso aminoacido, e che quindi una stringa di DNA, con la sua ordinata e unica sequenza di basi, determina una precisa e specifica sequenza di aminoacidi e un'altrettanta precisa proteina. Naturalmente questo principio si riferisce solo a quelle porzioni di DNA che costituiscono i segmenti codificanti di un gene. La maggior parte, oltre il 98%, del DNA non ha in realtà funzione codificante.

La struttura della doppia elica del DNA prevede che due catene di basi si fronteggino e si avvolgano tra loro a spirale, in modo che ad ogni Guanina presente su una catena corrisponda una Citosina sulla catena opposta, e ad ogni Adenina corrisponda una Timina. Un segmento di DNA può avere quindi una sequenza di questo genere:

→AATGTGCCATGGCCCGAT...
 ...TTACACGGTACCGGGCTA←

Di queste due catene, dette antiparallele, una è quella "codificante", e quella contrapposta è definita "stampo". Nello schema seguente le basi sono numerate

nella prima riga da 1 a 18. Se la catena codificante fosse quella in alto, dalla traduzione di questa breve sequenza di fantasia verrebbe prodotta la sequenza amminoacidica della terza riga. Esiste quindi un codice genetico che ad ogni “tripletta” (nella seconda riga) fa corrispondere un preciso amminoacido (descritto con la sua sigla convenzionale a tre lettere, oppure a una lettera, nella quarta riga). Con 4 lettere (A, G, C, T) si possono scrivere 64 diverse triplette che codificano per i 20 amminoacidi essenziali: è naturale quindi che vi sia una certa ridondanza, cioè che più triplette codifichino per lo stesso amminoacido (come si vede nell’esempio per la Prolina, P, codificata sia da CCA che da CCC).

123	456	789	012	345	678
AAT	GTG	CCA	TGG	CCC	GAT
Asn	Val	Pro	Trp	Pro	Asp
N	V	P	W	P	D

Come si diceva, fino a pochi decenni fa i geni erano conosciuti non per la loro sequenza, ma per il fatto che il prodotto genico, la proteina che veniva codificata, poteva avere caratteristiche diverse, e che con tecniche diverse, ad esempio immunogenetiche o elettroforetiche, si poteva mettere in evidenza questo polimorfismo proteico. Queste diverse forme vennero definite alleli e si determinò così il concetto di omozigosi ed eterozigosi che abbiamo già visto nella sezione 2.2.

In anni più recenti, moderne tecnologie hanno prodotto macchine in grado di leggere direttamente le basi del DNA e di determinarne quindi la precisa sequenza. Si è trattato di un fatto realmente rivoluzionario che ha consentito la lettura diretta di polimorfismi del DNA. Con queste tecnologie è possibile infatti vedere anche la differenza di una sola base in una particolare sequenza e quindi determinare un polimorfismo del DNA (uno SNP, cioè un polimorfismo di un singolo nucleotide, ossia di una singola base) anche se questo non ha alcun riscontro nella sequenza proteica prodotta. Ad esempio, nella sequenza che precede, se la base in posizione 9 mutasse da A a C, non cambierebbe nulla in termini di sequenza proteica perché comunque la Prolina sarebbe correttamente inclusa nella proteina. Non vedremmo cioè nulla in termini di fenotipo, ma potremmo tracciare quel particolare punto mutato riconoscendo un polimorfismo del DNA con due alleli SNP, C ed A, presenti nella popolazione.

Oggi abbiamo la possibilità di leggere anche centinaia di migliaia di punti di mutazione presenti nell’intero genoma di un individuo al costo di pochissime decine di euro a soggetto. Queste mutazioni puntiformi, SNP, non sono le uniche mutazioni presenti nel DNA che rendono diversi tra loro gli individui di una stessa specie. Esistono tipi, anche molto complessi, di polimorfismo che coinvolgono segmenti di DNA ben più lunghi di un singolo nucleotide e che, come gli SNP, possono avere effetti anche drammaticamente deleteri per la vita

del portatore della mutazione. Ma gli SNP sono oggi facili da leggere in modo automatizzato e sono quindi molto utilizzati in campo zootecnico per la selezione e per la conservazione genetica.

In generale, questi polimorfismi del DNA vengono indicati col termine di marcatori genetici e la loro collocazione sparsa lungo l'intero genoma fa sì che possano trovarsi in regioni del DNA codificanti (con un potenziale effetto sul prodotto genico e quindi sul fenotipo), in regioni fiancheggiatrici i geni che ne regolano l'attività e il funzionamento e in regioni non codificanti che, per la verità, costituiscono la maggior parte dell'intero genoma e che non sembrano avere un evidente significato nella biologia di un individuo. I marcatori genetici hanno potenzialità straordinarie nell'ambito della conservazione genetica in quanto, di ogni individuo, possiamo riconoscere gli alleli portati ad un numero sterminato di loci (non solo geni quindi), possiamo quantificarne la frequenza nella popolazione, il grado di omozigosi o eterozigosi, possiamo utilizzarli per misurare distanze genetiche tra razze diverse, possiamo misurare la somiglianza tra individui senza disporre di relazioni genealogiche e calcolare quindi parentele genomiche (vedi appendice 8), monitorando a livello individuale quello che realmente avviene e non solo in termini di valori medi attesi.

4.2 Come misurare la variabilità genetica entro razza

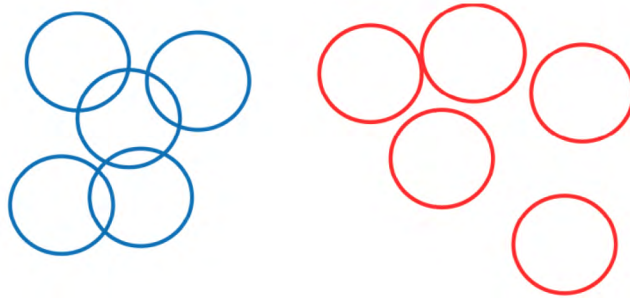
Conoscere il grado di variabilità genetica presente in una razza, o comunque in una popolazione oggetto di studio, è un fatto della massima importanza. Possiamo farci un'idea della variabilità genetica anche osservando i diversi fenotipi direttamente visibili, come i colori dei mantelli o l'aspetto morfologico, ma è spesso molto più importante dare della variabilità entro razza una misurazione obiettiva e quantitativa che sia basata, oltre che sul fenotipo, anche su informazioni di tipo genetico che sono indubbiamente più atte a sondare la reale natura di questa variabilità. Abbiamo a disposizione diversi parametri per misurare la variabilità genetica entro le razze. Alcuni si possono calcolare solo con i marcatori genetici, altri sia con i marcatori che con le informazioni genealogiche. Alcuni sono più informativi di altri ai fini della gestione e conservazione delle razze, alcuni forniscono informazioni in parte sovrapposte a quelle di altri, ma comunque utili per la loro conoscenza e gestione. Ci sono diversi software disponibili in rete gratuitamente che permettono di calcolare una grande quantità di queste misure di variabilità.

In questa sezione analizziamo quindi, con qualche dettaglio, il significato di alcuni tra i parametri più importanti per lo studio della variabilità entro razza:

- Parentela e consanguineità;
- Loci polimorfi e loro informatività;
- Eterozigosi osservata e attesa;
- Numero effettivo della popolazione.

4.2.1 Parentela e Consanguineità

Nella sezione 2.5 abbiamo visto con un certo dettaglio il significato e il calcolo della parentela e qui ricordiamo solo che due animali sono parenti, cioè hanno un coefficiente di parentela maggiore di zero ($a_{ij} > 0$), quando hanno uno o più antenati in comune, oppure quando uno discende dall'altro, come nel caso di genitori e figli, nonni e nipoti, ecc. Questo, dal punto di vista genealogico. Dal punto di vista genetico, essere parenti significa condividere una certa quota di geni identici per discendenza che derivano dagli antenati in comune, in buona sostanza assomigliarsi. E, sempre dal punto di vista genetico, significa essere meno diversi rispetto ad animali non parenti tra loro. Nella figura che segue gli individui parenti condividono parte dei loro geni (in blu) e quindi l'informazione genetica è in parte ripetuta. Gli individui non parenti (in rosso) non condividono nulla e non vi è quindi informazione genetica ripetuta.



Trasferendo il ragionamento a livello di popolazione, la parentela media che lega gli individui di una popolazione è uguale alla media dei coefficienti di parentela di tutti con tutti. Il numero delle combinazioni con cui ogni individuo si lega a tutti gli altri, incluso sé stesso, è naturalmente elevatissimo, cresce al crescere al numero degli animali (n) ed è dato da:

$$\frac{n(n-1)}{2} + n$$

Più la parentela media della popolazione è elevata, più gli individui sono tra loro geneticamente simili e quindi minore è la variabilità genetica presente nella popolazione.

Ricordiamo che un animale i è consanguineo, cioè ha un coefficiente di consanguineità F_i maggiore di zero, quando i suoi genitori sono tra loro parenti e che il suo coefficiente di consanguineità è pari a metà della parentela tra i suoi due genitori. Dal punto di vista della variabilità genetica, essere consanguineo significa avere una certa quota di loci omozigoti per geni che derivano dagli antenati in comune ai suoi genitori. La consanguineità media di una popolazione è data dalla media dei coefficienti di consanguineità di tutti i suoi n componenti.

La consanguineità è una misura usata più spesso della parentela, anche per gli effetti negativi che può produrre a livello del singolo individuo, come già ricordato sopra. In situazioni di accoppiamento casuale, cioè quando ciascuna femmina ha la stessa probabilità di accoppiarsi con ciascun maschio e viceversa, la consanguineità media degli animali di una certa generazione è uguale alla metà della parentela additiva tra maschi e femmine della generazione precedente (parentale). In assenza di accoppiamento casuale non ci sarà questa corrispondenza numerica, ma la consanguineità potrà essere superiore (in presenza di accoppiamenti privilegiati tra animali strettamente parenti), o inferiore (in presenza di accoppiamenti privilegiati tra animali poco parenti) a un mezzo della parentela media tra genitori femmine e maschi. In questi casi la parentela media è una misura più precisa, rispetto alla consanguineità, della variabilità genetica presente nella popolazione. Per il calcolo della consanguineità vale quello che si è detto a proposito delle parentele.

La parentela può essere calcolata col metodo tabulare sulla base delle genealogie (vedi appendice 6), come parentela genomica sulla base dei marcatori genetici (vedi appendice 8), o con una combinazione ponderata delle due informazioni. Interessante può essere anche lo studio delle *Runs of homozygosity* che la disponibilità di molti marcatori SNP rende oggi praticabile, come illustrato nel seguente Box.

Box 3. Le Run of homozygosity (ROH) e le firme della selezione (a cura di Nicolò P.P. Macciotta)

Le Runs of Homozygosity (ROH) sono regioni del genoma costituite da sequenze ininterrotte di SNP con genotipo omozigote. Solitamente si considera la lunghezza minima di una ROH pari a 2 milioni di basi identiche, ma, talvolta, una ROH può anche superare i 16 milioni di basi. Ad esempio, le due sequenze di SNP che seguono, presentano, evidenziato in rosso, un segmento in cui tutti gli SNP sono identici.

**AGGATCGAGCTTAGGCAACTGTAGCATGCATATCGATGCATATCG
ATTGACTAGCTTAGGCAACTGTAGCATGCATCATCGTAGTTAGCT**

Le ROH sono state evidenziate in numerose specie zootecniche e derivano principalmente dall'accoppiamento tra animali geneticamente simili o parenti. La loro lunghezza dipende dalla distanza temporale fra il soggetto in cui la ROH è stata rilevata e l'evento di inbreeding, ovvero l'accoppiamento tra animali parenti, avvenuto nei suoi ascendenti. ROH lunghe stanno ad indicare un evento di inbreeding recente, ROH corte un evento distante nel tempo. Le ROH possono essere anche utilizzate per calcolare un particolare coefficiente di consanguineità (F_{ROH}) dato dal rapporto fra

la lunghezza totale delle ROH presenti in un soggetto e la lunghezza totale del genoma di quella specie.

Ad esempio, un bufalo presenta nel suo genoma un totale di ROH pari ad una lunghezza di 83,1 milioni di basi identiche. Il genoma del bufalo è lungo 2.770 milioni di coppie di basi. Il suo F_{ROH} sarà pertanto:

$$F_{\text{ROH}} = 83,1/2770 = 0,03 = 3\%$$

Solitamente il coefficiente di consanguineità calcolato con le ROH è più alto di quello calcolato con il pedigree. Per evitare delle sovrastime, nel calcolo di F_{ROH} , è quindi consigliabile utilizzare solo ROH di lunghezza significativa, ossia maggiore di 4 milioni di basi.

La presenza di ROH nel genoma è anche legata alla storia genetica della razza. La selezione, che porta gradualmente alla fissazione allo stato omozigote dell'allele favorevole del gene che controlla il carattere di interesse, determina anche un aumento di omozigosi nelle regioni del genoma fiancheggianti il gene selezionato per effetto del *Linkage Disequilibrium*. Tutto ciò si traduce nella formazione di ROH. Ad esempio, nella razza bovina Piemontese la selezione artificiale ha portato alla fissazione di una forma di ipertrofia muscolare particolarmente evidente negli arti posteriori, fenotipo spesso indicato come “doppia coscia”. Questo carattere è determinato da una mutazione del gene della Miostatina situato nel cromosoma 2 dei bovini. Diverse ricerche hanno messo in evidenza, in numerosi soggetti analizzati, la presenza di ROH proprio in quella stessa regione del cromosoma 2 dove si trova il gene delle Miostatina. Questo esempio testimonia come le ROH possano essere utilizzate per studiare le cosiddette firme della selezione (*Selection signatures*), ossia quelle regioni del genoma dove la selezione artificiale (in questo caso) ha lasciato tracce evidenti della sua attività. Spesso, infatti, le ROH interessano regioni del genoma dove sono localizzati geni legati a caratteri produttivi o al colore del mantello oppure ad altre importanti funzioni, quali l'adattamento all'ambiente.

Le ROH, quindi, documentano la storia evolutiva di una razza il cui genoma è stato plasmato nel tempo dalle forze selettive sia naturali che artificiali. Pertanto, il loro assetto può anche essere molto diverso tra razze della stessa specie. Le razze più selezionate, come è intuitivo attendersi, presentano ROH in minor numero, ma di maggiore lunghezza, al contrario di quelle meno selezionate, in cui le ROH sono molto più numerose, ma più brevi.

4.2.2 Loci polimorfi e loro informatività

La perdita di variabilità genetica si concretizza nella riduzione e scomparsa, dove era prima presente, del polimorfismo. Per esempio, la perdita nella popolazione di uno dei due alleli originariamente presenti ad un locus, ossia la sua estinzione, determina la fissazione dell'altro allele e la scomparsa di genotipi eterozigoti a quel locus. Il locus da polimorfo diventa quindi monomorfo. Naturalmente, per quanto abbiamo visto sopra, con locus possiamo anche intendere una regione del DNA che non ha nessun impatto sul prodotto genico, ossia su una proteina. Un utile parametro che possiamo calcolare è la percentuale di loci polimorfi sul campione di loci analizzati.

Al contrario dei loci monomorfi che non presentano alcuna variabilità, vi sono loci che presentano più di un allele. Se, per esempio, in una popolazione ci sono quattro alleli ad un certo locus, che chiamiamo A, B, C e D, ci possono essere 10 genotipi diversi: quattro omozigoti (AA, BB, CC e DD) e sei eterozigoti (AB, AC, AD, BC, BD e CD). In questo caso, al locus c'è variabilità genetica e possiamo identificare gli individui che hanno genotipo diverso. Un certo locus può presentare un numero diverso di alleli in razze differenti. Una razza, ad esempio, può mancare di un allele presente invece in un'altra. Oppure, più raramente, può presentare una sua forma allelica, per così dire privata, che solo tale razza manifesta e che può essere molto utile per marcare in modo certo la sua autenticità e quella, eventualmente, dei suoi prodotti. Naturalmente gli stessi alleli possono avere frequenze diverse in razze diverse, come stiamo per vedere.

Un altro strumento di comprensione della variabilità entro razze è dato dal contenuto di informazione che un certo gene contribuisce quando più alleli sono presenti nella popolazione. Sappiamo che col termine locus descriviamo, in modo piuttosto generico, un segmento di DNA entro il quale possono accumularsi più mutazioni che determinano la possibilità di più alleli a quel locus. Vi sono molti casi di questo fenomeno in ambito zootecnico, come ad esempio il locus della k-caseina presente nel latte bovino. Una ricca variabilità entro una razza significa che a quel locus troviamo molti possibili alleli; se ne troviamo pochi significa che la variabilità è ridotta. Ma, nel determinare la variabilità, non entra in gioco semplicemente il numero degli alleli presenti, ma anche la loro frequenza. Ad esempio, se tre razze presentano ad un certo locus 4 alleli, non possiamo concludere che tutte hanno identica variabilità perché le frequenze a ciascun allele potrebbero essere molto diverse. Se per esempio in una delle tre razze un allele ha una frequenza elevata, diciamo 0,9, una grande frazione ($0,9^2 = 0,81$) di animali sarà omozigote per questo allele, saranno cioè tutti uguali. Il parametro numero effettivo di alleli ci aiuta a distinguere tra situazioni diverse misurando l'informatività del polimorfismo, tenendo conto delle frequenze alleliche, e si calcola semplicemente da:

$$\frac{1}{\sum p_i^2}$$

Dove p_i è la frequenza di ogni allele.
Facciamo un semplice esempio.

Allele	Razza 1	Razza 2	Razza 3
A	0,25	0,3	0,8
B	0,25	0,2	0,1
D	0,25	0,4	0,07
D	0,25	0,1	0,03
$\sum p_i$	1	1	1
$\sum p_i^2$	0,25	0,3	0,6558
N effettivo di alleli	4,000	3,333	1,525

Le tre razze presentano al locus analizzato quattro alleli. Tuttavia, come si vede chiaramente, solo la razza 1 presenta 4 alleli perfettamente bilanciati in termini di frequenza, e quindi il numero effettivo coincide col numero reale di alleli. Nelle altre 2 razze lo sbilanciamento tra le frequenze degli alleli è crescente, e questo determina un numero effettivo di alleli progressivamente minore. Naturalmente questo parametro acquista significato quando viene mediato tra un numero elevato di loci polimorfici.

4.2.3 Eterozigosi osservata e attesa

Dell'eterozigosi abbiamo già parlato con un certo dettaglio alla sezione 2.3. Lì avevamo visto, attraverso un esempio relativo al colore del mantello dei cavalli, come i genotipi omozigoti fossero dati dal quadrato delle frequenze dei due alleli ($p^2 + q^2$). Di conseguenza i genotipi eterozigoti possono essere calcolati dalla differenza rispetto all'unità che esprime tutti i possibili genotipi. L'eterozigosi attesa si calcola come $2pq$, nel caso di un locus biallelico, altrimenti come:

$$1 - \sum p_i^2$$

L'eterozigosi attesa è quindi quella che ci attendiamo assumendo l'accoppiamento casuale tra gli individui oppure, detto in altri termini, la probabilità che due alleli presi a caso nella popolazione, ad un dato locus, siano di tipo diverso. Utilizzando i dati delle tre razze del precedente esempio possiamo facilmente calcolare l'eterozigosi attesa.

Allele	Razza 1	Razza 2	Razza 3
$\sum p_i^2$	0,25	0,3	0,6558
Eterozigosi attesa	0,75	0,7	0,3442

Come già abbiamo visto nel caso di un locus biallelico, l'eterozigosi è massima quando le frequenze alleliche sono bilanciate, e così avviene anche in presenza di più alleli. L'eterozigosi osservata ad un locus è, invece, semplicemente la frequenza di individui con genotipo eterozigote osservata a un dato locus. In situazione di accoppiamento casuale, eterozigosi osservata e attesa sono molto vicine o coincidenti. Anche questo parametro assume naturalmente significato se mediato su un numero sufficientemente elevato di loci.

4.2.4 Numero effettivo (N_e).

Un altro parametro di grande importanza per lo studio della variabilità entro razza è il cosiddetto Numero effettivo che avremo modo di approfondire più avanti nel capitolo 5. Si tratta di un parametro che fa riferimento alla struttura demografica e riproduttiva di una razza per confronto con quella che si definisce una popolazione ideale. In una popolazione ideale il numero di maschi riproduttori è pari a quello delle femmine, ogni individuo lascia mediamente un discendente alla generazione successiva con fluttuazioni che rientrano nell'ambito della normale casualità e non vi è alcuna selezione in atto che escluda dalla riproduzione alcuni individui a vantaggio di altri. In queste condizioni idealizzate, il numero "censito", dato dalla somma dei maschi e delle femmine (N) coincide col Numero effettivo (N_e) e la popolazione va incontro ad un incremento di consanguineità (ΔF) per generazione inversamente proporzionale a N_e :

$$\Delta F = \frac{1}{2N_e}$$

In sostanza, quanto più la popolazione è grande tanto più l'incremento di consanguineità sarà piccolo. Naturalmente le popolazioni e le razze allevate sono molto lontane da questa condizione idealizzata, vuoi per il fatto che il numero di maschi è sempre di gran lunga inferiore a quello delle femmine, e vuoi perché alcuni maschi possono lasciare un numero di discendenti molto maggiore di altri. Inoltre, anche se l'allevatore non lo dichiara, una certa attività selettiva è sempre in opera, se non altro perché solo pochi maschi vengono scelti come futuri riproduttori. Queste condizioni demografiche e allevatoriali determinano quindi un N_e sempre inferiore a quello censito N , sicché, anche in presenza di una popolazione apparentemente composta da molte migliaia di capi, potremmo avere un N_e così piccolo da mettere realmente a rischio quella popolazione. In altri termini, una razza di 10.000 capi potrebbe avere numero effettivo di cento capi. L'incremento di consanguineità cui questa va incontro è cioè pari a quella di una popolazione ideale composta da soli cento individui. Come vedremo più avanti, il N_e è anche un parametro sintetico di grande importanza nel determinare lo stato di rischio di una razza e, conoscendo le cause della sua riduzione numerica, ci permetterà di agire nel modo più efficace per

evitare che una razza a rischio sia sottoposta al pericolo immediato di un irreversibile appiattimento genetico.

In termini più generali, N_e può essere anche calcolato a partire da altre informazioni di natura genetica ottenibili dalla popolazione. Tra queste, certamente vi è la consanguineità, o meglio, il suo incremento partendo dalla formula precedente. Se consideriamo due generazioni successive, il numero effettivo può essere stimato, sulla base della consanguineità accumulata e calcolata dai pedigree o dai marcatori, come:

$$N_e = \frac{1}{2\Delta F_t}$$

Dove:

$$\Delta F_t = \frac{F_{t+1} - F_t}{1 - F_t}$$

In cui F_t e F_{t+1} sono, rispettivamente, la consanguineità media della popolazione alla generazione t e alla generazione successiva ($t + 1$). Al posto della consanguineità possiamo utilizzare le parentele, con un certo aggravio di calcolo, ma con maggiore precisione di stima della variabilità in caso di accoppiamento non casuale. Oppure, utilizzando molti marcatori genetici oggi disponibili, è possibile stimare N_e a partire dalle condizioni di *Linkage Disequilibrium* presenti nella popolazione. Ma si tratta, in questo caso, di calcoli molto specialistici.

Il Numero effettivo può quindi essere calcolato in base alla struttura demografica della popolazione oppure dai suoi trascorsi incrementi di consanguineità. Assumere che questi parametri non cambino nel tempo, ci permette di predire la consanguineità attesa nel prossimo futuro, con importanti indicazioni gestionali, come vedremo nel capitolo 5.

4.3 Come misurare la variabilità genetica tra razze

Conoscere la somiglianza o la diversità genetica tra razze è utile non solo per una più approfondita conoscenza della loro origine ed evoluzione, ma anche per i diversi contesti produttivi e di conservazione. Il grado di diversità genetica tra due razze ci fornisce, per esempio, alcune indicazioni sul potenziale valore produttivo degli animali che nascono dal loro incrocio (vedi appendice 5). La somiglianza o la distanza genetica tra due razze, con problemi di rischio di estinzione, ci fornisce indicazioni preliminari sulla opportunità di convogliare risorse di salvaguardia verso una o l'altra, oppure entrambe, anche se il problema della

scelta di quali razze salvaguardare è più complesso e verrà affrontato nel capitolo 5.

4.3.1 Distanze genetiche

Tra i parametri che possiamo utilizzare per misurare la distanza genetica tra razze vengono qui presentate due misure: la distanza di Reynolds (1983)¹ e quella di Nei (1972)². A queste seguiranno, nella sezione 4.3.2 le statistiche *F* di Wright (1950)³ che, oltre a fornire una misura di distanza, analizzano, più in generale, le implicazioni di una suddivisione di una razza in sottopopolazioni geneticamente più o meno isolate.

La distanza genetica è un parametro che misura la somiglianza (vicinanza) o la diversità (distanza) genetica tra due popolazioni o razze. È calcolata a partire dalle frequenze alleliche nelle due popolazioni utilizzando un campione di loci sufficientemente numeroso. I loci utilizzati per misurare le distanze dovrebbero essere relativi a segmenti di DNA neutrali rispetto a quelli potenzialmente coinvolti nella selezione. In termini generali possiamo dire che, se i loci (marcatori) utilizzati nella misura sono selettivamente neutrali, la distanza misurerà l'allontanamento delle due razze per effetto della deriva genetica e, quindi, del tempo trascorso dalla separazione. Se i loci includono geni che controllano, ad esempio, caratteri produttivi, la distanza misurata risentirà delle forze selettive che hanno agito su quei geni. Queste forze selettive possono essere sia di tipo naturale che di tipo artificiale, con la possibilità che la selezione abbia determinato nelle due razze una convergenza dei caratteri o, al contrario, una divergenza, certamente non attribuibili a deriva genetica. Vi sono diverse misure di distanza che assumono diversi modelli del processo di differenziazione tra le popolazioni. Tutti i modelli assumono che, dopo la separazione da una popolazione originaria, l'evoluzione nelle due popolazioni analizzate sia avvenuta in modo indipendente. Inoltre, dopo la separazione, si assume non ci siano stati fenomeni di migrazione di animali tra le due popolazioni e, in molti modelli, che le dimensioni effettive delle due popolazioni siano state uguali o quantomeno simili (stessa deriva genetica). Nelle razze zootecniche escludere la migrazione (cioè lo scambio commerciale tra razze) è un assunto che rischia di essere disatteso in diversi casi. Se è avvenuta migrazione di animali tra le due popolazioni, le distanze genetiche possono rappresentare in modo distorto l'effetto della deriva genetica, ma rimangono un valido parametro di somiglianza o dissimiglianza a scopo di conservazione, in particolare tra popolazioni vicine come le razze presenti in Europa.

1 Reynolds, J., *Estimation of a coancestry coefficient basis for a short-term genetic distance*. *Genetics*, 1983, 105: 767-779.

2 Nei, M., *Genetic distance between populations*, *American Naturalist*, 1972, 106: 283-292.

3 Wright, S., *Genetical structure of populations*, *Nature*, 1950, 166:247-49.

Una distanza genetica spesso utilizzata per l'analisi delle razze domestiche è quella di Reynolds:

$$D_R = \frac{1}{2} \frac{\sum (p_i - p_j)^2}{1 - \sum p_i p_j}$$

dove p_i e p_j sono le frequenze di un allele nelle popolazioni i e j . La somma è sugli alleli presenti al locus analizzato. La formula è riferita, per semplicità, ad un singolo locus. La distanza finale sarà data dalla media dei valori ai singoli loci. Se le frequenze sono uguali nelle due razze a tutti i loci analizzati, la distanza è uguale a zero (numeratore = 0). Più le frequenze sono diverse e maggiore sarà la distanza.

Un'altra distanza molto conosciuta e utilizzata è quella di Nei (1972):

$$D_N = -\ln \left(\frac{\sum p_i p_j}{\sqrt{\sum p_i^2 \sum p_i^2}} \right)$$

Qui, la quantità entro parentesi è sostanzialmente una correlazione tra le frequenze alleliche nelle due razze (i e j) che assume quindi valori compresi tra 1 (perfetta coincidenza delle frequenze in x e y) e zero. Il logaritmo naturale negativo trasforma la correlazione in una distanza che è zero con correlazione 1 e che cresce al diminuire della correlazione.

Utilizzando come esempio gli stessi quattro alleli con le loro frequenze nelle tre diverse razze viste nella sezione precedente, possiamo rappresentare le distanze genetiche calcolate tra le razze in forma di matrice.

	Razza 2	Razza 3	
Razza 1	0,0911	0,4822	Distanze di Nei
Razza 2		0,4215	

Razza 1	0,0333	0,2705	Distanze di Reynolds
Razza 2		0,2636	

Queste due misure della distanza genetica, come d'altra parte tutte le numerose altre reperibili in letteratura, benché diverse nei valori assoluti, sono tra loro fortemente correlate. La correlazione tra Nei e Reynolds in questo particolare esempio supera addirittura il 99%.

Il calcolo delle distanze genetiche non viene generalmente fatto su due sole razze, ma su un gruppo di razze, per esempio le razze bovine dell'arco alpino oppure le razze caprine del Mediterraneo. Il valore numerico assoluto delle distanze, infatti, non ha grande importanza, mentre conta il confronto dei valori di distanza tra diverse coppie di razze.

Le distanze vengono spesso rappresentate in forma grafica per renderne più agevole l'interpretazione.

4.3.2 Statistiche F e clusterizzazione

La deriva genetica, come abbiamo visto alla sezione 2.4, produce col tempo all'interno delle razze cambiamenti casuali delle frequenze geniche fino alla eventuale perdita di alcuni alleli e fissazione di altri. Il risultato è un aumento dell'omozigosi e conseguente riduzione dell'eterozigosi. Il processo, essendo casuale, porterà a cambiamenti delle frequenze geniche che, in razze diverse che derivano da una stessa razza originaria, prenderà direzioni casuali e divergenti. Quindi, gli effetti della deriva procedono, entro e tra razze, in senso opposto. Da una parte, all'interno delle razze, portano ad una maggiore omozigosi e quindi ad una maggiore somiglianza tra individui. Dall'altra, tra le razze, portano ad una divergenza casuale, con conseguente maggiore differenza tra queste.

Ciò premesso, parliamo ora di sottopopolazioni all'interno di una razza, anziché di razze entro una specie. Per sottopopolazioni di una razza intendiamo sottogruppi della razza tra i quali lo scambio di riproduttori è limitato, ovvero tra le quali non c'è isolamento riproduttivo, ma neppure accoppiamento casuale. Ciò può essere dovuto, per esempio, a un limitato scambio di riproduttori tra aree di allevamento. Gli opposti effetti della deriva genetica ci permettono di capire l'eventuale struttura in sottopopolazioni di una razza e, per comprendere meglio il fenomeno, utilizzeremo le statistiche F di Wright.

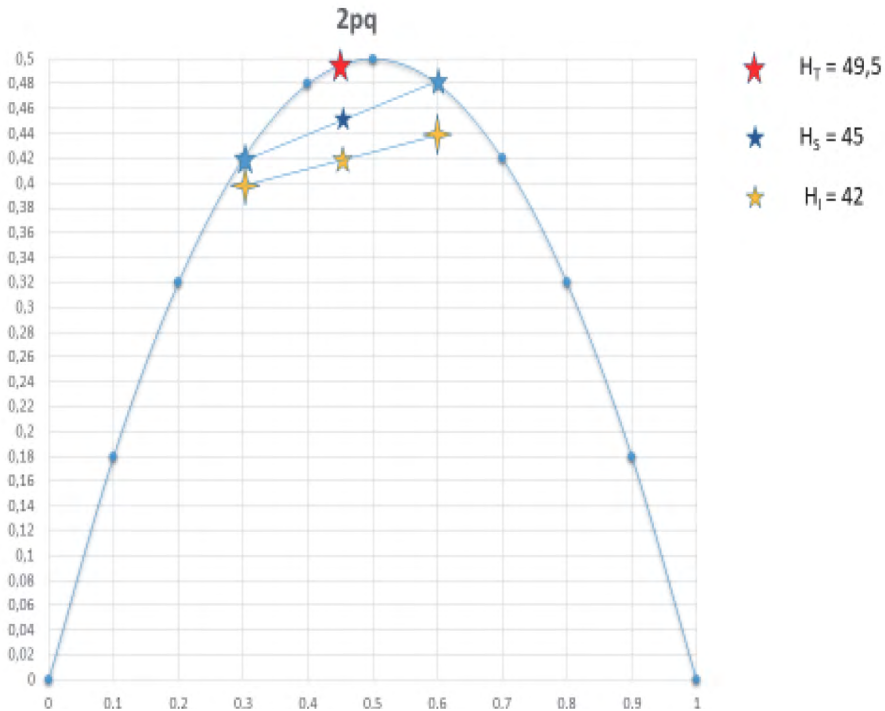
Supponiamo di volere verificare se all'interno di una certa razza vi siano due sottopopolazioni separate tra le quali lo scambio di riproduttori sia limitato. Se una razza si frammenta in due o più sottopopolazioni di minore dimensione numerica, possiamo attenderci che entro ciascuna delle sottopopolazioni, per effetto di deriva genetica e di accoppiamenti tra parenti, si verifichi una riduzione dell'eterozigosi. Per comprendere meglio questa situazione utilizziamo la pecora Sarda, la cui popolazione è allevata in Sardegna, ma anche in Centro Italia, e i due gruppi sono parzialmente separati dal punto riproduttivo. Immaginiamo la situazione ad un ipotetico locus con la presenza di due alleli A e B. Delle due sottopopolazioni supponiamo di avere operato un campionamento di 100 individui.

	Frequenze Genotipiche			Frequenze Alleliche		Eterozigoti attesi
	AA	AB	BB	p	q	$2pq$
Sotto popolazioni						
Sardegna	38	44	18	0,6	0,4	0,48
Centro Italia	10	40	50	0,3	0,7	0,42
Media delle sottopopolazioni		42 (H_1)		0,45	0,55	0,45 (H_2)
Popolazione non suddivisa						0,495 (H_1)

Nella riga della media assumiamo che le due sottopopolazioni derivino da un'unica originaria popolazione con frequenze genotipiche ed alleliche medie rispetto alla situazione dei due gruppi separati. Possiamo ora calcolare tre tipi di eterozigosi:

- $H_T = 0,495$: eterozigosi attesa nella popolazione non suddivisa, quindi assumendo accoppiamento casuale ($2 \cdot 0,45 \cdot 0,55$);
- $H_I = 0,42$: eterozigosi osservata, espressa come media tra le due sottopopolazioni;
- $H_S = 0,45$: eterozigosi attesa nelle sottopopolazioni dove si assume accoppiamento casuale, espressa come media tra le due sottopopolazioni.

Per maggiore chiarezza la figura rappresenta questi punti nel consueto grafico a parabola rovesciata che descrive la curva degli eterozigoti e che abbiamo già visto alla sezione 2.3.



Dalle differenze tra queste eterozigosi possiamo ricavare le seguenti quantità:

- $H_T - H_I = 0,495 - 0,42 = 0,075$: perdita complessiva di eterozigosi (7,5%)

Questa perdita complessiva di eterozigosi viene scomposta in due parti che hanno proprietà additiva:

- $H_T - H_S = 0,495 - 0,45 = 0,045$: perdita di eterozigosi per la separazione tra le due popolazioni
- $H_S - H_I = 0,45 - 0,42 = 0,030$: perdita di eterozigosi per accoppiamenti non casuali entro le sottopopolazioni

E calcolare infine le statistiche F:

$$F_{IT} = (H_T - H_I) / H_T = 1 - (H_I / H_T) = 0,151$$

$$F_{ST} = (H_T - H_s) / H_T = 1 - (H_s / H_T) = 0,091$$

$$F_{IS} = (H_s - H_I) / H_s = 1 - (H_I / H_s) = 0,067$$

Dove F_{IT} è un coefficiente che misura l'aumento complessivo di omozigotità osservata, complementare a 1 alla perdita di eterozigoti. Questo aumento può essere ricondotto a due cause:

1. Aumento di omozigotità conseguente alla suddivisione della popolazione nelle due sottopopolazioni, misurato da F_{ST}
2. Aumento di omozigotità conseguente alla presenza di accoppiamento non casuale ma tra animali più parenti della parentela media di popolazione, misurato da F_{IS} .

La relazione che lega queste tre statistiche F è: $(1 - F_{IS})(1 - F_{ST}) = (1 - F_{IT})$.

La quantità F_{ST} viene spesso usata per misurare la distanza genetica tra le popolazioni. La sua logica è forse più chiara se osserviamo la parabola rovesciata vista qui sopra, in cui possiamo immaginare che le due sottopopolazioni, allontanandosi tra loro, scivolino, per così dire, lungo i due rami della curva. Se $F_{ST} = 1$ significa che i due alleli si sono fissati nelle sottopopolazioni: in una si è fissato A e nell'altra B. Se $F_{ST} = 0$ significa che non vi è nessun differenziamento tra le due popolazioni.

Un esempio della possibile applicazione delle statistiche F è fornito dalla razza suina toscana Cinta Senese, razza che, a partire dagli anni '60, era andata incontro a una fortissima riduzione numerica. L'analisi delle statistiche F rivelò che una parte della consanguineità era legata all'assenza di circolazione di riproduttori tra diverse aree di allevamento (quindi una elevata F_{ST}). Fu sufficiente favorire lo scambio di verri tra allevamenti per ridurre significativamente la consanguineità. Rimaneva comunque una buona componente di consanguineità creatasi negli anni in cui la razza era costituita da poche decine di riproduttori.

L'elaborazione delle distanze genetiche, tra le quali possiamo, a questo punto, includere anche F_{ST} , si presta ad interpretazioni grafiche che ci danno un'immagine sintetica, visiva, e spesso molto utile della situazione. Vi sono diversi programmi reperibili in rete che consentono la più ampia scelta di rappresentazioni grafiche. Con le rappresentazioni ad albero, ogni razza o popolazione ha un suo ramo che parte da un nodo da cui quella razza si è separata da un'altra. Questo ci consente di visualizzare gruppi di razze più simili tra loro, che riconoscono un'ascendenza comune, da altre che si sono separate in tempi più remoti. Conoscere le relazioni tra razze, oltre ad un valore conoscitivo indiscutibile, può aiutarci a fare delle scelte nell'ambito della conservazione genetica, ad esempio utilizzare le risorse, spesso insufficienti, per salvare ciò che ha una effettiva

originalità genetica. Come sempre, però, non dobbiamo prendere l'output di un programma come oro colato, è necessario sempre capire cosa può aver determinato il risultato che osserviamo in termini di dati campionati e di storia delle diverse popolazioni. Ad esempio, una sottopopolazione di ridotta dimensione che ha risentito pesantemente di fenomeni di deriva genetica, può aver variato le frequenze dei loci entrati nell'analisi, tanto da spostare la sua posizione nella rappresentazione grafica. Lo stesso può accadere se il campionamento fatto ha interessato pochi soggetti, magari negli stessi pochi allevamenti e magari su soggetti tra loro probabilmente parenti.

Le distanze genetiche viste sopra si basano sulla conoscenza certa e a priori dell'appartenenza di ogni individuo alla sua razza. Spesso, però, questa certezza non è così solida e ci si affida quindi allo strumento dell'analisi per attribuire correttamente ogni individuo al suo gruppo etnico di appartenenza. Vediamo allora due metodi di analisi dove gli individui vengono alla fine attribuiti a cluster (gruppi) genetici senza nessuna informazione a priori. L'analisi ci permetterà quindi di attribuire ad un certo cluster gli individui che vi appartengono, e di associare a quel cluster una razza ben definita. Questi due metodi di analisi sono quello delle componenti principali e quello di *admixture* (analisi delle mescolanze).

4.3.3 Analisi delle componenti principali

Un modo di rappresentare graficamente le relazioni tra diverse razze e singoli animali è l'analisi delle componenti principali (PCA). La sua logica di funzionamento si basa su una riorganizzazione della variabilità complessiva, determinata da N variabili tra loro correlate, in N nuove variabili non correlate tra loro, di cui la prima spiega la quota maggiore della variabilità, la seconda una quota un poco inferiore e via calando. Le N variabili di partenza nella PCA possono essere marcatori genetici, ma anche semplici misure fenotipiche. In questo modo, plottando ad esempio su un piano cartesiano la prima e la seconda componente principale, quelle che spiegano le quote più rilevanti della variabilità complessiva, possiamo vedere come gli individui si aggregano o si disperdano. Naturalmente, le prime due o tre componenti principali spiegano solo una parte della variabilità complessiva, per quanto rilevante, resta esclusa la variabilità spiegata dalle componenti successive. Con questo tipo di analisi, ogni singolo individuo può venire visualizzato come un punto nello spazio N -dimensionale, e individui simili si aggregano in un cluster. In questo modo, razze diverse possono costituire cluster diversi, più o meno separati tra loro. Se le razze hanno un certo grado di sovrapposizione per meticciamenti intercorsi in passato, o perché alcuni allevatori non badano tanto alla purezza razziale e praticano un certo grado di incrocio, i cluster risulteranno in qualche modo sovrapposti e l'attribuzione di un individuo ad una razza piuttosto che ad un'altra, come sempre avviene, sarà fatto su base probabilistica. La PCA ha costituito da sempre un

potente strumento di comprensione della variabilità biologica tra popolazioni animali e vegetali.

4.3.4 Admixture, razze come mescolanza di razze

C'è un altro strumento suggestivo di riconoscimento della variabilità genetica e del suo dividersi e mescolarsi tra razze di una stessa specie. Si tratta di un'analisi che misura la presenza, all'interno del genoma di ogni singolo individuo, di segmenti genetici assimilabili ad altri presenti anche in altri individui sottoposti ad analisi. Ad esempio, se analizziamo cento individui che riteniamo appartengano a tre razze diverse e indichiamo che i cento individui derivano da due sole razze, l'analisi distinguerà due razze, riconoscendo due soli gruppi di segmenti genetici simili e, quindi, unendo in solo gruppo gli individui appartenenti alle due razze più simili tra loro. Se indicheremo, invece, tre razze in input, l'output ne riconoscerà tre. La forza di questo strumento è che, di ogni singolo individuo l'analisi riconoscerà, per esempio con diversi colori, la componente prevalente della sua razza di appartenenza (quella verosimilmente dichiarata dall'allevatore) e, se presenti, anche le componenti minoritarie delle altre razze. Questa analisi permette, quindi, di riconoscere come razze simili si aggregino ricostruendo i principali taxa⁴ che stanno a monte delle razze che vediamo oggi, ma suggerisce anche un altro importantissimo concetto che spesso è poco compreso da tecnici e allevatori. Ossia che gli individui appartenenti, senza possibilità di dubbio, ad una particolare razza, presentano quasi sempre nel loro genoma segmenti minoritari di razze diverse. È praticamente impossibile, approfondendo l'analisi e confrontando una razza con altre non necessariamente simili, trovare un solo individuo che non presenti "inquinamenti" provenienti da altri tipi genetici.

Perfino nell'uomo attuale moderno (*Homo sapiens*), presente sul pianeta da circa 200.000 anni, sono state riconosciute con certezza piccole percentuali di genoma provenienti da *Homo neanderthalensis* (estintosi circa 40.000 anni fa) e dell'Uomo di Denisova (vissuto 70.000 anni fa). In questo caso, l'analisi era tra specie diverse, ma possiamo stare certi che, se confrontiamo tutte le razze di una certa specie, ogni razza conterrà anche porzioni di genoma delle altre.

La conclusione che possiamo trarre da queste osservazioni è quindi semplice, ma importante: le razze certamente esistono e molto spesso le possiamo facilmente riconoscere da aspetti fenotipici visibili. Ma questo non significa che gli individui che attribuiamo ad una certa razza siano di "razza pura". Non esistono, in realtà, individui di razza pura. Noi definiamo di razza pura un individuo per l'aderenza del fenotipo ad un certo standard, o magari perché certifichiamo che l'animale riconosce nella sua ascendenza cinque generazioni di progenitori, tutti della stessa razza, ma la razza è, di fatto, un'etichetta convenzionale, perché

4 Taxon (plurale taxa), è un raggruppamento di organismi distinguibili da altri per caratteristiche comuni.

dal punto di vista biologico, ciò che esiste realmente è solo la specie, l'unica realtà tassonomica, che non può scambiare il suo DNA con altre specie perché l'accoppiamento è impossibile oppure, se avviene, la prole non nasce o è sterile.

Spesso noi riconosciamo una razza per caratteristiche controllate da geni che hanno un effetto visibile, tipicamente il colore del mantello, ma si tratta di pochi geni che emergono alla nostra attenzione e ci sembrano determinanti nel dimostrare la purezza razziale. Ma un mammifero conta nel suo genoma 20 o forse 30 mila geni di cui non vediamo con evidenza alcun effetto, e di cui, quindi, siamo portati a trascurare l'importanza. La razza è insomma un utile artefatto della nostra ambizione a classificare e a ordinare la complessità che vediamo nel mondo vivente. Certamente è entro ogni razza che l'uomo esercita la sua attività selettiva e, giustamente, il già citato Regolamento UE n. 1012/2016 definisce la razza non in base a supposte specificità biologiche facilmente contestabili, ma, molto più pragmaticamente, dice che una razza è una popolazione di animali sufficientemente uniforme per essere distinta da altri della stessa specie da uno o più gruppi di allevatori che hanno stabilito di iscrivere tali animali in un Libro Genealogico.

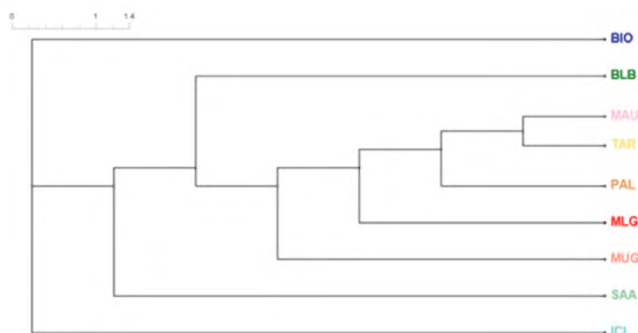
Non dobbiamo mai dimenticare, infine, che tutte le migliaia di razze domestiche che, nel breve momento attuale, noi riconosciamo e classifichiamo, derivano da un processo di domesticazione iniziato circa 10.000 anni fa. In questo lungo intervallo di tempo, durato migliaia di generazioni, le forze della mutazione, della deriva genetica, della migrazione, del meticciamiento e della selezione naturale e artificiale hanno rimescolato e plasmato le cose in maniera per noi solo molto approssimativamente ricostruibile. Solo 150 anni fa il panorama zootecnico nazionale descriveva le razze bovine presenti in Italia in una maniera radicalmente diversa da come lo conosciamo oggi. Cosa significano, quindi, in termini biologici, le ultime 5 generazioni di iscrizione ad un LG? Cionondimeno le razze sono comunque un contenitore importantissimo della storia della loro evoluzione e della loro stretta frequentazione con gli uomini che le hanno allevate e selezionate con passione. Perdere una razza significa, quindi, perdere una parte anche della nostra storia, del paesaggio della nostra campagna e della nostra stessa vita.

Box 4. *Un esempio completo di rappresentazione della biodiversità razziale*
(a cura di Alessandra Stella)

Le figure presenti in questo Box propongono la rappresentazione grafica della variabilità genetica di alcune razze caprine utilizzando tre diversi metodi di rappresentazione. La focalizzazione è su 9 razze, ma l'analisi complessiva coinvolgeva 138 razze campionate in tutto il mondo. I dati sono costituiti dai genotipi a 52.000 marcatori SNP distribuiti lungo tutto il genoma degli animali, in un pannello costruito per rappresentare in modo ottimale le diversità razziali. Le 9 razze sono le seguenti:

Razza	Sigla	Paese di origine	N individui analizzati
Bionda dell'Adamello	BIO	Italia	24
Bilberry	BLB	Irlanda	10
Icelandic	ICL	Islanda	11
Saanen	SAA	Svizzera	47
Malaguegna	MLG	Spagna	42
Murciano-Granadina	MUG	Spagna	20
Palmera	PAL	Isole Canarie (Spagna)	15
Maure	MAU	Africa	14
Targui	TAR	Africa	22

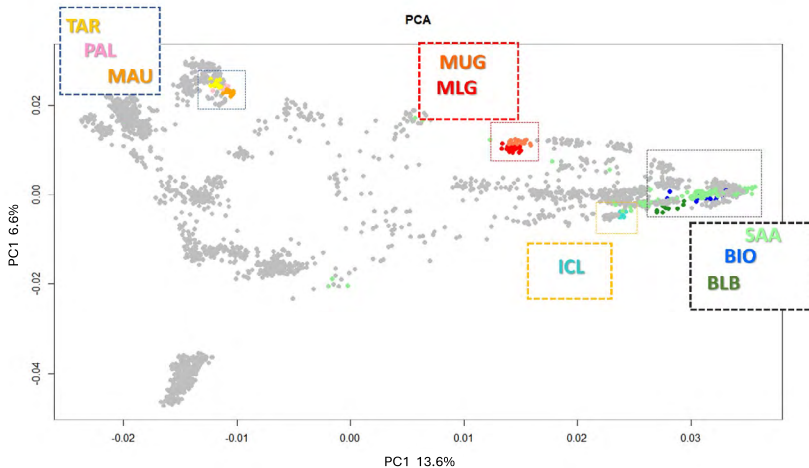
Il primo tipo di analisi, intesa a visualizzare le somiglianze e le diversità tra razze, è una rappresentazione filogenetica ad albero (dendrogramma) in cui le razze si separano tra loro in modo dicotomico (ossia da ogni nodo si separano due razze).



La lunghezza dei segmenti è proporzionale alla durata del tempo trascorso tra i diversi momenti di separazione dei rami di questa famiglia. Come si vede, le razze tra loro più simili sono le due africane (MAU e TAR) che, insieme, riconoscono un antenato comune con la Palmera delle Isole Canarie. Con la stessa logica è possibile risalire nella diversificazione delle 9 razze, fino a riconoscere come la Bionda dell'Adamello e l'Icelandic si differenzino nettamente dalle altre, a indicarne un'origine antica o, per lo meno, una separazione dalle altre molto remota nel tempo.

Un altro potente strumento di rappresentazione della diversità genetica delle razze è l'analisi delle componenti principali. Questa disegna le razze sul piano cartesiano, individuato da due dimensioni che corrispondono alla prima e seconda componente (PC1 e PC2) della varianza che qui insieme spiegano, per tutte le 138 razze, il 20% circa della variabilità complessiva dei 52.000 SNP. Ogni razza è, in questo caso, rappresentata da punti

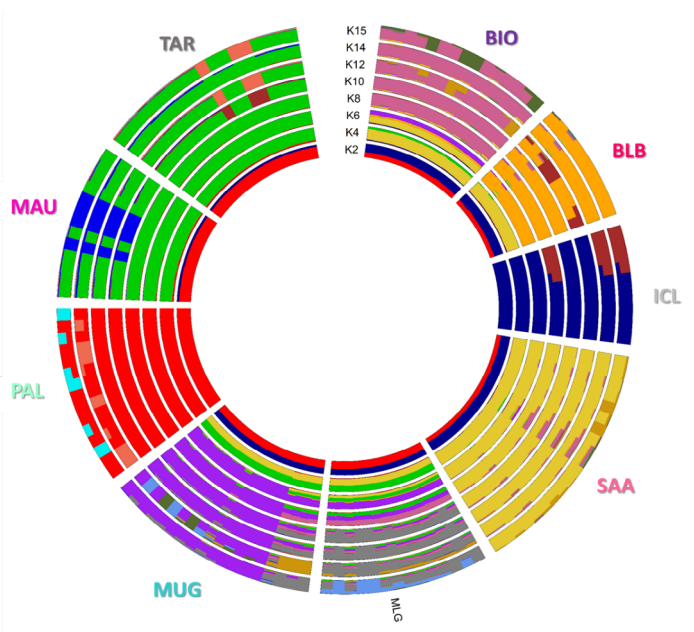
che raffigurano i singoli individui. I punti sono grigi ad esclusione di quelli delle 9 razze in tabella, che sono colorati.



I singoli individui delle 138 razze si disperdono o si aggregano in funzione della loro reciproca diversità o somiglianza genetica. Vediamo che le due razze spagnole (MUG e MLG) sono molto vicine tra loro, come quelle africane (MAU e TAR), con l'aggiunta della Palmera delle Isole Canarie. La Saanen, razza con una distribuzione quasi cosmopolita ed elevata numerosità, mostra punti ben aggregati che, però, occupano una parte estesa del piano, quasi a suggerire le diverse collocazioni territoriali del suo allevamento. La Saanen condivide l'area del grafico con altre razze europee, come l'italiana Bionda dell'Adamello, l'irlandese Bilberry, oltre all'Icelandic i cui individui si raggruppano all'estremità della distribuzione della Saanen. La reciproca vicinanza dei punti (individui) di una razza denota la loro somiglianza che può anche essere determinata dalla parentela degli animali campionati. Si capisce bene, quindi, come il campionamento sia cruciale nel determinare i risultati dell'analisi. Un campionamento corretto richiede animali non parenti, ovvero con parentela media tra loro simile alla parentela media di popolazione, e, quindi, raccolti in allevamenti diversi che possibilmente non condividano i loro riproduttori. In questo modo la clusterizzazione riflette le effettive somiglianze dovute alla razza condivisa, e non dovute alla condivisione di geni identici per discendenza, ossia provenienti da antenati comuni recenti.

Un ultimo tipo di analisi della variabilità, particolarmente suggestivo in quanto esamina la diversità sia tra che entro razze, è quello che valuta il grado di mescolanza dei loro genomi (*Admixture*). Questo tipo di analisi confronta il DNA di singoli individui e riconosce segmenti simili anche in individui appartenenti a razze differenti. Segmenti simili significa regioni

dove il DNA presenta una sequenza abbastanza conservata e osservabile anche in altri individui. Qui l'analisi, che ha esaminato il DNA di molte migliaia di capre riconosciute come appartenenti a 138 diverse razze, suggerisce che, in tutto, vi siano 15 diversi tipi di segmenti di DNA simili e conservati. Questo valore di 15 (K) viene scelto dal sistema con criteri complessi, ma è possibile scegliere arbitrariamente il valore di K per riconoscere meglio somiglianze e diversità tra razze. Delle 138 razze esaminate osserviamo qui nel dettaglio solo le solite 9, e la figura riporta la composizione del DNA dei singoli individui utilizzando valori di K crescenti fino al valore ottimale di 15 (ottimale per l'analisi completa su tutte le 138 razze).



Se imponiamo all'analisi un $K = 2$ le razze vengono classificate in due gruppi, connotati dal colore rosso e blu, dove l'Icelandic è interamente blu e la Palmera interamente rossa (corona più interna). Le altre 7 razze sono il risultato di una mescolanza in grado variabile di rosso e di blu. Portando a 4 il valore di K, oltre al rosso e blu abbiamo altri due colori: giallo e verde. In questo modo la Saanen e le due razze africane si connotano il modo netto, pur presentando piccole quote degli altri colori (poco visibili nell'immagine). Aumentando il valore di K, si aggiungono altri colori finché raggiungiamo il valore di 15, rappresentato nella corona più esterna della figura. Qui, sebbene quasi tutte le razze presentino un colore dominante, si vede chiaramente che segmenti di DNA di altri colori sono sempre presenti, e solo raramente un individuo risulta interamente puro del colore della sua

razza. Questa analisi illustra, in modo plastico, come le razze che noi definiamo tali sono comunque il risultato di una mescolanza, più o meno marcata, di segmenti di genoma provenienti o comunque in comune con altre razze. Fatto che ci impone di considerare il concetto di purezza razziale con estrema cautela e un discreto grado di “scetticismo”. Parliamo qui di purezza razziale in senso rigorosamente genetico, perché una associazione di allevatori può darne, come abbiamo visto, una definizione operativa del tutto diversa: ad esempio, un soggetto è puro e può essere iscritto al Libro Genealogico se ha tre o cinque o quante si vuole generazioni di antenati iscritti allo stesso LG e, pertanto, ufficialmente puri.

Per maggiori approfondimenti su questa analisi è possibile consultare: Stella A. e coll. *Exploring goat diversity and adaptation*. Genet. Sel. Evol. 2018; 50(1):61.



La consanguineità si controlla favorendo la riproduzione di animali con pochi parenti. In caso contrario, i loro geni potrebbero andare perduti.

Capitolo 5. Gestire la variabilità genetica

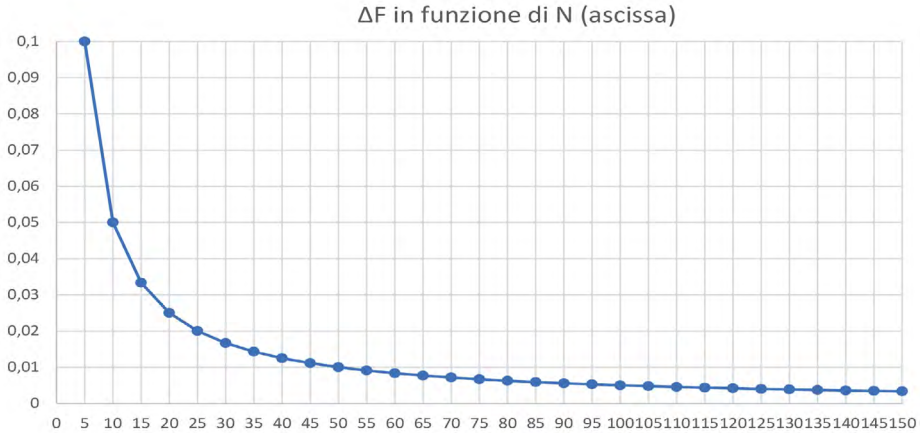
Sommario - In questo capitolo entriamo concretamente nella problematica della gestione di una popolazione di ridotta numerosità e quindi a rischio. Vedremo come applicare il concetto di numero effettivo e il suo calcolo in relazione allo sbilanciamento tra i due sessi, che sempre si osserva nelle popolazioni zootecniche. Vedremo come incide il diverso successo dei riproduttori in termini di numero di femmine, ma soprattutto di maschi, che prenderanno il loro posto nella successiva generazione. Vedremo come utilizzare in maniera ottimale le relazioni di parentela per trovare un giusto compromesso tra realizzare, quando possibile, un certo progresso genetico e mantenere in sicurezza una popolazione in termini di massima conservazione della variabilità. Prenderemo infine in considerazione altri aspetti relativi alle possibili strategie gestionali per la conservazione delle popolazioni zootecniche; il capitolo si concluderà con un paio di esempi concreti di gestione di piccole popolazioni.

5.1 La dinamica della consanguineità

Nel secondo capitolo abbiamo discusso, con un certo dettaglio, il significato e il calcolo della parentela e della consanguineità a livello di individui singoli, sulla base del loro pedigree. Nella sezione 4.2.4 abbiamo anticipato come, a livello di popolazione, la consanguineità si accumuli nel tempo determinando un incremento, che abbiamo definito ΔF , potenzialmente rischioso per la conservazione di una razza. Qui riprendiamo il filo di quel discorso partendo proprio dalla definizione algebrica di ΔF che è:

$$\Delta F = \frac{1}{2N}$$

In sostanza, in una situazione di accoppiamento casuale, e cioè quando ogni femmina ha la stessa probabilità di accoppiarsi con ciascun maschio e viceversa, la consanguineità aumenta da una generazione all'altra (ΔF) in modo inversamente proporzionale al numero dei riproduttori (N), dove N è dato dalla somma dei riproduttori femmine (F) e maschi (M). Più la popolazione è numerosa e più è rara la possibilità che due alleli identici per discendenza si incontrino in un individuo, e quindi più lento sarà l'incremento di consanguineità. La relazione tra queste due quantità, ΔF e N , è rappresentata nel grafico seguente.



Questa equazione estremamente semplice assume però una serie di condizioni che, generalmente, non troviamo nelle popolazioni zootecniche, ma di cui dobbiamo tenere conto nel calarci dalle formulazioni matematiche alla realtà di campo. Tre sono le condizioni che ne limitano l'applicazione e che ci interessano in particolare modo, e cioè, la formula:

1. assume che il numero dei maschi che si riproducono sia pari a quello delle femmine. Nelle popolazioni zootecniche questa condizione non si verifica praticamente mai perché gli animali che producono sono le femmine e bastano pochi maschi per fecondarle;
2. assume che maschi e femmine che lasciano una discendenza si accoppino casualmente e lascino tutti un numero di figli simile. Anche questa condizione è difficilmente rispettata nella realtà di campo perché i riproduttori possono avere un successo riproduttivo molto variabile: alcuni faranno molti figli, altri molto pochi;
3. assume che maschi e femmine che lasciano una discendenza siano scelti a caso tra i maschi e le femmine disponibili senza che vi sia alcuna selezione tra questi. Ma nelle popolazioni zootecniche, anche in quelle più ridotte, una certa selezione viene sempre praticata.

Quando queste condizioni non sono presenti, e di fatto non lo sono mai, dobbiamo sostituire N con N_e ossia con il “numero effettivo” dei riproduttori per ottenere così nuovamente una equazione semplice per predire l'incremento di consanguineità tra due generazioni:

$$\Delta F = \frac{1}{2N_e}$$

Nella gestione di popolazioni numericamente grandi, ma sarebbe meglio dire con un elevato N_e , la preoccupazione per l'aumento della consanguineità è limitata. Ma nelle popolazioni con piccolo N_e il rischio di un troppo rapido au-

mento della consanguineità ci deve mettere in allarme. Nel caso di popolazioni con N_e piccolo è quindi necessaria una attenta gestione genetica demografica della popolazione, da attuarsi in stretta collaborazione tra chi gestisce la razza e gli allevatori. Inoltre, qui non bisogna farsi ingannare dalla numerosità, reale o censita, di una popolazione o di una razza. Alcune razze cosmopolite diffuse a livello planetario con milioni di capi, sono sottoposte ad una stringente selezione che determina uno straordinario ΔG . Ma questo risultato viene ottenuto con una riduzione così drastica del numero dei riproduttori e delle famiglie da cui questi provengono che queste razze possono, ad uno studio puntuale, scoprire di essere altrettanto a rischio di una razza di piccole dimensioni.

Da sottolineare infine che la scelta dei maschi e delle femmine che lasciano una discendenza deve essere casuale. Ciò significa anche che il grado di parentela media che lega questi riproduttori tra loro non deve essere diverso dal grado di parentela media presente nell'intera popolazione.

A questo punto non resta che calcolare il Numero effettivo.

5.1.1 N_e e sbilanciamento dei riproduttori

Metà della informazione genetica presente in una nuova generazione dipende da ciascuno dei due sessi presenti nella generazione precedente. Infatti, ogni nuovo individuo riceve metà informazione dalla madre e metà dal padre. Da ciò deriva che il sesso numericamente meno rappresentato nella popolazione può creare un imbuto nel passaggio dei geni da una generazione alla successiva, con perdita di informazione genetica. Facendo un caso estremo, se in una popolazione usiamo un solo maschio riproduttore che è omozigote AA ad un ipotetico gene, metà dei geni di tutti gli animali della generazione seguente, a quel gene, saranno di tipo A. E, in termini di parentela e di consanguineità, tutti i nuovi nati saranno mezzi fratelli ($a_{ij} = 1/4$) da parte paterna. Dal loro accoppiamento, nella generazione successiva nasceranno animali con coefficiente di consanguineità pari a $1/8$. Ricordiamo infatti che:

$$F = \frac{a_{ij}}{2}$$

Per quantificare l'effetto sul tasso di consanguineità di un rapporto squilibrato tra sessi, usiamo la formula (1) del numero effettivo definita da S. Wright (*Genetics*, 16: 97-159, 1931):

$$N_e = \frac{4MF}{M + F} \quad (1)$$

dove M e F sono, rispettivamente, il numero dei riproduttori maschi e femmine. Se $M = F = N/2$, allora $N_e = N$, cioè il numero effettivo coincide col numero totale dei riproduttori. Ma se i riproduttori maschi e femmine sono in numero diverso, come normalmente avviene in una popolazione zootecnica con pochi maschi e molte femmine, allora la numerosità effettiva è inferiore a N ($N_e < N$).

Di seguito confrontiamo il N_e di tre popolazioni, tutte di 40 riproduttori, ma con diversi rapporti tra maschi e femmine e vediamo come aumentando lo squilibrio tra sessi N_e diminuisca e conseguentemente aumenti il ΔF per generazione.

Popolazione	maschi (M)	femmine (F)	N = M+F	Ne	ΔF generazione
A	1	39	40	3,9	12,8 %
B	10	30	40	30	1,67 %
C	20	20	40	40	1,25 %

Vediamo un esempio ancora più estremo nella tabella seguente, che ci mostra come una popolazione di quattro maschi e quattro femmine corrisponda, in termini di numero effettivo, e quindi di incremento di consanguineità, ad una composta da due maschi e 1000 femmine. A parità di risultato in termini di controllo della consanguineità, diminuire la popolazione di maschi da 4 a 2 equivale ad aumentare la popolazione di femmine da 4 a 1000. In sostanza, avvicinare il numero di maschi e di femmine ad un loro, anche limitato, bilanciamento produce ottimi effetti sull'innalzamento del numero effettivo.

maschi (M)	femmine (F)	N = M+F	Ne	ΔF generazione
2	1000	1002	8	6,25 %
4	4	8	8	6,25 %

5.1.2 N_e e variabilità del successo riproduttivo

A parità di numero di riproduttori, non solo il rapporto tra i due sessi incide sul numero effettivo, ma anche la disomogeneità del numero dei loro figli, ossia la varianza del successo riproduttivo dei riproduttori, ha un peso rilevante nel determinare una variazione di N_e . Facciamo nuovamente un esempio estremo con una popolazione di 10 maschi riproduttori e 100 femmine. Se un maschio si accoppia con 91 femmine e gli altri 9 maschi con una femmina ciascuno, in termini di parentela il 91% dei nati saranno mezzi fratelli da parte di padre e, dal loro accoppiamento, assumendo accoppiamento casuale, nasceranno animali che, con elevata probabilità (circa 80%), avranno un coefficiente di consanguineità pari a $1/8$. Abbiamo utilizzato dieci maschi, ma in termini genetici è come se ne avessimo utilizzato uno solo, o poco più. Nelle popolazioni zootecniche è quasi una regola fissa che i riproduttori maschi abbiano un successo riproduttivo

molto variabile. Nei bovini, ad esempio, alcuni tori possono diventare famosi per le ragioni più disparate e generare molti più figli di altri, altrettanto meritevoli, ma meno popolari. Ma questo fenomeno si osserva in tutte le specie.

Quando sospettiamo una forte disomogeneità nel successo riproduttivo è opportuno utilizzare un diverso modello di calcolo per il N_e che ci permetta, in aggiunta all'eventuale sbilanciamento tra M e F, di tenere conto anche di questa disomogeneità. Si tratta di una formulazione piuttosto complicata che è espressa come reciproco di N_e in quanto questo ne può facilitare la comprensione. Qui dobbiamo, prima di tutto, distinguere i riproduttori non più solo come maschi e femmine, ma anche come padri di maschi o di femmine e come madri di maschi o di femmine. In una popolazione zootecnicamente evoluta come i bovini da latte in cui il carattere selezionato si misura solo nelle femmine, questa distinzione è ben funzionale a qualsiasi schema selettivo. Qui, però, per quelle stesse categorie di riproduttori, siamo interessati non alla superiorità genetica, ma alla varianza della numerosità della progenie, quindi dobbiamo conoscere le seguenti quattro varianze:

- σ_{mm}^2 varianza della numerosità della progenie maschile dei maschi;
- σ_{mf}^2 varianza della numerosità della progenie femminile dei maschi;
- σ_{ff}^2 varianza della numerosità della progenie femminile delle femmine;
- σ_{fm}^2 varianza della numerosità della progenie maschile delle femmine.

Definite le varianze, possiamo sviluppare la seguente formula (2) di W.G. Hill (1979)¹ per determinare N_e

$$\frac{1}{N_e} = \frac{1}{16M} \left[2 + \sigma_{mm}^2 + \left(\frac{M}{F}\right)^2 \sigma_{mf}^2 \right] + \frac{1}{16F} \left[2 + \sigma_{ff}^2 + \left(\frac{F}{M}\right)^2 \sigma_{fm}^2 \right] \quad (2)$$

Quando la popolazione resta numericamente stabile e gli animali hanno tutti la stessa probabilità di riprodursi (quindi vi è una disomogeneità riproduttiva esclusivamente attribuibile al caso), le quattro varianze corrispondono alle medie della numerosità dei diversi tipi di progenie, come definito dalla distribuzione di Poisson, per la quale, come è noto, la varianza è pari alla media. Quindi:

$$\sigma_{mm}^2 = 1; \sigma_{mf}^2 = \frac{F}{M}; \sigma_{ff}^2 = 1; \sigma_{fm}^2 = \frac{M}{F}$$

Per maggiore chiarezza, $\sigma_{mm}^2 = 1$ significa, ad esempio, che mediamente ogni riproduttore maschio lascerà alla generazione seguente un riproduttore maschio. Naturalmente questo valore medio di 1 significa che vi può essere una certa variabilità casuale con alcuni maschi che ne potranno lasciare 2 o al limite 3, oppure anche nessuno. Ma questa variabilità del successo riproduttivo

1 Hill, W.G. *A note on Effective population size with overlapping generations*, Genetics, 92:317-322, 1979.

dei padri rientra nei limiti della casualità che, statisticamente, è definita dalla distribuzione di Poisson.

Utilizzando le varianze di Poisson, la complessa formulazione precedente (2) si riduce a quella classica (1). Se, invece, le varianze del successo riproduttivo sono più elevate delle rispettive medie, come di fatto avviene quasi sempre nelle popolazioni reali, N_c diminuisce tanto più quanto le varianze saranno alte. E, conseguentemente, aumenterà ΔF . L'esempio del seguente Box 5 fa meglio comprendere lo scenario nel quale trova applicazione questa materia.

Box 5. Varianza del successo riproduttivo (a cura degli autori)

Supponiamo una piccola popolazione equina in cui siano attivi 12 stalloni. Questi sono chiamati a lasciare altrettanti stalloni per la rimonta. La variabile che ci interessa (y) è quindi il numero di figli che ogni stallone lascia alla discendenza, ossia il successo riproduttivo di questi padri. In termini generali, se 12 padri lasciano 12 figli, la media della variabile è 1 (ogni stallone lascia mediamente un figlio alla prossima generazione). Ma a noi interessa la varianza di questa distribuzione, ossia la varianza del successo riproduttivo dei padri nel lasciare figli maschi. La distribuzione di Poisson ci permette di calcolare, sulla base della completa casualità degli accoppiamenti, quale sia la probabilità di ogni valore di y . Moltiplicando questa probabilità per il numero di stalloni (12) otteniamo il numero di stalloni teorici che ci attendiamo siano padri di quel dato numero di figli.

Caratteristica della distribuzione di Poisson è che la varianza coincide con la media, quindi, con accoppiamenti casuali, nel nostro esempio la varianza sarà pari ad 1. Possiamo comunque calcolare la varianza di y tenendo conto come "peso" del numero di padri che hanno prodotto quel dato numero di figli. La formula da utilizzare (vedi appendice 1) è la seguente:

$$\text{Devianza ponderata} = \sum y_i^2 w - \frac{(\sum yw)^2}{\sum w}$$

Figli per padre (y)	Probabilità distribuzione Poisson	Padri attesi (w)	yw	y ² w
0	0,3679	4,4	0	0
1	0,3679	4,4	4,4146	4,4146
2	0,1839	2,2	4,4146	8,8291
3	0,0613	0,7	2,2073	6,6218
4	0,0153	0,2	0,7358	2,9430
5	0,0031	0,0	0,1839	0,9197
6	0,0005	0,0	0,0368	0,2207
7	0,0001	0,0	0,0061	0,0429
8	0,0000	0,0	0,0009	0,0070
9	0,0000	0,0	0,0001	0,0010

10	0,0000	0,0	0,0000	0,0001
11	0,0000	0,0	0,0000	0,0000
12	0,0000	0,0	0,0000	0,0000
Somma	1,0000	12	12	24,0000

$$\sigma_{mm}^2 = \frac{24 - \frac{12^2}{12}}{12} = 1$$

Con la distribuzione di Poisson assumiamo che i figli provengano dai padri in modo casuale. Quindi, come si vede dalla tabella, vi sono, ad esempio, 4,4 padri che non lasceranno progenie maschile alla generazione successiva. Tuttavia gli allevatori possono variare questa distribuzione forzando le condizioni, o verso la condizione in cui ogni stallone lasci rigidamente un solo figlio, oppure verso quella, opposta, in cui un solo stallone (il migliore, secondo qualche criterio) generi tutti e 12 gli stalloni della prossima generazione. Nel primo caso, poniamo tutta l'enfasi possibile sulla conservazione della massima variabilità (quindi minimo ΔF), nel secondo, l'enfasi è tutta sulla selezione (quindi massimo ΔG).

Vediamo i due casi. Nel primo, i 12 stalloni lasciano rigidamente un figlio ciascuno: non vi è più varianza tra numeri di figli per padre.

Figli per padre (y)	Padri osservati (w)	yw	y ² w
0	0	0	0
1	12	12	12
Somma	12	12	12

$$\sigma_{mm}^2 = \frac{12 - \frac{12^2}{12}}{12} = 0$$

Nel secondo caso, supponiamo che tre stalloni lascino da soli 11 dei 12 futuri stalloni. La selezione è qui in opera e la varianza sarà più grande.

Figli per padre (y)	Padri osservati (w)	yw	y ² w
0	8	0	0
1	1	1	1
2	0	0	0
3	1	3	9
4	2	8	32
Somma	12	12	42

$$\sigma_{mm}^2 = \frac{42 - \frac{12^2}{12}}{12} = 2,5$$

La varianza lasciata alla casualità degli accoppiamenti (varianza = 1) può quindi essere modificata da decisioni allevatorie per garantire un

maggiore N_e (e quindi un minore ΔF), forzando ogni stallone a lasciare un solo figlio alla generazione successiva (varianza = 0), oppure scegliendo i migliori per promuovere una certa selezione, con qualche inevitabile sacrificio in termini di N_e (varianza = 2,5).

Per completare l'esempio, supponiamo che, oltre a questi 12 stalloni, la popolazione sia composta anche da 88 fattrici, per un totale di 100 individui. Se lasciassimo al caso (secondo la distribuzione di probabilità di Poisson), il successo riproduttivo per le 4 categorie di riproduttori, le varianze sarebbero:

Padri di maschi	1
Madri di maschi (M/F)	0,136363
Padri di femmine (F/M)	7,333333
Madri di femmine	1

In questo caso, N_e risulta 42,2 con $\Delta F = 1,2\%$. Questo risultato coincide con quello che otterremmo utilizzando la più semplice formula (1).

Se, invece, forziamo ogni padre di maschi a lasciare un solo stallone alla discendenza, e operiamo per la massima riduzione della variabilità del successo riproduttivo anche per le madri dei maschi, per le madri di femmine e per i padri di femmine, le varianze, opportunamente ricalcolate, sarebbero:

Padri di maschi	0
Madri di maschi (M/F)	0,117777
Padri di femmine (F/M)	1,222222
Madri di femmine	0

In questo caso, N_e cresce a 60,8 con $\Delta F = 0,8\%$. Un piccolo miglioramento, sotto il profilo della conservazione della variabilità genetica, che comunque fa scendere la popolazione sotto quella soglia critica del 1% di ΔF per generazione, che rappresenta, come vedremo più avanti, una linea di demarcazione nella gestione della conservazione genetica di una razza.

Se, invece, ignorando qualsiasi allarme sulla conservazione della variabilità, decidessimo di praticare una decisa selezione tra i maschi e le femmine disponibili, scegliendo le migliori fattrici come madri di maschi, e i migliori stalloni come padri dei futuri stalloni e delle future fattrici, il N_e , fatti i debiti calcoli, potrebbe crollare facilmente con un ΔF che crescerebbe in modo marcato sopra al 1% per generazione.

5.1.3 N_e e selezione dei riproduttori

Le due formule presentate (1) e (2) assumono, come abbiamo detto, assenza di selezione. Tuttavia, tutte le razze sono soggette a qualche forma di selezione, quantomeno a selezione massale, cioè a selezione sulla base del fenotipo. Con la selezione massale l'incremento di consanguineità è maggiore che in assenza

di selezione, ed è quindi necessario moltiplicare la numerosità effettiva per 0,7, riducendola così del 30%, come suggerito da E. Santiago e A. Caballero (1995)². Nel caso di una selezione più stringente, che faccia uso di indici genetici, l'accelerazione della consanguineità può essere molto maggiore, anche di 2-4 volte. In questi casi è difficile stabilire un appropriato coefficiente come quello per la selezione massale, valido per tutte le situazioni, che abbatta precisamente il N_e in quanto una selezione genetica basata su indici può variare in una serie praticamente infinita di modalità con diversa stringenza. Vedremo più avanti come gestire gli incrementi di consanguineità in caso di selezione sulla base degli indici genetici.

In conclusione, il numero effettivo è un parametro che “aggiusta” il numero censito dei riproduttori in base alla struttura demografica della popolazione, riportando una popolazione reale di dimensione N ad una popolazione ideale di numerosità effettiva N_e , che presenta incrementi di consanguineità uguali a quelli della popolazione reale.

5.2 Intervallo di generazione e soglie di ΔF

Le equazioni (1) e (2) di cui ci abbiamo discusso nelle precedenti sezioni si riferiscono all'incremento di consanguineità atteso tra generazioni: i processi genetici avvengono infatti nella trasmissione dei geni dai genitori ai figli e quindi nel passaggio generazionale. Tuttavia nella programmazione della gestione genetica di una popolazione l'unità di tempo è molto importante ed è ovviamente l'anno. Per conoscere quindi l'incremento di consanguineità per anno (ΔF_y) dobbiamo dividere il ΔF per generazione per la durata dell'intervallo di generazione, espresso in anni. Per generazione si intende il numero di anni (L) che mediamente intercorre tra la nascita dei genitori e quella dei figli che li sostituiscono:

$$\Delta F_y = \frac{1}{2N_e L}$$

L'intervallo di generazione dipende dalla specie, ma anche dalla razza e dal sistema zootecnico di allevamento ed è spesso diverso tra maschi e femmine. Per esempio, l'intervallo di generazione delle femmine nei bovini da latte potrebbe variare da 4 a 5 anni, come abbiamo visto alla sezione 1.5, a quasi 9 anni nelle bovine maresmmane che hanno un ciclo riproduttivo più lento, con il loro primo parto a 4 anni e una vita lunga anche oltre i 15 anni. L'intervallo

2 Santiago E., Caballero A. *Effective population size of populations under selection*, Genetics, 139:1013-1030, 1995.

di generazione della popolazione è sempre dato dalla media degli intervalli di maschi e femmine.

La domanda che ora si presenta è la seguente: quale incremento massimo di consanguineità per generazione possiamo accettare per garantire ad una popolazione una vita genetica lunga e sana, senza che si perda variabilità genetica per molte generazioni a venire? La FAO, sulla base della teoria della genetica della conservazione, suggerisce di mantenere il numero effettivo di una popolazione al di sopra di 50, o, meglio ancora, sopra a 100. Questi valori minimi corrispondono ad un incremento di consanguineità per generazione dell'1%, o, meglio, dello 0,5%. Si tratta di valori minimi prudenziali, al di sotto dei quali si deve fare di tutto per non scendere, ma affronteremo con maggiori dettagli questi problemi nel prossimo capitolo 6.

5.3 Parentela tra nonni, chiave di volta per controllare la consanguineità dei nipoti

Ricordiamo che un individuo è consanguineo (e cioè ha un coefficiente di consanguineità F maggiore di zero) quando i suoi genitori sono tra loro parenti. I genitori, dal momento che sono parenti, hanno geni in comune, ereditati da antenati comuni (e quindi geni identici per discendenza). Questi geni, se trasmessi alla progenie, creano in questa una omozigosi per discendenza, che determina appunto la consanguineità. Abbiamo visto con un certo dettaglio questi concetti nella Sezione 2.5. E conosciamo i problemi che possono presentarsi quando la consanguineità è eccessiva.

Ragioniamo ora, invece, in termini di gestione per il controllo della consanguineità in modo più dettagliato. Il controllo è necessario, per esempio, nel caso in cui non possiamo avere una numerosità effettiva sufficientemente grande, ma anche quando questa presenta livelli accettabili, ossia superiori a quella soglia di 50/100 che rappresenta il campanello di allerta per la conservazione di una popolazione. In termini di intervento gestionale per il controllo della consanguineità è importante distinguere due aspetti:

- A. Intervento sulla scelta dei nuovi nati da allevare come riproduttori, in modo da minimizzare la parentela media tra questi.
- B. Intervento sui singoli accoppiamenti tra i riproduttori e, quindi, sulla parentela che si realizza in ogni specifico accoppiamento.

Le associazioni degli allevatori forniscono spesso ai loro soci programmi di calcolo per determinare la parentela di ogni accoppiamento possibile, in modo da consentire la scelta in allevamento degli accoppiamenti che minimizzano la consanguineità delle progenie (B). Si tratta di strumenti molto utili che, tuttavia, devono assolutamente essere utilizzati all'interno di una preliminare strategia, che rientra nelle sole possibilità dell'associazione, di immissione nel "mercato

dei riproduttori utilizzabili” di animali la cui parentela sia minimizzata (A). L’associazione che cura la conservazione genetica di una razza dovrebbe, quindi, pianificare per tempo gli accoppiamenti opportuni per rendere disponibili ad ogni generazione riproduttori (soprattutto maschi) in numero sufficiente, ma, soprattutto, tra loro poco parenti.

A parte situazioni estreme, dove la popolazione è talmente piccola che tutti gli animali nati, maschi e femmine, devono essere allevati per diventare riproduttori, generalmente solo una parte dei nuovi nati diventerà riproduttore. Questo è particolarmente vero tra i maschi nei sistemi dove un riproduttore feconda più femmine e quindi i maschi necessari sono pochi. L’obiettivo ottimale per una corretta gestione è, quindi, quello di avere una popolazione di riproduttori poco parenti tra loro, cioè che rappresentino la massima variabilità genetica possibile. In caso contrario perderemmo, ad ogni generazione, una parte della variabilità della popolazione e la consanguineità salirebbe rapidamente.

Una volta definita la popolazione di potenziali riproduttori con bassa parentela tra loro (A), possiamo lasciare che l’accoppiamento avvenga a caso, oppure possiamo intervenire per minimizzare la parentela di ogni specifico accoppiamento (B), con strategie che vedremo più avanti. Generalmente, l’allevatore è attento a questo secondo aspetto: evita di accoppiare animali eccessivamente parenti tra loro. È, però, necessario sottolineare che questo *modus operandi* ha un effetto sulla consanguineità solo in modo temporaneo, cioè sulla generazione prodotta da quegli accoppiamenti, e non deve essere utilizzato come unica strategia di gestione. Se, infatti, abbiamo scelto come riproduttori animali molto parenti tra loro, si potrà cercare di minimizzare la parentela di accoppiamento, ma questa rimarrà in ogni caso elevata e, conseguentemente, sarà elevata la consanguineità della loro progenie.

Per fare un esempio, supponiamo che tra un gruppo di nati vengano scelti come riproduttori 5 maschi e 20 femmine, tutti fratelli pieni, quindi con una parentela tra loro pari a 50%. Dall’accoppiamento tra questi 5 maschi e 20 femmine nasceranno figli, tutti con una consanguineità pari a 25%, un valore enorme. Supponiamo, in alternativa, che vengano scelti, come riproduttori, 5 maschi fratelli pieni e 20 femmine con nessuna parentela tra loro e con i maschi. Dall’accoppiamento tra questi 5 maschi e 20 femmine nasceranno animali con consanguineità uguale a zero, ma con una elevata parentela tra loro (avremo infatti cinque gruppi di mezzi fratelli con parentela all’interno dei gruppi pari a 25%). Nella generazione successiva, accoppiando questi animali avremo una progenie con una elevata consanguineità media. Situazione analoga se i 5 maschi non avevano nessuna parentela tra loro e con le femmine e le 20 femmine erano sorelle piene. Questi esempi ci indicano che nella scelta degli animali da allevare come riproduttori tra i nati disponibili, dobbiamo minimizzare non solo la parentela tra maschi e femmine (che influisce nella generazione immediatamente successiva), ma anche quella entro i maschi ed entro le femmine (che

influisce sulla consanguineità nelle generazioni seguenti alla successiva). Il Box seguente ricapitola i concetti generali visti finora e approfondisce le relazioni che ci sono tra consanguineità in una data generazione, parentela nella generazione parentale e parentela nella generazione dei nonni.

Box 6. Parentela e consanguineità con tre generazioni (a cura degli autori)

Calcolo della parentela additiva

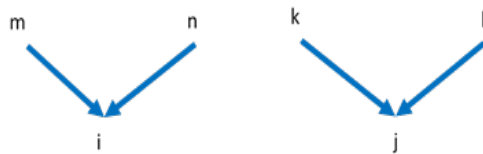
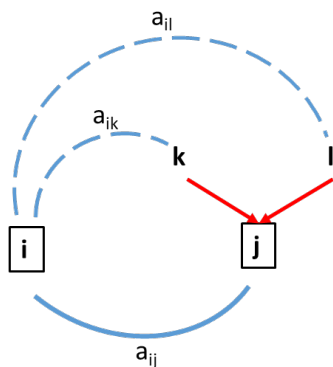
La parentela additiva tra due individui i e j (a_{ij}) viene, di norma, calcolata da:

$$a_{ij} = \frac{1}{2} a_{ik} + \frac{1}{2} a_{il}$$

Dove k ed l sono i genitori di j, padre e madre, rispettivamente. La parentela tra due animali è data quindi dalla media della parentela del primo animale (i) con i due genitori del secondo, come illustrato dalla figura.

Su questa semplice regola è basato lo sviluppo del calcolo della matrice

di parentela con il metodo tabulare (vedi appendice 6): una tabella che contiene tutte le parentele tra gli animali di un certo gruppo. Ma, sempre sulla base di questa regola, possiamo esprimere la parentela tra i e j anche in base alle relazioni che legano i loro 4 genitori. Aggiungiamo quindi anche i due genitori di i: m ed n, padre e madre, rispettivamente.



Quindi, come abbiamo appena visto, $a_{ij} = \frac{1}{2} a_{ik} + \frac{1}{2} a_{il}$. Ma, per la stessa regola, $a_{ik} = \frac{1}{2} a_{km} + \frac{1}{2} a_{kn}$ e, analogamente, $a_{il} = \frac{1}{2} a_{lm} + \frac{1}{2} a_{ln}$. Quindi, complessivamente: $a_{ij} = \frac{1}{2} (\frac{1}{2} a_{km} + \frac{1}{2} a_{kn}) + \frac{1}{2} (\frac{1}{2} a_{lm} + \frac{1}{2} a_{ln})$. Ne consegue che la parentela tra due individui può essere calcolata a partire dalla parentela tra le due coppie dei genitori:

$$a_{ij} = \frac{a_{km} + a_{kn} + a_{lm} + a_{ln}}{4}$$

Ora, la prima di queste quattro parentele è quella tra i padri di i e j , mentre l'ultima è quella tra le madri. Le altre due parentele sono, invece, quelle tra padre dell'uno e madre dell'altro e viceversa.

Calcolo della consanguineità

A questo punto consideriamo i e j come genitori di una progenie, che chiamiamo p , di cui ci interessa conoscere il coefficiente di consanguineità F_p . Sappiamo che:

$$F_p = \frac{a_{ij}}{2}$$

che è la semplice formula che ci permette di prevedere la consanguineità a partire dalla parentela tra i due genitori. Ma, a questo punto, possiamo estendere il concetto prevedendo la consanguineità di p a partire dalla parentela tra i 4 nonni.

$$F_p = \frac{a_{km} + a_{kn} + a_{lm} + a_{ln}}{8}$$

In altre parole, la consanguineità di p è data da $\frac{1}{8}$ della parentela tra i nonni, più $\frac{1}{8}$ della parentela, tra le nonne, più $\frac{1}{4}$ della parentela, tra nonni e nonne. Quindi, riassumendo, la consanguineità di p può essere calcolata dalla parentela tra i genitori oppure, risalendo di un'altra generazione, dalla parentela tra i nonni.

In termini di media della popolazione

Possiamo, a questo punto, generalizzare la relazione tra consanguineità di un soggetto, parentela tra i suoi due genitori e parentela tra i suoi 4 nonni, in termini di parentela media per una popolazione. Questo passo è particolarmente importante perché il controllo della consanguineità in una popolazione è eseguibile monitorando la parentela dei nonni, ovvero due generazioni a monte. La parentela additiva media tra gli individui di una data generazione (\bar{a}_{ij}) sarà pari alla somma di $\frac{1}{4}$ della parentela media tra i padri (\bar{a}_{km}), $\frac{1}{4}$ della parentela media tra le madri (\bar{a}_{ln}) e $\frac{1}{2}$ della parentela media tra padri e madri (\bar{a}_{kn}). La parentela tra i candidati genitori dello stesso sesso include anche la parentela degli animali con loro stessi. Questo perché il genitore maschio di un animale potrebbe essere anche genitore di un altro animale, analogamente per il genitore femmina. Quindi:

$$\bar{a}_{ij} = \frac{1}{4}\bar{a}_{km} + \frac{1}{4}\bar{a}_{ln} + \frac{1}{4}(\bar{a}_{kn} + \bar{a}_{lm})$$

$$\bar{a}_{ij} = \frac{1}{4}\bar{a}_{km} + \frac{1}{4}\bar{a}_{ln} + \frac{1}{2}(\bar{a}_{kn})$$

Il messaggio importante che deriva da questo Box è quindi che, per controllare a ogni generazione la consanguineità, dovremo operare due generazioni a monte, utilizzando come riproduttori animali poco parenti, come indicato nella formula qui sopra. Questo è il vero metodo per contenere la consanguineità nel medio e lungo termine, come vedremo successivamente con un esempio dettagliato.

5.4 Gestione della consanguineità: aspetti operativi

Nelle popolazioni di piccole dimensioni, con una attenta gestione dei riproduttori, dobbiamo controllare che la consanguineità non aumenti troppo. Per fare questo disponiamo di diverse strategie. La scelta della o delle strategie da utilizzare dipende dalla situazione specifica, dallo status della variabilità genetica nella razza, dalla struttura della comunità degli allevatori, dalla possibilità o meno di una gestione centralizzata o comunque strettamente coordinata.

Le strategie che analizzeremo qui di seguito sono:

- includere nella popolazione il maggior numero di individui;
- bilanciare il rapporto tra i riproduttori dei due sessi;
- bilanciare il numero di figli per riproduttore;
- scegliere i riproduttori sulla base dei contributi ottimali;
- gestire gli accoppiamenti;
- allungare l'intervallo di generazione.

Queste strategie, in gran parte dei casi, non si escludono a vicenda, ma possono, anzi, potenziarsi reciprocamente.

5.4.1 Includere nella popolazione il maggior numero di individui

Il primo punto di avvio di un buon programma di conservazione di una popolazione animale di ridotta consistenza richiede certamente la raccolta della maggior variabilità genetica disponibile, quindi l'inclusione nel programma del maggior numero possibile di allevamenti e animali. Abbiamo precedentemente visto che l'incremento di consanguineità è innanzitutto inversamente proporzionale al numero dei riproduttori. Se la popolazione è molto piccola, bisognerà farla crescere rapidamente per evitare che vi siano troppe generazioni con una numerosità bassa e, quindi, con forti incrementi di consanguineità. L'espansione demografica è ovviamente più semplice e rapida in alcune specie, come il suino, per la elevata prolificità e il breve intervallo temporale tra i parti, rispetto al bovino e all'equino. Un problema non trascurabile può presentarsi se una parte delle femmine, magari rilevante, viene assegnata dall'allevatore, per ragioni di profitto economico, all'incrocio con altre razze. In questo caso sarà evidentemente necessario valutare l'opportunità di utilizzare tutte le femmine in purezza per la produzione in razza, cosa, in qualche caso, non facilmente accettabile da

parte degli allevatori. Se è presente materiale crioconservato (materiale seminale, embrioni, ecc.), dovremo considerare anche la possibilità del suo utilizzo per favorire l'espansione demografica e il recupero di variabilità genetica scomparsa nella popolazione vivente.

5.4.2 Bilanciare il rapporto tra i riproduttori dei due sessi

Abbiamo visto sopra come l'incremento di consanguineità tra generazioni sia funzione del numero effettivo di popolazione. E abbiamo anche visto come la sproporzione tra maschi e femmine sia un fattore determinante per la crescita di ΔF . Il primo aspetto da considerare è, quindi, il rapporto tra riproduttori maschi e femmine, che non deve essere troppo squilibrato. Se la numerosità effettiva, calcolata con la (1) e pesata per 0,7, fosse troppo bassa, sarà necessario valutare se sia possibile un riequilibrio del rapporto sessi che permetta di aumentarla in misura sufficiente. Il rischio maggiore si presenta nelle popolazioni soggette quasi unicamente all'inseminazione strumentale, come i bovini da latte. In questi casi è necessario vigilare affinché un numero sufficiente di maschi venga impiegato nella popolazione e, a questo scopo, incentivi economici possono essere previsti per favorire l'utilizzo di un numero maggiore di maschi.

5.4.3 Bilanciare il numero di figli per riproduttore

In aggiunta al rapporto sessi, la disomogeneità del successo riproduttivo diminuisce N_e e, conseguentemente, aumenta il tasso di consanguineità. In questo caso, la strategia è quella di bilanciare i contributi genetici dei riproduttori diminuendo le varianze del numero della loro progenie. È quindi necessario imporre una struttura riproduttiva che tenga sotto controllo, ad ogni generazione, il successo riproduttivo dei genitori.

Se ogni maschio lascia alla generazione seguente rigorosamente un solo figlio maschio, la varianza della progenie maschile dei maschi si riduce a zero. Se ogni maschio insemina un numero pressoché uguale di femmine, la varianza della numerosità della progenie femminile dei maschi si avvicina a zero. La varianza della progenie femminile delle femmine è naturalmente bassa e poco si presta ad interventi di modifica. Per quanto riguarda la varianza della numerosità della progenie maschile delle femmine, per contenerla è necessario che le femmine madri di maschi riproduttori ne producano al massimo uno ciascuna. L'esempio numerico illustrato nel Box 5 dovrebbe aver chiarito il gioco di queste quantità.

È importante osservare che la strategia di minimizzare le varianze del successo riproduttivo è efficace soprattutto se adottata fin dall'inizio nello schema di conservazione. Se, in passato, c'è stato un uso squilibrato dei riproduttori, cosa che normalmente accade, adottando questa strategia rischiamo di mantenere o accrescere lo squilibrio, con il rischio di perdita di linee genetiche (variabilità

genetica dei fondatori), e dovremmo quindi ricorrere alla strategia successiva, e cioè alla scelta dei riproduttori sulla base dei *contributi ottimali*.

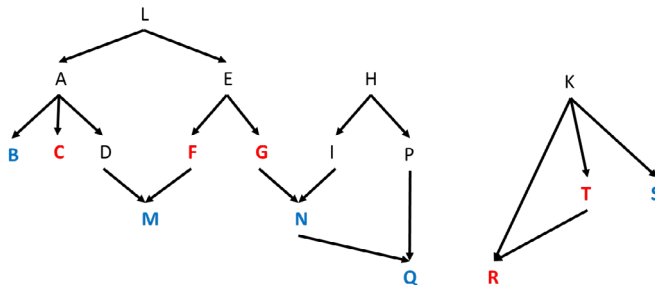
5.4.4 Scegliere i riproduttori sulla base dei “contributi ottimali”

Nelle popolazioni animali gestite dall'uomo, in particolare in ambito zootecnico, spesso ci troviamo di fronte a situazioni dove, per diverse generazioni, il successo riproduttivo degli animali è stato fortemente disomogeneo, ben lontano dal principio di minimizzare la varianza della numerosità della progenie, visto sopra. Sono stati, per esempio, privilegiati come riproduttori animali con caratteristiche migliori, vere o presunte, animali maggiormente promossi commercialmente, animali provenienti da allevamenti più conosciuti e attivi dal punto di vista commerciale. Il risultato è che alcune «linee di sangue» sono sovra rappresentate e altre sono sotto rappresentate. In questi casi è necessario favorire la riproduzione degli individui delle linee sotto rappresentate, in caso contrario la loro informazione genetica verrà probabilmente persa. Gli individui che rappresentano le linee di sangue sovra rappresentate devono essere invece penalizzati nella riproduzione, perché il rischio di perdere la loro informazione genetica è trascurabile. Come misura di sovra e sotto rappresentazione utilizziamo la parentela genetica additiva. Più precisamente, la strategia è quella di scegliere i riproduttori in base alla loro parentela con il resto della popolazione. Gli animali che sono fortemente imparentati con la popolazione saranno quindi penalizzati, o nel senso di essere esclusi dalla riproduzione, o di produrre poca progenie. Al contrario, animali relativamente poco parenti con il resto della popolazione saranno utilizzati per produrre più progenie alla generazione successiva. Questo approccio si presta ad essere meglio compreso con l'aiuto di un esempio numerico articolato, che viene presentato nel seguente Box 7.

Box 7. Un esempio completo di contributi ottimali (a cura degli autori)

Il primo passo: i dati genealogici

Supponiamo di affrontare una popolazione reliquia, ridotta ad un numero minimo di capi, dieci in tutto, cinque maschi e cinque femmine, di cui, investigando presso i proprietari, si sia riusciti a ricostruire a memoria le poche relazioni di parentela, rappresentate dal grafico seguente:



5 maschi viventi in azzurro

5 femmine viventi in rosso

Sono genealogie poco informative, nella realtà le parentele dovrebbero essere più profonde e complete, ma si tratta di un esempio. Utilizzando il classico metodo tabulare possiamo, a questo punto, costruire la matrice di parentela additiva (**A**) di questa piccola popolazione che, oltre ai 10 viventi, include 8 loro antenati.

	L	H	K	A	E	D	I	P	C	F	G	T	R	B	M	N	Q	S
L	1,000	0,000	0,000	0,500	0,500	0,250	0,000	0,000	0,250	0,250	0,250	0,000	0,000	0,250	0,250	0,125	0,063	0,000
H	0,000	1,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,500	0,500	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,250	0,375	0,000
K	0,000	0,000	1,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,500	0,750	0,000	0,000	0,000	0,000	0,500
A	0,500	0,000	0,000	1,000	0,250	0,500	0,000	0,000	0,500	0,125	0,125	0,000	0,000	0,500	0,313	0,063	0,031	0,000
E	0,500	0,000	0,000	0,250	1,000	0,125	0,000	0,000	0,125	0,500	0,500	0,000	0,000	0,125	0,313	0,250	0,125	0,000
D	0,250	0,000	0,000	0,500	0,125	1,000	0,000	0,000	0,250	0,063	0,063	0,000	0,000	0,250	0,531	0,031	0,016	0,000
I	0,000	0,500	0,000	0,000	0,000	0,000	1,000	0,250	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,500	0,375	0,000
P	0,000	0,500	0,000	0,000	0,000	0,000	0,250	1,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,125	0,563	0,000
C	0,250	0,000	0,000	0,500	0,125	0,250	0,000	0,000	1,000	0,063	0,063	0,000	0,000	0,250	0,156	0,031	0,016	0,000
F	0,250	0,000	0,000	0,125	0,500	0,063	0,000	0,000	0,063	1,000	0,250	0,000	0,000	0,063	0,531	0,125	0,063	0,000
G	0,250	0,000	0,000	0,125	0,500	0,063	0,000	0,000	0,063	0,250	1,000	0,000	0,000	0,063	0,156	0,500	0,250	0,000
T	0,000	0,000	0,500	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	1,000	0,750	0,000	0,000	0,000	0,000	0,250
R	0,000	0,000	0,750	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,750	1,250	0,000	0,000	0,000	0,000	0,375
B	0,250	0,000	0,000	0,500	0,125	0,250	0,000	0,000	0,250	0,063	0,063	0,000	0,000	1,000	0,156	0,031	0,016	0,000
M	0,250	0,000	0,000	0,313	0,313	0,156	0,000	0,000	0,156	0,531	0,156	0,000	0,000	0,156	1,031	0,078	0,039	0,000
N	0,125	0,250	0,000	0,063	0,250	0,031	0,500	0,125	0,031	0,125	0,500	0,000	0,000	0,031	0,078	1,000	0,563	0,000
Q	0,063	0,375	0,000	0,031	0,125	0,016	0,375	0,563	0,016	0,063	0,250	0,000	0,000	0,016	0,039	0,563	1,063	0,000
S	0,000	0,000	0,500	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,250	0,375	0,000	0,000	0,000	0,000	1,000

Nella matrice di parentela gli animali, per comodità, sono ordinati in modo che maschi e femmine viventi, candidati ad essere riproduttori, siano elencati vicini, ma sempre rispettando la regola, richiesta per il calcolo della matrice, cioè che i genitori precedano i figli. I riquadri colorati rappresentano quindi le parentele tra femmine (in rosa), tra maschi (in azzurro), e (in giallo), le parentele tra maschi e femmine. Si tratta delle femmine e dei maschi che dobbiamo intendere come candidati madri e padri della prossima costituenda generazione. Da questo esempio possiamo calcolare la parentela media tra maschi, tra femmine e tra maschi e femmine, facendo semplicemente la media dei coefficienti nelle relative matrici. Se consideriamo questi cinque maschi e cinque femmine come genitori della futura generazione, sempre di 10 animali, possiamo prevedere, sulla base di quanto detto sopra, quale sarà la parentela additiva media tra i loro figli maschi e femmine (assumendo che ogni individuo lasci un figlio) e, conseguentemente, in condizione di accoppiamento casuale, la consanguineità dei loro nipoti.

$$\bar{a}_{ij} = \frac{1}{4}\bar{a}_{km} + \frac{1}{4}\bar{a}_{ln} + \frac{1}{2}(\bar{a}_{kn}) = \frac{1}{4}0,274375 + \frac{1}{4}0,3 + \frac{1}{2}0,113125 = 0,200156$$

Da notare infine che, dal momento che nel nostro esempio i candidati alla selezione sono in ugual numero maschi e femmine, le parentele medie tra maschi, tra femmine e tra maschi e femmine sono automaticamente pesate per $\frac{1}{4}$, $\frac{1}{4}$ e $\frac{1}{2}$.

Il secondo passo: calcolo del contributo di G_n alla generazione G_{n+1}

Naturalmente, in condizioni di allevamento reali, anche in presenza di pochi animali superstiti, sarà necessario fare delle scelte. Non certo per le femmine, che saranno chiamate verosimilmente tutte e cinque a contribuire alla nuova generazione, quanto piuttosto per i maschi, all'interno dei quali potrebbe essere necessario fare delle valutazioni. Ma supponiamo, per iniziare, che il contributo dei 10 animali alla prossima generazione sia uguale per tutti, e chiamiamo questo contributo, per ogni i -esimo genitore, c_i . Costruiamo, quindi, una stringa di valori di c per ogni animale, come qui sotto indicato, costruendo quindi un vettore riga c' .

Animali	C	F	G	T	R	B	M	N	Q	S	Totale
Gameti	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	20
c'	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	0,1	1

Per calcolare i singoli elementi del vettore c' partiamo dal numero di individui (N) che costituirà la prossima generazione: 10. Per costituire 10 individui sono necessari 20 gameti ($2N$). Se vogliamo un perfetto bilanciamento del contributo dei riproduttori nella prossima generazione, ogni individuo deve quindi contribuire 2 gameti. Dividiamo a questo punto il numero di gameti contribuito da ogni animale per $2N$, in modo da definire i singoli contributi in c' rapportati all'unità. La somma dei coefficienti c_i è quindi pari a 1, mentre, entro maschi ed entro femmine, la somma è pari a 0,5. La parentela additiva media che legherà tra loro i dieci nuovi individui si calcola facilmente, con il metodo matriciale, da:

$$\bar{a} = c'Ac = 0,200156$$

in cui A è la porzione della matrice di parentela additiva, vista sopra, relativa ai dieci individui in gioco. Insomma, se tutti i 5 maschi contribuiscono alla nuova generazione, ciascuno con 2 gameti, la parentela media nella prossima generazione sarà pari a 0,2. Se, a questo punto, entriamo nella concreta operatività, possiamo stabilire subito che ognuna delle 5 femmine dovrà generare due figli accoppiandosi, nel corso di diverse monte, con i maschi disponibili. Ma il problema è appunto quello dei maschi. Li dobbiamo utilizzare tutti? Ne utilizziamo uno solo? Usiamo solo alcuni di loro? Con quale criterio? Se il criterio è esclusivamente quello di minimizzare nelle generazioni future l'impatto della consanguineità, la scelta sarà quella di usare i riproduttori in modo che la parentela tra i loro figli maschi e femmine sia la più bassa possibile. In questo modo anche la consanguineità nella generazione seguente, ossia nei nipoti degli animali viventi oggi, sarà minimizzata.

Per comprendere come funziona il sistema, lasciamo che tutte le femmine contribuiscano ciascuna i classici due gameti (quindi ciascuna dovrà fare

due parti), mentre, nella tabella che segue, diversifichiamo il contributo dei maschi supponendo, per cominciare, di usarne solo uno, che contribuisce quindi, da solo, i 10 gameti maschili necessari (10 monte), e confrontando le cinque diverse opzioni.

Maschi	B	M	N	Q	S	$\bar{a} = c'Ac$
c'	0,5	0	0	0	0	0,362
c'	0	0,5	0	0	0	0,417
c'	0	0	0,5	0	0	0,391
c'	0	0	0	0,5	0	0,373
c'	0	0	0	0	0,5	0,387

Come prevedibile, utilizzando un solo maschio, la parentela media quasi raddoppia rispetto alla situazione precedente (2 gameti per maschio, $\bar{a} = 0,200156$), ma, se proprio fosse necessario fare questa scelta, il maschio dovrebbe essere B (valore più basso in verde), e certamente non M (valore più alto, in rosso). Naturalmente, tra utilizzare un solo maschio e utilizzarli tutti in modo bilanciato ci sono molte possibili alternative, tra cui scegliere in relazione alle concrete circostanze di campo. Qui sotto sono riportate alcune situazioni esemplificative con un numero decrescente di maschi utilizzati, da 4 a 2.

Maschi	B	M	N	Q	S	$\bar{a} = c'Ac$
4	0,1	0,1	0,1	0	0,2	0,213
3	0	0,1	0,1	0	0,3	0,254
3	0,1	0	0	0,1	0,3	0,237
2	0,2	0	0	0	0,3	0,257
2	0	0	0,2	0	0,3	0,269

Man mano che il numero di maschi utilizzati cala, la parentela media della progenie tende a crescere, come era atteso. Così, se dovessimo per qualche ragione utilizzare solo due maschi per le 10 monte necessarie, potremmo usare quattro volte B e sei volte S. Se, invece, ne potessimo utilizzare tre, allora, oltre alle sei monte di S, potremmo utilizzare anche B e Q per due monte ciascuno. Naturalmente le possibili combinazioni sono molte di più di queste poche elencate e, dal confronto tra tutte le diverse combinazioni, potrebbe emergere la strategia ottimale dei contributi dei viventi alla generazione futura.

Riassumendo:

- riducendo la parentela media tra nonni (tra maschi, tra maschi e femmine e tra femmine, pesate opportunamente, $\frac{1}{4}$, $\frac{1}{2}$ e $\frac{1}{4}$) riduciamo la consanguineità nei nipoti, cioè due generazioni a valle. Questa strategia deve essere adottata a ogni generazione (anno) per controllare in modo continuo la consanguineità in una popolazione;
- il metodo dei contributi ottimali è un sistema dinamico, che sceglie gli animali (i loro contributi) sulla base delle parentele createsi nelle generazioni precedenti, a differenza di altri sistemi che rimangono statici attraverso le generazioni/anni, come quello di minimizzare le varianze della numerosità della progenie per aumentare N_e , visto precedentemente;
- il metodo dei contributi ottimali richiede buone informazioni genealogiche (almeno genitori e nonni) e una certa complessità di calcolo, anche se, allo scopo, sono oggi disponibili software gratuiti. Per quanto riguarda la profondità e la completezza delle informazioni genealogiche, il rischio è che a un animale, considerato erroneamente poco parente con gli altri, solo perché le sue informazioni genealogiche sono carenti, potrebbe essere assegnato un contributo (c_i) elevato, con gravi danni alla variabilità genetica della popolazione;
- il metodo richiede un forte controllo sulla riproduzione, perché identifica i riproduttori da utilizzare e il numero di figli (accoppiamenti) desiderati da ciascuno. Richiede quindi una gestione centrale, o quantomeno altamente coordinata, in particolare tra gli allevatori di maschi, genere che, in situazioni di inseminazione strumentale, ha il maggiore impatto genetico sulla popolazione;
- nelle situazioni in cui l'applicazione del metodo dei contributi ottimali è complesso o impossibile, il sistema potrebbe essere semplificato (vedi sezione 5.8).

In ambito zootecnico ci si trova spesso nelle condizioni di un'insufficiente informazione genealogica che rende, di fatto, impraticabile il metodo dei contributi ottimali, precedentemente descritto. In casi del genere, una matrice di parentela genomica, con gli inevitabili costi associati, può costituire una valida alternativa alla parentela genealogica.

A conclusione di questa sezione è opportuno tenere presente, come vedremo meglio nel capitolo 9, che possono entrare in gioco anche strategie riproduttive basate sulla raccolta di materiale seminale e di embrioni degli animali prima che scompaiano. Disporre di una banca del germoplasma di questo materiale genetico congelato può permettere la produzione di nuovi individui a partire da genitori, magari defunti da tempo, allargando il campo dei candidati. Si tratta

di strategie complesse, che richiedono risorse finanziarie e un coordinamento tecnico non improvvisabile, ma che devono avere sempre come obiettivo la minimizzazione di \bar{a} . Un uso sconsiderato di queste metodologie, con un utilizzo eccessivo di riproduttori sbagliati, può produrre danni ben superiori a quelli cui si cerca di porre rimedio.

5.5 Gestione degli accoppiamenti

Come dovrebbe essere chiaro da tutto quanto precede, il controllo della consanguineità nella popolazione si ottiene scegliendo come riproduttori un gruppo di animali poco parenti tra loro. Una volta scelti i riproduttori, possiamo accoppiarli in modo da minimizzare la parentela di accoppiamento rispetto a quanto accadrebbe lasciando che gli accoppiamenti avvenissero a caso. Ma attenzione, la strategia di minimizzare la parentela di accoppiamento ritarda solamente l'incremento di consanguineità, non ne riduce il tasso nel medio e lungo termine. Rimane, tuttavia, una strategia utile in alcune circostanze, vediamo alcune.

5.5.1 Accoppiamento casuale, ma evitando l'eccessiva parentela.

Il sistema più semplice di accoppiamento è quello di lasciare che gli accoppiamenti avvengano a caso, il che, teoricamente, significa che ogni femmina ha la stessa probabilità di accoppiarsi con ciascun maschio e viceversa. Poiché gli animali non vivono in un pascolo comune, ma sono confinati a gruppi in allevamenti separati, un vero e proprio accoppiamento casuale è, di fatto, impraticabile. In situazioni di inseminazione naturale, ad esempio, uno scarso scambio di riproduttori tra allevamenti può portare alla creazione di sottopopolazioni isolate di piccole dimensioni (un singolo allevamento, o un numero limitato di allevamenti), dove la consanguineità può, quindi, crescere rapidamente. In questi casi, favorire la circolazione di riproduttori permette di abbassare rapidamente la consanguineità. Come già detto in precedenza, questa procedura è stata sperimentata, per esempio, anni fa, nella razza suina Cinta Senese, dove la consanguineità era fortemente cresciuta, anche per il fatto che gli scambi di riproduttori tra gli allevamenti non erano sufficienti per garantire la situazione di accoppiamento casuale. È stato sufficiente favorire scambi di verri tra allevamenti per abbassare sensibilmente la consanguineità media di popolazione.

Comunque, lasciando che gli accoppiamenti avvengano a caso, quelli tra parenti più stretti, quali per esempio tra fratelli pieni, mezzi fratelli, cugini, genitori e figli, nonni e nipoti, sono ovviamente da evitare poiché la progenie avrebbe una consanguineità troppo elevata. Naturalmente, in popolazioni molto piccole, o andate incontro, nel recente passato, a forti riduzioni numeriche, la parentela potrebbe essere comunque elevata tra gran parte dei soggetti della popolazione, per la presenza di molti antenati in comune. Quando i pedigree sono conosciuti

da un numero sufficiente di generazioni (almeno tre), è possibile fornire agli allevatori le informazioni anagrafiche per permettere loro di evitare accoppiamenti tra animali troppo parenti. Questo può avvenire mettendo a disposizione software che calcolino la parentela di accoppiamento in base alle matricole della femmina e del maschio fornite dall'allevatore, oppure fornendo i moduli di certificato genealogico con chiare indicazioni su come utilizzarli, o dei tabulati, con indicati gli accoppiamenti da evitare.

5.5.2 Accoppiamenti circolari

In mancanza di genealogie conosciute, possiamo adottare schemi di circolazione dei riproduttori tra allevamenti o gruppi di allevamenti. Si tratta di schemi teoricamente semplici da disegnare ma, spesso, problematici da realizzare. La popolazione è suddivisa in un certo numero di gruppi di individui (tipicamente gli animali di uno o più allevamenti possono costituire un gruppo), che ci possiamo immaginare disposti in circolo. I maschi che nascono dal primo gruppo vengono utilizzati come riproduttori nel secondo gruppo, quelli nati nel secondo, vengono utilizzati nel terzo, e così via. All'interno di ogni gruppo, l'accoppiamento è casuale. Questa strategia è chiamata metodo di accoppiamento circolare ed è in grado solamente di ritardare l'insorgenza della consanguineità. Ovviamente, la capacità di ritardare l'insorgenza della consanguineità è funzione del numero dei gruppi e di come questi sono stati costituiti all'inizio del processo. Sono possibili anche schemi di rotazione più complessi, che non rimangono fissi ma si modificano nel tempo. Questi schemi richiedono, naturalmente, uno sforzo organizzativo importante e la piena e incondizionata disponibilità degli allevatori a ricevere animali da qualsiasi altro allevatore, il che, evidentemente, può creare problemi anche di tipo sanitario oltre che personale. Si conoscono, in questo ambito, esperienze di successo e di insuccesso.

5.5.3 Allungare l'intervallo di generazione

Come abbiamo visto più sopra l'incremento di consanguineità per anno è dato dall'incremento per generazione diviso per il numero di anni che costituisce l'intervallo di generazione. Specie, razze e tipologie di allevamento diverse hanno intervalli di generazione di diversa durata. Un modo per allungare ulteriormente le generazioni al fine di ottenere un minore ΔF_y è quello di utilizzare germoplasma crioconservato. La crioconservazione ci permette di utilizzare il seme di un riproduttore anche per molti anni dopo la morte dell'animale, e quindi di allungare l'intervallo di generazione riducendo, di conseguenza, ΔF_y . Tuttavia, allungare eccessivamente l'intervallo di generazione ha qualche ovvia controindicazione, in quanto impedisce, per esempio, alla popolazione di evolvere, cristallizzandola in una situazione temporale passata, con condizioni ambientali, di mercato e di allevamento magari molto diverse dalle attuali. Più

in generale, schemi basati sull'utilizzo di materiale congelato possono essere efficaci nell'aumentare il numero effettivo, pur richiedendo uno studio adeguato.

5.6 Selezione e controllo della consanguineità

La maggior parte delle razze che richiedono un intervento di conservazione genetica non sono, però, così ridotte numericamente da non ammettere anche un modico grado di selezione, che ne migliori alcune caratteristiche o che, per lo meno, elimini alcuni aspetti fortemente negativi. È quindi necessario ammettere che, tra una politica di pura conservazione che non conceda nessuna attenzione alla selezione, e una politica opposta focalizzata esclusivamente al miglioramento genetico e che ignori completamente gli aspetti fin qui evidenziati, sarà sempre necessario trovare un punto di equilibrio, talvolta più vicino alla conservazione, e, altre volte, più vicino al miglioramento genetico. Si tratta di un argomento che abbiamo già discusso in termini generali nel capitolo 2, sul quale ora ritorniamo in modo più approfondito e più tecnico.

Facciamo, quindi, un ulteriore passo avanti e prendiamo in considerazione, per gli stessi individui del pedigree descritto nel precedente Box 6, anche un fenotipo di fantasia, che supponiamo sia misurabile solo sulle femmine. Lo facciamo per introdurre in questa popolazione una certa selezione, basata appunto su questo fenotipo. In realtà, per rendere più chiaramente confrontabili i risultati, non ci limiteremo ad una semplice selezione fenotipica, ma calcoleremo dei veri e propri indici genetici

<i> Sesso</i>	<i>m</i>	<i>f</i>	<i>f</i>	<i>f</i>	<i>f</i>	<i>m</i>	<i>m</i>	<i>f</i>	<i>f</i>	<i>f</i>	<i>f</i>	<i>f</i>	<i>f</i>	<i>m</i>	<i>m</i>	<i>m</i>	<i>m</i>	<i>m</i>
Individuo	L	H	K	A	E	D	I	P	C	F	G	T	R	B	M	N	Q	S
Fenotipo	0	10	15	6	11	0	0	11	15	5	9	12	6	0	0	0	0	0

Sulla base di questi fenotipi e delle relazioni di parentela precedenti possiamo calcolare, con una semplice procedura³, un indice genetico (EBV) per tutti i 18 individui. Lo facciamo assumendo un valore di ereditabilità per il carattere selezionato di 0,25. Qui, naturalmente, ci interessano gli indici degli animali viventi e, in particolare, dei maschi, visto che è modulando il loro contributo che possiamo ottenere valori di parentela media diversi nella progenie. Se indichiamo con **a** il vettore degli EBV nei maschi, e sempre con **c'** quello dei contributi genetici, il prodotto **c'a** determinerà, nella prossima generazione, l'incremento o il decremento di EBV medio dovuto al loro uso.

Fatti i debiti calcoli, gli EBV (moltiplicati per 100) dei cinque maschi viventi risultano:

3 Qui abbiamo utilizzato un semplice modello BLUP (*Best Linear Unbiased Prediction*) che stima il merito genetico di ogni individuo sulla base dei fenotipi e delle genealogie.

EBV	-27,7	-73,0	-17,4	2,1	35,4
maschio	B	M	N	Q	S

Da cui si vede subito che i maschi Q ed S sono i migliori e, soprattutto, S è sicuramente da privilegiare. A questo punto, a ciascuna delle ipotesi di utilizzo dei 5 maschi, di cui abbiamo visto in precedenza il risultato in termini di parentela media della progenie, e che riportiamo nella tabella seguente indicando il numero di monte, possiamo abbinare la variazione prevedibile in termini di EBV medio della stessa progenie.

n. maschi	B	M	N	Q	S	\bar{a} (parentela media)	EBV medio nella progenie	Strategia
1	10	0	0	0	0	0,362	-13,8	B5
1	0	10	0	0	0	0,417	-36,5	M5
1	0	0	10	0	0	0,391	-8,7	N5
1	0	0	0	10	0	0,373	1,1	Q5
1	0	0	0	0	10	0,387	17,7	S5
5	2	2	2	2	2	0,200	-8,1	BMNQS11111
4	2	2	2	0	4	0,213	-4,7	BMNS1112
3	0	2	2	0	6	0,254	1,6	MNS113
3	2	0	0	2	6	0,237	8,1	BQS113
2	4	0	0	0	6	0,257	5,1	BS23
2	0	0	4	0	6	0,269	7,1	NS23

Visto che S è il maschio migliore, se utilizzassimo solo questo individuo come riproduttore (strategia S5), avremmo il più favorevole incremento di EBV medio nella progenie (+17,7), ma, contemporaneamente, ci dovremmo rassegnare ad un forte incremento di parentela media (0,387). Questo incremento ci allontana di molto da quel valore minimo di 0,200 che avremmo utilizzando in modo bilanciato tutti i maschi (strategia BMNQS11111), ma, naturalmente, in termini di EBV medi, la variazione in questo caso sarebbe sfavorevolmente negativa (-8,1). Con questo esempio si vede bene come sia possibile bilanciare le due opposte esigenze, di cui abbiamo parlato in precedenza. Cioè, di realizzare un certo grado di progresso genetico (ΔG), che dia una soddisfazione produttiva all'allevatore e, contemporaneamente, consegua il risultato di non perdere troppo in termini di aumento della parentela nelle prossime generazioni. Cosa che determinerebbe uno sfavorevole incremento di consanguineità in futuro (ΔF). In base alle strategie riproduttive elencate nella tabella che precede, quella di utilizzare tre maschi, B e Q per due monte ciascuno, oltre a S per le altre sei monte (strategia BQS113), produrrebbe un contenuto aumento di \bar{a} (0,237, valore non troppo più grande di 0,200), a fronte di un ragionevole incremento della media degli EBV nella generazione figliale (+8,1).

Per concludere, utilizzare solo il maschio migliore S sarebbe ottimale in termini di ΔG , ma pessimo in termini ΔF (strategia S5). Utilizzare tutti i maschi in modo bilanciato sarebbe ottimale in termini di ΔF , ma poco gratificante in termini di ΔG (strategia BMNQS11111). La strategia BQS113 sembra invece rappresentare un ragionevole punto di equilibrio tra le due esigenze contrapposte.

Quanto illustrato nell'esempio precedente deve, naturalmente, essere tradotto in termini operativi con la definizione di un indicatore individuale, un vero e proprio indice, che includa, opportunamente pesate, le due forze contrapposte che entrano in gioco. Abbiamo cioè bisogno di un indicatore che includa, con un peso positivo il merito genetico per il carattere (o la combinazione di caratteri) che si vuole migliorare, e con un peso negativo l'incremento di parentela media associato all'uso di quel particolare individuo. Saranno i due pesi a determinare se la gestione di una popolazione avrà una maggiore connotazione conservativa della variabilità, poco incline ad un miglioramento genetico deciso, o viceversa. Ogni popolazione, in questo senso, è un caso a sé stante, e non ha alcun senso definire le popolazioni in un contesto rigidamente schematico, che non tenga conto delle condizioni reali e degli obiettivi perseguibili. Ci saranno situazioni in cui l'acceleratore del ΔG potrà essere premuto con ragionevole tranquillità, e altre in cui sarà più opportuno moderare l'accelerazione con una maggiore enfasi sulla parte conservativa.

È chiaro che il miglioramento genetico nelle razze locali, come discusso in precedenza, può contribuire ad aumentarne la redditività dell'allevamento, a incrementare l'interesse dei consumatori per queste popolazioni e, conseguentemente, generare un circolo virtuoso di produttività e salvaguardia. La FAO (2013)⁴, tuttavia, suggerisce che una vera e propria selezione sia da applicarsi solo per le razze nelle due categorie a minore rischio di estinzione, ovvero quelle definite *vulnerabili* e *non a rischio*, come vedremo in dettaglio nel prossimo capitolo 6. Mentre, per quelle indicate nelle categorie *minacciate* o *critiche*, un'attività di miglioramento genetico dovrebbe essere esclusa. Infatti, la selezione nelle razze di queste ultime due categorie può avere impatti negativi sia sulla diversità genetica entro razza, che su quella tra razze.

- Entro razza: la selezione accelera l'incremento di consanguineità, e quindi la perdita di variabilità genetica. L'effetto maggiore si ha, ovviamente, con la selezione basata su indici genetici, rispetto ad una selezione fenotipica. La selezione, inevitabilmente, riduce il numero dei riproduttori, aumenta la varianza del successo riproduttivo che spesso viene "ereditata" dalla progenie e, quindi, il suo effetto negativo sul numero effettivo di popolazione è amplificato.

4 FAO, *In vivo conservation of animal genetic resources*, FAO Animal Production and health Guidelines, 2013.

- Tra razze: la selezione, orientata su determinati caratteri legati alla maggiore produttività, può ridurre l'originalità delle razze, come ad esempio la qualità delle loro produzioni, e quindi la diversità genetica tra razze. In altri termini, il fatto che razze locali che hanno occupato per secoli nicchie ambientali e produttive diversificate si orientino ad inseguire gli elevati livelli produttivi, tipici delle razze cosmopolite, determina un appiattimento della loro originalità, della qualità delle loro produzioni e della capacità di adattamento ad ambienti diversi.

La selezione nelle piccole popolazioni presenta poi alcuni vincoli che non dovrebbero essere sottovalutati. La bassa numerosità significa impossibilità di elevate intensità di selezione, e impossibilità di suddividere i costi fissi della selezione su di un numero elevato di capi. Per esempio, i costi fissi del prelievo di seme da un toro non potranno essere suddivisi su un elevato numero di dosi di materiale seminale, con problemi di insostenibilità economica. Tuttavia, con alcune attenzioni e limiti, una misurata attività di selezione può essere affrontata anche nelle piccole razze. E, in realtà, una certa selezione massale viene fatta sempre dagli allevatori anche nelle piccole razze locali, soprattutto nei maschi, nel momento in cui scelgono, tra i nati, i pochi migliori esemplari necessari per la riproduzione.

5.7 Costruire un piano di gestione

Riassumendo per punti quanto è stato illustrato fin qui, i passi da compiere nella costruzione di un piano di gestione di una popolazione di ridotta dimensione sono i seguenti:

- inserire nel piano il maggior numero di animali e allevamenti possibile ed identificare la presenza di eventuale materiale riproduttivo congelato;
- verificare la consanguineità/parentela, ovvero lo status della variabilità genetica nella popolazione, su base genealogica, o molecolare, o con informazioni storiche raccolte dagli allevatori (scambi di animali tra mandrie, ecc.);
- verificare il numero effettivo di popolazione e, se troppo basso, intervenire sulla struttura demografica della popolazione per incrementarlo;
- decidere, sulla base della situazione genetico-demografica, e sulla base della struttura degli allevamenti, le strategie di gestione per contenere la crescita della consanguineità nel tempo.

I singoli allevatori e i gestori della popolazione hanno ruoli diversi in questo processo:

- gli allevatori dovrebbero rispettare disciplinatamente le regole indicate dai gestori circa l'uso dei riproduttori, produrre e rendere disponibili per altri allevatori eventuali ulteriori riproduttori generati secondo schemi che programmino la produzione di futuri riproduttori con le caratteristiche

- genealogiche che abbiamo descritto, evitare nella propria mandria accoppiamenti tra animali troppo parenti;
- i gestori devono monitorare regolarmente la consanguineità, sviluppare e implementare il piano di gestione, pianificando la produzione di riproduttori con le caratteristiche richieste per minimizzare la consanguineità futura, verificare l'utilizzo dei riproduttori in FA e FN per contenere le varianze della numerosità della progenie, incentivare e verificare che ci sia uno scambio periodico di animali tra allevamenti secondo precise strategie, fornire gli strumenti agli allevatori per evitare accoppiamenti tra animali con parentela elevata.

5.8 Dalla grammatica alla pratica

Di solito, gli allevatori di una razza di piccole dimensioni chiedono aiuto quando cominciano ad avere problemi seri associati alla consanguineità. Nel pianificare i loro accoppiamenti si accorgono, infatti, confrontando i pedigree dei candidati, che faticano a trovare per le loro femmine un maschio che non abbia una forte parentela con queste. A quel punto, pongono la faticosa domanda: quale è il massimo valore di consanguineità che non devono superare nel pianificare un accoppiamento? Quando si arriva a questo punto vuol dire che il problema è grave e non sarà certo la raccomandazione di non superare il 5 o il 10% di consanguineità che può risolverlo. Il problema doveva essere affrontato molto prima perché, come abbiamo visto, la consanguineità di oggi deriva dalla parentela dei nonni della attuale generazione.

La prima raccomandazione concreta da fare a questi allevatori è di affrontare il problema con l'aiuto di un esperto. Il piano di gestione genetica di una razza minacciata deve avere solide fondamenta nella genetica di popolazione; infatti, risolvere un problema grave può richiedere molti anni nel corso dei quali occorrerà seguire senza stancarsi le regole e le raccomandazioni prescritte. Gli allevatori devono capire che, se davvero vogliono risolvere il problema e reincanalare la razza su un percorso di stabilità, fuori dalla palude della consanguineità, è necessario che si impongano un'autodisciplina, rinunciando, in parte, alla sovranità che legittimamente esercitano nel loro allevamento. Se questa volontà esiste, allora sarà necessario seguire alcune tappe operative, qui di seguito ricapitolate.

1. Acquisire tutte le informazioni genealogiche e demografiche della razza, risalendo quanto più possibile nel tempo, in modo da accertare con il grado più alto di precisione lo stato reale della situazione.
2. In particolare, in popolazioni che utilizzano l'inseminazione naturale, potrebbe essere utile verificare se nella razza ci sia un sufficiente scambio di riproduttori tra allevamenti, che garantisca l'assenza di una suddivisione della razza in sottopopolazioni e il conseguente incremento di consanguineità

dovuto ai fenomeni discussi nella sezione 4.3.2. Se così non fosse, sarà necessario favorire un certo scambio di riproduttori tra allevamenti.

3. Analizzare l'andamento dell'uso dei maschi, nel loro numero e nella distribuzione dei loro figli maschi e femmine. È soprattutto la varianza del successo riproduttivo dei maschi come padri dei futuri maschi e delle future femmine che, crescendo in modo eccessivo rispetto alla casualità descritta dalla distribuzione di Poisson, determina un calo, anche rilevante, del numero effettivo, con conseguente rialzo del ΔF .
4. Proporre l'eliminazione dal gruppo di maschi di quei soggetti che hanno già prodotto un numero eccessivo di figlie e figli, definendo come limite ideale per l'esclusione, il valore medio di progenie che quel maschio dovrebbe avere in base ad una distribuzione casuale.
5. Cercare nella popolazione la disponibilità di maschi appartenenti a famiglie o linee poco usate o poco conosciute e utilizzarli come riproduttori. Se ne sono in numero adeguato, scegliere quelli che hanno la minore parentela con la popolazione e tra loro. Spesso, le associazioni dispongono di programmi che calcolano la parentela e la consanguineità. Sono strumenti che possono essere molto utili in questi casi.
6. Avviare, da subito, un'analisi della struttura demografica della razza per individuare le famiglie meno rappresentate nella popolazione attuale. Gli allevatori conoscono questo problema perché, molto spesso, cercano per la selezione riproduttori appartenenti a "linee di sangue" particolari, cui annettono specifici pregi. Qui, è necessario individuare non tanto le linee di sangue, che descrivono l'ascendenza solo patrilineare, quanto i gruppi di animali poco o meno parenti del resto della popolazione. Queste "isole" devono essere portate alla luce e valorizzate con il metodo dei contributi ottimali, descritto in questo capitolo.
7. È, quindi, necessario che l'associazione degli allevatori metta in atto un piano di accoppiamenti programmati che, anziché essere focalizzato sulla produzione di soggetti di elevato valore riproduttivo da utilizzare in selezione, determini la nascita di soggetti coerenti col piano di recupero. Soggetti, cioè, che siano tra loro poco parenti, se necessario prevedendone la loro produzione *ad hoc*.
8. In prima istanza, occorrerà mettere in campo la produzione di maschi con queste caratteristiche. Ma, come abbiamo visto, l'approccio dei contributi ottimali prevede che, per minimizzare la consanguineità nei nipoti, deve essere minimizzata la parentela tra i nonni, sia maschi che femmine. Quindi, la gestione della riproduzione dovrebbe includere anche la produzione di femmine che siano poco parenti tra loro. Però, come abbiamo visto, le parentele in gioco sono tutte: quelle tra maschi, quelle tra femmine e quelle tra maschi e femmine. Appositi programmi software possono aiutare l'associazione degli allevatori a districarsi in questa rete di parentele.

9. Ci sono poi altre raccomandazioni, di cui abbiamo già trattato in questo capitolo, che aiutano ad abbassare la consanguineità. Tra queste, aumentare al massimo il numero dei maschi è la prima. Quando si parla di selezione, la strategia è opposta: i maschi devono essere pochi ed eccellenti per generare il massimo ΔG . Ma qui, senza pensare di poterne pareggiare il numero con le femmine, più alto è il loro numero e meglio è, sempre vigilando a che i maschi non facciano troppi figli, avendo, quindi, come riferimento la distribuzione di Poisson.
10. Se un piano di accoppiamenti basato sui contributi ottimali diventa, ad un certo punto, operativo e la razza, anche magari grazie alla narrazione del suo straordinario recupero e salvataggio, diventa attrattiva per un numero crescente di allevatori, allora la sua dimensione numerica potrà crescere, lasciando spazio ad una blanda attività selettiva. Potrà così innescarsi il circolo virtuoso che diverse realtà hanno vissuto, come vedremo nel capitolo 7.

In conclusione, come dicevano i Latini: *amat victoria curam*. Per vincere la battaglia contro la consanguineità e riportare una razza in condizioni critiche verso uno stato stabile di buona salute, è necessario operare con attenzione, pazienza e con la necessaria preparazione, sia teorica che pratica.

Il Box 8 presenta un esempio concreto di gestione genetica di una piccola razza bovina, per la quale sono disponibili poche informazioni. Il Box 9 esamina invece una popolazione asinina per la quale sono presenti alcune genealogie.

Box 8. Il caso di una razza bovina (a cura degli autori)

Una razza bovina, allevata in Senegal, è costituita da 1.000 vacche di cui 80% fecondate in inseminazione artificiale (FA) e 20% in inseminazione naturale (FN). Tutti gli allevamenti aderiscono al programma di gestione. Gli allevamenti in FN sono 10, con, in media, 20 vacche ciascuno. La popolazione in FA è costituita da 16 allevamenti con, in media, 50 vacche ciascuno. L'intervallo di generazione medio della razza è di 4 anni (3 nei maschi e 5 nelle femmine). Negli ultimi anni nella razza sono stati utilizzati, ad ogni generazione, 4 tori in FA (in 16 allevamenti) e 10 in FN (in 10 allevamenti). Assumiamo, quindi, che la razza sia costituita ad ogni generazione da 1000 vacche (F) e da 14 tori (M). Riassumendo:

Vacche	Inseminazione	Allevamenti	Capi/ allevamento	Tori in uso
800	Artificiale	16	50	4
200	Naturale	10	20	10

Le informazioni anagrafiche sugli animali sono molto limitate e assai incomplete, per questo non è possibile verificare l'aumento della consanguineità sulla base dei dati genealogici. Inoltre, non ci sono fondi sufficienti

per studiare la consanguineità con i marcatori genetici. Dobbiamo, quindi, semplicemente stimare la numerosità effettiva di popolazione (N_e) che ci permetterà di capire quale potrà essere l'incremento di consanguineità per generazione e per anno, ovviamente assumendo che i parametri demografici attuali, sopra riportati, non cambino nel tempo. Gli allevatori temono che la consanguineità nella razza aumenti troppo rapidamente e chiedono quindi di verificare se la loro preoccupazione sia vera, e di proporre loro, se necessario, un programma di gestione genetica per controllare l'incremento di consanguineità.

Calcoliamo innanzitutto N_e con la formula più semplice (1) e il conseguente incremento di consanguineità per generazione.

$$N_e = \frac{4 \times 14 \times 1000}{1014} = 55$$

$$\Delta F = \frac{1}{2 \times 55} = 0,009 = 0,9\%$$

Un ΔF per generazione pari a 0,009 potrebbe essere accettabile (con una gestione molto attenta), ma ricordiamoci che la formula con la quale abbiamo calcolato N_e assume che tutti i riproduttori abbiano la stessa probabilità di lasciare figli alla generazione successiva e, cioè, le varianze della numerosità della progenie siano molto basse: un assunto che deve essere verificato. Verifichiamo quindi, sulla base dei dati degli ultimi 4 anni, una generazione, le vere varianze del successo riproduttivo nella razza, che risultano essere:

- σ_{mm}^2 : la varianza della numerosità della progenie maschile dei maschi è pari a 2,3 come si calcola facilmente a partire dalla distribuzione dei figli per toro. Naturalmente, i figli sono i riproduttori che hanno sostituito i padri.

Tori	Figli
1	5
1	4
5	1
7	0
14	14

Se ogni toro avesse la stessa probabilità di generare figli maschi, questa varianza dovrebbe essere pari a 1.

- σ_{mf}^2 : la varianza della numerosità della progenie femminile dei maschi è pari a 15.540,8, come si calcola facilmente dalla distribuzione delle figlie per toro.

Tori	Vacche
1	500
1	150
1	100
1	50
10	20
14	1.000

Se ogni maschio avesse la stessa probabilità di generare figlie femmine, questa varianza dovrebbe essere pari a $1000/14 = 71,4$.

- σ_{ff}^2 : la varianza della numerosità della progenie femminile delle femmine si assume pari ad 1, ossia ogni femmina lascia mediamente una manza alla generazione successiva.
- σ_{fm}^2 : la varianza della numerosità della progenie maschile delle femmine è pari a 0,0178, come si calcola dalla distribuzione dei figli maschi delle 1000 vacche.

Vacche	Figli tori
2	2
10	1
988	0
1000	14

Calcoliamo ora N_e con la formula (2) che non assume, come la precedente, omogeneità riproduttiva e che ci permette di tener conto delle stime delle varianze del successo riproduttivo osservate nella razza. Fatti i dovuti calcoli, N_e scende da 55 a 25,9 corrispondente ad un incremento di consanguineità per generazione pari a 0,02 (2%), un incremento, a questo punto, non compatibile con una corretta gestione della variabilità genetica.

Per puntare ad avere un $N_e = 60$ (un poco sopra il minimo accettabile di 50) e, quindi, un $\Delta F = 0,008$ (0,8%) con l'attuale sistema riproduttivo, dovremmo avere un numero superiore di tori in FA. Una proposta troppo onerosa e, quindi, irrealizzabile. Possiamo allora cercare di ridurre le varianze del successo riproduttivo, con due proposte orientate ad ottenere il consenso degli allevatori.

Proposta A

- $\sigma_{mm}^2 = 0$ cioè ogni toro lascia forzatamente un solo figlio maschio che diventa riproduttore;
- σ_{mf}^2 rimane = 15.540,8 quindi nessun intervento;
- σ_{ff}^2 rimane = 1;
- σ_{fm}^2 rimane = 0,0178.

In questo caso N_e cresce da 25,9 a 35,2, quindi ancora troppo basso, con un ΔF per generazione pari a 0,014 (1,4%).

Proposta B

- $\sigma_{mm}^2 = 0$: cioè ogni toro lascia forzatamente un solo figlio maschio, come nella proposta A;
- $\sigma_{mf}^2 = 6.612,2$: i 4 tori in FA inseminano ciascuno né più né meno di 200 vacche, nessuna variazione per quelli in FN;
- σ_{ff}^2 rimane = 1;
- σ_{fm}^2 rimane = 0,0178.

In queste condizioni N_e cresce a 48,6 e $\Delta F = 0,0103$ (1,1%). Per avere un N_e più prudenziale, di almeno 50, come suggerito dalla FAO, potremmo proporre operativamente di aggiungere un paio di tori in FN.

L'adozione della strategia dei Contributi Ottimali per compensare il probabile utilizzo dei tori in modo molto disomogeneo in passato non è possibile in questa razza, in quanto le genealogie sono troppo scarse e ciò porterebbe a errori di gestione. Infine, sarebbe molto opportuno fare una indagine per capire quale sia stato lo scambio di animali tra allevamenti negli ultimi dieci anni e, in caso questo sia stato insufficiente, promuovere una maggiore circolazione dei riproduttori nella razza al fine di ridurre le probabilità di accoppiamento tra genitori troppo parenti.

Box 9. Un esempio completo, l'Asino di Martina Franca (a cura degli autori)

L'Asino di Martina Franca è una razza autoctona pugliese composta da forse un migliaio di capi, per lo più distribuiti in una molteplicità di piccoli allevamenti: solo pochi allevatori detengono un numero di capi superiore alla decina. La razza ha goduto in passato di ampia rinomanza e diffusione per la produzione di muli, soprattutto per l'esercito, ma oggi questo quadrupede ha perso quasi del tutto la sua importanza e l'asino sta subendo un declino numerico continuo, dinamica in cui fenomeni di eccessiva consanguineità vengono regolarmente osservati con preoccupazione dagli allevatori più avveduti. Il ridotto interesse verso questo animale produce anche una certa trascuratezza nella registrazione dei dati genealogici, che sono spesso frammentari e si limitano alle generazioni parentali (genitori) e, solo occasionalmente, includono i nonni dei viventi. In questo esempio concreto di intervento toccheremo alcuni dei punti descritti in questo

capitolo, partendo dall'analisi dei dati reali disponibili di 5 allevatori anonimi (A, B, C, D ed E).

La tabella seguente fornisce una descrizione sintetica dei 5 allevamenti.

Allevamento	Maschi	Femmine	Totale	Padri	Connessione
A	3	16	19	7	13/19
B	6	13	19	5	9/19
C	6	22	28	15	5/28
D	2	22	24	13	0/13
E	6	7	13	5	1/13
Totale	23	80	103		28/103

Complessivamente, gli allevamenti hanno utilizzato come padri dei soggetti viventi 38 stalloni, di cui solamente 4 (Nervino, Romulus, Truman e Zoroastro) hanno figli in più di un allevamento. La connessione genetica tra gli allevamenti è quindi molto debole, con solo 28 individui su 103 prodotti da questi stalloni di "connessione". Inoltre, l'allevamento D è del tutto privo di connessione con gli altri, in quanto utilizza stalloni aziendali che hanno figli solo all'interno di quell'allevamento.

A questo punto, se approfondiamo la situazione per l'allevamento E, possiamo costruire la matrice di parentela tra i 13 animali presenti utilizzando le genealogie disponibili che, come si è detto, sono poco profonde e si riducono ai genitori e al nonno paterno di ogni soggetto.

	Benny	Odino	Menelao	Nume	Pasquale	Patrick	Maia	Antica	Proserpina	Neve	Medusa	Minerva	Amore
Benny	1	0,5	0	0,5	0	0	0	0	0,5	0,5	0,5	0,5	0
Odino	0,5	1	0,125	0,5	0,031	0	0,375	0	0,437	0,25	0,25	0,5	0,5
Menelao	0	0,125	1	0,125	0,062	0	0,375	0	0,187	0,25	0	0,125	0,25
Nume	0,5	0,5	0,125	1	0,031	0	0,375	0	0,437	0,25	0,25	0,5	0,5
Pasquale	0	0,031	0,062	0,031	1	0	0,093	0	0,046	0	0	0,031	0,062
Patrick	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
Maia	0	0,375	0,375	0,375	0,093	0	1,25	0	0,5	0	0	0,375	0,75
Antica	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Proserpina	0,5	0,437	0,187	0,437	0,046	0	0,5	0	1	0,25	0,25	0,437	0,375
Neve	0,5	0,25	0,25	0,25	0	0	0	0	0,25	1	0,25	0,25	0
Medusa	0,5	0,25	0	0,25	0	0	0	0	0,25	0,25	1	0,25	0
Minerva	0,5	0,5	0,125	0,5	0,031	0	0,375	0	0,437	0,25	0,25	1	0,5
Amore	0	0,5	0,25	0,5	0,062	0	0,75	0	0,375	0	0	0,5	1

La matrice, a causa della poca profondità dei pedigree, sicuramente sotto-stima il grado di parentela tra gli animali e molti dei coefficienti zero, con genealogie più complete, diventerebbero parentele apprezzabili.

Da questi coefficienti possiamo calcolare la parentela media della progenie dei 6 stalloni e delle 7 fattrici sulla base di un contributo perfettamente bilanciato dei genitori.

$$\bar{a}_{ij} = \frac{1}{4}\bar{a}_{km} + \frac{1}{4}\bar{a}_{ln} + \frac{1}{4}(\bar{a}_{kn} + \bar{a}_{lm})$$

Il coefficiente, pari a 0,243224, coincide con quello che otterremmo utilizzando un vettore di contributi che tenga conto del numero dispari di animali. Così 2,1667 è pari a 13/6 e 1,857 = 13/7. La somma di questi coefficienti, naturalmente, è 26 (2N) mentre in \mathbf{c}' avremo una somma pari a uno, come abbiamo visto in precedenza.

Benny	Odino	Menelao	Nume	Pasquale	Patrick
2,1667	2,1667	2,1667	2,1667	2,1667	2,1667
Maia	Antica	Proserpina	Medusa	Minerva	Amore
1,857	1,857	1,857	1,857	1,857	1,857

Poiché, ovviamente, il numero di monte per i maschi e di parti per le femmine deve essere un numero intero (13), possiamo confrontare diversi scenari d'uso degli animali.

Strategia	Benny	Odino	Menelao	Nume	Pasquale	Patrick	Maia	Antica	Proserpina	Neve	Medusa	Minerva	Amore	a_{ij} medio
1	13	0	0	0	0	0	2	2	2	2	2	2	1	0,4822
2	0	13	0	0	0	0	2	2	2	2	2	2	1	0,4871
3	0	0	13	0	0	0	2	2	2	2	2	2	1	0,4101
4	0	0	0	13	0	0	2	2	2	2	2	2	1	0,4871
5	0	0	0	0	13	0	2	2	2	2	2	2	1	0,3440
6	0	0	0	0	0	13	2	2	2	2	2	2	1	0,3284
7	2	2	2	2	2	3	2	2	2	2	2	2	1	0,2309
8	0	1	3	1	3	5	2	2	2	2	2	2	1	0,1978
9	0	1	3	1	3	5	0	5	1	2	2	2	1	0,1781
10	1	0	3	0	4	5	1	4	1	2	3	1	1	0,1732

Rispetto ad un uso il più possibile bilanciato di tutti gli animali, strategia 7, utilizzare un solo stallone per tutte le monte determinerebbe un drammatico incremento di consanguineità (strategia da 1 a 6). Lo scenario migliore,

invece, ultima riga della tabella, prevede un uso differenziato dei diversi stalloni, con alcuni che devono essere esclusi dall'uso. Con la strategia definita dall'ultima riga, la parentela media è inferiore a quella definita da un uso bilanciato di tutti i riproduttori (riga 7) e potrebbe essere, quindi, adottata per i prossimi accoppiamenti.

Identificati gli animali da utilizzare e il numero di monte o parti che dobbiamo pianificare, possiamo programmare gli accoppiamenti individuali minimizzando al massimo la parentela tra i riproduttori. Un'ipotesi di concreta pianificazione dei singoli accoppiamenti è schematizzata dalla tabella seguente, in cui sono evidenziati in giallo gli accoppiamenti specifici che minimizzano la parentela tra madre e padre.

	Maia	Antica	Proserpina	Neve	Medusa	Minerva	Amore	Figli
Benny	0	0	0,5	0,5	0,5	0,5	0	1
Odino	0,375	0	0,4375	0,25	0,25	0,5	0,5	0
Menelao	0,375	0	0,1875	0,25	0	0,125	0,25	3
Nume	0,375	0	0,4375	0,25	0,25	0,5	0,5	0
Pasquale	0,09375	0	0,046875	0	0	0,03125	0,0625	4
Patrick	0	0	0	0	0	0	0	5
Figlie	1	4	1	2	3	1	1	13

I totali di riga e colonna di questa tabella coincidono con i coefficienti dell'ultima riga della tabella precedente. In uno schema di questo genere, ad esempio, Antica dovrebbe produrre 4 puledri da 4 padri diversi, oppure Medusa ne dovrebbe produrre 3. Poiché la specie ammette un solo parto all'anno, e la situazione nel tempo potrebbe cambiare, è ovvio che la strategia della gestione degli accoppiamenti debba essere aggiornata annualmente e, di conseguenza, adattata all'evoluzione dell'allevamento. L'importante è che ogni fattrice faccia il suo parto annuale con lo stallone assegnato dallo schema.

Questa situazione descritta per l'allevamento E può essere, naturalmente, elaborata singolarmente per tutti gli altri allevamenti, fornendo a ciascun allevatore gli opportuni suggerimenti per un'ottimale gestione degli accoppiamenti. Ma non dobbiamo dimenticare, come abbiamo visto all'inizio, che il grado di connessione tra i cinque gruppi analizzati è assai limitato e, quindi, la prima cosa da raccomandare a questi allevatori sarebbe di concordare un generoso e continuo scambio di riproduttori. In altre parole, l'analisi qui descritta per i 13 animali di E dovrebbe essere rifatta, includendo tutti e 103 gli animali dei 5 allevamenti. In questo modo il contributo di stalloni e fattrici viventi alla parentela della prossima generazione filiale e alla consanguineità della successiva generazione di nipoti sarebbe ottimizzato nella direzione della massima conservazione della variabilità genetica.

Gli stalloni dovrebbero cioè ruotare nei diversi allevamenti in monte mirate ad ottimizzarne il contributo genetico.

Box 10. *La consanguineità nel cane* (a cura degli autori)

I principi di genetica di popolazione di cui questo libro si occupa, e che guidano l'attività di salvaguardia, sono gli stessi per tutte le specie di mammiferi domestici. I metodi da utilizzare possono, però, cambiare tra specie, tra razze e tra sistemi di allevamento, in quanto la loro facilità di applicazione ed efficacia può variare in funzione anche del ruolo che gli animali giocano nella società; differenze che si osservano, in particolare, tra animali da reddito e animali da compagnia. Tra questi ultimi, il cane non è considerato dalla FAO tra le risorse genetiche animali, ma essendo la specie più legata all'uomo è opportuno fare qui alcune considerazioni generali.

Le razze canine sono spesso soggette ad una elevata consanguineità e hanno caratteristiche che rendono la loro gestione talvolta complessa. L'analisi di 60 razze canine francesi, ad esempio, ha evidenziato una numerosità effettiva media pari a 80. Situazione analoga in Gran Bretagna, con 29 e 68 razze, sulle 116 analizzate, con un N_e inferiore, rispettivamente, a 50 e a 100. Ricordiamo che a N_e inferiori a 50-100 corrispondono incrementi di consanguineità considerati non sostenibili (sezione 5.2). Presentiamo qui alcune caratteristiche che differenziano il cane dalle altre specie zootecniche, con riferimento in particolare alla consanguineità e alla sua gestione.

- La presenza di un elevato numero di razze, spesso estremamente diverse tra loro, basti pensare al chihuahua, all'alano, al carlino, al levriero, razze che, a un abitante di un altro pianeta, potrebbero apparire come specie diverse. Recenti analisi genomiche ci dicono che questa grande diversità tra razze è spesso dovuta a un numero limitato di geni, oggetto di una intensa selezione, in particolare negli ultimi due secoli, alla ricerca di caratteristiche morfologiche e comportamentali socialmente apprezzate. Le zampe corte dei bassotti sono, per esempio, legate alla fissazione di due geni. Tuttavia, le caratteristiche desiderate sono, in alcuni casi, anche di natura quantitativa, determinate da molti geni, ciascuno dei quali determina un piccolo effetto sulle caratteristiche della razza, come abbiamo visto per le specie zootecniche. Tali caratteristiche, inoltre, sono state lungamente selezionate nel corso del tempo. L'uso di un basso numero di riproduttori, tra loro parenti, facilita il fatto di dare alla razza una impronta morfologica ben definita. Molte razze canine, infatti, spesso originano da un basso numero di fondatori tra loro imparentati e sono, inoltre, caratterizzate da uno sproporzionato utilizzo di stalloni "popolari", altamente richiesti, che portano ad un aumento della varianza del successo riproduttivo e

alla conseguente riduzione del numero effettivo di popolazione (vedi sezione 5.2.1). Inoltre, in molti casi si osserva una scarsa attenzione da parte dei proprietari ad evitare accoppiamenti tra animali molto parenti, con conseguente nascita di prole altamente consanguinea. Questi aspetti, come abbiamo visto, fanno incrementare parentela e consanguineità.

- Per ciascuna razza si osserva poi la presenza di un grande numero di allevatori che controllano pochi animali ciascuno. Questi allevatori, spesso commercialmente in competizione, agiscono nelle scelte e nei metodi in modo indipendente, non sono tra loro coordinati e non hanno veri obiettivi di gestione comuni. Per questo, nel cane, il sistema dei contributi ottimali (sezione 5.4.4) non può essere applicato, in quanto richiede una gestione centralizzata. Anche strategie di controllo della consanguineità meno stringenti possono essere di difficile applicazione. Recentemente (febbraio 2023), l'Ente Nazionale Cinofilia Italiano (ENCI) ha vietato l'iscrizione al Libro Genealogico delle cucciolate nate dagli accoppiamenti tra genitori e figli, tra fratelli pieni e tra mezzi fratelli, a dimostrazione di quanto queste pratiche di breeding siano in realtà molto diffuse. Come però abbiamo visto alla sezione 5.4, per contenere nel medio e lungo termine la consanguineità è necessario agire sulla parentela tra maschi, tra femmine, e tra maschi e femmine, categorie opportunamente pesate, non solo sulla parentela tra il maschio e la femmina che vengono accoppiati. In caso di elevata consanguineità nella razza, possibili soluzioni potrebbero essere quelle di limitare l'uso di stalloni e fattrici "popolari" e incoraggiare l'utilizzo di riproduttori di altri Paesi (popolazioni).
- Mentre negli animali da reddito la gestione genetica si avvale senza problemi della eliminazione degli animali meno desiderabili, nel cane la soppressione di animali per motivi selettivi non è eticamente accettata. In Italia, in particolare, la soppressione dei cani per legge è consentita, ad opera di medici veterinari, soltanto in riferimento a soggetti gravemente malati, incurabili o di comprovata pericolosità.
- Le mode determinano la popolarità di alcune razze, che quindi varia nel tempo. Per questo motivo la numerosità, anche quella effettiva, delle razze oscilla attraverso gli anni. Per esempio, nel secondo dopoguerra la razza barbone acquisì grande popolarità negli Stati Uniti d'America, con un aumento degli iscritti, in soli dieci anni, di quasi 30 volte. Film o serie televisive hanno contribuito all'ampia popolarità del dalmata (La carica dei cento e uno), il pastore tedesco (Rin tin tin), il pastore scozzese (Lassie) e altre razze, in alcuni casi seguita, terminata la fase di popolarità, da un certo abbandono della razza. A questo proposito è utile sottolineare che la numerosità effettiva attraverso un

certo numero di generazioni non è data dalla media aritmetica dei valori alle singole generazioni, ma è approssimato dalla loro media armonica, e cioè il reciproco della media aritmetica dei reciproci, dove i valori bassi pesano maggiormente di quelli alti. La media armonica tiene conto del fatto che i colli di bottiglia più stretti in una popolazione accelerano, in modo particolare, la deriva e riducono, di conseguenza, la variabilità genetica.



Quando le risorse non sono sufficienti per tutte le razze bisogna scegliere quali salvaguardare. Decidere solo sulla base del grado di minaccia di estinzione significa dare a tutte le razze lo stesso valore di conservazione. Possiamo fare meglio.

Capitolo 6. Scegliere le razze da conservare

Sommario – A livello mondiale la FAO documenta la presenza di oltre ottomila razze appartenenti alle diverse specie di animali domestici. Molte sono a rischio di estinzione e per la maggior parte l'informazione è scarsa o nulla, e sarebbero quindi presumibilmente necessari, in larga misura, robusti interventi di salvaguardia. Nell'impossibilità di reperire le risorse necessarie per agire su tutte quelle a rischio, è fondamentale operare delle scelte. È quindi necessario avere, prima di tutto, dei criteri oggettivi di valutazione dello stato di rischio di una razza ed è altrettanto necessario stabilire per ciascuna di queste un "valore di salvaguardia", poiché, anche a parità di rischio, non tutte le razze possono meritare la stessa attenzione. Si tratterà, infine, di adottare criteri rigorosi ma realistici per definire un modus operandi basato su evidenze oggettive e quantificabili.

6.1 Il grado di rischio

Come abbiamo visto fin dal primo capitolo i cambiamenti epocali, soprattutto successivi alla seconda guerra mondiale, hanno portato a una forte contrazione numerica di molte razze, sia per abbandono da parte dei loro allevatori, che per la forte competizione di razze più produttive e per così dire "industrializzate". Il declino numerico in qualche caso si è concluso con la definitiva estinzione della razza, mentre in altri casi, pur essendo arrivati vicino a questo punto di non ritorno, è stato possibile intervenire in tempo, grazie a una nuova e maturata consapevolezza del valore e dell'importanza della conservazione della biodiversità zootecnica. Naturalmente, non tutte le razze che sono riuscite a sopravvivere al periodo compreso tra la seconda guerra mondiale e gli anni '70 si trovano oggi nelle stesse condizioni. Alcune sono riuscite a risalire la china grazie ad una sapiente gestione da parte degli allevatori e delle loro associazioni e si sono quindi portate in una situazione di relativa sicurezza. Altre non riescono a fare altrettanto e continuano ad oscillare intorno ad una condizione di incertezza che non lascia presagire un futuro tranquillo. In realtà, non dobbiamo dimenticare che le cause, che in quegli anni lontani hanno portato all'abbandono delle cosiddette razze locali, sono tuttora attive e continuano a premere nella direzione di una loro estinzione. Infatti, allevare una razza poco produttiva in un territorio collinare o comunque disagiato richiede sempre e comunque una consapevole vocazione per una attività non facile e spesso poco remunerativa. Abbiamo quindi molte razze che, pur mantenendo la loro presenza sul territorio, mostrano un grado di minaccia diversificato: alcune sono più in pericolo e richiedono la massima attenzione, altre sono più al sicuro e per loro può essere sufficiente un semplice continuo monitoraggio. La conoscenza di questo grado di minaccia è dunque fondamentale per capire cosa sia necessario fare

in ogni specifico caso, per stabilire delle priorità e per degli eventuali interventi d'urgenza. A livello globale, conoscere ci permette di capire se un certo Paese stia facendo bene per conservare la sua biodiversità zootecnica, oppure se sia poco attento o addirittura trascurato nelle sue azioni. Inoltre, conoscere il grado di minaccia ci permette di fare delle previsioni temporali sul profilo di rischio prevedibile negli anni futuri e quindi ci indica le azioni da intraprendere e la loro eventuale urgenza.

La FAO (2013)¹ ha sviluppato delle linee guida molto articolate sulla misura del grado di minaccia di una razza, utilizzando diversi parametri che abbiamo imparato a conoscere nei capitoli precedenti. Fondamentalmente, questi parametri sono dati 1) dal numero di femmine in età riproduttiva disponibili, 2) dall'incremento di consanguineità (ΔF) prevedibile per generazione in conseguenza della struttura riproduttiva in atto e 3) dalla presenza di attivi programmi di conservazione che segnalino l'attenzione e la sensibilità degli allevatori e delle loro associazioni. Sulla base di questi parametri generali, la FAO prevede una classificazione delle razze in sei categorie, che costituiscono indubbiamente uno standard cui ogni Paese dovrebbe adeguarsi e che sono il frutto di una profonda riflessione dei ricercatori accreditati in queste discipline. Per comprendere meglio la complessa categorizzazione descritta dalla tabella che segue, è necessario tener presente che la FAO propone criteri che possano essere applicati in qualsiasi Paese, quindi anche dove le informazioni disponibili siano alquanto limitate. Le informazioni di base che possono essere più facilmente reperite sono la numerosità totale della popolazione, o ancora meglio quella delle femmine in età riproduttiva, il numero di maschi in riproduzione, magari il fatto che la razza abbia un trend di crescita numerico positivo, stabile o negativo negli ultimi anni, oppure se una parte degli animali non viene impiegata in purezza, ma per incroci di vario genere. Anche sulla base di queste semplici informazioni è possibile, quindi, collocare una razza in una di queste categorie. Certamente, se un Paese dispone, per una certa razza, di informazioni più accurate e approfondite, come dati genealogici o demografici, la classificazione ne potrà solo trarre vantaggio, con una più precisa attribuzione di una razza alla sua corretta categoria di rischio. L'approccio della FAO è comunque prudentiale, infatti, vale la regola della condizione più sfavorevole. Se, ad esempio, una razza presenta un incremento di consanguineità elevato, che la fa assegnare ad una determinata categoria, sarà assegnata a questa anche se il numero delle femmine in età riproduttiva la farebbero assegnare ad una categoria di minaccia inferiore.

Le prime due categorie FAO sono di immediata comprensione e di facile riconoscimento.

1 FAO, *In vivo conservation of animal genetic resources*, FAO Animal Production and Health Guidelines, 2013

- **Estinta:** non vi sono animali vivi né è disponibile materiale genetico crioconservato sufficiente ad ipotizzare una possibile ricostruzione della razza.
- **Solo crioconservata:** non vi sono animali vivi, ma solo materiale genetico crioconservato sufficiente per ricostruire la razza. Poiché la quantità e qualità del materiale crioconservato per la ricostruzione delle razze può essere molto variabile tra specie, la FAO (2012)² propone a questo proposito delle specifiche linee guida su cui torneremo nel capitolo 9.

Nell'attribuire una razza ad una particolare categoria, la FAO classifica le specie domestiche in due tipologie, in considerazione delle loro capacità riproduttive. È chiaro, infatti, che, per una specie le cui femmine sono in grado di produrre molti discendenti nell'arco della loro vita, è più facile uscire da una situazione di minaccia rispetto ad una con un ritmo riproduttivo più lento. Per semplicità di analisi, le specie sono quindi divise in due gruppi: quelle ad alta capacità riproduttiva, e quindi elevata capacità di reazione a una flessione demografica come suini, conigli e avicoli, e quelle a bassa capacità riproduttiva come equini, camelidi e tutti i ruminanti.

Dopo le precedenti due categorie, *estinta* e *solo crioconservata*, le successive tre categorie sono quelle di maggiore importanza e che richiedono quindi più articolati dettagli. Le due tabelle che seguono presentano questi dettagli separatamente per le specie ad alta e bassa capacità riproduttiva.

Categoria	Specie ad alta capacità riproduttiva (Suini, Conigli, Avicoli)
<i>Critica</i>	Numero femmine ≤ 100 Numerosità della popolazione ≤ 80 con trend demografico positivo e più del 80% di accoppiamenti in purezza Numerosità della popolazione ≤ 120 con trend demografico stabile o negativo Numero maschi ≤ 5 $N_c \leq 14$; $\Delta F \geq 3\%$
<i>Minacciata</i>	Numero femmine > 100 e ≤ 1.000 Numerosità della popolazione > 80 e ≤ 800 con trend demografico positivo e più del 80% di accoppiamenti in purezza Numerosità della popolazione > 120 e ≤ 1.200 con trend demografico stabile o negativo Numero maschi > 5 e ≤ 20 $14 < N_c < 56$ $3\% > \Delta F > 1\%$
<i>Vulnerabile</i>	Numero femmine > 1.000 e ≤ 2.000 Numerosità della popolazione > 800 e ≤ 1.600 con trend demografico positivo e più del 80% di accoppiamenti in purezza Numerosità della popolazione > 1.200 e ≤ 2.400 con trend demografico stabile o negativo Numero maschi > 20 e < 35 $56 < N_c < 98$ $1\% > \Delta F > 0,5\%$

2 FAO, *Cryoconservation of animal genetic resources*, FAO Animal Production and Health Guidelines, 2012.

Categoria	Specie a bassa capacità riproduttiva (Ruminanti, Equini, Camelidi)
<i>Critica</i>	Numero femmine ≤ 300 Numerosità della popolazione ≤ 240 con trend demografico positivo e più del 80% di accoppiamenti in purezza Numerosità della popolazione ≤ 360 con trend demografico stabile o negativo Numero maschi ≤ 5 $N_e \leq 14$ $\Delta F \geq 3\%$
<i>Minacciata</i>	Numero femmine > 300 e ≤ 3.000 Numerosità della popolazione > 240 e ≤ 2.400 con trend demografico positivo e più del 80% di accoppiamenti in purezza Numerosità della popolazione > 360 e ≤ 3.600 con trend demografico stabile o negativo Numero maschi > 5 e ≤ 20 $14 < N_e < 56$ $3\% > \Delta F > 1\%$
<i>Vulnerabile</i>	Numero femmine > 3.000 e ≤ 6.000 Numerosità della popolazione > 2.400 e ≤ 4.800 con trend demografico positivo e più del 80% di accoppiamenti in purezza Numerosità della popolazione > 3.600 e ≤ 7.200 con trend demografico stabile o negativo Numero maschi > 20 e < 35 $56 < N_e < 98$ $1\% > \Delta F > 0,5\%$

Come si vede dalle due tabelle che precedono, le razze classificate come *Critiche* o *Minacciate*, oltre ai requisiti di dimensione numerica indicati, hanno ΔF superiori all'1% per generazione. Qui, per il calcolo di ΔF , N_e è determinato sulla base del solo numero dei maschi in riproduzione. Si tratta di una semplificazione della formula (1) vista nella sezione 5.1.1, in cui si assume che le femmine siano comunque molto numerose e che quindi, ad incidere sul N_e , sia soprattutto il limitato numero di maschi ($N_e = 4M$). Inoltre, il N_e è qui sempre corretto per il fattore 0,7 che tiene conto di una certa inevitabile selezione massale che, come abbiamo visto alla sezione 5.1.3, è sempre presente in ogni situazione. Per queste due categorie, senza opportuni interventi, l'erosione e l'appiattimento della variabilità genetica porterebbero alla perdita della razza nel giro di pochi decenni.

Una razza classificata come *Vulnerabile* ha invece un N_e superiore e quindi esce dalla stretta condizione di rischio delle precedenti due categorie. In quest'ultimo caso, è possibile praticare anche un certo grado di miglioramento genetico, cosa non possibile per una razza *Critica* o *Minacciata*. Per queste ultime, ciò che è necessario fare è primariamente aumentare la dimensione, sia effettiva, che censita, della popolazione, soprattutto attraverso una oculata gestione della riproduzione, come abbiamo visto nel capitolo precedente. Raccomandabile è anche una razionale raccolta di materiale genetico da crioconservare, soprattutto per le razze *Critiche* e, in minor misura, per quelle *Minacciate* e *Vulnerabili*.

Oltre a questi criteri, che tengono conto della dimensione numerica e del rischio di perdita di variabilità genetica, vi sono anche altre considerazioni di

natura demografica che devono essere sempre tenute presenti. Ad esempio, una razza allevata in uno o pochi allevamenti, oppure i cui membri si trovino dispersi in un'area geografica ridotta a pochi chilometri quadrati è estremamente esposta ad un grave rischio, anche di completa estinzione, per possibili eventi calamitosi, come disastri ambientali o improvvise diffusioni di patologie.

Le ultime due categorie nella classificazione FAO sono:

- **Non a rischio:** razze non classificate nelle categorie precedenti;
- **Sconosciuta:** razze con dati insufficienti per l'assegnazione a una categoria di rischio, per le quali si consiglia vivamente di adottare il principio di precauzione. Si tratta della categoria che a livello mondiale ha l'incidenza maggiore.

Nell'ultimo rapporto sulla condizione delle risorse genetiche animali per l'alimentazione e l'agricoltura (FAO, 2015)³, la FAO documenta la presenza nel mondo di 8.077 razze di animali domestici. Per il 58% di queste non si conosce il grado di rischio di estinzione, ed è fortemente presumibile che per una buona parte di queste il rischio sia elevato. Il 7% è estinto. Il 17% (1.373) è più o meno minacciato da estinzione. Il rimanente 18% non è a rischio. Per quanto riguarda l'Italia, oggi nel DAD-IS (il database gestito dalla FAO) sono registrate in totale 285 razze, numero che include razze locali autoctone e razze di origine estera allevate in Italia. Solo l'11% di queste razze, secondo i criteri FAO, non è a rischio di estinzione.

Vista l'altissima percentuale di razze a rischio, è evidente che, sia nel mondo che in Italia, non ci possono essere energie sufficienti per attivare piani di conservazione operativi per tutte le realtà. Per una concreta politica di conservazione è, quindi, inevitabile fare una scelta e concentrare sforzi e risorse su quelle che presentano caratteristiche uniche (razze che non siano, cioè, quasi dei duplicati di altre o che vengano distinte solo sulla base di un nome locale diverso) e che abbiano quindi un maggiore valore di conservazione. L'esperienza dice che si tratta di scelte spesso difficili, politicamente e socialmente. Ogni comunità può essere affezionata alla sua razza, ma spesso l'affezione è rinforzata dal fatto che il riconoscimento formale determina agevolazioni economiche e ristori cui è difficile rinunciare. Sono decisioni che, tuttavia, in alcuni casi vanno prese con rigore e spirito pragmatico (vedi il seguente Box 11).

3 <http://www.fao.org/3/a-i4787e.pdf>

Box 11. Anagrafe nazionale della biodiversità di interesse agricolo e alimentare (a cura degli autori)

Il Ministero dell'agricoltura, della sovranità alimentare e delle foreste (Masaf), attraverso l'ufficio DISR VII – Valorizzazione biodiversità animale, persegue l'obiettivo della conservazione delle specie e razze animali di interesse zootecnico. Il Regolamento UE n. 1012/2016 definisce «razza» una «popolazione di animali sufficientemente uniforme per poter essere distinta da altri animali della stessa specie da uno o più gruppi di allevatori che hanno stabilito di iscrivere tali animali in libri genealogici ...» Inoltre, definisce «razza a rischio di estinzione» una razza locale che uno Stato membro riconosca come tale, geneticamente adattata a uno o più sistemi di produzione o ambienti tradizionali di tale Stato membro, e la cui condizione di rischio sia scientificamente riconosciuta.

Con la legge 1° dicembre 2015, n. 194 “Disposizioni per la tutela e la valorizzazione della biodiversità di interesse agricolo e alimentare”, è stata istituita presso il Masaf l'Anagrafe nazionale della biodiversità di interesse agricolo e alimentare. Nell'Anagrafe sono indicate le risorse genetiche di interesse alimentare ed agrario locali di origine vegetale, animale o microbica soggette a rischio di estinzione o di erosione genetica. Le specie, le varietà o le razze già individuate dai repertori o dai registri vegetali delle Regioni e delle Province autonome di Trento e di Bolzano ovvero dai Libri genealogici e dai Registri anagrafici, di cui alla legge 15 gennaio 1991, n. 30 (successivamente abrogata), e al decreto legislativo 30 dicembre 1992, n. 529, nonché i tipi genetici autoctoni animali in via di estinzione secondo la classificazione FAO sono stati inseriti di diritto nell'Anagrafe.

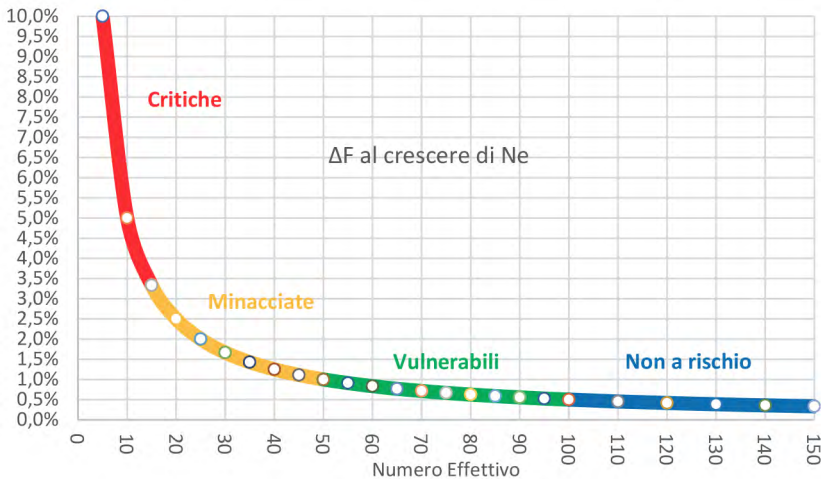
Si assiste oggi a periodiche richieste di iscrizione di “nuove razze” all'Anagrafe nazionale, direttamente o attraverso le anagrafi delle Regioni. Il riconoscimento di nuove razze meritevoli di essere iscritte all'Anagrafe richiede una analisi approfondita, per evitare l'iscrizione di popolazioni di scarso o nullo valore di conservazione (vedi sezione 6.2). Ai sensi del Regolamento UE n. 1012/2016 i programmi genetici possono perseguire, oltre al miglioramento e alla conservazione della razza, la creazione di una nuova razza e la ricostituzione di una razza, due processi questi ultimi sui quali sono qui necessarie alcune riflessioni.

Ricostituzione di una razza: si tratta della ricostruzione, mediante incroci tra tipi genetici esistenti, del fenotipo di una razza definitivamente estinta. Il contributo alla variabilità genetica della specie di questo tipo di intervento è sostanzialmente nullo, almeno finché sopravvivono i tipi genetici dai quali è partita la ricostituzione o finché la razza ricostituita si sia differenziata da ogni altra. La ricostituzione presuppone una valutazione di opportunità che non può prescindere da una buona documentazione

dell'esistenza della razza originaria. In caso contrario, non si tratta di ricostituzione.

Creazione di una nuova razza: un processo non rivolto al passato, ma proiettato al futuro, dove le nuove razze dovrebbero acquisire eventuale valore di conservazione solo dopo un periodo monitorato di sviluppo ed evoluzione genetica, necessario per raggiungere una loro identità e originalità. È verosimile un intervallo temporale di 40 anni o di 6 generazioni (il più lungo tra i due criteri), criterio già utilizzato nel Regno Unito, per definire una razza come “native” ovvero autoctona. Molte Regioni stanno adottando il criterio di 50 anni di presenza documentata.

Riassumendo: di tutti i criteri da utilizzare per attribuire una razza alla sua corretta categoria di rischio, il N_e è forse il parametro che meglio descrive in modo sintetico la reale situazione genetica di una razza. Il grafico che segue, che riprende quello della sezione 5.1, mette in relazione l'incremento di consanguineità per generazione (ΔF) con valori di N_e crescenti da 5 a 150 e riporta con buona approssimazione la collocazione delle diverse categorie di rischio.



In questo modo appare più chiaro come si collochino le diverse tipologie di rischio così come codificate dal citato documento FAO. Il recupero di una razza in condizioni critiche, che sia cioè ridotta ad un N_e di poche unità o al massimo di poche decine, passa obbligatoriamente attraverso una fase di rigoroso controllo della riproduzione, abbinato a un ampliamento numerico della sua dimensione. Qui il controllo della riproduzione dovrà determinare la minimizzazione delle varianze del successo riproduttivo, fino possibilmente al loro azzeramento, come abbiamo discusso nella sezione 5.1.2. Si inizierà anche a costituire, se non ancora presente, un archivio anagrafico a supporto del controllo riproduttivo e

dell'eventuale scelta di soggetti di cui crioconservare cellule germinali. Quando la razza uscirà dalle condizioni critiche per passare a quella di razza minacciata, sarà sempre necessario ampliarne la dimensione numerica, magari riducendo il rigore sull'azzeramento delle varianze. Solo al passaggio alla condizione successiva di razza vulnerabile sarà possibile introdurre una blanda azione selettiva, sempre però mantenendo vivo il controllo della struttura riproduttiva. Qui la selezione potrà essere di natura esclusivamente fenotipica (massale) e avvalersi dell'archivio genealogico ormai consolidato per l'identificazione di riproduttori che minimizzino l'aumento di consanguineità nelle generazioni successive, attraverso la tecnica dei cosiddetti contributi ottimali discussa ampiamente nella sezione 5.4.4. Uscendo dalla condizione di rischio, la selezione potrà caratterizzare più incisivamente la gestione della razza con tecniche di valutazione genealogica dei riproduttori basate sulla metodologia BLUP. Una selezione di questo tipo, come abbiamo visto, determina per la sua maggiore intensità e accuratezza, una notevole riduzione di N_e e la razza dovrà comunque essere sottoposta ad un continuo controllo riproduttivo, per evitare una ricaduta nella categoria precedente. Una sua gestione basata sulle tecniche descritte nella sezione 5.6 potrà dare qui ottimi risultati, temperando con sapienza la spinta verso un desiderabile progresso genetico (ΔG), con un ragionevole contenimento dell'incremento di consanguineità (ΔF). L'attenzione verso ΔF potrà progressivamente scemare, a vantaggio di una selezione sempre più stringente, man mano che il favorevole N_e metterà la razza al sicuro circa il suo destino futuro.

Una certa dimensione di popolazione, come numero di femmine, sarà comunque sempre necessaria, per evitare l'estinzione demografica legata al fatto che nascite e morti (le entrate e le uscite demografiche) sono variabili probabilistiche che, intorno a un dato valore medio, hanno una certa varianza, e, in una popolazione piccola, una serie negativa probabilistica (bassa natalità ed elevata mortalità) può portare la popolazione alla estinzione demografica. Inoltre, per una valorizzazione economica della razza e dei suoi prodotti di carne o latte, è necessario che la popolazione abbia una certa dimensione numerica, in modo da assicurare la disponibilità di questi prodotti ad un più ampio pubblico di potenziali consumatori e non risulti, invece, a questo totalmente sconosciuta.

6.2 Valore di conservazione

Sul percorso della difesa della biodiversità zootecnica dobbiamo introdurre, a questo punto, un nuovo concetto molto importante, che è il "valore di conservazione" di una razza (VC). Nella sezione precedente abbiamo visto come attribuire a una razza il suo appropriato grado di rischio, soprattutto distinguendo nell'ambito delle tre categorie più sensibili, razze *Critiche*, *Minacciate* e *Vulnerabili*. Per ciascuna di queste categorie abbiamo indicazioni piuttosto precise su cosa fare e cosa non fare per mettere in sicurezza le relative popolazioni e anche, se

possibile, per migliorarle sotto il profilo produttivo e, quindi, in termini di resa economica per gli allevatori. Ma, a questo punto, dobbiamo anche ragionare su un altro aspetto non trascurabile, ossia quanto, per ciascuna di esse, valga la pena impegnarsi per portarle fuori dalla condizione di rischio in cui si trovano. Infatti, ogni azione di recupero assorbe energie lavorative, tempi/uomo, risorse economiche, che non sono illimitate. Come dobbiamo indirizzare queste risorse? Possiamo stabilire delle priorità? Ci possono essere razze in condizioni *Critiche* sulle quali però non valga la pena di intervenire? Oppure altre, magari *Vulnerabili*, che invece meritino sforzi importanti e generose risorse per promuoverne la valorizzazione, in quanto portatrici di un elevato valore di conservazione? Le diverse razze, infatti, possono non avere tutte un identico valore: il patrimonio genetico può essere più o meno originale e ricco di variabilità e il contributo alla diversità di cultura rurale e paesaggistica, e alla biodiversità, anche selvatica, più o meno importante. Insomma, il grado di minaccia che incombe su una razza è certamente il criterio di partenza per orientare la nostra azione, ma non l'unico. A titolo esemplificativo consideriamo i seguenti punti.

- Alcune razze sono piuttosto simili tra loro e, quindi, forniscono un apporto limitato alla diversità genetica zootecnica nazionale. Passando dalla razza all'individuo, è un po' come dover scegliere tra due soggetti molto parenti che hanno una parte rilevante del loro genoma in comune e ciò fa sì che il secondo individuo non apporti altrettanta informazione quanto il primo. Alcune razze, per esempio, differiscono tra loro solo per il colore del mantello o del piumaggio, ma, se avessero identico colore, sarebbero del tutto indistinguibili. In un caso del genere sarà, quindi, saggio concentrare le risorse su una di queste, trascurando l'altra.
- Alcune razze sopravvivono da generazioni con pochissimi capi e, a causa degli effetti della deriva genetica (vedi sezione 2.4), potrebbero non rappresentare più la razza originaria e avere quindi un basso significato di conservazione. Un esempio lo fornisce la razza suina Mora Romagnola. In una indagine europea del 2005 sulla variabilità genetica di 68 razze e linee commerciali di suini europei su base molecolare, la Mora Romagnola dimostrava una forte differenziazione dalle altre 67. Tuttavia, con ogni probabilità, questo non era l'espressione di una originalità genetica frutto di un processo evolutivo particolare, ma di cambiamenti casuali delle frequenze geniche, dovute alla forte deriva alla quale la razza era andata incontro nei precedenti 40 anni. All'inizio del suo recupero, nel 2005, la popolazione originava infatti solo da quattro animali sopravvissuti, tre scrofe e un solo verro.
- Analogamente al punto che precede, spesso i pochi soggetti di una razza, un tempo numerosa, che sopravvivono, restano concentrati in uno o pochi allevamenti. L'analisi dei dati molecolari, in questo caso, oltre a segnalare un forte effetto di deriva genetica, può addirittura darci l'impressione di

essere in presenza di ecotipi locali, che coincidono con i singoli allevamenti dove la razza sopravvive. Si tratta naturalmente, per così dire, di un'illusione ottica, che può fare il gioco di chi vuole proporre politiche di salvaguardia che hanno, tuttavia, ben poca attinenza con la conservazione della biodiversità. Per non farsi fuorviare da queste errate interpretazioni, è necessario avere buona conoscenza della realtà di allevamento e della dottrina della genetica delle popolazioni. .

- Fino all'entrata in vigore della legge n. 30/1991, che le ha abrogate, le disposizioni in materia di riproduzione bovina erano regolamentate dalla legge n. 126/1963, che prevedeva per la monta l'impiego esclusivo di tori registrati in un Libro genealogico riconosciuto. Ma negli anni '60, solo la razza Frisona e la razza Bruna Alpina (oggi Razza Bruna) disponevano di un LG. Gli allevatori che non avessero voluto incorrere in sanzioni erano quindi forzati a fecondare le proprie bovine, di qualsiasi razza fossero, con tori di Frisona o di Bruna. È grazie alla caparbia di una certa parte degli allevatori appassionati delle nostre razze autoctone, se queste sono riuscite a sopravvivere per quasi tre decenni. Molti infatti hanno continuato, ignorando le norme e rischiando sanzioni salate, a utilizzare appena possibile tori in razza pura. Dopo il 1991, le razze autoctone sopravvissute presentavano comunque un certo grado di meticciamiento con la Frisona o con la Bruna, avendo quindi perso parte della loro originalità genetica.
- Anche in termini di valore ambientale e culturale, alla diversità zootecnica italiana alcune razze apportano molto, altre ben poco. La valenza ambientale è generalmente legata alla quantità e qualità delle attività pascolative in ambienti di maggiore o minore valore di biodiversità. Le razze bovine locali allevate sull'arco alpino, in aree più o meno protette, ma comunque ricche di biodiversità, possono essere considerate campionesse in termini di valore ambientale, in quanto hanno contribuito nei secoli alla creazione, e oggi al loro mantenimento, di agro-ecosistemi considerati dal World Wildlife Fund tra le 200 eco-regioni di maggiore valore di biodiversità del mondo. Per quanto riguarda il valore culturale, vedremo nel capitolo 7 come molte razze locali hanno avuto nei secoli un ruolo centrale nelle nostre società rurali. Alcune di queste razze, in modo particolare, sono ancora oggi elementi portanti di tradizioni locali e valori culturali, dalla gastronomia al paesaggio. Pensiamo all'artigianato dei collari e dei campanacci per le vacche e le capre al pascolo, alla battaglia delle Regine tra le vacche Valdostane, ai bellissimi paesaggi mosaico pascolo-foresta creati e mantenuti dal bestiame sulle catene alpina e appenninica.

Prima di analizzare i metodi che abbiamo a disposizione per scegliere in modo oculato le razze sulle quali concentrare gli sforzi di conservazione, è opportuno definire con chiarezza gli obiettivi che si vogliono raggiungere. Lo abbiamo già visto in precedenza, ma qui è bene ribadire che un criterio potrebbe

essere quello temporale, mentre un altro quello spaziale. Per quanto riguarda il criterio temporale, domandiamoci se vogliamo concentrarci su una conservazione nel tempo di una razza che ne assicuri un futuro di lungo periodo, oppure puntiamo ad una sua valorizzazione economica nel breve periodo, per garantirle oggi uno sviluppo zootecnico e una redditività economica accettabile. Se, invece, il criterio è spaziale, dobbiamo considerare con attenzione la distribuzione territoriale di una razza e le conseguenti implicazioni. La Convenzione sulla Diversità Biologica, più volte citata in precedenza, assegna ai singoli Paesi la responsabilità della conservazione delle risorse genetiche presenti sui loro territori. La scala nazionale sembra, quindi, quella naturale da perseguire. Ma negli ultimi anni è stata posta attenzione sulle razze allevate nelle zone di confine tra due o più Paesi, le cosiddette razze transfrontaliere (*transboundary*, per la FAO). Per esempio, la razza bovina Pustertaler Sprinzen, presente in Italia, è allevata anche in Austria, ma non si tratta certo di un caso isolato. La FAO invita, per queste razze, parallelamente alle responsabilità nazionali, alla cooperazione tra Paesi, per evitare duplicati e spreco di energie, per esempio nella creazione di criobanche o di schemi riproduttivi separati. Tuttavia, su quest'ultimo aspetto osserviamo spesso atteggiamenti negativi, legati al rischio di perdere sovvenzioni economiche comunitarie. Considerando come un'unica razza due popolazioni uguali allevate con gli stessi criteri in Paesi diversi, la razza, divenuta unica, potrebbe superare la soglia numerica che la rende oggetto di sovvenzioni. Passando da una scala transnazionale, che considera Paesi confinanti, ad una nazionale che faccia riferimento al nostro Paese, appare evidente che una stessa razza può svilupparsi sul territorio di diverse Regioni, anche non confinanti. Per esempio, la razza bovina Marchigiana è allevata nelle Marche, Abruzzo, Molise e Campania; la Maremmana in Toscana e Lazio oppure la Chianina è presente in Toscana, Umbria e Lazio. Una politica normativa di gestione delle razze da salvaguardare condotta su scala regionale, dove ogni Regione decide in autonomia cosa fare e cosa non fare, rischia di essere errata in partenza e controproducente in termini economici, a meno di non avere una alta concertazione operativa tra Regioni. Senza questa concertazione avremmo molti duplicati, magari in conflitto, di piani di conservazione regionali per la stessa razza. In generale, quindi, benché le competenze sull'agricoltura in Italia siano in gran parte Regionali, la conservazione dovrebbe non tenere conto dei confini regionali ed essere programmata quantomeno a livello nazionale e con una attenzione particolare per le razze transfrontaliere.

6.3 Come operare una scelta

Il grado di rischio di estinzione che abbiamo discusso nella precedente sezione 6.1 viene spesso percepito e indicato come il criterio base da utilizzare per la scelta delle razze da conservare. Le razze con un grado di minaccia più elevato

dovrebbero essere, cioè, privilegiate rispetto a quelle con un grado di minaccia meno elevato. Si tratta di un criterio ben comprensibile, facile e attraente anche per il grande pubblico, ma soprattutto per gli enti preposti ad operare le scelte e garantire le necessarie coperture finanziarie. Il ragionamento è semplice: mettiamo le razze in ordine di minaccia, quindi, in testa alla lista troveremo le *critiche*, poi le *minacciate* e infine quelle *vulnerabili*, tutte scalate, entro categoria, in relazione alla maggiore o minore situazione di rischio. Prendiamo quelle con rischio più elevato, quelle che stanno in testa alla lista, e diamo a loro tutta la priorità. Tuttavia, come abbiamo appena visto, non tutte le razze a rischio hanno lo stesso valore di conservazione. In realtà, con questa strategia l'obiettivo di conservazione non è definito, ma è semplicemente quello di conservarle tutte. Non affronta il problema dello specifico valore delle singole razze, del loro contributo alla variabilità genetica quale assicurazione per il futuro e del loro valore per un utilizzo sostenibile oggi. Per questi motivi, la strategia di scelta basata sul rischio di estinzione dal punto di vista tecnico-scientifico non è considerata efficiente in termini di conservazione. Di fatto è una non-scelta.

Proponiamo, invece, qui due approcci diversi a questo problema, dei quali il primo è focalizzato sugli aspetti genetici e il secondo anche su quelli ambientali.

6.3.1 Strategia della massima diversità genetica

La strategia della *massima diversità genetica* presuppone di dare la priorità, tra le razze che richiedono il nostro intervento, a quelle che contribuiscono maggiormente alla diversità genetica totale della specie cui quelle razze appartengono. Nella sezione 3.2 abbiamo visto come, a livello di specie, la variabilità genetica possa essere ripartita tra una quota *tra razze* e una quota *entro razze*, secondo la formulazione:

$$V(G) = V(G_R) + V(G_w)$$

dove, ricordiamo, $V(G_R)$ è la varianza genetica tra razze e $V(G_w)$ è la varianza genetica entro razze. Quindi, con questa strategia, il nostro obiettivo dovrebbe essere quello di massimizzare nel suo insieme, senza focalizzarsi solo su una o l'altra delle sue componenti. Ad esempio, se nel gruppo delle razze da salvaguardare ve ne fossero due tra loro geneticamente molto simili, il fatto di conservarle entrambe darebbe un contributo trascurabile a $V(G_R)$, mentre se fossero geneticamente diverse avrebbe senso salvarle entrambe per accrescere questa componente dell'equazione. Ma nel misurare questa variabilità tra le razze dobbiamo utilizzare strumenti che rispecchino i nostri obiettivi di conservazione. Ad esempio, un'analisi basata semplicemente sulle distanze genetiche potrebbe essere fuorviante, come abbiamo visto più sopra col caso della Mora Romagnola. Nel nostro caso dovremmo invece tenere conto, oltre che della distanza tra razze, anche della variabilità presente all'interno delle razze in questione, come abbiamo approfondito nella sezione 4.2 e in parte anche

nella 4.3. Con le sole distanze genetiche potremmo scegliere una razza geneticamente diversa dalle altre, ma con pochissima variabilità al suo interno oppure scartarne una non così diversa dalle altre, ma con un'ampia variabilità genetica al suo interno.

Il punto è, quindi, la diversa enfasi che si vuole dare alle due componenti della variabilità, quella tra razze e quella entro razze. In generale, gli obiettivi di conservazione possono essere diversi per ogni specie, da Paese a Paese e possono richiedere maggiore enfasi su una o sull'altra quota di diversità. Potremmo utilizzare quindi due coefficienti (λ_1 e λ_2) che modulino l'importanza di una delle componenti rispetto all'altra.

$$V(G) = \lambda_1 \times V(G_R) + \lambda_2 \times V(G_w)$$

Dove λ_1 e λ_2 sono fattori che definiscono l'importanza delle due componenti della variabilità genetica. Se λ_1 sarà posto uguale a zero, la variabilità tra razze non sarà considerata, e viceversa, con λ_2 posto a zero, non sarà considerata quella entro razza. Avremo poi la possibilità di enfasi diverse tra le due componenti della variabilità totale con valori di $\lambda > 0$. La scelta dei valori per i λ richiede considerazioni molto sofisticate e si rimanda per questo alla letteratura specializzata. In generale, la diversità tra razze è più facile a riconoscersi e rapidamente accessibile che quella entro razze e potrebbe essere utilizzata in modo facilmente intuibile, ad esempio direttamente in programmi di incrocio. La diversità genetica entro razza è, invece, meno appariscente e più costosa da mettere in evidenza, ma potrebbe essere di grandissima importanza nella creazione di nuova biodiversità con caratteristiche importanti. Ad esempio, all'interno di una razza che presenti una ricca variabilità, potrebbero essere presenti geni vecchi o nuove combinazioni di enorme importanza per sviluppare tipi genetici in grado di affrontare sfide ieri non immaginabili. Ad esempio, la capacità di resistere agli effetti del cambiamento climatico galoppante, le cui conseguenze saranno sempre più drammatiche nei prossimi decenni. Oppure la resistenza a patogeni, soprattutto virali, di nuova emergenza.

Come si intuisce da questa semplice enunciazione della problematica, non vi è una precisa regola di condotta cui attenersi con rigore o una tabella di casistiche cui fare riferimento. Abbiamo, piuttosto, spunti di riflessione che restano in parte ancora legati a ragionamenti che potremmo definire, a livello internazionale, in corso d'opera. Un dato comunque importante è quello di agire avendo ben presente l'importanza delle due componenti. Per arricchire la discussione potremmo anche tenere conto di un ulteriore aspetto, quello temporale. Noi conserviamo per il futuro, in un orizzonte temporale presumibilmente di 25/50 anni. Dobbiamo quindi considerare la variabilità presente oggi o quella attesa in futuro? Si pone cioè il problema seguente: selezioniamo le razze che contribuiscono alla massima diversità genetica oggi, oppure, tenendo conto dei rischi di

estinzione e degli effetti della deriva genetica, alla diversità genetica attesa nelle prossime decadi?

6.3.2 Strategia della massima utilità

Se l'obiettivo di conservazione non è solo la variabilità genetica in senso stretto, ma anche le tante componenti economiche, sociali, culturali, paesaggistiche e ambientali di cui ogni razza è portatrice, allora la strategia precedente mostra chiaramente i suoi limiti perché ignora tutti questi aspetti non genetici, ma tutt'altro che di minore importanza. Se invece vogliamo tenere conto di tutti questi aspetti non genetici, ci troviamo subito di fronte a una serie di problemi non facili. Dovremo, infatti, in primo luogo definirli, questi aspetti o fattori, con precisione e senza ambiguità. In secondo luogo, dovremmo attribuire loro una misurazione quantitativa, un valore il più possibile oggettivo con cui caratterizzare ogni razza. A questo punto, sarà necessario definire un criterio di importanza da attribuire a questi fattori: quanto deve pesare, ad esempio, la componente culturale rispetto a quella ambientale o a quella genetica? Dovremo, cioè, attribuire un' enfasi relativa a ciascun fattore che sia condivisa tra i portatori di interesse e che guardi non al presente immediato, ma ad un orizzonte temporale di qualche decade. Questo è senz'altro l'aspetto più complesso del problema: piccole variazioni circa il peso da attribuire a questo o a quel fattore possono comportare variazioni decisionali marcate. Infatti, dovremo ponderare tutte queste componenti, che dovranno essere standardizzate per evitare distorsioni dovute alla diversa scala di misurazione, in modo da stilare una classifica che ci dica dove andare a concentrare i nostri sforzi di salvaguardia. Per attribuire delle enfasi relative più corrette possibile, potranno essere utili delle rilevazioni circa l'opinione di allevatori ed altri addetti, che ci permetteranno di "tastare il polso" su quali siano i fattori più importanti da allineare per la loro inclusione in un programma di salvaguardia.

Tutto questo ragionamento può essere tradotto in una formulazione relativamente semplice, rispetto ad altre più complesse, suggerita dalle Linee Guida del 2013 della FAO, che ci fornisce per ogni razza (i) in valutazione l'appropriato valore di conservazione (VC_i).

$$VC_i = w_{F_1} \frac{(F_{1i} - \mu_{F_1})}{\sigma_{F_1}} + w_{F_2} \frac{(F_{2i} - \mu_{F_2})}{\sigma_{F_2}} + w_{F_3} \frac{(F_{3i} - \mu_{F_3})}{\sigma_{F_3}} + \dots$$

In questa formula riconosciamo i diversi fattori (F_1, F_2, \dots) che intendiamo considerare nella stima del valore di conservazione e i corrispondenti termini di ponderazione, ossia le enfasi relative (w), assegnate a ciascuno di questi. Vediamo anche come i punteggi assegnati alle singole razze per ogni fattore siano espressi come scostamenti standardizzati dalla relativa media, ossia con $DS = 1$. Il valore di conservazione di ogni razza sarà quindi il risultato di una

somma ponderata di tanti elementi quanti sono i fattori presi in considerazione. Tra questi fattori vi potranno anche essere quelli di natura più strettamente genetica come l'originalità della razza, la variabilità entro razza o parametri come il suo Numero effettivo, che abbiamo discusso in precedenza. Il Box seguente illustra il tutto con un semplice esempio.

Box 12. Un esempio di intervento di conservazione: come definire le priorità
(a cura degli autori)

Supponiamo di avere sul tavolo il problema di attribuire una priorità nella scelta di salvaguardia tra 4 razze caprine da latte. Le risorse economiche ed umane disponibili sono limitate e ci permettono di salvaguardarne una sola o al massimo 2 delle 4 razze.

Dapprima vengono stimati per ciascuna razza alcuni parametri quantitativi come il N_e e il livello produttivo. Vengono poi valutati altri parametri, sia genetici, che di valenza socio-culturale e ambientale. Questi parametri vengono quantificati sulla base di un giudizio generale, che viene convertito in un valore numerico secondo la semplice scala: *Ottimo* = 5, *Molto Buono* = 4, *Buono* = 3, *Discreto* = 2, *Sufficiente* = 1 e *Insufficiente* = 0. Questi giudizi vengono utilizzati per valutare, per ciascuna delle 4, la variabilità genetica entro razza (VG), l'originalità genetica (OG), l'originalità culturale (OC) e l'importanza che la razza riveste nel contesto sociale e produttivo (OS). La tabella che segue riporta i punteggi di partenza attribuiti ai 6 fattori che si intendono considerare.

	N_e	VG	OG	OC	kg latte	OS
Razza 1	60	1	1	4	300	5
Razza 2	120	2	2	2	250	2
Razza 3	80	2	4	3	400	3
Razza 4	50	4	2	3	200	1

Le prime tre colonne della tabella descrivono la situazione genetica, mentre le ultime tre quella che potremmo definire genericamente ambientale. Nella tabella che segue vengono calcolate le medie e le DS dei 6 fattori e, per ogni razza, i punteggi ovvero le deviazioni standardizzate per ogni fattore.

	N_e	VG	OG	OC	kg latte	OS
media	77,5	2,25	2,25	3	287,5	2,75
DS	30,96	1,26	1,26	0,82	85,39	1,71
Razza 1	-0,57	-0,99	-0,99	1,22	0,15	1,32
Razza 2	1,37	-0,20	-0,20	-1,22	-0,44	-0,44

Razza 3	0,08	-0,20	1,39	0,00	1,32	0,15
Razza 4	-0,89	1,39	-0,20	0,00	-1,02	-1,02

Dobbiamo, a questo punto, definire i coefficienti (w) con cui intendiamo ponderare i 6 fattori, allo scopo di definire Il Valore di Conservazione (VC) di ciascuna razza. Le razze potranno così essere ordinate per VC decrescenti e questo ci permetterà di stabilire il loro rango e scegliere su quale razza concentrare le risorse. Qui non è importante il valore assoluto che assume ogni coefficiente w , ma il rapporto tra i diversi w . In questo esempio, immaginiamo 3 scenari alternativi: nel primo (w_1) tutta l'attenzione è concentrata sulla salvaguardia genetica, quindi, i tre fattori ambientali avranno peso zero. Nel secondo scenario (w_2), all'opposto, la genetica sarà completamente trascurata a vantaggio di una esclusiva attenzione verso gli aspetti culturali, produttivi e sociali. Infine, con il terzo scenario (w_3), si proporrà una mediazione tra queste due opposte situazioni. I pesi dei tre scenari per i sei fattori sono riportati di seguito.

	N_c	VG	OG	OC	kg latte	OS
w_1	100	80	60	0	0	0
w_2	0	0	0	90	80	70
w_3	60	60	40	30	80	70

Fatti i dovuti calcoli e convertiti i singoli VC alla posizione di rango di ogni razza per i tre scenari, emerge che, se si adotta il primo scenario, la priorità dovrebbe essere data alla razza 2 per il suo buon numero effettivo e la *Discreta* variabilità e originalità genetica. In subordine, se cioè si reperissero risorse sufficienti, anche la razza 3 meriterebbe l'attenzione dei conservazionisti per l'originalità genetica *Molto Buona*, nonostante un numero effettivo più contenuto. Col secondo scenario la scelta dovrebbe, invece, cadere sulla prima razza per l'importanza culturale *Molto Buona* e l'*Ottimo* impatto sul contesto sociale e produttivo. In subordine, anche la terza razza merita attenzione soprattutto per il buon livello produttivo. Infine, col terzo scenario, che contempera variamente ponderati gli aspetti genetici ed ambientali, la razza 3 dovrebbe essere quella destinataria degli sforzi di conservazione e valorizzazione seguita, nel caso, dalla razza 1.

	$w1$	$w2$	$w3$
Razza 1	4	1	2
Razza 2	1	4	3
Razza 3	2	2	1
Razza 4	3	3	4

In sintesi, dovendo concentrare le proprie risorse su una sola delle 4 razze, emerge (scenario w_3) che una scelta ottimale dovrebbe cadere sulla razza 3, che ha il maggiore livello produttivo (400 kg), un numero effettivo in grado di garantire una certa spinta selettiva (80), presenta una originalità culturale e sociale valutata *Buona*, una originalità genetica *Molto Buona* e una *Discreta* variabilità genetica entro razza. Questa scelta è, tra l'altro, anche abbastanza valida per lo scenario 1 e 2. Se le risorse fossero, infine, sufficienti per sostenere la salvaguardia anche di una seconda razza, la scelta potrebbe cadere sulla razza 1, che è anche la razza da preferire con lo scenario 2.

In conclusione, è sempre bene ricordare che un fattore cruciale di cui tenere conto nella scelta delle razze da conservare è la probabilità di successo e la sostenibilità nel tempo del programma di conservazione che si intende attivare. Come sempre, infatti, il fattore umano gioca anche qui un ruolo cruciale. La presenza di allevatori motivati, possibilmente giovani, affezionati alla razza, capaci di cooperare e disponibili a rinunciare a una parte della loro "sovranità" per un vantaggio comune, riuniti in una associazione dinamica e capace di dare concretezza alla gestione operativa della razza, intenzionati a perseverare con costanza nell'azione è un fattore fondamentale per la riuscita di un programma. Con queste condizioni, sarà possibile ottenere egregi risultati anche partendo da una realtà genetica e ambientale non entusiasmante.



Per avere razze locali vitali dobbiamo non solo valorizzare economicamente le loro produzioni, ma anche il loro ruolo nella tutela del paesaggio, della biodiversità e della cultura rurale.

Capitolo 7. Razze vitali e sostenibili

Sommario – Il declino di una razza locale è generalmente legato alla caduta della sua competitività economica nei confronti di altre razze o di altri processi produttivi, in ultima analisi all'incapacità della razza di fornire sufficiente reddito agli allevatori. Questo declino può essere imputato in misura variabile a cambiamenti culturali, sociali, economici, tecnologici, a trasformazioni della catena di produzione del cibo, a cambiamenti dei sistemi di produzione animale o a nuovi regolamenti nazionali e politiche di importazione e di esportazione. In questo capitolo analizziamo le opzioni che abbiamo a disposizione per avere razze locali vitali ed economicamente sostenibili, tramite la valorizzazione delle loro produzioni alimentari e dei loro servizi ambientali e culturali.

7.1 La Convenzione sulla Diversità Biologica

Alla fine del terzo capitolo abbiamo introdotto la Convenzione sulla Diversità Biologica (CBD), redatta a Rio de Janeiro nel 1992 e a oggi ratificata da 193 Paesi. La CBD è il principale documento di riferimento per la salvaguardia della biodiversità del nostro pianeta e qui ne approfondiamo alcuni aspetti importanti. L'articolo 1 indica i tre obiettivi fondamentali della Convenzione:

- i.) la conservazione della biodiversità,
- ii.) il suo uso sostenibile,
- iii.) l'equa ripartizione dei benefici derivanti dall'utilizzo delle risorse genetiche.

Come dobbiamo declinare questi tre obiettivi quando ci occupiamo della biodiversità delle razze allevate per l'alimentazione dell'uomo e per l'agricoltura, generalmente definite come risorse genetiche animali, e che sono oggetto di questo libro?

Per la *conservazione delle risorse genetiche animali*, che è il primo obiettivo della Convenzione calato nella realtà degli animali domestici, abbiamo a disposizione due strategie, dette "*in situ*" ed "*ex situ*":

- Conservazione *in situ*, letteralmente "nel luogo" significa salvaguardare la diversità delle razze all'interno dei loro sistemi produttivi tradizionali, ossia dove vivono e vengono allevate. Significa cioè salvaguardare le razze mantenendole vitali all'interno dei tessuti economici e sociali nei quali si sono evolute. Significa, però, anche consentire alle razze di modificarsi nel tempo per adattarsi ai cambiamenti ambientali e sociali. Le razze domestiche, a differenza degli animali selvatici, non sono infatti varietà zoologiche che si evolvono lentamente nei millenni sotto la guida della selezione naturale, ma sono entità continuamente plasmate dall'uomo per soddisfare i propri bisogni. Ricordando quanto discusso nel capitolo 3 sui valori delle risorse genetiche animali, con la conservazione *in situ* possiamo salvaguardare il

- patrimonio genetico delle razze, ma anche il patrimonio ambientale e culturale a loro associato. Sappiamo, infatti, che alcune razze locali sostengono un ricco patrimonio di cultura rurale e mantengono con l'attività di pascolamento agro-ecosistemi di elevato valore naturalistico e paesaggistico.
- Conservazione *ex situ* significa principalmente conservare materiale genetico, spermatozoi, cellule uovo, embrioni, tessuti, materiale genericamente definito col termine di “germoplasma” che, qualora necessario, potrà essere utilizzato per la riproduzione di nuovi individui necessari al mantenimento in vita della razza. Vedremo in dettaglio potenzialità e limiti di questa strategia nel capitolo 9. Ovviamente, con la conservazione *ex situ* salvaguardiamo il patrimonio genetico delle razze, ma non possiamo conservare il patrimonio ambientale e culturale a loro associato.
 - Con Conservazione *ex situ in vivo* si intende, infine, il mantenimento di piccoli gruppi di animali vivi al di fuori del loro contesto produttivo, in aziende sperimentali, fattorie didattiche, giardini zoologici, aree protette, ecc. In queste situazioni evidentemente gli animali non sono più parte integrante della razza di appartenenza e non sono sottoposti alle forze che guidano l'evoluzione zootecnica degli altri animali. Ad oggi, la conservazione *ex situ* con animali vivi riveste una importanza limitata nel panorama della salvaguardia delle razze minacciate, soprattutto in Italia.

La Convenzione di Rio privilegia naturalmente la conservazione *in situ*, per le valenze associate al mantenimento del tessuto economico, culturale e ambientale di cui abbiamo parlato, e sostiene la conservazione *ex situ* come strategia complementare a quella *in situ*. Paesi diversi assegnano maggior o minore importanza alle due strategie. L'Italia, che fin dalle ultime due decadi del secolo scorso è stata all'avanguardia nella difesa delle risorse genetiche animali, ha sempre privilegiato la strategia *in situ*, con le attività sviluppate dall'IDVGA-CNR¹ e dal ConSDABI². Il ConSDABI negli ultimi anni ha anche sviluppato una attività di *conservazione ex situ in vivo* in un allevamento presso un'azienda in provincia di Benevento.

Il secondo obiettivo della Convenzione di Rio è lo *sviluppo sostenibile della risorsa*. La Convenzione non si limita, quindi, all'aspetto della conservazione per le future generazioni, ma invita i Paesi firmatari ad utilizzare, sviluppare e valorizzare subito le risorse generate dalla biodiversità. Non si tratta quindi di una conservazione statica, che cristallizzi la situazione di fatto e la mantenga sotto una campana di vetro, ma di una conservazione dinamica. L'utilizzo deve ovviamente essere sostenibile, cioè non deve intaccarne la disponibilità e il valore per le generazioni future. Uso sostenibile significa, quindi, allungare gli orizzonti temporali del progetto di utilizzo, non limitarsi a un utilizzo con ritorno

1 Istituto per la Difesa e la Valorizzazione del Germoplasma Animale

2 Consorzio per la Sperimentazione, Divulgazione e Applicazione di Biotecnologie Innovative

nel breve termine, senza mettere in bilancio il lungo termine. Significa che la risorsa, dopo essere stata utilizzata, sia ancora ben presente ed intatta per nuovi utilizzi e per le generazioni future. Sviluppo sostenibile significa anche evitare ricadute negative sull'ambiente, sulle società rurali, sugli allevatori, sugli animali, cioè non avere una visione ristretta, ma una attenzione la più ampia possibile.

Per il terzo obiettivo della Convenzione, *equa ripartizione dei benefici derivanti dall'utilizzo delle risorse genetiche*, l'utilizzo sostenibile deve prevedere una giusta condivisione dei benefici legati all'uso delle risorse. Benefici condivisi in particolare con tutti coloro che hanno contribuito alla salvaguardia e alla conoscenza della risorsa nel tempo e non solo con coloro che hanno lavorato più recentemente per la sua valorizzazione economica. Gli allevatori delle razze locali, singolarmente o riuniti in associazioni, per secoli hanno preservato queste risorse genetiche. Ma non solo, hanno spesso accumulato conoscenze sulle loro caratteristiche, sulle modalità di allevamento delle razze in armonia con l'ambiente naturale, hanno imparato a conoscerle nei loro limiti e potenzialità anche nei prodotti da queste derivati. L'utilizzo di queste risorse oggi deve riconoscere il lavoro che è stato fatto. La conoscenza della risorsa è generalmente un passo fondamentale per la sua valorizzazione economica. E, cosa ancora più importante, eventuali benefici (ad esempio industriali) derivanti dalla risorsa devono essere correttamente condivisi con coloro che sono stati i suoi veri scopritori e tutori.

La Convenzione sulla Diversità Biologica quindi ci guida nella conservazione e valorizzazione delle risorse genetiche animali. Un esempio lo possiamo vedere nella storia recente del suino Nero Siciliano, allevato sui Monti Nebrodi. Fino a circa venticinque anni, fa questa razza non era stata oggetto di alcuna attenzione di salvaguardia, benché da tempo fosse in atto un processo di sostituzione con le razze suine del Nord Europa che la stavano portando all'estinzione. Il salame tradizionale locale di Sant'Angelo di Brolo non era più prodotto con le carni del Nero Siciliano, ma con quelle di razze commerciali straniere del tutto estranee al contesto produttivo e provenienti da una selezione con obiettivi totalmente diversi. A partire dal 1999, avviene la svolta verso la conservazione e la valorizzazione di questa razza. Con il contributo di diversi attori, che si sono succeduti nel tempo, è stato avviato un programma che ha visto un primo censimento degli allevamenti e degli animali, la creazione di una banca del seme, lo studio di ricette famigliari tradizionali per la messa a punto di un protocollo per riavviare la produzione del salame di Brolo con il suino Nero Siciliano, l'analisi del DNA degli animali, lo studio dei migliori sistemi di allevamento per le condizioni dei monti Nebrodi, la creazione di un registro anagrafico ufficiale da parte dell'Associazione Nazionale Allevatori Suini. Questo processo di conoscenza e valorizzazione economica è stato condotto dai ricercatori con il contributo di molti allevatori e con la creazione di forme associative di produzione che ha permesso la condivisione dei vantaggi economici a un vasto gruppo di allevatori, quelli

che avevano continuato a credere nella loro razza e a mantenerla. Diversa cosa sarebbe stata, come suggerito da qualcuno, invitare i processi industriali ad entrare in questo piccolo ma originale comparto produttivo locale lasciando che si “appropriassero” della risorsa genetica del Nero Siciliano, per produrre e commercializzare il salame tradizionale con una ricaduta economica principalmente sull’industria stessa.

7.2 Dalla conservazione alla valorizzazione

Nei capitoli precedenti abbiamo discusso i cambiamenti nell’agricoltura della seconda metà del ’900 e abbiamo visto come questi abbiano portato alla contrazione numerica di molte razze locali, in alcuni casi fino all’estinzione. Abbiamo poi visto come possiamo agire per la salvaguardia delle razze minacciate da estinzione, in particolare, come controllare la consanguineità perché questa non salga a livelli incompatibili con la sopravvivenza della razza. È la piccola dimensione numerica dei riproduttori che compromette la variabilità genetica e che richiede quindi la massima attenzione nella gestione della riproduzione (capitolo 5). Nel successivo capitolo 6 abbiamo affrontato il problema di come scegliere le razze sulle quali concentrare la massima attenzione di salvaguardia quando le risorse sono limitate, come sempre avviene. Più avanti parleremo della creazione di banche di materiale genetico crioconservato (capitolo 9) per ricostruire la razza nel caso in cui si estingua oppure per rivitalizzarla qualora incorra in problemi genetici gravi.

Ma come possiamo evitare di arrivare al punto in cui questi interventi diventino necessari? Come possiamo invertire il processo in atto di declino genetico e demografico della razza per rientrare in una zona di basso rischio di estinzione, dove gli interventi sopra ricordati non siano più richiesti o non siano più della massima urgenza? Prevenire, come sappiamo, costa meno ed è più efficace che curare. I processi di declino delle razze verso il rischio finale di estinzione possono essere diversi e complessi, ma generalmente il fattore primario è una caduta della competitività economica della razza nei confronti di altre razze o di altri processi produttivi presenti nell’area di allevamento. Un problema particolare può presentarsi nella commercializzazione di prodotti carnei provenienti da alcune razze di piccoli ruminanti o conigli. Talvolta assistiamo, infatti, ad una crescente riluttanza da parte di una fascia non trascurabile di consumatori verso l’acquisto di prodotti in cui si riconosca facilmente l’animale che lo ha prodotto. La GDO propone di norma tagli di carne confezionati in vaschette che troncano, nell’immaginario del consumatore, la relazione tra animale, carne e il doloroso passaggio intermedio. Per conigli e piccoli ruminanti la mezzena di piccole dimensioni evoca invece facilmente l’animale e la sua macellazione. Fatto, questo, che allontana il consumatore dall’acquisto e riduce quindi lo sbocco commerciale per queste specie. Riprendendo il discorso generale, la razza e

il suo sistema di allevamento diventa pertanto incapace di fornire sufficiente reddito agli allevatori che quindi si orienteranno verso altre razze più redditizie o altre attività economiche. La perdita di competitività può essere legata quindi a cambiamenti culturali, sociali, economici, tecnologici, trasformazioni della catena di produzione del cibo, a cambiamenti dei sistemi di produzione animale, all'introduzione di regolamenti nazionali e politiche di importazione e di esportazione. Ma per lo scopo di questo libro, più che analizzare questi fattori di declino, diventa importante analizzare le opzioni che abbiamo a disposizione per avere o riavere razze locali vitali e economicamente sostenibili.

Di molte razze locali abbiamo poche o nulle informazioni: non sono mai state oggetto di studi approfonditi per conoscerne le esigenze alimentari e più in generale di condizioni di allevamento, le capacità pascolative, le caratteristiche produttive, le qualità e l'attitudine alla caseificazione del loro latte, la composizione delle loro carni in termini di tenore magro, grasso e la qualità chimica e organolettica, la capacità riproduttiva come età al primo parto, numero di parti all'anno, numero di nati per parto, ecc. Per potere rivitalizzare la razza è necessario innanzitutto conoscere le sue caratteristiche, scovarne le peculiarità che possano costituire un fattore di attrattività per il consumatore e saper raccontare queste caratteristiche in modo da catturare l'interesse e indurne il consumo. È inoltre necessario fornire assistenza tecnica agli allevatori che spesso, vivendo in aree marginali, faticano ad avere una visione complessiva delle problematiche per poter sviluppare in modo più redditizio la loro attività d'impresa.

Lo sviluppo di produzioni alimentari tipiche legate ad una razza è un percorso già intrapreso con successo in diverse razze locali, che viene trattato nella prossima sezione. Ma ci sono altre opportunità, che richiedono ancora ricerca, sperimentazione e coraggio imprenditoriale, nello specifico, la valorizzazione economica delle valenze ambientali e culturali, due aspetti che presentano sfide diverse e difficili.

7.2.1 Prodotti alimentari legati a una specifica razza

Una strategia che in diversi casi è stata particolarmente efficace nell'aumentare il reddito degli allevatori delle razze locali è stata una geniale valorizzazione economica e commerciale dei loro prodotti alimentari. Una strategia che può sicuramente avere ulteriore sviluppo e che dovrebbe essere sempre tenuta presente. I consumatori dei paesi economicamente più avanzati da alcuni anni mostrano un crescente interesse verso i prodotti alimentari tipici, che giudicano generalmente di migliore qualità, più genuini e più salubri, rispetto a prodotti di identità sconosciuta e provenienti da un'industria alimentare anonima spesso di difficile identificazione. Inoltre, il consumatore è sovente interessato a instaurare legami di solidarietà con l'identità culturale dei territori che li esprimono. Parliamo di prodotti tipici venduti negli spacci alimentari locali nelle aree di

allevamento, nei negozi specializzati ma, da alcuni anni, anche su alcuni banchi ben segnalati della grande distribuzione.

La strategia generale è quella di individuare prodotti alimentari tradizionali di buona qualità, caseari o carnei, che derivino da razze locali conosciute, che vogliamo salvaguardare e valorizzare. Il prodotto viene a questo punto legato saldamente alla razza di provenienza e il suo disciplinare di produzione viene sviluppato in questa direzione. L'obiettivo è rafforzare la tipicità, l'autenticità ed eventualmente l'unicità del prodotto alimentare, al fine di farne aumentare l'interesse e la richiesta da parte del mercato.

Da tempo l'Unione Europea ha messo a disposizione strumenti di tutela e differenziazione delle produzioni "tipiche", le cui qualità derivano da qualche tipo di legame col territorio. Ci riferiamo qui in particolare alla Denominazione di Origine Protetta (DOP) e all'Indicazione Geografica Protetta (IGP), istituite con il Reg. CEE 2081/92. La politica europea lega DOP e IGP unicamente al territorio di produzione, mentre per la valorizzazione economica delle razze locali è necessario creare con forza un legame tra territorio e razza di provenienza. Per aggirare questo limite della politica comunitaria, una possibilità è quella di specificare nel disciplinare di produzione che la materia prima, latte o carne, può provenire dalla razza locale presente in quell'area, ma difficilmente si può dire che deve unicamente provenire dalla razza in questione. Un valido aiuto in alcuni casi è venuto da Slow Food che ha creato "presidi" specifici per il prodotto legato alla razza locale di provenienza. Vi sono molti esempi di questi presidi, tra cui il Caciocavallo podolico della Basilicata simbolo della tradizione casearia meridionale, legato con un presidio da Slow Food alla razza bovina autoctona Podolica, che produce poco latte, ma di alta qualità e che, grazie alla sua rusticità, è allevata allo stato semibrado su gran parte dell'Appennino meridionale. Oppure la Vastedda, unico formaggio di pecora a pasta filata italiano, presidio Slow Food creato anche per tutelare la pecora autoctona Valle del Belice. Anche la Robiola di Roccaverano è un presidio Slow Food, prodotta, a differenza della Robiola di Roccaverano DOP, nel modo tradizionale con solo latte di capra di Roccaverano. Altre strategie possono essere quella di aggiungere un marchio oppure direttamente il nome della razza alla denominazione della DOP, se questo viene accettato a livello normativo. Ma la fantasia e la inventività degli allevatori italiani caratterizzano anche storie rocambolesche e di successo che sono state in grado di unire il nome della razza autoctona al prodotto, come quella del Formaggio delle Vacche Rosse, o quella del formaggio Storico Ribelle, sviluppato per tutelare gli alpeggi della bassa Valtellina.

Box 13. *Il Parmigiano delle Vacche Rosse, storia di una rinascita* (a cura degli autori)

In Emilia-Romagna la razza Reggiana contava negli anni '50 più di 100.000 capi ed era la razza più diffusa nella Regione e anche fuori. Poi subentrò il tracollo, fino a raggiungere la soglia minima di meno di 1000 capi, agli inizi degli anni '80. Il motivo di questo declino fu la sostituzione di questa razza dal mantello fromentino con animali di razza Frisona, una razza originaria dell'Olanda, che si è diffusa in Italia dall'inizio del secolo scorso e che produceva una maggiore quantità di latte, anche se di qualità inferiore. Un manipolo di allevatori però non ha mai voluto abbandonare la Reggiana, e proprio negli anni '80 ha preso nelle sue mani le sorti di questa antica razza. E, come in ogni impresa eroica, erano guidati da un condottiero, Luciano Catellani. La storia testimoniava che la razza era legata alla produzione del formaggio Parmigiano Reggiano e la ricerca scientifica aveva dimostrato che il latte di questa razza aveva qualità decisamente migliori per la caseificazione. La sfida fu dunque quella di fare un Parmigiano Reggiano di grande qualità caseificando esclusivamente latte di Reggiana. Non fu un'impresa facile, perché era necessario raccogliere i pochi capi sopravvissuti all'invasione delle vacche olandesi, dispersi tra centinaia di allevamenti, avviare la raccolta e la caseificazione del latte separato da quello della Frisona, ma soprattutto fare conoscere ad un pubblico selezionato il formaggio fatto di solo latte di vacca Reggiana. I risultati sono stati eccellenti: oggi la razza è risalita a circa 5.000 capi. Il suo formaggio "delle Vacche Rosse" ha un valore commerciale di circa il 30-50% superiore rispetto allo stesso Parmigiano fatto con latte di Frisona, ed è ampiamente apprezzato dal mercato italiano e internazionale, dove ha ormai consolidato una stabile nicchia commerciale.

Box 14. *Il formaggio Storico Ribelle e la capra Orobica in Valtellina* (a cura degli autori)

Il Bitto è un rinomato formaggio che nel 1995 ricevette la denominazione D.O.P. con la possibilità di essere prodotto in tutta la provincia di Sondrio, un'area ben più ampia della sua zona storica di produzione. Di fronte a questa decisione, un comitato chiese una precisa e chiara caratterizzazione del Bitto prodotto nella zona di origine, le valli di Gerola e di Albaredo, nonché nei Comuni confinanti. Da qui partì una battaglia per il riconoscimento di questo "vero" Bitto, che prima fu denominato Bitto Storico e ora semplicemente Storico Ribelle. Come scrive Michele Corti³ il caso del Bitto storico ribelle rappresenta uno dei momenti più alti dello

3 Corti M., *I ribelli del Bitto, quando una tradizione casearia diventa eversiva*, Slow Food Editore, 2011.

scontro tra una visione quantitativa, industriale e tecnocratica dei sistemi di produzione agroalimentare e una visione qualitativa artigianale e tradizionale, rispettosa degli usi della comunità locale. I dieci produttori dello Storico Ribelle si sono quindi separati dal Consorzio Bitto DOP, perdendo la possibilità di utilizzare la denominazione Bitto, ma distinguendosi per il mantenimento di pratiche tradizionali, con l'intento di ottenere un formaggio di alta qualità e svolgere un ruolo attivo nella conservazione dell'ambiente e della biodiversità alpina. A differenza del Bitto DOP, per lo Storico Ribelle è vietato l'uso di integratori nell'alimentazione dei bovini e di fermenti selezionati nella produzione della cagliata. Insieme alle vacche pascolano le capre della locale razza Orobica, il cui latte entra per il 10-20% nella produzione del formaggio. La caseificazione avviene nei tradizionali *calèc*, costruzioni in pietra che fungono da casere dislocate nei diversi alpeggi, in modo che il latte possa essere lavorato prima che il suo calore naturale si disperda. La stagionatura va da 12 mesi fino a 10 anni, per farne uno dei rari formaggi da meditazione.

7.2.2 Dare valore economico ai servizi ambientali e culturali delle razze

Una sfida più recente e più complessa per la valorizzazione economica delle razze locali è quella del riconoscimento, da parte dei consumatori e quindi del mercato, dei servizi “ecosistemici” culturali e ambientali che le razze locali forniscono con la loro presenza in un dato territorio. In altri termini, simulazioni di mercato indicano la presenza di una certa “disponibilità a pagare”, da parte di una fascia di consumatori, alcuni servizi ecosistemici. Si tratta di un approccio nuovo, certamente più complesso del fatto relativamente semplice di legare una razza a un prodotto, in quanto richiede una maggiore consapevolezza del consumatore e, inoltre, si tratta di una sfida che non ha praticamente esperienza alle spalle.

Come abbiamo già in parte anticipato nel capitolo 3, il progetto *Millennium Ecosystem Assessment*, voluto dall'Organizzazione delle Nazioni Unite per fare una valutazione scientifica delle condizioni di salute degli ecosistemi della terra, ha formalizzato nel 2005 il concetto di “Servizi Ecosistemici” come i benefici diretti e indiretti che gli ecosistemi forniscono all'umanità. Si tratta di una formulazione rivista dal Progetto TEEB (*The Economics of Ecosystems and Biodiversity*) che prevede una declinazione in quattro categorie di servizi: 1) *servizi habitat e di “supporto”*, 2) *servizi di approvvigionamento*, 3) *servizi di regolazione* e 4) *servizi culturali*. Sebbene questo argomento possa sembrare alquanto lontano dal problema della salvaguardia delle razze domestiche e delle loro risorse genetiche, in realtà molte razze locali con la loro attività di pascolamento hanno creato e mantengono agro-ecosistemi che ci forniscono importanti servizi ecosistemici. Se queste razze scomparissero, perderemmo questi servizi. Per semplicità, quindi,

parleremo di servizi ecosistemici delle razze anche se questi, più correttamente, sono forniti dagli agro-ecosistemi creati e mantenuti dalle razze, non direttamente dalle razze stesse.

I *servizi ecosistemici di approvvigionamento* sono quotidianamente sotto gli occhi di tutti e sono i più ovvi. I pascoli, tramite l'attività degli animali, ci forniscono prodotti alimentari: latte, carne, uova. Ma anche materie prime come lana, pelli, forza lavoro per l'agricoltura e trasporto, letame da utilizzare come concime, ecc. E abbiamo visto sopra come, in molti casi, le produzioni fornite dalle razze locali possono essere trasformate in una ampia varietà di prodotti alimentari con elevate tipicità e qualità organolettiche, a volte uniche, per esempio grazie ai foraggi di pascoli di alta montagna che, se non fossero utilizzati da questi animali, sarebbero persi.

Ma, a questo punto, sono i servizi *habitat e di supporto* e i servizi *culturali* quelli di maggiore interesse per noi, anche perché è in relazione ad essi che la valorizzazione economica da parte del mercato ha ancora molta strada da inventare e percorrere. I cambiamenti avvenuti in agricoltura nella seconda metà del secolo scorso, con i processi di intensificazione e industrializzazione, hanno portato all'espansione delle monoculture e alla semplificazione del paesaggio agrario, riducendo e frammentando gli habitat semi-naturali ricchi di biodiversità, che erano da secoli legati all'agricoltura e all'allevamento tradizionale. La perdita di biodiversità è stata aggravata da alcune pratiche colturali come le lavorazioni intensive, la monocultura, l'uso di pesticidi e di concimi di sintesi. La gestione agricola estensiva, legata alle razze locali, aveva creato interessanti e complesse consociazioni floristiche in grado, tra l'altro, di offrire habitat a una grande diversità di specie, in alcuni casi rare, non solo vegetali, ma anche animali (invertebrati e vertebrati). L'intensificazione delle pratiche gestionali (aumento del numero di tagli e delle concimazioni, del carico di pascolo, ecc.) aumenta la produttività degli agro-ecosistemi, ma contemporaneamente ne degrada la composizione floristica tipica, influenzando negativamente anche sull'idoneità a ospitare varie specie di animali selvatici.

L'altro fenomeno, che ha interessato le aree dove l'intensificazione non era possibile, è stato un massiccio abbandono dell'agricoltura e dell'allevamento, che ha portato alla progressiva perdita di habitat di prateria o silvo-pastorali caratterizzati da un'elevata biodiversità. A seguito dell'abbandono, la composizione floristica si modifica con il progressivo ingresso di specie arbustive e arboree, che porta prima o poi al rimboschimento e quindi alla perdita della ricca biodiversità legata alle praterie. I pochi habitat rimasti con associazioni vegetali particolari sono oggi identificati dalle normative europee e nazionali come habitat d'importanza prioritaria di conservazione. In generale, gli effetti positivi sulla biodiversità da parte dei sistemi agro-zootecnici estensivi sono legati alla loro capacità di conservare prati e pascoli, la cui esistenza dipende dalla continuazione delle pratiche gestionali estensive che hanno contribuito a crearli. Questi

habitat sono classificati, nella loro generalità, come “aree agricole ad alto valore naturalistico”. Le razze locali possono giocare un ruolo prioritario nel mantenimento o nel recupero di questi habitat, grazie alle loro capacità di pascolare in ambienti difficili, su prati pascoli in forte pendenza, nelle aree boscate, nella macchia mediterranea difficilmente penetrabile, sui pascoli più poveri in termini di capacità di produzione di foraggio.

Così facendo, le razze locali svolgono un importante servizio ambientale. Ma questo servizio viene riconosciuto dalla società? In Alto Adige, ad esempio, l'allevatore di vacche di razza Grigia Alpina produce latte e formaggio per i quali riceve compensi economici, ma mantiene anche pascoli di elevato valore naturalistico, utilizzati dal turismo estivo, e non riceve alcun compenso per questo.

Per quanto riguarda i *servizi ecosistemici culturali*, molte razze locali hanno giocato un ruolo rilevante, se non centrale, per lunghi periodi nelle società rurali: per questo sono importanti documenti della storia dell'uomo e devono essere considerate a tutti gli effetti veri e propri beni culturali. Hanno influenzato l'evoluzione del paesaggio e degli ambienti rurali e questo le rende elementi chiave per il mantenimento della diversità degli ecosistemi agrari. Il concetto di *paesaggio* può essere definito come costituito da aree geografiche ed elementi naturali, semi-naturali e antropici, che in maniera specifica riflettono l'opera combinata dell'uomo e della natura. I paesaggi rurali comprendono quindi sia elementi tangibili del paesaggio che elementi intangibili della cultura storicamente ad esso associata, come folklore, conoscenze empiriche, terminologia, ecc. E alcune razze sono tutt'oggi punto di riferimento di antiche tradizioni locali e quindi custodi di tradizioni locali.

Abbiamo visto in precedenza come gli agro-ecosistemi, di concerto con le razze locali che con questi si sono sviluppate, o in alcuni casi realmente co-evolute, ci possono fornire non solo prodotti alimentari tipici e di qualità, ma anche ambienti di alto valore naturalistico e paesaggistico, che ospitano un'ampia biodiversità floristica e animale, nonché habitat di valore biologico ed estetico. In alcuni casi tengono vivi importanti network di cultura rurale i cui elementi sono il paesaggio stesso, le tradizioni, il folklore, le costruzioni rurali, oggetti, utensili, saperi e ispirazione artistica. Tuttavia, con l'intensificazione e l'industrializzazione dell'allevamento avviato in Italia nel secondo dopoguerra, questi elementi sono oggi esposti a processi di erosione ed estinzione del tutto analoghi a quella di diversità genetica delle razze in questione.

Box 15. I Servizi ecosistemici (a cura di Maurizio Ramanzin)

I prati e i pascoli alpini sono agroecosistemi semi-naturali modellati nei secoli da una gestione estensiva che li rende in grado di fornire, oltre al foraggio e ai prodotti dell'allevamento che li utilizza, anche molti altri benefici non materiali per la società. Lo schema concettuale dei servizi

ecosistemici (SE), introdotto nella sezione 3.3, si adatta molto bene a classificare e comprendere i vari aspetti di questa multifunzionalità.

Tra i SE di *approvvigionamento* (fornitura di prodotti utilizzabili dall'uomo), la trasformazione dell'erba in prodotti animali consente di ottenere alimenti di alto valore, laddove non sarebbe possibile produrli da colture arative per condizioni climatiche, morfologiche e infrastrutturali. I prodotti ottenuti da ruminanti alimentati al pascolo, in particolare il latte, sono inoltre caratterizzati da proprietà organolettiche (colore, aroma) e nutraceutiche (contenuto in vari acidi grassi polinsaturi e vitamina E) favorevoli.

I SE di *regolazione* (contributo alla mitigazione di dissesti naturali, cambiamenti climatici, ecc.), che prati e pascoli ben gestiti possono erogare, includono la protezione dagli incendi, il contributo alla regolazione dei flussi idrici e dell'erosione dei suoli, e la fornitura di habitat per gli insetti impollinatori. Le praterie possono anche avere un ruolo nella mitigazione del cambiamento climatico, grazie alla loro capacità di stoccare carbonio in misura anche superiore a quella dei suoli forestali.

I prati e pascoli alpini sono importanti per i SE di *conservazione di habitat e biodiversità naturali* (che, nella classificazione di *TEEB - The Economics of Ecosystems and Biodiversity* indica i SE di supporto della classificazione originale). Comprendono spesso consociazioni floristiche ricche di specie vegetali che forniscono habitat a molte specie animali, dagli invertebrati ai mammiferi, in vari casi minacciate e prioritarie per le direttive *Habitat e Uccelli* della *Rete Natura 2000* dell'Unione Europea. La loro presenza nel paesaggio arricchisce la biodiversità delle aree alpine, integrando quella delle superfici forestali.

I SE *culturali* (benefici di tipo emotivo e intellettuale che riguardano attività ricreative, sportive, di conoscenza e spirituali) forniti da prati e pascoli alpini comprendono il contributo al mantenimento del paesaggio e dell'eredità culturali forgiati da secoli di interazione fra l'ambiente e le attività umane, al senso di appartenenza delle comunità locali e all'apprezzamento estetico e la fruizione ricreativa/escursionistica del paesaggio montano, di cui godono anche i turisti. Inoltre, la ricchezza di prodotti tipici e di eventi e manifestazioni legati all'allevamento di razze locali, che utilizzano questi prati e pascoli, arricchiscono i benefici culturali delle aree alpine.

I prati e pascoli alpini sono, quindi, caratterizzati da una multifunzionalità di gran lunga superiore a quella, ad esempio, degli agroecosistemi intensivi di pianura, che massimizzano la produzione di SE di approvvigionamento minimizzando gli altri aspetti. Tuttavia, questa multifunzionalità è a rischio, fondamentalmente per due motivi. In primo luogo, le praterie perdono progressivamente la capacità di assicurare SE di regolazione, biodiversità e culturali se la loro gestione si sposta verso pratiche intensive per

aumentare la produttività di beni per il mercato. All'opposto, se le praterie vengono abbandonate, la successiva invasione di arbusti e del bosco porta alla perdita della loro specifica biodiversità e del valore paesaggistico. Negli ultimi decenni, i cambiamenti sociali ed economici hanno spinto verso una gestione sempre più intensiva delle praterie più fertili, e all'abbandono delle altre, che sono state massivamente rifeestate per l'espansione naturale del bosco. Per le Alpi e l'Unione Europea in genere, la conservazione dei residui prati e pascoli gestiti estensivamente rappresenta quindi una priorità.

7.2.3 Un potenziale aiuto dal turismo

Per evitare il declino e l'estinzione delle razze locali minacciate è, quindi, necessario mettere in atto meccanismi capaci di dare un rinnovato valore economico alle razze stesse e ai loro agro-ecosistemi.

L'Unione Europea da alcuni anni fornisce incentivi economici agli allevatori delle razze locali minacciate. Gli aiuti dovrebbero compensare gli allevatori per il minore reddito che hanno allevando queste razze invece di quelle allevate in sistemi intensivi, anche se gli incentivi spesso sono insufficienti a coprire questo divario. In questo modo, l'Unione Europea riconosce che queste razze sono portatrici di geni potenzialmente utili in futuro e che quindi non possiamo permetterci di perderle. Riconosce anche che queste razze possono essere le uniche capaci di sostenere, nelle aree più difficili del Paese, la presenza di comunità umane che svolgono un ruolo prezioso nella gestione di territori, territori che in caso contrario andrebbero incontro a processi di abbandono e successivo degrado. Infine, accredita il ruolo delle razze nel mantenere paesaggi di grande bellezza e importante valore naturalistico e una diversità di cultura rurale oggi anch'essa a rischio di scomparsa.

Tuttavia, è altamente verosimile che le sovvenzioni economiche pubbliche, oltre che essere spesso insufficienti, non possano continuare nel lungo termine. Dobbiamo, quindi, attivarci per creare un valore di mercato dei prodotti di queste razze che possa sostenere economicamente al più presto gli allevatori e che sia capace di crescere nel tempo. Forse, proprio il turismo può dare in tempi brevi una possibile risposta a questa esigenza. Al turismo estivo in collina e in montagna, i pascoli forniscono ambienti per le passeggiate e le attività all'aria aperta, paesaggi da ammirare, fioriture, insetti e farfalle da osservare e, infine, l'allevamento tradizionale con le sue valenze culturali da scoprire. Il turismo, spesso, già fruisce di questa offerta, ma, nella maggioranza dei casi, riconosce poco o nulla agli allevatori delle razze locali che generano tutto questo. Da qualche anno osserviamo alcuni casi più strutturati, come la possibilità data ai cittadini di partecipare alla transumanza di pecore e capre in centro Italia, o cooperative locali che organizzano una giornata in alpeggio per vivere da vicino la

vita degli allevatori e del bestiame in quota. È quindi necessario ingegnarsi per sviluppare forme di turismo che beneficino della presenza delle razze locali e dei loro agro-ecosistemi e che sappiano riconoscere, dal punto di vista economico, agli allevatori i giusti compensi per quanto da questi il turismo riceve. Forse non solo il turismo locale, ma anche quello nazionale e internazionale potrebbe avviarsi in questa direzione. Un pacchetto turistico estivo sulle Prealpi o sull'arco alpino potrebbe inserire una giornata in alpeggio per conoscere l'ambiente dei prati pascoli e la preparazione di formaggi di malga, oppure organizzare in Sicilia una giornata al seguito della transumanza del Suino nero, con visita ad un salumificio per scoprire l'arte del norcino nella preparazione e nella legatura del celebre salame di Sant'Angelo di Brolo.

Box 16. *La transumanza* (a cura di Fabio Pilla)

La transumanza consiste nello spostamento regolare del bestiame tra due aree di allevamento in sincronia con i cicli stagionali, con la logica di ottimizzare l'uso dei pascoli durante tutto l'anno, in funzione delle condizioni climatiche. È una pratica millenaria diffusa in tutto il mondo e illustra bene la perenne simbiosi tra uomo e natura. La transumanza necessita di tipi genetici capaci di effettuare lunghi spostamenti in autonomia e adatti a sfruttare i pascoli estivi sui terreni montani. In tutta Europa si sono selezionate, sia in ambiente mediterraneo che alpino, razze locali con queste caratteristiche. In particolare, per la transumanza a lungo raggio dalle montagne dell'interno alle pianure costiere, che sino a qualche decennio fa era una pratica diffusa nell'Appennino centro-meridionale, si impiegavano due razze specifiche, la Gentile di Puglia e la Sopravissana, originate da antichi incroci tra arieti spagnoli (merinos) con pecore locali. Queste razze, oltre a compiere con successo trasferimenti di centinaia di chilometri, producevano anche una lana finissima molto apprezzata. Questa transumanza si svolgeva lungo percorsi dedicati, detti tratturi, ampie e ininterrotte strisce di erba che caratterizzavano fortemente il paesaggio e lungo il cui percorso sono nati insediamenti fin dai tempi più antichi, tanto che nella città romana di Altilia, in Calabria, il tratturo coincide con l'antico decumano. La scomparsa della transumanza a lungo raggio e il crollo del prezzo della lana hanno reso la Sopravissana e la Gentile di Puglia delle razze a rischio di estinzione, tuttavia negli ultimi anni si assiste ad apprezzabili tentativi di rivitalizzazione del loro ruolo come unico strumento per il mantenimento del paesaggio tradizionale del tratturo e come attrattore turistico, per far vivere agli appassionati una pratica secolare. La transumanza è una pratica che favorisce la biodiversità e la tutela del paesaggio, e facilita il movimento e la dispersione di piante e animali. I tratturi, la cui lunghezza complessiva è stimata in oltre 3.000 chilometri, costituiscono l'habitat per numerose specie e favoriscono la connessione tra ecosistemi altrimenti

isolati. La transumanza ha inoltre un forte valore culturale. I tratturi sono teatro di tradizioni locali e feste che celebrano saperi e conoscenze sui legami tra natura e bestiame, trasmessi attraverso generazioni. Nel 2023 la transumanza è stata inserita nella “Lista rappresentativa del patrimonio culturale immateriale dell’umanità” dell’UNESCO.

Box 17. Razze locali e cultura: testimonianze dalle capre nelle regioni alpine
(a cura di Michele Corti)

Nelle escursioni sulle Prealpi e sulle Alpi possiamo ancora incontrare elementi di cultura rurale tradizionale associati alle razze caprine. Qualche esempio:

- *Sostra* – Tettoia aperta su uno o più lati, diffusa nel basso e medio Lario occidentale, adibita a ricovero notturno oppure utilizzata per la mungitura. La *sostra* può essere coperta con capriate lignee o essere realizzata con archi e volte.
- *Siepi vive/morte* – Un tempo diffuse su molti alpeggi per recintare le aree di pascolo, oggi rinvenibili in particolare nell’area basso Lariana occidentale. Qui sono ancora visibili le *ciùende*, realizzate mediante faggi opportunamente piantati con la funzione di escludere il pascolo di vacche e capre dai prati da sfalcio.
- *Bàrek* – Recinti di forma rettangolare, ma più spesso circolare, di muro a secco alti circa mezzo metro, diffusi su buona parte degli alpeggi delle Alpi lombarde, ma con una funzione specifica nella conduzione dei greggi caprini nell’area Lariana. Capre, e oggi più raramente vacche, sono chiuse nel *bàrek* per la mungitura, e anche per il ricovero notturno.
- *Calec’* – È una capanna casearia di pianta rettangolare realizzata con muretto a secco. La copertura è temporanea, realizzata con teloni impermeabili sorretti da pertiche (in passato si utilizzavano coperte di lana di fabbricazione casalinga e, ancora più anticamente, tavole di legno). Nell’area storica di produzione del formaggio Bitto, le capre Orobiche sono tutt’ora munte nei *calec’*.
- *Sedili in pietra* – Elementi monolitici rozzamente squadrati e di forma a parallelepipedo appositamente infissi nel terreno, utilizzati durante la mungitura. Sono ancora presenti in diversi alpeggi dell’area del medio Lario occidentale e in val Cavargna. Il loro utilizzo è strettamente connesso con quello dei *bàrek*.
- *Collari in legno piegato* – Sono di foggia caratteristica da area ad area. Nella zona di allevamento della capra Orobica sono ancora molto diffusi e recano incisioni.
- *Caldaie in rame* – Ovunque si lavori latte di capra di razze locali si usa la caldaia (spesso di piccole dimensioni) in rame. L’uso della caldaia

di rame sta assumendo il connotato dell'elemento culturale tradizionale, in quanto si assiste ad una progressiva diffusione delle caldaie in acciaio inox, che tendono ad annullare la varietà delle procedure tradizionali.

- Stampi-utensili per caseificazione – La diffusione degli stampi di plastica ha raggiunto anche i piccoli laboratori di lavorazione del latte di capre autoctone. A volte, però, sopravvivono stampi di metallo o di legno di varia foggia. Caratteristici i lunghi stampi metallici per la messa in forma dei *furmagitt* (o *frumagitt*) comaschi-ticinesi-varesotti. Utensili realizzati con materiali tradizionali (legno) e di particolari forme sono tutt'ora in uso per la lavorazione del latte delle capre Orobiche nell'area di produzione del Bitto; da questo punto di vista, sono interessanti non solo gli utensili per la prima rottura della cagliata, ma anche le scodelle in legno di scarsa profondità, più o meno dotate di manico, come pure gli stampi in legno (sorta di secchielli forati realizzati con doghe), utilizzati per lo scolo della *maschèrpa* (ricotta) e denominati *garòt*.



Le api hanno un duplice ruolo. Una funzione di salvaguardia dell'ambiente con la loro azione di impollinatori e, come gli altri animali domestici, una funzione produttiva. Dolcissima.

Capitolo 8. Il caso particolare delle api

Sommario – Data la peculiarità riproduttiva delle api con libero accoppiamento in volo, la conservazione, come pure la stessa selezione, pongono la necessità, per questa specie, di mettere in atto strategie di controllo del momento riproduttivo, utilizzando apposite stazioni di fecondazione. In mancanza di queste, la selezione e la conservazione delle sottospecie messe a rischio dalla diffusione di varietà più performanti fuori dal loro areale di origine sono virtualmente impossibili. Nonostante i gravissimi problemi ambientali (cambiamenti climatici, degrado ambientale, patologie aggravate dalla globalizzazione) che affliggono la specie, questa non è a rischio di estinzione. Lo sono invece, in un orizzonte non di breve periodo, alcune sottospecie locali sottoposte all'erosione del loro genoma da parte di poche varietà con caratteristiche allevatoriali migliorate. La loro doverosa conservazione richiederà un serio e concreto impegno organizzativo da parte degli apicoltori e delle istituzioni.

8.1 Biologia e vita delle api

La conservazione genetica delle api, sebbene si basi sulle stesse regole viste per i mammiferi nei precedenti capitoli, richiede qualche precisazione preliminare relativa alla particolare struttura riproduttiva di questa specie. Le api vengono spesso descritte come una specie aplo-diploide, in quanto il numero di cromosomi è diploide nelle femmine e aploide nei maschi. L'ape regina, unica femmina fertile e deponente all'interno di una colonia, è diploide ($2n = 32$ cromosomi), mentre i fuchi, ossia i maschi, sono aploidi ($n = 16$ cromosomi). La regina, pochi giorni dopo la schiusa, incoraggiata dalle sue sorelle operaie (anch'esse diploidi, ma sterili), parte per il volo nuziale che la porta ad essere fecondata da 15/20 fuchi. La fecondazione avviene in volo e ogni fuco contribuisce a riempire la spermateca della regina col proprio materiale seminale. I fuchi possono provenire anche da grande distanza, si ritiene fino a 15 chilometri, e sono stati prodotti da regine di sconosciuta origine: un problema, come vedremo tra poco. Rientrata nella colonia, la regina inizia dopo poco a deporre uova fecondandole col seme dei fuchi coi quali si è accoppiata. Questa attività durerà per il resto della sua vita, anche di 3 o 4 anni, producendo operaie figlie in numero anche elevatissimo, fino a 2.000 al giorno nella stagione primaverile. Ogni operaia si origina quindi da un oocita, prodotto dalla regina madre attraverso una regolare meiosi, fecondato da uno spermatozoo casualmente proveniente da uno dei fuchi che hanno fecondato la regina. In alcuni periodi dell'anno, la regina depone però anche oociti che non vengono fecondati e da cui nascono quindi, per partenogenesi, i fuchi aploidi. Questi maschi, arrivati a maturazione, producono spermatozoi fotocopiando, per così dire, il loro genoma aploide e generando quindi un pacchetto di spermatozoi tutti tra loro identici: i fuchi, infatti, in

quanto aploidi sono impossibilitati a una vera e propria meiosi. Sebbene i fuchi siano quindi i padri biologici delle operaie, di fatto il loro ruolo è più che altro quello di veicolare in volo dei pacchetti di spermatozoi tra loro identici nella spermateca della regina. Ogni fuco è prodotto da una regolare meiosi della regina sua madre e se li vediamo come semplici pacchetti di spermatozoi volanti, quali in realtà sono, arriviamo facilmente alla conclusione che il padre genetico delle operaie che ne nasceranno è in realtà la regina che quel fuco ha generato.

Abbiamo quindi in questa specie, *Apis mellifera*, la curiosa situazione per cui le regine che guidano le colonie sono madri delle operaie che la popolano e contemporaneamente padri delle operaie di altre colonie del vicinato, le cui regine sono state fecondate dai loro spermatozoi travestiti da vettori alati, ossia dai loro fuchi.

Se guardiamo la cosa da punto di vista della struttura familiare presente in una colonia avremo, quindi, un popolo, talvolta anche numerosissimo, di operaie tutte figlie per parte di madre della stessa regina. Per parte di padre, invece, due operaie prese a caso avranno molto probabilmente due padri diversi (due spermatozoi prodotti da due fuchi diversi generati da due regine diverse) oppure avranno lo stesso padre (due spermatozoi identici prodotti dallo stesso fuco). Le api di una stessa colonia possono quindi essere tra loro mezze sorelle ($a_{ij} = 0,25$), se hanno solo la madre in comune, oppure super sorelle ($a_{ij} = 0,75$) se hanno anche lo stesso fuco in comune. La parentela media tra due operaie prese a caso in una colonia sarà quindi una media tra questi due valori: media però molto più vicina a 0,25, che dipenderà da quanti fuchi hanno fecondato la regina madre nel suo volo nuziale.

La vita delle operaie è molto diversa da quella della regina. Se una regina vive anche diversi anni, un'operaia vive per poche settimane, svolgendo nella sua breve esistenza tutti i compiti che si rendono necessari all'interno di una colonia. All'inizio si occupa delle sue sorelle più giovani, poi svolge funzioni di guardiana esercitandosi nei primi voli ed infine si dedica all'attività di raccolta di polline e nettare (api bottinatrici), necessari per l'alimentazione della covata e quindi per la sopravvivenza della colonia. Tutte queste attività sono sotto il controllo della regina che, con i feromoni che produce, segnala il buon funzionamento di tutta l'organizzazione. Se la regina invecchia e dà segnali di una sua prossima insufficienza, le operaie costruiscono alcune celle di dimensioni maggiori di quelle normali in cui trasportano uova fecondate appena deposte nutrendole con pappa reale. Questo nutrimento permette alla loro sorella prescelta di sviluppare un apparato riproduttivo completo e funzionante, di diventare cioè una femmina fertile. È la mancanza di questa pappa reale nello sviluppo iniziale delle comuni operaie che rende quest'ultime femmine sterili. Pochi giorni prima della schiusa della nuova regina vergine, la vecchia regina, accompagnata da bottinatrici e api più giovani, sciamata, ossia lascia l'alveare, e va alla ricerca di una nuova casa dove fonderà una nuova colonia. Normalmente, appena la nuova casa sarà pronta e la

vecchia regina riprenderà a deporre, le api provvederanno ad allevare una nuova regina per sostituire quella vecchia ormai esaurita.

Tutta la vita di una colonia si svolge all'interno di un nido, in condizioni naturali una cavità in una roccia o in un vecchio tronco cavo, dove le operaie costruiscono dei favi di cera strutturati in cellette esagonali. In queste cellette la regina depone le sue uova fecondate e si sviluppano le larve delle future operaie. Ed è in queste stesse cellette che le operaie accumulano il polline (proteine) e il nettare (carboidrati) necessari a nutrire la covata. Il nettare secreto dai fiori è in origine molto ricco d'acqua, ma le api lo sottopongono ad un processo di maturazione e disidratazione che lo trasforma in miele, un liquido dolce molto denso che, non potendo fermentare, si presta ad essere conservato come scorta per i lunghi periodi dell'anno in cui i fiori sono assenti. Covata e miele attraggono ovviamente predatori naturali come orsi e tassi, ma soprattutto il predatore per eccellenza, l'uomo, interessato soprattutto al miele già da molte migliaia di anni. È per difendere il nido e le sue scorte che le api scacciano il predatore con molta aggressività, forti di un pungiglione doloroso e del loro grandissimo numero.

Sebbene l'uomo allevi le api da tempi immemorabili (Columella nel primo secolo d.C. tratta diffusamente di questo allevamento), il passo fondamentale che ha rivoluzionato completamente l'apicoltura è stato l'invenzione dell'arnia razionale a favi mobili (Langstroth, 1851). In queste arnie le api costruiscono i favi a partire da un apposito foglio cereo collocato in un telaino di legno estraibile. Il foglio cereo disegna la base delle cellette che verranno completate dalle api stesse che producono la cera con particolari ghiandole. Un'arnia a favi mobili permette di ispezionare accuratamente la colonia, apprezzarne lo stato di salute e il grado di sviluppo, in modo da poter intervenire secondo le necessità. Un altro straordinario vantaggio è quello di poter separare il nido, dove la regina depone la covata, dal melario, dove la regina non può accedere e dove viene accumulato il miele di scorta. Il miele può quindi essere raccolto senza danneggiare la colonia o ricorrere all'apicidio, come era necessario fare prima dell'avvento dell'arnia razionale.

8.2 La selezione per via materna e paterna

L'arnia razionale a favi mobili ha permesso anche di introdurre in apicoltura una moderata attività selettiva. Tutt'oggi la maggior parte degli apicoltori lascia che le colonie rinnovino la loro regina in modo naturale come abbiamo descritto poco sopra. Alcuni apicoltori, tuttavia, praticano una certa selezione a partire dalla colonia migliore del loro apiario. Questa viene normalmente scelta in base alla sanità, al vigore, alla scarsa tendenza alla sciamatura, alla limitata aggressività delle api, ma soprattutto alla capacità di riempire rapidamente i melari che ha a disposizione. La selezione consiste nell'asportare, dalla covata appena deposta di questa colonia, alcune giovanissime larve e nel trasferirle all'interno

di una colonia orfana, ossia senza regina. Questa colonia allevierà con entusiasmo le larve, trasformandole in altrettante regine che verranno opportunamente trasferite nelle altre colonie dell'apiario in sostituzione di regine vecchie o di minore qualità. Si tratta naturalmente di una selezione massale, praticata da una minoranza ristretta di apicoltori, ma che ha avuto un impatto importante sul comparto, soprattutto perché ha generato un mercato di compravendita di regine che possono essere facilmente spedite da una parte all'altra del Paese. Gli apicoltori più esperti, infatti, producono regine non solo per i propri apiari, ma per la vendita a quella fascia di produttori che, pur interessata ad usare regine migliori, non ha i mezzi e le capacità di prodursi in autonomia la propria rimonta. Questa attività commerciale, in Italia, ha prodotto di conseguenza un rimescolamento dei genomi della nostra varietà locale di *A. mellifera*, la Ligustica, che probabilmente in precedenza, ma non possiamo provarlo, era suddivisa in ecotipi regionali determinati da un blando isolamento geografico, ma soprattutto dalle differenti condizioni ambientali che caratterizzano la Penisola.

Nel secolo scorso, col diffondersi della meccanizzazione, si è anche diffusa la pratica del nomadismo, che ha ulteriormente contribuito al rimescolamento dei genomi. Gli apicoltori professionisti, per massimizzare il reddito d'impresa, spostano i loro apiari dalle stazioni di normale residenza invernale in aree dove sono presenti fioriture vigorose, che permettono raccolti abbondanti e spesso monoflora. Vengono così prodotti mieli di rosmarino, acacia, castagno, rododendro e molti altri. Naturalmente, i fuchi prodotti da queste colonie nomadi sono liberi di fecondare regine vergini poste anche a centinaia di chilometri, in ambienti totalmente diversi da quello in cui il fuco si è originato: qualcosa di impossibile in condizioni naturali.

Un limite importante della attività selettiva descritta più sopra è che le regine vergini, pur prodotte dalle migliori colonie, vengono comunque fecondate dai fuchi presenti nel circondario le cui caratteristiche sotto il profilo della sanità, docilità e produttività sono del tutto ignote. In sostanza, viene selezionata solo la via materna mentre quella paterna è lasciata totalmente al caso. In queste condizioni, le evidenze scientifiche dicono che la risposta alla selezione è molto limitata se non tendente a zero. Porre rimedio a questo problema non è semplice e indubbiamente costituisce un onere in più che grava sugli apicoltori. Nelle altre specie che l'uomo alleva, il controllo dell'accoppiamento è diretto e facile, con la sola parziale eccezione dei piccoli ruminanti. Ma nelle api, controllare l'accoppiamento significa costituire delle stazioni di fecondazione appositamente dedicate. In queste stazioni geograficamente ben delimitate, isolate e protette dalla presenza di altre api, gli apicoltori interessati possono portare le loro regine vergini pronte alla schiusa e al volo nuziale. Qui, gli unici fuchi abilitati a frequentare la zona dovranno essere quelli prodotti da un gruppo di regine sorelle (DPQ: *Drone-producing queen*), generate a partire da una colonia con caratteristiche eccellenti. In questo modo le api che le vergini, una volta

fecondate, andranno a deporre avranno, oltre ad una madre precisamente individuata e selezionata, anche un padre collettivo definito dal gruppo di DPQ figlie di un'unica nonna paterna. In Italia inizia a prendere piede con fatica un modello di questo genere che, oltre al pieno controllo dell'accoppiamento, permette di tracciare un preciso pedigree delle colonie coinvolte. Nei territori dell'ex Impero Austro-Ungarico, invece, è una realtà secolare consolidata, che ha generato, per la varietà locale, la Carnica, una formidabile spinta per un più veloce miglioramento genetico. Questa intensa attività selettiva ha generato una diffusione commerciale di queste regine Carniche ben oltre il loro originario areale di diffusione. Molti apicoltori ne apprezzano le caratteristiche e la loro diffusione genera sciame di fuchi pronti a fecondare le vergini di altre varietà come la nostra Ligustica. È uno dei prodotti meno apprezzabili della globalizzazione, che ha in parte spezzato le barriere geografiche che un tempo separavano le diverse varietà.

8.3 La Buckfast

Ma sul fronte della biodiversità in questa specie, nel corso del '900, un nuovo fenomeno si è progressivamente affermato a partire dall'Abbazia di Buckfast in Inghilterra. Qui un frate, fornito di uno straordinario talento per le api, ha iniziato giovanissimo ad occuparsi dell'apiario dell'abbazia e, nel corso della sua lunghissima vita, ha costruito un tipo genetico nuovo, che oggi gode, presso molti apicoltori, della massima stima. Si tratta di un esempio di creazione di una vera e propria nuova biodiversità, che tanto da alcuni è apprezzata quanto da altri aborrita. Frate Adam, pur non avendo alcuna cultura genetica, ha creato l'ape di Buckfast, incrociando l'ape nera inglese con una lunga serie di varietà da lui cercate e raccolte in diversi viaggi intorno al bacino del Mediterraneo, prima fra tutte la Ligustica. Il metodo di lavoro, che si riesce a ricostruire dai suoi libri, consiste fondamentalmente nel meticcicare l'ape di Buckfast con una varietà pregevole per una particolare caratteristica e, attraverso ripetuti incroci di ritorno, fissare la sola caratteristica desiderabile nel ceppo dell'Abazia. È un'operazione che richiede alcuni anni, ma che determina un risultato geneticamente permanente. Inoltre, l'operazione può essere ripetuta con altre varietà per altre pregevoli caratteristiche, arrivando a costituire un genoma in cui sono stati introdotte segmenti di DNA codificanti favorevoli caratteristiche provenienti da molte altre varietà. Non si tratta quindi di una varietà geografica migliorata, come ad esempio la Carnica, ma di una vera e propria nuova varietà, potremmo dire, di sintesi. Molti apicoltori, attratti dalle sue pregevoli caratteristiche, la prediligono e acquistano regine Buckfast con cui sostituiscono le loro api locali meno performanti.

Il problema generato dalla diffusione globale di varietà più performanti delle api locali è ben chiaro. I fuchi prodotti da queste regine fecondano le regine

nostrane e determinano una erosione dei patrimoni genetici autoctoni. Prima che sul mercato arrivassero prepotentemente Carnica e Buckfast, la Ligustica, che di tutte le varietà geografiche è sicuramente quella che in un ambiente temperato mediterraneo manifesta caratteristiche ottimali, aveva a sua volta soppiantato varietà locali meno resistenti e produttive. Ma oggi anche la Ligustica rischia, per la soverchiante competizione di Carnica e soprattutto Buckfast, di andare incontro ad una progressiva erosione genetica. Né ha alcun senso cercare di porre rimedio a questo problema impedendo per legge la compravendita di regine o il nomadismo, sempre che questo sia legalmente possibile. La globalizzazione non può essere fermata con grida e diffide impossibili o troppo costose da far rispettare e fin troppo facilmente aggirabili. La salvaguardia delle varietà locali (la Ligustica e la Sicula nel nostro specifico caso italiano) può passare solo attraverso il controllo del momento riproduttivo. Il controllo del momento riproduttivo, sia per via materna che paterna, è infatti fondamentale, non solo per realizzare una selezione che migliori effettivamente le caratteristiche di una varietà (in tutte le specie domestiche la selezione viene sempre fatta entro razza), ma anche per garantire la conservazione “in purezza” delle diverse varietà di api o addirittura produrre nuova biodiversità. Ignorare la necessità di controllare l'accoppiamento e pretendere di ritornare ad una improbabile *arcadia felix*, in cui i fuchi circolanti in un dato territorio appartengano tutti alla varietà locale di quel territorio, vuol dire votarsi al sicuro fallimento di ogni strategia di conservazione della biodiversità di questa specie.

In generale le api, come specie, oggi non godono di ottima salute per una serie di ragioni che con la genetica non hanno molto a che fare. I problemi sono legati primariamente ai drammatici cambiamenti climatici che stiamo vivendo e che, distorcendo il normale ciclo stagionale, mettono in ginocchio le colonie e di conseguenza quegli apicoltori che sulla produzione di miele basano la loro impresa, il reddito loro e dei loro dipendenti. In questo capitolo vanno anche incluse le sempre più frequenti calamità naturali come alluvioni e trombe d'aria. Un secondo fattore è l'estendersi di monoculture che sottraggono pascolo naturale e ricco di biodiversità floristica alla disponibilità delle colonie. Monoculture per le quali l'uso di pesticidi è spesso fuori controllo e che determinano drammatiche morie di interi apiari. Vi sono poi parassiti, predatori e patogeni che la globalizzazione ha diffuso a livello planetario. La *Varroa*, un acaro venuto dall'Oriente negli anni '80, se non trattata, uccide le colonie in un paio d'anni, ma nel frattempo veicola virus altrettanto letali. Ci sono poi nuovi predatori come la vespa *Velutina* e quella *Orientale* che, dove si diffondono, fanno letteralmente scomparire l'apicoltura. In questo scenario, aggravato anche dalla competizione commerciale di mieli di origine estera di bassa qualità e prezzo, il numero delle colonie tuttavia non diminuisce per la capacità degli apicoltori di creare sempre nuovi nuclei e ripopolare gli apiari decimati. Ma il ronzio quasi

assordante di api che si apprezzava un tempo sotto un'acacia in fioritura è oggi molto più ridotto.

8.4 Uno sguardo al futuro

Dal punto di vista genetico invece, le varietà non sembrano risentire di alcun particolare appiattimento della loro variabilità. Tutte le sottospecie come la Ligustica o la Carnica si riproducono ancora largamente in modo naturale e l'impatto della selezione, che sia per la sola via materna o per entrambe, interessa solo un'esigua minoranza delle colonie. In Italia sono censite da 1,5 a 2 milioni di colonie, di cui la metà, se non di più, sono di tipo genetico verosimilmente Ligustico. Quindi, molte centinaia di migliaia di regine, che agiscono come abbiamo visto col loro duplice ruolo di madri e di padri, non possono che determinare un Numero effettivo (vedi sezioni 4.2.4 e 5.1) molto elevato. Non stupisce quindi che, in un recente lavoro basato su marcatori genetici¹, gli autori, negli allegati supplementari dell'articolo, stimino valori di N_e dell'ordine delle molte decine di migliaia per la Ligustica come per molte altre varietà della specie. In particolare, per la Ligustica la stima è compresa tra 85 e 150 mila, per la Carinca tra 98 e 152 mila e anche di molto superiore per le altre varietà esaminate. In queste condizioni, la perdita di variabilità genetica è fondamentalmente nulla e non vi è quindi alcun motivo per rifiutare una corretta attività selettiva che acceleri la risposta alla selezione soprattutto per caratteri che mettano in sicurezza le api di fronte al velocissimo cambiamento climatico che stiamo drammaticamente sperimentando.

L'adozione estensiva in Italia di stazioni di fecondazione destinate alla selezione e quindi popolate da un solo gruppo di DPQ sorelle, condizione che rende possibile il tracciamento di un pedigree e quindi modelli di valutazione genetica evoluti, darebbe certamente un impulso vigoroso alla produzione di Ligustiche finalmente in grado di competere con le regine alloctone. Possono anche essere istituite, ne abbiamo qualche esempio, stazioni di fecondazione destinate prevalentemente alla conservazione genetica varietale più che alla selezione. Qui i gruppi di DPQ possono essere molti e rappresentare una scelta di tipi genetici del circondario possibilmente provenienti da apicoltori diversi e capaci. Si perde in questo secondo caso la tracciabilità del pedigree, ma si garantisce la produzione di regine di certificata purezza razziale e si potrebbe perfino avviare una ricostruzione di ecotipi locali che oggi, sebbene largamente evocati, purtroppo non esistono più. Disporre di ecotipi locali geneticamente riconoscibili e quindi autenticabili darebbe un impulso straordinario alla produzione di mieli autoctoni e tracciabili.

1 Dogantzis et al., *Sci. Adv.* 7, eabj2151 - 3 December 2021

8.5 Riconoscimento varietale

In tutte le specie domestiche l'attribuzione di un individuo alla sua razza di appartenenza è certificata *in primis* dalla sua discendenza genealogica da genitori iscritti al Libro Genealogico di quella razza. In mancanza di genealogia l'attribuzione può essere riconosciuta sulla base delle caratteristiche morfologiche, colore del mantello incluso, declinate nelle Norme Tecniche del relativo LG. Il riconoscimento razziale, in mancanza di dati genealogici, viene quindi di fatto assicurato dall'occhio degli stessi allevatori e degli esperti. Nelle api le cose stanno circa nello stesso modo, fermo restando che le genealogie, quando presenti, non hanno un vero impatto in questa specie. Tuttavia, la certificazione formale di appartenenza di una colonia ad una data varietà è possibile, ma richiede una sofisticata e complessa analisi microscopica delle nervature delle ali e del colore di alcuni tergiti delle api. Si tratta di analisi proposte e utilizzate negli anni '80 da uno studioso di grandi capacità (F. Ruttner: *Biogeography and Taxonomy of Honeybees*, 1988), che producono una diagnosi di conformità di tipo probabilistico spesso poco dirimente. L'analisi deve essere poi condotta su un adeguato numero di operaie di quella colonia, in modo da campionare la progenie dei diversi padri che possono aver trasmesso, per la loro diversa origine razziale, caratteristiche morfologiche magari non tutte coerenti col tipo genetico in questione. Il campione per l'analisi è inoltre spesso raccolto su base fiduciale dallo stesso apicoltore interessato alla certificazione. Il costo del tutto non è piccolo e i tempi di realizzazione non brevi.

Anche il DNA mitocondriale si candida oggi a strumento di riconoscimento razziale. Questo viene trasmesso solo dalla via materna ed è un piccolo segmento circolare di DNA che non ha nulla a che fare coi cromosomi del DNA genomico, quello cioè che codifica tutte le funzioni di *Apis mellifera*. All'interno di questo mt-DNA sono riconoscibili dei mito-tipi che ne tracciano l'origine alle linee varietali più conosciute: A (di origine africana), M (Mellifera del nord Europa) e C (Europa Sud orientale del gruppo Carnica cui appartiene anche la Ligustica).

Certamente le difficoltà tecniche e i costi di questi strumenti di riconoscimento razziale costituiscono un limite importante alla realizzazione di una reale azione di conservazione genetica delle varietà di api. Sarebbe necessario, entrati pienamente nell'era della genomica, disporre di strumenti più rapidi ed economici basati su marcatori molecolari. Le diagnosi potrebbero, in questo caso, accertare anche relazioni genealogiche tra le colonie e portare progressivamente il comparto in quell'ambito definito di zootecnica di precisione che le difficoltà del settore renderebbero oggi assai opportuno. In questa specie, comunque, conservazione e selezione non possono che viaggiare di conserva e possono realizzarsi solo attraverso un efficiente controllo del momento riproduttivo. Questo richiede, oggi più che mai, una coraggiosa azione proattiva. Tuttavia,

come spesso accade in molti ambiti delle attività umane, anche in apicoltura i problemi sono in pratica certamente risolvibili, ma la difficoltà spesso risiede non tanto nella tecnica, quanto nella volontà di risolverli.

Non possiamo, infine, non sottolineare che l'allevamento delle api, oltre a costituire una vera e propria impresa zootecnica, svolge anche un importantissimo servizio di impollinazione della flora selvatica e di numerosissime specie botaniche vitali per il sostentamento umano. Sono entrambe funzioni importantissime e sarebbe un grave errore focalizzarsi solo su una disconoscendo l'importanza dell'altra.



La conservazione a -196°C di spermatozoi, oociti, embrioni, cellule e tessuti è una importante strategia (*ex situ*) complementare alla salvaguardia delle razze nei loro sistemi produttivi (*in situ*).

Capitolo 9. Crioconservazione

Sommario - Per la salvaguardia delle risorse genetiche animali disponiamo di due strategie generali: la strategia *in situ*, cioè il mantenimento di animali vivi nel loro contesto zootecnico, e quella *ex situ*, principalmente come conservazione di materiale biologico congelato atto alla riproduzione. Due strategie che devono essere sempre considerate complementari. I capitoli precedenti, in particolare il 6 e il 7, hanno approfondito diversi aspetti della strategia *in situ*. Questo capitolo è invece dedicato alla strategia *ex situ*. Vengono confrontate le diverse possibili opzioni e gli obiettivi che ci possiamo porre, anche tenendo presente come le tecnologie per la crioconservazione stiano evolvendosi. Si sottolinea infine l'urgenza di un coordinamento delle collezioni *ex situ* in Italia.

Nel capitolo 7 abbiamo visto che per la conservazione delle risorse genetiche animali disponiamo di due strategie generali:

- la strategia *in situ*, come salvaguardia della varietà delle razze all'interno dei loro sistemi produttivi tradizionali, più o meno modificati e migliorati;
- la strategia *ex situ*, che consiste nella conservazione della varietà delle razze fuori dai contesti zootecnici dove le razze si sono sviluppate. Questa strategia include *in primis* la conservazione di germoplasma congelato e, secondariamente, il mantenimento di animali vivi in aziende sperimentali, giardini zoologici o fattorie didattiche.

La Convenzione sulla Diversità Biologica privilegia, come abbiamo visto, la conservazione *in situ* e sostiene la conservazione *ex situ* come importante strategia complementare a quella *in situ*. Il Global Plan of Action for Animal Genetic Resources, guidato dalla Commissione della FAO per le Risorse Genetiche Animali per l'Alimentazione e l'Agricoltura, ha tra le 23 priorità strategiche la n. 9 interamente dedicata alla conservazione *ex situ*, oltre ad altre priorità strategiche che si avvalgono delle banche di materiale genetico.

La creazione di banche di materiale genetico è un processo complesso e costoso, per il quale è quindi necessaria una precisa definizione degli obiettivi da conseguire e un'accurata programmazione, aspetti che costituiscono l'argomento di questo capitolo. La conservazione *ex situ* come mantenimento di animali vivi fuori dai contesti zootecnici riveste un ruolo di scarsa importanza in Italia e in molti altri Paesi, e non viene qui trattata. Ci occupiamo invece di crioconservazione, ossia del mantenimento in azoto liquido a -196 C° di materiale biologico che, attraverso diverse tecnologie e manipolazioni, possa essere utilizzato per la riproduzione di animali. Il congelamento di spermatozoi, embrioni e oociti ci permette di mantenere questo materiale riproduttivo per lungo tempo dopo il prelievo, anche decenni, per utilizzarlo quando necessario.

Le tecnologie della riproduzione animale rivestono da tempo un ruolo importante nell'allevamento di gran parte delle specie domestiche, in particolare nei Paesi a sviluppo zootecnico più avanzato. La fecondazione artificiale (più propriamente inseminazione strumentale, IS) è una tecnica diffusissima nei bovini, che consente di ottenere un numero elevato di figli dal materiale seminale dei maschi migliori e quindi permette di diffondere e accelerare il miglioramento genetico nella popolazione e di scambiare materiale genetico tra popolazioni geograficamente distanti. L'inseminazione strumentale, nel miglioramento genetico soprattutto dei ruminanti selezionati per la produzione di latte, ha anche un altro fondamentale significato. I giovani maschi candidati alla riproduzione, per avere conferma della loro superiorità genetica, devono essere valutati attraverso le performance delle loro figlie in molti ambienti (allevamenti) diversi. Senza la possibilità di distribuire il seme attraverso IS in molti e diversi allevamenti, questa separazione tra effetto genetico e ambientale non è di fatto possibile e un reale miglioramento genetico è sostanzialmente precluso. Tuttavia questa pratica, comunemente nota come *prova di progenie*, da quando si sono affermate le tecniche di stima del merito genetico basate su un approccio genomico, sta perdendo molta della sua importanza. Il trasferimento di embrioni prelevati da femmine di elevato valore genetico (donatrici) e impiantati in femmine che fungono da semplici balie (riceventi), consente la moltiplicazione e la diffusione anche del materiale genetico femminile.

Dalla prima fecondazione artificiale nel cane effettuata dall'Abate Lazzaro Spallanzani nel 1769, la ricerca nella biologia di gameti ed embrioni ha fatto grandi passi; ha sviluppato nuove tecniche per la creazione di individui a partire da materiale biologico congelato, alcune delle quali richiedono tecnologie complesse, ma che offrono grande potenziale nel campo della conservazione delle risorse genetiche dove non sempre disponiamo di grandi quantità di materiale genetico di buona qualità. La fecondazione dell'ovocita in vitro ci permette di controllare il materiale genetico che costituirà l'embrione; possiamo inseminare in laboratorio un ovocita tramite la micro-iniezione di un singolo spermatozoo direttamente al suo interno. Il congelamento di tessuto ovarico e testicolare, tecnica più recente, permette di conservare materiale potenzialmente riproduttivo di giovani animali che non hanno ancora raggiunto la maturità sessuale. La conservazione di cellule germinali primordiali è una tecnica particolarmente promettente nel caso del pollo, dal momento che l'embrione (l'uovo) non si può congelare. La conservazione di cellule somatiche, infine, sta alla base della clonazione.

9.1 Tipi di germoplasma per la creazione di criobanche

Le cellule germinali femminili (ovociti) e maschili (spermatozoi), gli embrioni e le altre sorgenti di germoplasma hanno caratteristiche biologiche diverse, da

cui conseguono diverse potenzialità per la salvaguardia *ex situ*. Inoltre, le tecniche di prelievo e di mantenimento delle diverse tipologie di materiale genetico non hanno, nelle differenti specie domestiche, lo stesso sviluppo tecnologico e uguale facilità di applicazione.

Ci limitiamo qui ad una breve presentazione dei più comuni tipi di germoplasma e delle loro principali caratteristiche e possibilità d'uso, rimandando il lettore interessato ad approfondire questi aspetti su testi specifici e sulle due Linee Guida pubblicate dalla FAO^{1,2}. Si tratta di una tematica ampia che evolve rapidamente e che richiede competenze specialistiche.

9.1.1 Materiale seminale

Le attuali tecnologie ne consentono l'utilizzo in gran parte delle specie domestiche. È ampiamente utilizzato nell'inseminazione strumentale di molte razze e specie domestiche con le differenze presentate nel Box 18. Il materiale seminale veicola unicamente il DNA nucleare e non quello mitocondriale. La raccolta di materiale seminale richiede generalmente che il donatore sia stato precedentemente addestrato. Questo fatto può porre dei limiti alla raccolta in campo di soggetti appartenenti a popolazioni di ridotta consistenza e allevati in condizioni estensive. Una possibile alternativa è il prelievo alla macellazione, quindi immediatamente *post mortem*, di spermatozoi epididimali.

Box 18. *La raccolta del materiale seminale nelle diverse specie* (a cura di Flavia Pizzi e Federica Turri)

Il materiale seminale negli animali d'allevamento viene di norma raccolto utilizzando una vagina artificiale, un dispositivo che simula la vagina naturale della femmina. Questa è costituita da una parte esterna rigida di forma cilindrica e una guaina interna di neoprene o lattice. Sulla parte esterna rigida sono posizionate due valvole che consentono l'introduzione nell'intercapedine tra questa e la guaina interna di acqua calda (40-45°) e di insufflare aria per la regolazione della dimensione dell'orifizio della vagina artificiale. Alla parte opposta della vagina è collegato un cono di lattice unito a una provetta in cui viene raccolto l'ejaculato. Per il prelievo del seme è fondamentale la presenza di una femmina possibilmente in estro. Nei centri di produzione del materiale seminale si utilizza spesso un toro, detto ruffiano, o un manichino, non essendo autorizzato l'accesso alle femmine per questioni sanitarie.

1 FAO, 2012. *Cryoconservation of animal genetic resources*, FAO Animal Production and Health Guidelines, ;

2 Boes, J., Boettcher, P. e Honkatukia, M., (Curatori), *Innovations in cryoconservation of animal genetic resources – Practical guide*. FAO Animal Production and Health Guidelines, 2023.

BOVINI – Per i tori abilitati all' IS, in genere bovini adulti di almeno 18 mesi di età, il prelievo di seme viene operato nei centri di produzione materiale seminale, detti anche Centri tori, con frequenza di due-tre raccolte a settimana. Dai tori di alto valore genetico particolarmente richiesti dagli allevatori si possono produrre fino a 50.000 dosi di seme all'anno. L'IS ha un successo approssimato del 60%, ma richiede un preciso riconoscimento del momento del calore. Esistono tecniche di separazione degli spermatozoi portatori del cromosoma X (destinati a produrre femmine) da quelli portatori dell'Y. Mediamente una dose di seme sessato costa circa 30€ in più di una dose normale. Sono tecniche sufficientemente accurate (l'accuratezza nella separazione degli spermatozoi X dagli Y è del 90-95 %) che utilizzate in allevamento, in particolare sulle manze, consentono un'accelerazione del miglioramento genetico e un maggiore reddito economico. Per i riproduttori di razze bovine locali autoctone a limitata diffusione, la raccolta del materiale seminale può essere effettuata direttamente in allevamento, previa autorizzazione da parte della Regione.

OVINI E CAPRINI – In Italia l'IS nella specie ovina e caprina è ancora poco diffusa e per la gestione della riproduzione aziendale viene generalmente preferita la monta naturale. Le principali problematiche dell'utilizzo di tale tecnica in queste specie, a differenza di quella bovina, risiedono nel fatto che le fecondazioni richiedono la sincronizzazione degli estri di un numero congruo di femmine in modo da ottimizzare l'uso del materiale seminale che viene scongelato al momento stesso della fecondazione. Per via della stagionalità riproduttiva di queste due specie, con la tecnica dell'IS si ottiene una fertilità inferiore rispetto alla monta naturale. Gli allevatori che la praticano utilizzano principalmente materiale seminale congelato proveniente da Paesi come Francia, Olanda, Spagna e Austria, poiché in Italia non è presente un centro che produca seme delle principali razze.

SUINI. In questa specie il prelievo di materiale seminale avviene in allevamento o in centri autorizzati per la produzione. L'utilizzo dell'IS può essere considerata la tecnica prevalente per la gestione della riproduzione aziendale. L'eiaculato di verro ha un volume molto più elevato rispetto a quello delle altre specie di animali d'allevamento. Nel suino l'uso del seme congelato è meno diffuso per una minore efficienza della fecondazione, per cui la maggior parte del seme utilizzato negli allevamenti viene refrigerato a 16°C, confezionato in apposite buste e utilizzato per la fecondazione fino a 5 giorni dal prelievo. La lontananza degli allevamenti da un centro autorizzato può determinare una limitazione importante alla diffusione del progresso genetico in questa specie.

EQUINI. Il prelievo di materiale seminale avviene in diversi contesti: allevamenti, stazioni di monta o centri autorizzati. In questa specie ci sono tre modalità di utilizzo: a) seme fresco: raccolto e immediatamente utilizzato

per IS senza alcuna diluizione; b) seme refrigerato: diluito con mestruai specifici e conservato a +4°C fino a 36 ore post-raccolta, con possibilità di spedizione e utilizzo entro questo limite temporale; c) seme congelato: diluito con mestruai specifici per la crioconservazione (il materiale viene inizialmente refrigerato fino a +4°C e quindi congelato in azoto liquido a -196°C per una conservazione a lungo termine).

Raccolta e congelamento di spermatozoi epididimali. La gestione routinaria della riproduzione nelle razze locali spesso non prevede l'utilizzo dell'inseminazione strumentale. Di conseguenza, la quasi totalità dei riproduttori non è addestrata al prelievo di materiale seminale. Inoltre, essendo queste razze spesso allevate in aree rurali situate ai margini dei sistemi produttivi, l'applicabilità della crioconservazione di materiale genetico risulta pressoché impossibile a causa della mancanza di strutture (centri di raccolta, laboratori) e di competenze. In questi casi la raccolta, e successivo congelamento, di spermatozoi dall'epididimo di testicoli di animali subito dopo la macellazione aumenta le opportunità di creare riserve di materiale seminale. La tecnica è stata utilizzata con successo nella maggior parte delle specie zootecniche quali bovini, ovicapri, suini, equini e camelidi. La tabella che segue riporta i principali parametri del materiale seminale per la fecondazione artificiale nelle principali specie zootecniche.

Specie	Volume eiaculato (ml)	Concentrazione (Sptz./ml)	N. totale sptz. per dose fecondante	Formato dose fecondante	Tipologia materiale seminale per IS
Bovini	2-10	800-2000x10 ⁶	18-20x10 ⁶	paillettes da 0,25 o 0,5 ml	Seme congelato
Caprini	0,5-2	3000-6000x10 ⁶	IS cervicale: 250x10 ⁶ per seme fresco e refrigerato IS cervicale: 300x10 ⁶ per seme congelato	paillettes da 0,25 o 0,5 ml	Seme fresco Seme refrigerato Seme congelato
Ovini	0,8-1,2	2000-3000x10 ⁶	IS cervicale: 250x10 ⁶ per seme fresco e refrigerato IS cervicale: 300x10 ⁶ per seme congelato	paillettes da 0,25 o 0,5 ml	Seme fresco Seme refrigerato Seme congelato
Suini	300-500	200-300x10 ⁶	IS cervicale: 3x10 ⁹ IS post-cervicale: 1,5x10 ⁹ IS uterina profonda: 0,6x10 ⁹	buste 100 ml buste da 50 ml buste da 20 ml	Seme refrigerato (16-17C°) fino a 120 h post prelievo

Equini	50-180	150-300x10 ⁶	500x10 ⁶ 1000x10 ⁶ 700-800x10 ⁶	paillettes da 0,5 ml	Seme fresco Seme refrigerato (+4°) fino a 36 h post prelievo Seme congelato
--------	--------	-------------------------	--	-------------------------	---

9.1.2 Oociti

La crioconservazione di oociti, rispetto a quella di embrioni, consente di creare *in vitro* embrioni con corredo genetico specifico combinando padre (seme) e madre (oociti) desiderati. Il congelamento di ovociti nella specie umana ha raggiunto ottimi risultati, ma negli animali domestici richiede ulteriore ricerca. Gli oociti, a differenza degli spermatozoi, veicolano sia il DNA nucleare che quello mitocondriale.

9.1.3 Embrioni

Le attuali tecnologie ne consentono l'utilizzo in molte specie, con percentuali di successo che variano tra le specie. Esistono tecniche riproduttive, utilizzate soprattutto nei bovini, che prevedono la super-ovulazione di una femmina di elevato merito genetico e la sua fecondazione con seme di un maschio di altrettanto elevato valore genetico. Gli embrioni vengono "lavati" dall'utero prima del loro fisiologico impianto, selezionati e impiantati in femmine riceventi o congelati per uso futuro (Multiple Ovulation and Embryo Transfer, MOET). Gli embrioni sono portatori di un'informazione genetica completa: DNA nucleare e mitocondriale.

9.1.4 DNA

Il DNA individuale di molti animali domestici viene oggi regolarmente stocato, anche sotto forma di follicoli piliferi o altre matrici, con il semplice scopo di consentire l'attribuzione della corretta paternità e maternità soprattutto per riproduttori di elevato merito genetico. Le linee Guida FAO³ analizzano in dettaglio la problematica. Allo stato delle attuali conoscenze non possiamo considerare il DNA tal quale come un materiale atto a rigenerare un nuovo individuo, ma è verosimile pensare che in un futuro non estremamente remoto sarà possibile rigenerare un organismo partendo dal suo DNA.

Il Box 19 illustra materiali e tecniche di conservazione del germoplasma non ancora utilizzati nella routine operativa attuale, ma che lo potrebbero diventare in un prossimo futuro considerato il rapido sviluppo di conoscenze e metodologie in questo settore.

3 FAO, *Molecular genetic characterization of animal genetic resources*, FAO Animal Production and Health Guidelines, 2011.

Box 19. Materiali e tecniche di conservazione del germoplasma in fase di sviluppo (a cura di Alberto M. Luciano)

Tessuto delle gonadi (ovaio e testicolo). L'utilizzo di tessuto gonadico per la generazione di individui è in studio da molti anni nei mammiferi. Attraverso le tecniche di vitrificazione (ultra-rapid freezing) e di congelamento lento (slow-freezing) è possibile crioconservare tessuto gonadico femminile e maschile. Nella femmina, la crioconservazione di oociti immaturi contenuti nei numerosi follicoli preantrali presenti nella corticale ovarica risulta più conveniente rispetto al congelamento degli oociti di follicoli antrali che, a causa delle loro dimensioni, sono estremamente sensibili alla presenza dei crioprotettori e alle basse temperature. Questo approccio è stato condotto in diverse specie, selvatiche e domestiche. Tuttavia, l'unica specie su cui è stato possibile dimostrare in linea di principio la possibilità di sviluppare prole vitale dopo la coltura in vitro di corticale ovarica è stato il topo, nel 1996, mentre negli altri mammiferi la tecnica è ancora sperimentale data la mancanza di protocolli efficienti di follicologenesi in vitro. La crioconservazione di tessuto ovarico è particolarmente interessante anche negli uccelli e nei pesci, dove il congelamento dell'oocita e dell'embrione non sono realizzabili.

La crioconservazione di tessuto testicolare potrebbe potenzialmente produrre, dopo scongelamento, spermatozoi validi e in grado di essere utilizzati nella fecondazione in vitro o nella tecnica di iniezione intra-citoplasmatica (ICSI). Le tecniche risultano ancora oggi sperimentali, poiché non sono ancora disponibili protocolli efficienti a ripercorrere la spermatogenesi in vitro. Allo stato attuale è quindi difficile ottenere spermatozoi maturi a partire da spermatogoni, soprattutto in individui adulti, mentre alcuni risultati preliminari sono stati raggiunti in animali prepuberi, nel maiale e nella pecora. Recenti studi hanno mostrato risultati promettenti utilizzando il congelamento lento di tessuto gonadico, in grado di conservare l'attività di spermiogenesi (dagli spermatidi) dopo lo scongelamento in diverse specie selvatiche e in primati non umani, mentre è ancora considerata sperimentale nell'uomo.

Cellule germinali primordiali. Le cellule germinali primordiali (PGC) sono le uniche cellule nello sviluppo embrionale in grado di trasmettere informazioni genetiche alla generazione successiva. Le PGC hanno quindi un notevole valore potenziale per le banche genetiche e la crioconservazione. In alcune specie animali, compresi i pesci teleostei, è stata dimostrata la fattibilità dell'uso del trapianto di PGC per ottenere la prole derivata dal donatore all'interno della stessa specie e tra specie diverse (interspecifico). Si è dimostrata una tecnica molto promettente in particolare nel pollo, ma ancora poco efficiente, che consiste nel prelevare cellule germinali

primordiali in embrioni di circa 2,5 giorni di incubazione e preservarle mediante congelamento lento o vitrificazione.

Cellule germinali embrionali e cellule staminali pluripotenti indotte.

Le cellule staminali embrionali possono differenziarsi in tutti i tipi di cellule del corpo, inclusi oociti e spermatozoi. Poiché queste cellule derivano dall'embrione precoce che viene distrutto nel processo di isolamento di queste cellule, il loro uso per le specie in via di estinzione è problematico. Le cellule staminali pluripotenti indotte (iPSC) derivano, invece, da cellule somatiche adulte mediante riprogrammazione genetica a uno stato embrionale simile a cellule staminali e sono state usate nel tentativo di rigenerare le specie in via di estinzione. Tuttavia, alcuni cloni cellulari di iPSC differiscono dalle cellule staminali embrionali per diversi aspetti, tra cui l'espressione genica, la metilazione del DNA e il differenziamento cellulare con potenziali problemi, tra cui un aumento dell'immunogenicità. Tali fattori rappresentano ancora i limiti alla loro applicazione, che devono essere valutati quando si considera l'uso della tecnologia cellulare basata sulle iPSC. Infatti, per la crioconservazione e lo stoccaggio di campioni da animali di specie in via di estinzione, la scelta del tessuto riveste una notevole importanza. Il tessuto scelto deve produrre cellule vitali a seguito di congelamento e scongelamento ed essere riprogrammabile per generare cellule IPS. I fibroblasti, cellule ottenibili da una vasta gamma di taxa tra cui specie domestiche e selvatiche, si sono dimostrati la scelta elettiva proprio per la loro vitalità e facilità di essere riprogrammati con successo. Sono oramai numerose le bio-banche, tra cui il San Diego Zoo Institute for Conservation Research Frozen Zoo e il Leibniz Institute for Zoo and Wildlife Research, per citarne alcune, che mantengono una collezione di fibroblasti congelati da specie in via di estinzione.

Cellule somatiche. La raccolta e la crioconservazione di cellule somatiche rappresentano una notevole fonte di ricchezza dal punto di vista genetico. Esse richiedono tecniche più semplici rispetto a quelle precedentemente viste. Il loro utilizzo per la creazione di animali, attraverso la clonazione, comporta però ancora una elevata complessità di procedure e costi elevati. La clonazione, dimostrata inizialmente nella rana, è stata estesa a numerose specie, selvatiche e domestiche. Le conoscenze attuali sulle probabilità di successo e sul benessere degli animali clonati comporta problematiche etiche ed è tuttora oggetto di dibattito. Inoltre, la clonazione si traduce in una prole geneticamente identica al donatore di cellule somatiche e richiede un'attenta considerazione in termini di diversità genetica. In futuro, potrebbero essere utilizzate le tecnologie di "editing" del genoma come la metodica CRISPR/CAS9 per affrontare questo problema, anche se solleva non poche questioni etiche.

Liofilizzazione. La liofilizzazione rappresenta una tecnica potenzialmente applicabile a gameti e cellule somatiche, sia differenziate che staminali. Sebbene ancora in fase sperimentale, spermatozoi e ovociti murini, ovini e umani sono stati conservati nella forma disidratata e recuperati con successo dopo reidratazione.

Iniezione intra citoplasmatica dello spermatozoo. La tecnica dell'ICSI è oggi applicata con successo in molti mammiferi. Una declinazione di questa tecnica è quella dell'iniezione intra-citoplasmatica di spermatidi (Round Spermatids injection, ROSI). Originariamente pensata e dedicata all'infertilità umana, questa è stata sviluppata e applicata con successo nel topo e nell'uomo, mentre è ancora sperimentale in altre specie. In ambito zootecnico e negli approcci di salvataggio della biodiversità, questa tecnica offrirebbe l'opportunità di generare nuovi individui a partire da gameti aploidi isolati da individui che non hanno ancora raggiunto la piena maturità sessuale, consentendo di diminuire l'intervallo generazionale nei processi di selezione e nel recupero della numerosità di popolazione in razze minacciate da estinzione.

9.2 Obiettivi della crioconservazione

All'interno dell'obiettivo generale della salvaguardia delle risorse genetiche animali, il mantenimento a basse temperature di seme, oociti, embrioni e tessuti può avere svariati obiettivi specifici e svolgere diverse funzioni. Funzioni che possono richiedere materiale genetico differente e in diverse quantità. La creazione di criobanche richiede quindi una, per quanto possibile precisa, individuazione degli obiettivi da conseguire.

- *Ricostruzione della razza* – In caso di estinzione di una razza, o di perdita di gran parte dei suoi individui, la presenza di materiale crioconservato ci permette di ricostruirla, con modalità, tempi e costi diversi in funzione della specie animale e del materiale genetico utilizzato. È il principale obiettivo di default nelle politiche internazionali, ma in realtà rivolto ad arginare una situazione di improbabile incidenza. Inoltre, è l'obiettivo che richiede la maggiore quantità di materiale genetico, molto costoso e che, come soluzione di default per tutte le razze, dovrebbe essere ripensato. Tuttavia, per esempio, oggi in Italia la lotta contro la diffusione della peste suina africana, che potrebbe richiedere l'abbattimento di interi allevamenti per arginarne la diffusione, pone per alcune razze suine locali questo obiettivo come prossimo.
- *Sviluppo di nuove razze/linee* – Nel caso di estinzione di una razza l'obiettivo potrebbe essere, invece della sua ricostruzione, la creazione di una nuova razza che abbia alcune delle sue caratteristiche, utilizzando materiale crioconservato della razza estinta e animali di una o più altre razze. L'obiettivo

può anche essere quello di introdurre in una razza alcuni specifici geni della razza estinta (*gene introgression*).

- *Supporto alla gestione della variabilità genetica delle razze mantenute in situ* – Ci riferiamo qui alla disponibilità di materiale genetico:
 - come “back up” della variabilità genetica della razza in caso di insorgenza nella popolazione vivente di problemi genetici, quali eccessiva consanguineità o perdita di linee genetiche;
 - per riorientare la selezione che in una determinata razza è proceduta in una direzione non più desiderata, per esempio recuperare le originali caratteristiche di duplice attitudine in razze bovine poi selezionate unicamente per la produzione di latte o di carne⁴;
 - per aumentare il numero effettivo di popolazione, allungare l’intervallo di generazione, e quindi rallentare l’incremento di consanguineità. A questo proposito, per razze con numerosità effettiva molto ridotta a causa di un basso numero di maschi (il mantenimento di un elevato numero di maschi è generalmente costoso), si dovrebbe pensare a una popolazione *in situ* e parallelamente a una riserva di materiale seminale, gestite come se fosse un’unica popolazione, con scambi di materiale genetico dalla popolazione *in situ* alla riserva crioconservata e viceversa, creando quindi una “metapopolazione”⁵ con un numero effettivo più elevato che con la sola popolazione *in situ*.
- *Ricerca* – La disponibilità di materiale genetico di diverse razze, con la possibilità di effettuare confronti, facilita in generale la ricerca nella caratterizzazione genetica delle razze, nello studio della loro storia evolutiva, nella comprensione delle basi genetiche dei caratteri.

9.3 Gestire le collezioni di materiale crioconservato

Per la salvaguardia *in situ*, lo abbiamo visto in modo esteso nel capitolo 6, è necessario operare in modo da evitare duplicati e ottimizzare le risorse economiche spesso limitate. Questi principi devono essere osservati anche nella conservazione *ex situ*.

Crioconservare il materiale di quali razze? – La creazione di una criobanca è un processo costoso e le risorse disponibili sono generalmente insufficiente per

4 A titolo di esempio, la razza Piemontese è oggi allevata e selezionata per la produzione di carne, ma in un passato non lontanissimo vi erano bovine con produzioni di latte di grande significato. La decisione di orientare la Piemontese verso la carne fu una decisione soprattutto determinata dal costo dei controlli funzionali per la produzione di latte in una razza che, a differenza di altre, non era specializzata per questa produzione.

5 Con meta popolazione in genetica di popolazione si intende una popolazione composta da due o più gruppi distinti, ma in grado di interagire l’uno con l’altro mediante reciproci scambi di individui.

stoccare materiale genetico di tutte le razze candidate. È quindi necessario avere un criterio per la scelta delle razze da inserire in un programma di raccolta. Sulla base dei principi discussi nel capitolo 6, la strategia della “massima diversità genetica” è quella da utilizzare per definire le priorità nella scelta delle razze da crioconservare. Il criterio della massima diversità genetica, come abbiamo visto, può essere pesato per il rischio di estinzione al quale le singole razze sono presumibilmente esposte nel prossimo futuro. Passando all’operatività in campo, possiamo affiancare a quello della massima diversità genetica altri criteri quali ad esempio i costi, la facilità di raccolta e la diponibilità di animali donatori.

Materiale da stoccare per i diversi obiettivi - La ricostruzione di una razza estinta avendo a disposizione solamente il suo materiale seminale può essere realizzata attraverso una serie di generazioni di incrocio di ritorno (*Back-cross*), partendo da femmine appartenenti a un’altra razza. Lo schema operativo potrebbe essere il seguente:

	Razza da ricostruire Frazione di geni	Razza utilizzata Frazione di geni
Generazione zero	0	1
F1	0,5	0,5
Back Cross 1	0,75	0,25
Back Cross 2	0,875	0,125
Back Cross 3	0,9375	0,0625
Back Cross 4	0,96875	0,03125
Back Cross 5	0,98438	0,01563
Back Cross 6	0,99219	0,00781
Back Cross N	0,99999	0,00001

La ricostruzione del genoma della razza estinta, tuttavia, non potrà mai avvenire al 100%, in quanto il genoma della popolazione femminile utilizzata per avviare il processo degli incroci di ritorno si dimezza ad ogni generazione, senza mai annullarsi. Dopo 5 generazioni di incroci, il DNA genomico della razza utilizzata per avviare il processo sarà ridotto a meno del 3%, una percentuale generalmente considerata accettabile. Il DNA mitocondriale, invece, rimarrà sempre al 100% della popolazione femminile di partenza, in quanto il seme non trasmette questo tipo di DNA. Un processo di ricostruzione come quello descritto potrà essere più o meno lungo in funzione degli intervalli di generazione della specie su cui si sta operando e richiederà quantitativi di seme adeguati a tenere conto dei tassi di concepimento e della prolificità della specie considerata. Viene considerato come obiettivo generale e adeguato di un processo di ricostruzione quello che prevede la produzione finale di una popolazione di 25 maschi e 25 femmine, che corrispondono a una popolazione con numero effettivo pari a 50. Una tale popolazione dovrà successivamente essere ampliata

seguendo consuete tecniche di breeding, ma sempre con le attenzioni sottolineate nella sezione 5.4.

La ricostruzione di una razza estinta con embrioni impiantati nell'utero di femmine riceventi di un'altra razza è ovviamente molto più rapida e ridotta al solo processo di crescita intrauterina e ad animale adulto. Tuttavia, la tecnologia per la crioconservazione embrionale è a tutt'oggi più costosa di quella del seme, richiede maggiore capacità tecnica e, in alcune specie, presenta problemi solo parzialmente risolti. Lavori di simulazioni hanno evidenziato che l'uso combinato di seme ed embrioni può accelerare il processo di ricostruzione e ridurne i costi rispetto all'uso di solo materiale seminale.

Per lo sviluppo di nuove razze o linee, considerando costi e facilità di raccolta e di conservazione, il seme rimane il materiale genetico di elezione in tutte le specie zootecniche. La situazione è del tutto analoga per reintrodurre in una razza della variabilità genetica persa, in caso la consanguineità sia aumentata in modo eccessivo o il contributo genetico di alcuni fondatori sia andato perduto, per recuperare caratteristiche di una razza scomparse con la selezione e, infine, per incrementare il numero effettivo di popolazione e allungare l'intervallo di generazione.

Per l'analisi della quantità di materiale genetico necessaria per i diversi obiettivi nelle diverse specie animali, rimandiamo il lettore a pubblicazioni scientifiche specifiche e alle Linee Guida della FAO sopra citate.

Numero di animali donatori del materiale e scelta degli stessi – La variabilità genetica presente nel materiale crioconservato è funzione del numero di animali donatori dello stesso (e del rapporto di parentela tra loro). In funzione dell'obiettivo di crioconservazione, sarà necessario avere una maggiore o una minore variabilità genetica. Se l'obiettivo è la ricostruzione di una razza estinta, la FAO raccomanda di raccogliere materiale seminale di almeno 25 donatori “non parenti”, oppure embrioni provenienti da almeno 25 coppie “non parenti”. Anche il metodo di scelta dei donatori è in funzione dei nostri obiettivi: possiamo utilizzare un campionamento casuale oppure, all'opposto, scegliere donatori portatori di specifici alleli/aplotipi. Se vogliamo massimizzare nel campione la variabilità genetica della razza, la scelta dei donatori può essere fatta con il metodo dei contributi ottimali (vedi sezione 5.4.4), minimizzando la parentela media nel campione.

Aggiornamento del materiale genetico nella criobanca – Il materiale genetico conservato nella criobanca, al trascorrere del tempo, si differenzia geneticamente dalla popolazione di origine. La differenziazione sarà tanto più veloce quanto più rapido sarà il cambiamento della struttura genetica (frequenze geniche) in quest'ultima, cambiamento dovuto al miglioramento genetico e/o alla deriva genetica. Che si tratti di un fatto negativo o positivo dipende dai nostri obiettivi. Se vogliamo conservare genotipi originali, l'isolamento tra popolazione viva e criobanca non crea alcun problema. La situazione è diversa se vogliamo

utilizzare il materiale genetico per la gestione della popolazione vivente, per esempio per aumentare il numero effettivo o per ridurre la consanguineità cresciuta eccessivamente nella popolazione vivente. Senza entrare in una analisi troppo tecnica per questo manuale, una forte differenziazione tra le due popolazioni, quella vivente e quella crioconservata, potrebbe essere utile per abbassare la consanguineità, ma l'utilizzo di materiale genetico vecchio potrà essere osteggiato dagli allevatori, perché costituirebbe un arretramento rispetto al miglioramento genetico avvenuto nella popolazione vivente. È un argomento importante che non è stato ancora sufficientemente analizzato dalla ricerca.

Aspetti sanitari – Nella scelta degli animali donatori e nella raccolta del materiale biologico e del suo stoccaggio, è necessario ridurre il più possibile il rischio di introdurre nella criobanca materiale infetto. Questo per non diffondere malattie, successivamente, durante l'utilizzo del materiale crioconservato. Le malattie alle quali rivolgere l'attenzione variano in base alla situazione epidemiologica e alla normativa sanitaria nazionale o regionale. Se si intende avere la possibilità di distribuire il materiale anche in altri Paesi, è necessario prestare attenzione alle regole sanitarie dell'OIE (l'Organizzazione mondiale della sanità animale, organizzazione intergovernativa responsabile del miglioramento della salute degli animali nel mondo). Le razze locali, sulla salvaguardia delle quali questo libro è focalizzato, sono spesso allevate in situazioni con bassi livelli di sicurezza sanitaria e con programmi di profilassi e vaccinazione meno severi, e per questo motivo spesso non soddisfano i requisiti dell'OIE. Sono in corso di pubblicazione, da parte di EUGENA e dell'*European Union Reference Center for Endangered Animal Breeds*, linee guida per lo sviluppo di regole sanitarie nazionali per specifiche deroghe per potere effettuare in questi casi la raccolta e la crioconservazione di germoplasma importante per la salvaguardia.

Proprietà e accesso al materiale genetico – L'articolo 1 della Convenzione sulla Diversità Biologica promuove l'uso sostenibile delle risorse genetiche e recita che uno degli obiettivi è “la ripartizione giusta ed equa dei vantaggi derivanti dal loro sfruttamento”. Le criobanche si trovano al crocevia tra l'acquisizione di materiale genetico e la sua distribuzione, sempre per la conservazione delle risorse genetiche. Proprietà del materiale e accordi per l'acquisizione e la cessione devono essere quindi chiari e trasparenti. È necessario mettere in atto meccanismi che consentano il più ampio utilizzo della risorsa genetica e che rispettino, al tempo stesso, il ruolo e il lavoro svolto dai diversi stakeholder. Innanzitutto, la proprietà deve essere specificata, e con questa devono essere chiari i diritti e i doveri del proprietario. Sono possibili diversi tipi di accordo, per esempio:

- la Banca può acquisire gratuitamente il germoplasma dell'animale donatore dal proprietario o dietro compenso monetario o in materiale biologico;
- il proprietario dell'animale donatore, o per esso l'associazione di appartenenza, può, a seguito della cessione gratuita o non gratuita del materiale, mantenere alcuni diritti;

- il proprietario dell'animale può interamente mantenere proprietà e diritti per un periodo di tempo definito e dare un compenso alla Banca per i servizi offerti;
- la Banca può richiedere l'accesso al materiale genetico di animali creati con il materiale proveniente dalla stessa, con lo scopo di ricostituire la variabilità genetica presente nella Banca stessa.

Gli aspetti relativi alla proprietà e ai trasferimenti sono generalmente contenuti in un "Accordo di acquisizione del materiale - AAM" e in un "Accordo di trasferimento del materiale - ATM".

La Criobanca del Germoplasma Animale IBBA-CNR, di cui si parla nel paragrafo successivo, prevede la registrazione nell'AAM e nell'ATM delle seguenti informazioni:

- dati del fornitore e del ricevente del materiale biologico,
- obiettivo/i del trasferimento,
- descrizione del materiale e sua origine,
- diritti e doveri del fornitore e del ricevente,
- proprietà e accordi economici,
- eventuali diritti intellettuali derivanti dall'uso del materiale o di risultati di ricerca sullo stesso.

Documentazione associata al materiale – Per un utilizzo appropriato del materiale crioconservato, è importante raccogliere e conservare una accurata documentazione sugli animali donatori del materiale genetico. La documentazione dovrebbe comprendere, tra le altre cose, informazioni sul fenotipo degli animali (descrizione, immagini), sulla loro provenienza (popolazione/razza e geografica), sulla loro genealogia (relazioni genetiche con il resto della popolazione) e sul loro genotipo (se disponibile) per marcatori o loci di interesse. Un'altrettanta accurata documentazione deve essere prevista sul materiale crioconservato, la sua qualità allo scongelamento, il metodo utilizzato per il prelievo, il protocollo di congelamento e mantenimento, lo stato sanitario, ecc. Tutto questo è alla base di una Gestione della Qualità della criobanca.

9.4 Criobanche nazionali e internazionali

La creazione di criobanche nazionali è un processo in atto in diversi Paesi, soprattutto in Europa. L'obiettivo del coordinamento nazionale è quello di razionalizzare, all'interno del Paese, raccolta, mantenimento e utilizzo del materiale genetico crioconservato. Le criobanche nazionali hanno caratteristiche diverse in funzione del tipo di gestione zootecnica e politica, centrale o federale, del Paese, delle esperienze pregresse nella raccolta e conservazione, della proprietà del materiale biologico. Ci sono banche nazionali che gestiscono in modo completamente centralizzato il materiale delle razze del Paese; in altri casi sono stati creati network nazionali di raccolte che mantengono le loro

diverse caratteristiche, con vincoli e legami più o meno forti tra i componenti del network.

In Italia, la Criobanca del Germoplasma Animale, creata nel 2008 dall'Istituto di Biologia e Biotecnologia Agraria del Consiglio Nazionale delle Ricerche (IBBA-CNR), in collaborazione con il Dipartimento di Medicina Veterinaria e Scienze Animali dell'Università degli Studi di Milano (DIVAS-UNIMI), è stata iscritta nel 2023 alla *Rete nazionale della biodiversità di interesse agricolo e alimentare*. Esistono in Italia altre crio-collezioni, presso Associazioni di razza, Centri di Fecondazione artificiale e Centri di ricerca, di cui purtroppo non è disponibile il censimento. La creazione in Italia di un coordinamento nazionale tra tutte le raccolte esistenti è quindi fortemente auspicabile e della massima urgenza. Con una gestione Regionale della zootecnia, come quella italiana, è necessario un rigoroso coordinamento per evitare inutili e costose duplicazioni degli sforzi. A titolo di esempio, la razza bovina Varzese è presente in Lombardia, Emilia-Romagna e Piemonte, Regioni che costantemente corrono il rischio di lavorare in modo indipendente nella raccolta e conservazione di materiale, senza una visione globale della razza e della sua conservazione genetica.

In Europa è in fase di sviluppo un network di criobanche europee, l'European Genebank Network for AnGR (EUGENA), sotto l'egida dell'European Regional Focal Point for Animal Genetic Resources – ERFPP. Il suo obiettivo è sostenere e promuovere nei diversi Paesi europei la conservazione *ex situ* e la conoscenza a livello internazionale delle criobanche europee. Le banche che partecipano ad EUGENA operano secondo le rispettive leggi nazionali e il loro materiale genetico rimane sotto la sovranità del Paese e della criobanca dello Stato membro.

Riflessioni conclusive

La storia dell'agricoltura e la genetica delle popolazioni ci insegnano che le razze domestiche sono entità dinamiche che nascono, si evolvono sotto la mano dell'uomo e si estinguono. Ci insegnano anche, però, che la creazione di nuova biodiversità, e tutte le razze e varietà domestiche animali e vegetali ne sono un effetto lampante, avviene in tempi lunghi. Tempi non certo dilatati come quelli dell'evoluzione delle specie, ma comunque facilmente estesi oltre gli orizzonti temporali della nostra vita e del contesto sociale e culturale in cui viviamo.

Per questo, al fine di evitare un'eccessiva erosione non facilmente ricostituibile, è necessario fermare il degrado della diversità delle razze così come giunto a noi una settantina di anni fa e da allora andato incontro ad un processo di erosione che troppo spesso non si è ancora arrestato. Abbiamo visto come per frenare il processo di erosione sia necessaria la partecipazione di diverse conoscenze e forze, dal momento che intorno alle razze locali ruota un mondo multiforme. Abbiamo anche osservato come con la scomparsa di una razza non si estingua solamente un gruppo di animali domestici, ma spesso si rischi un impoverimento di agroecosistemi di elevata ricchezza, biodiversità, paesaggio, cultura rurale, opportunità di sviluppo e benessere per le comunità umane che vivono in ambienti difficili, ambienti che non offrono molte alternative all'allevamento delle razze animali locali.

Nella prefazione abbiamo ricordato come più di 50 anni fa, nel 1972 a Stoccolma, la Conferenza delle Nazioni Unite sull'Ambiente Umano segnò una importante svolta, richiamando l'attenzione sul fatto che, per migliorare in modo duraturo le condizioni di vita del nostro pianeta, occorreva salvaguardare le risorse naturali, selvatiche e addomesticate, a beneficio di tutti. Da allora se ne è molto parlato e scritto, sono stati enunciati buoni propositi, ma con risultati operativi spesso insoddisfacenti, dalla salvaguardia delle foreste tropicali e delle barriere coralline a quella delle razze domestiche locali. È ora necessario operare in modo più incisivo.

La conservazione è vista da alcuni come azione proiettata nel passato, una battaglia di retroguardia, in antitesi con lo sviluppo, in particolare quello tecnologico. Perché conservare razze obsolete, retaggio di un passato arcaico, quando il progresso ci mette a disposizione tipi genetici migliorati e molto più performanti? Nulla di più sbagliato. La biodiversità è stata sempre, e lo sarà ancora più in futuro, elemento propositivo, di ispirazione e modello di sviluppo. E in queste pagine abbiamo cercato di dimostrarlo.

Nel corso della stesura di questo libro sono sorte alcune riflessioni che ora desideriamo trasmettere al lettore non solo come conclusioni, ma soprattutto come premessa per futuri approfondimenti personali e collettivi.

- La conservazione delle risorse genetiche animali si concentra per lo più sulle razze dotate di forte originalità e valore, minacciate da estinzione. Questa attenzione è corretta, ma non dobbiamo però creare una situazione di contrapposizione tra allevamento intensivo/industriale e allevamento di razze locali; tra produzione e salvaguardia genetica. Gran parte dei principi che abbiamo visto valgono per ambedue le realtà: salvaguardare la variabilità genetica, gestire correttamente gli agro-ecosistemi, preservare e valorizzare le tradizioni rurali, favorire lo sviluppo socio economico delle società degli allevatori sono valori che devono essere comuni a tutte le realtà zootecniche.
- Nel campo della conservazione è necessario distinguere il lavoro di approfondimento teorico e di ricerca scientifica da quello indirizzato all'applicazione e all'operatività in campo: ambedue gli approcci richiedono competenza, adeguato sostegno e piena osmosi tra loro. L'approfondimento scientifico deve essere sufficiente per guidare senza commettere errori l'operatività di campo, ma ad un certo momento deve lasciare libera quest'ultima di agire seguendo le vie che la realtà rende praticabili. Una ricerca senza sbocchi applicativi non contribuisce a risolvere le urgenze di conservazione.
- Le razze locali oggetto di questo libro ci hanno trasmesso patrimoni genetici unici e hanno creato e preservato nel tempo paesaggi, ambienti e tradizioni culturali. Queste razze sono custodite e gestite da allevatori che hanno scelto, per i loro valori, di continuare ad allevarle e di non sostituirle con attività economiche più remunerative. Per questo è doveroso avere rispetto e dare supporto a questi allevatori che ne sono i veri custodi.
- L'utilizzo del termine "razze in estinzione" può generare preoccupazione in un lettore digiuno del funzionamento dei sistemi zootecnici. Quando parliamo di conservazione e salvaguardia ci siamo sempre riferiti alla razza o alla specie, non ai singoli individui che la compongono. Spesso una riflessione superficiale confonde i due concetti e pensa che la salvaguardia di una razza "in estinzione" si faccia salvando la vita a tutti i singoli individui che la compongono. Si tratta di un errore: una razza minacciata può tornare a prosperare quando si consumano più diffusamente i suoi prodotti, latte e carne, in quanto solo garantendo un certo reddito agli allevatori si creano le condizioni perché l'allevamento continui e la razza si salvi dall'estinzione. Anche una moderata selezione fenotipica comporta l'eliminazione di animali non abbastanza performanti, ma è grazie ad essa che la popolazione migliora e il suo allevamento ne risulta più produttivo ed economicamente più vantaggioso.

- Recentemente è stata avviata a livello comunitario (*GenRes Bridge project, 2019-21*) una riflessione su opportunità e sfide associate a una integrazione nel campo della conservazione tra i settori delle risorse genetiche vegetali, forestali e animali. Le sfide poste dai cambiamenti climatici in atto, dalla conservazione *in situ* combinata con l'uso sostenibile, alla necessità di disporre di biodiversità locale adattata stanno diventando pressanti, per cui è necessario sviluppare un'ampia collaborazione tra le tre comunità.
- Parlando di genetica, conservazione e miglioramento genetico, non abbiamo mai affrontato in modo chiaro il problema del rispetto del benessere e della dignità animale, dimensioni oggi sempre più importanti nell'allevamento, per almeno due motivi. Le tecnologie di allevamento, incluso il miglioramento genetico, rischiano, se male utilizzate, di compromettere proprio quel rispetto a vantaggio di un profitto celere e spesso poco sostenibile. Inoltre, i cittadini dell'Unione Europea chiedono pressantemente queste attenzioni e le loro richieste sono state tradotte in una legislazione che certamente richiederà ulteriori miglioramenti. Si tratta di ritornare al rispetto dell'originario "contratto di domesticazione" stipulato tra uomini e animali all'inizio del processo di domesticazione migliaia di anni fa, contratto spesso tradito. Perché, come spiega la Volpe al Piccolo Principe, "Tu diventi responsabile per sempre di quello che hai addomesticato" (Antoine de Saint-Exupéry). Si tratta, più in generale, di entrare in una dimensione bioetica dove c'è certamente pluralità di pensiero, ma dove, in ultima analisi, la vera domanda è "quanto siamo disposti a rinunciare in termini di profitto per un maggiore benessere degli animali che alleviamo?"

Appendici

1. Prontuario di formule statistiche di base

In questa sezione sono ricapitolate le formule statistiche più importanti che hanno significato nella genetica della conservazione zootecnica, utili per leggere le sezioni più tecniche del libro e le successive appendici, senza alcuna pretesa di volersi sostituire ad un testo di statistica.

Misure di tendenza centrale

$$\text{Media della popolazione} = \mu = E(y_i)$$

Media vera della popolazione basata sull'universo delle osservazioni. È descritta dal valore atteso di una qualsiasi i -ma osservazione.

$$\text{Media campionaria} = \bar{y} = \frac{\sum y_i}{N}$$

Media basata su un campione di N osservazioni. Mentre esiste una sola media vera μ , di medie campionarie se ne possono stimare un infinito numero. La media vera non ha errore mentre una media campionaria viene spesso associata alla sua variabilità che ne determina la precisione che vedremo tra poco (errore standard della media).

$$\text{Media ponderata} = \frac{\sum y_i w_i}{\sum w_i}$$

Con la media ponderata ad ogni osservazione viene attribuito un peso (w). Spesso il peso è dato dalla frequenza con cui quella certa osservazione si manifesta.

Misure di variabilità

Le misure della variabilità delle osservazioni richiedono il calcolo dello scostamento di ogni osservazione dalla relativa media. Ogni scostamento, che può essere positivo o negativo, deve essere elevato al quadrato e sommato al quadrato di tutti gli altri scostamenti. Questa sommatoria determina la devianza:

$$\text{Devianza campionaria} = \sum (y_i - \bar{y})^2$$

Questa formula base tuttavia non va di norma utilizzata a causa delle approssimazioni di calcolo che vengono introdotte. Da utilizzare invece è una formula equivalente composta dalla somma di quadrati delle osservazioni tal quali, meno un termine di correzione dato dal totale delle osservazioni al quadrato diviso N . Se le y sono centrate intorno allo zero, il termine di correzione è pari a zero:

$$\text{Devianza} = \sum y_i^2 - \frac{(\sum y_i)^2}{N}$$

La Varianza si ottiene dividendo la devianza per i gradi di libertà:

$$\text{Varianza} = V(y) = \frac{\text{Devianza}}{\text{Gradi di libertà}} = \sigma_y^2$$

I gradi di libertà sono pari a N meno il numero dei parametri che è stato necessario stimare sul campione per ottenere la devianza. Nel caso più semplice si è stimata solo la media campionaria: quindi $N - 1$. La varianza è di fatto una media di scarti al quadrato di ogni osservazione dalla media delle osservazioni.

La varianza è una grandezza al quadrato perché si basa sul quadrato di dati. Se si vuole una misura della variabilità tarata sulla stessa unità di misura dei dati utilizziamo la Deviazione Standard. La Deviazione Standard (DS) è pari alla radice quadrata della varianza ed è un'utile misura descrittiva della variabilità di una popolazione di osservazioni.

$$\text{Deviazione standard} = \sqrt{\sigma^2} = \sigma$$

La DS descrive la variabilità dei dati di un campione, ma possiamo anche calcolare la DS di un parametro stimato da un campione di osservazioni. In questo caso si parla di ES (Errore standard). Ad es. l'ES di una media campionaria (\bar{y}), cioè la sua precisione, dipenderà dalla dimensione del campione stesso:

$$\text{Errore standard della media} = \sigma_{\bar{y}} = \frac{\sigma}{\sqrt{N}}$$

Con qualche semplice passaggio logico è anche possibile calcolare la varianza ponderata a partire dalla relativa devianza:

$$\text{Devianza ponderata} = \sum y_i^2 w_i - \frac{(\sum y_i w_i)^2}{\sum w_i}$$

Misure di variazione congiunta di due variabili

La varianza misura la variabilità di una variabile (y), la covarianza misura la variazione congiunta di due variabili (x e y). Calcoli e formule sono molto simili a quelle viste per la varianza.

$$\begin{aligned} \text{Codevianza} &= \sum xy - \frac{(\sum x)(\sum y)}{N} \\ \text{Covarianza} = \text{Cov}(x, y) &= \frac{\text{Codevianza}}{\text{Gradi di libertà}} = \sigma_{xy} \end{aligned}$$

Sulla base di varianza e covarianza si possono costruire due importanti misure sintetiche della variabilità congiunta di x e y .

La prima è la correlazione (r_{xy}) che misura semplicemente l'associazione tra le due senza definire relazioni di causa ed effetto tra x e y . La correlazione varia da -1 a $+1$ ed è indipendente dalle unità di misura di x e y :

$$\text{Correlazione tra } x \text{ e } y = r_{xy} = \frac{\text{Cov}(x, y)}{\sqrt{V(x) \times V(y)}}$$

La seconda è la regressione (b) che invece identifica una causa (x , variabile indipendente) e un effetto (y , variabile dipendente). La regressione misura la variabilità di y al variare di x . Ad es. di quanto cresce mediamente il peso (y) al passare di una unità di tempo (x). Il coefficiente di regressione b è espresso nell'unità di misura di y :

$$\text{Regressione di } y \text{ su } x = b = \frac{\text{Cov}(x, y)}{V(x)}$$

Questo coefficiente di regressione viene definito lineare perché assume che l'aumento di y al crescere di x sia appunto lineare.

2. Deriva genetica

La legge di Hardy-Weinberg prevede che le frequenze alleliche e quelle genotipiche restino stabili nel tempo (ossia da una generazione all'altra) se la dimensione della popolazione è molto ampia (tendente all'infinito), non c'è selezione né mutazione e gli accoppiamenti avvengono casualmente. Tuttavia, se viene a mancare la prima condizione, ovvero che la popolazione sia molto ampia, la formazione della generazione G_1 a partire dagli individui della generazione G_0 può comportare oscillazioni casuali delle frequenze alleliche conseguenti alla limitata dimensione del campione degli alleli che vanno a formare la generazione G_1 . Queste oscillazioni producono appunto la deriva genetica. Per meglio comprendere questo fatto è necessario dapprima definire la varianza delle frequenze alleliche. Per calcolarla possiamo attribuire un valore x (1, 0) ai due alleli presenti ad un certo locus e calcolare la varianza di questo valore ponderata per la frequenza come segue:

Alleli	Frequenza (f)		x	f*x	f*x ²
A	p	0,6	1	0,6	0,6
B	q	0,4	0	0	0

$$V(p) = \sum x^2 f - \left(\sum x f \right)^2 = 0,6 - 0,6^2 = 0,24 = pq$$

Più semplicemente, $V(p)$ può essere anche ottenuta da una distribuzione binomiale in cui $N = 1$ e $p =$ frequenza di uno dei due alleli:

$$V(p) = \frac{pq}{N}$$

La produzione della generazione G_1 può essere vista come un campionamento casuale di alleli estratti dalla popolazione G_0 in cui gli alleli hanno frequenza p e q . Per costruire una popolazione G_1 di supponiamo 100 individui sarà necessarie estrarre 200 alleli. La frequenza attesa di p in G_1 sarà sempre p , ma la variabilità intorno a questo valore sarà:

$$V(p) = \frac{pq}{2N}$$

dove N è il numero di individui in G_1 . È chiaro che se gli individui sono molto numerosi $V(p)$ tenderà a zero, invece se la dimensione della popolazione è piccola l'oscillazione potrà essere molto ampia. Supponiamo, ad esempio, il caso estremo di una popolazione composta in G_0 da 2 soli individui entrambi eterozigoti AB, in cui quindi la frequenza $p(A) = 0,5$. Per produrre la successiva generazione di due individui saranno necessarie 4 estrazioni alleliche. La frequenza di A, $p(A)$, in G_1 , sebbene attesa essere uguale a 0,5, potrà in realtà

oscillare come dalla seguente tabella. Nella distribuzione binomiale la probabilità che in un campione di $2N$ gameti siano presenti s alleli A e r alleli B è:

$$P(s \text{ eventi A e } r \text{ eventi B in } 2N \text{ osservazioni}) = \frac{2N!}{s! \times r!} p^s q^r$$

s eventi A	r eventi B	$N!/(s!r!)$	$p^s \times q^r$	Frequenza	$p(A)$ in G_1
4	0	1	0,0625	0,0625	1,00
3	1	4	0,0625	0,2500	0,75
2	2	6	0,0625	0,3750	0,50
1	3	4	0,0625	0,2500	0,25
0	4	1	0,0625	0,0625	0,00

Avremo cioè il 37,5% di probabilità che effettivamente anche in G_1 p sia ancora pari a 0,5, ma ci sarà anche il 12,5% di probabilità che, per effetto della deriva genetica o l'allele A o l'allele B non siano più rappresentati in G_1 . In questo esempio $V(p) = (0,5 \times 0,5) / 4 = 0,0625$ e la $DS(p) = 0,25$. Nella tabella che segue si vede come la variazione di p , misurata per maggiore chiarezza dalla DS anziché dalla varianza, diminuisca al crescere di N , ma diminuisca anche all'allontanarsi di p dalla condizione $p = q$. Nelle piccole popolazioni, quindi, la deriva genetica può produrre sensibili cambiamenti nel valore delle frequenze alleliche e può portare, anche facilmente, all'estinzione soprattutto di alleli che hanno una bassa frequenza. Con $N = 2$, ad esempio, un allele che abbia frequenza del 5% si estinguerà in una sola generazione con una probabilità superiore all'80%. La conservazione della biodiversità non è quindi soltanto il preservare la sopravvivenza di una razza domestica minacciata da estinzione, ma anche, in quella razza, evitare al massimo l'estinzione di alleli che possono essere, in taluni casi, unici e caratteristici di quella popolazione.

			DS(p) in funzione della dimensione del campione				
p	q	$V(p)$	$N = 2$	$N = 10$	$N = 50$	$N = 100$	$N = 1000$
0,1	0,9	0,09	0,150	0,067	0,030	0,021	0,007
0,2	0,8	0,16	0,200	0,089	0,040	0,028	0,009
0,3	0,7	0,21	0,229	0,102	0,046	0,032	0,010
0,4	0,6	0,24	0,245	0,110	0,049	0,035	0,011
0,5	0,5	0,25	0,250	0,112	0,050	0,035	0,011
0,6	0,4	0,24	0,245	0,110	0,049	0,035	0,011
0,7	0,3	0,21	0,229	0,102	0,046	0,032	0,010
0,8	0,2	0,16	0,200	0,089	0,040	0,028	0,009
0,9	0,1	0,09	0,150	0,067	0,030	0,021	0,007

3. Consanguineità e frequenze genotipiche

Le condizioni di Equilibrio di Hardy-Weinberg (HWE) prevedono che le frequenze alleliche, e di conseguenza quelle genotipiche, restino stabili da una generazione all'altra. Se immaginiamo che nella popolazione non ci sia accoppiamento casuale (N.B. le altre condizioni di HWE rimangono), ma accoppiamento preferenziale tra soggetti parenti, l'aumento della consanguineità, che deriva dall'accoppiamento tra tali soggetti, produce un aumento della frequenza dei genotipi omozigoti a scapito degli eterozigoti, rimanendo tuttavia invariate le frequenze alleliche. Nella condizione limite in cui $F = 1$ gli eterozigoti scompaiono dalla popolazione e le frequenze dei due genotipi omozigoti coincideranno con le rispettive frequenze alleliche p e q .

Quando F ha valori intermedi tra 0 e 1, le frequenze dei tre genotipi possono essere previste immaginando la popolazione come composta da due quote. Una quota pari a F in cui le frequenze genotipiche sono quelle viste nella condizione di $F = 1$. Una quota pari ad $(1 - F)$ in cui le frequenze sono quelle delle condizioni di HWE. Dato un certo valore di consanguineità F raggiunto nella popolazione, gli eterozigoti saranno quindi diminuiti di una quota proporzionale ad F . Saranno cioè $2pq - 2pqF = 2pq(1 - F)$. Gli eterozigoti persi ($2pqF$) andranno ad aumentare i genotipi omozigoti ciascuno dei quali sarà accresciuto di pqF . Come si verifica con pochi passaggi algebrici.

	$F = 0$	$F = 1$	$1 > F > 0$			
AA	p^2	p	$p^2(1 - F) + pF$	$p^2 - p^2F + pF$	$p^2 + p(1 - p)F$	$p^2 + pqF$
AB	$2pq$	0	$2pq(1 - F)$	$2pq(1 - F)$	$2pq(1 - F)$	$2pq(1 - F)$
BB	q^2	q	$q^2(1 - F) + qF$	$q^2 - q^2F + qF$	$q^2 + q(1 - q)F$	$q^2 + pqF$

Quindi, se gli eterozigoti osservati in presenza di F sono $H_o = 2pq(1 - F)$ mentre gli eterozigoti attesi (H_e) in assenza di F sono $2pq$, allora possiamo stimare la consanguineità da:

$$F = \frac{H_e - H_o}{H_e} = 1 - \frac{H_o}{H_e}$$

Ad esempio, con $p = 0,6$ gli eterozigoti attesi in assenza di consanguineità sono $H_e = 0,48$. Se quelli osservati sono $H_o = 0,384$, possiamo stimare il valore di F nella popolazione come 0,2.

4. Modello infinitesimale, un solo gene: effetti e varianze

L'esempio numerico che segue illustra come il fenotipo a un carattere quantitativo possa essere ricondotto all'azione di un solo gene con due alleli. La realtà è qui molto semplificata, in quanto tutti i caratteri quantitativi (e anche quelli qualitativi, come abbiamo visto a proposito del colore dei cavalli) sono sotto il controllo di molti geni. Inoltre, manca nell'esempio l'effetto dell'ambiente, che è sempre presente ed importante per ogni fenotipo. Con queste semplificazioni, il modello si riduce quindi a:

$$P = \mu + A + D$$

in cui il fenotipo dipende da una media generale e da due deviazioni, la prima rappresenta l'effetto genetico additivo (*A*, sinonimo di *BV*) della cui stima abbiamo parlato in relazione all'indice genetico o di selezione. La seconda è la deviazione di dominanza (*D*), che descrive, se presente, l'interazione che si stabilisce tra i due alleli.

Calcolo della media (μ) come media ponderata dei fenotipi per la loro frequenza. Assumiamo $p = 0,6$ e $q = 0,4$.

Genotipo	Fenotipo	Frequenza		μ	Fenotipo aggiustato = $P - \mu = BV + D$
B_1B_1	12	p^2	0,36	$12 \cdot 0,36 = 4,32$	$12 - 10,08 = + 1,92$
B_1B_2	10	$2pq$	0,48	$10 \cdot 0,48 = 4,80$	$10 - 10,08 = - 0,08$
B_2B_2	6	q^2	0,16	$6 \cdot 0,16 = 0,96$	$6 - 10,08 = - 4,08$
				$\Sigma = 10,08$	NB: <i>BV</i> è sinonimo di <i>A</i>

In alternativa al calcolo della media con la media ponderata dei fenotipi, possiamo definire le deviazioni $+a$, $-a$ e d come segue:

- m = media tra i 2 omozigoti $\frac{1}{2}(12 + 6) = 9$
- a = deviazione da m di $B_1B_1 = +3$
- $-a$ = deviazione da m di $B_2B_2 = -3$
- d = deviazione da m degli eterozigoti $B_1B_2 = +1$

Genotipo	P	Frequenza	Fenotipo	
B_1B_1	12	p^2	$m + a$	$9 + 3$
B_1B_2	10	$2pq$	$m + d$	$9 + 1$
B_2B_2	6	q^2	$m + (-a)$	$9 - 3$

e quindi calcolare la media:

$$\begin{aligned} \mu &= p^2(m + a) + 2pq(m + d) + q^2(m - a) \\ &= p^2m + p^2a + 2pqm + 2pqd + q^2m - q^2a \\ &= m(p^2 + 2pq + q^2) + a(p^2 - q^2) + 2pqd \\ &= m + a(p + q)(p - q) + 2pqd \end{aligned}$$

$$\begin{array}{rcl}
 = m + & a(p - q) + & 2pqd \\
 \text{Media} = \text{parte costante} & \text{parte associata ad } a & \text{parte associata a } d \\
 10,08 = 9 + & 3(0,6 - 0,4) + & 0,48(1)
 \end{array}$$

Calcolo del BV relativo a ciascun genotipo partendo dal fenotipo aggiustato ($P - \mu$) tabellato qui sopra e separandolo dalla componente D (che ovviamente non si trasmette alla progenie). In generale, possiamo calcolare il BV di un individuo a partire dal fenotipo della sua progenie. Se questa è molto numerosa (tendenzialmente infinita), possiamo definire la loro media produttiva (P_f) come:

$$P_f = \mu + \frac{1}{2}A_s + \frac{1}{2}A_d$$

In cui:

- l'effetto ambientale E scompare, in quanto nella media gli effetti positivi e negativi si annullano reciprocamente. Lo stesso avviene per gli effetti genetici non additivi D
- anche gli effetti A_d delle madri, se sono scelte a caso, si annullano reciprocamente

Quindi:

$$P_f = \mu + \frac{1}{2}A_s$$

Da cui:

$$A_s = 2(P_f - \mu)$$

Possiamo, quindi, ad esempio stimare A_s di un toro (sire) misurando la produzione media delle figlie e calcolandone la deviazione dalla media della popolazione ($P_f - \mu$). Questa deviazione viene moltiplicata per 2 se il loro numero tende all'infinito. Se invece il loro numero è più piccolo, si userà un coefficiente minore di 2. Il raddoppio è dovuto al fatto che la progenie eredita solo metà dei geni del genitore. Questi sono i principi alla base della cosiddetta prova di progenie per la stima dei BV dei tori per la produzione di latte.

Continuando l'esempio, se definiamo μ_{11} la media della progenie del genotipo B_1B_1 , il BV di B_1B_1 è dato da $2(\mu_{11} - \mu)$. Ma l'individuo B_1B_1 trasmette alla sua progenie solo l'allele B_1 mentre la popolazione contribuisce alleli B_1 e B_2 con frequenza p e q rispettivamente. Quindi:

Gameti femminili →	B_1 (p)	B_2 (q)
Gameti maschili ↓		
B_1 (1)	B_1B_1 p	B_1B_2 q

Pertanto $\mu_{11} = p(m + a) + q(m + d) = m + pa + qd = 9 + 1,8 + 0,4 = 11,2$.
 Il BV = $2(\mu_{11} - \mu) = 2(11,2 - 10,08) = +2,24$.

Analogamente si possono calcolare i BV degli altri genotipi. Ad es. $BV_{12} = -0,56$.

Gameti femminili →	B₁ (p)	B₂ (q)
Gameti maschili ↓		
B₁ (0,5)	B ₁ B ₁ 1/2p	B ₁ B ₂ 1/2q
B₂ (0,5)	B ₁ B ₂ 1/2p	B ₂ B ₂ 1/2q

Quindi: $\mu_{12} = \frac{1}{2}p(m + a) + \frac{1}{2}q(m - a) + \frac{1}{2}(p + q)(m + d)$
 $= -0,26$. Da cui $BV_{12} = -0,56$

Analogamente $BV_{22} = -3,36$.

Effetto di sostituzione genica. Il BV di un individuo dipende quindi da p, q, a e d. In particolare (lo si può dimostrare con qualche passaggio algebrico) dipende dalla quantità $\alpha = [a + d(q - p)]$. Questa prende il nome di *effetto di sostituzione genica* (nell'esempio $\alpha = 2,8$) e corrisponde alla differenza tra i valori riproduttivi. Si noti che se $q = p$ oppure se $d = 0$, allora $\alpha = a$.

La deviazione dovuta alla dominanza (D) può ora venire calcolata anche per differenza:

Genotipo	P	Frequenza	BV	D	P - $\mu = BV + D$	
B ₁ B ₁	12	p ²	2q α	0,8*2,8 = 2,24	-0,32	+ 1,92
B ₁ B ₂	10	2pq	(q - p) α	-0,2*2,8 = -0,56	0,48	- 0,08
B ₂ B ₂	6	q ²	-2p α	-1,2*2,8 = -3,36	-0,72	- 4,08

Quindi in sintesi:

Genotipo	Frequenza	P	μ	BV	D
B ₁ B ₁	p ²	12	10,08	+2,24	-0,32
B ₁ B ₂	2pq	10	10,08	-0,56	0,48
B ₂ B ₂	q ²	6	10,08	-3,36	-0,72

Varianze. Dai valori individuali possono essere calcolate le rispettive varianze. Ma in questo caso la varianza necessaria è quella ponderata per le frequenze:

$$Devianza\ ponderata = \sum y_i^2 w - \frac{(\sum yw)^2}{\sum w}$$

Si verifica facilmente che il termine di correzione è pari a zero e che i gradi di libertà, corrispondenti alla sommatoria dei pesi, sono pari a 1. Quindi:

Genotipo	Frequenza	BV ²	D ²	(P - μ) ²	
B ₁ B ₁	p ²	0,36	(2,24) ²	(-0,32) ²	(1,92) ²
B ₁ B ₂	2pq	0,48	(-0,56) ²	(0,48) ²	(-0,08) ²
B ₂ B ₂	q ²	0,16	(-3,36) ²	(-0,72) ²	(-4,08) ²
	$\sigma^2 =$	1	3,7632	0,2304	3,9936

Si noti che la varianza fenotipica può essere direttamente calcolata dai dati. Quella additiva può essere calcolata più semplicemente con una formula diretta $\sigma_A^2 = 2pq\alpha^2$. Mentre $\sigma_D^2 = (2pqd)^2$.

A questo punto, possiamo verificare che la covarianza tra gli effetti A e D è pari a zero. Anche la covarianza sarà naturalmente una covarianza pesata:

$$\sum yxw - \frac{(\sum xw)(\sum yw)}{\sum w}$$

Quindi, non essendoci covarianza tra A e D, avremo: $\sigma_p^2 = \sigma_A^2 + \sigma_D^2$ che può essere scritto in modo equivalente: $V(P) = V(A) + V(D)$. La varianza fenotipica coincide cioè con la somma della varianza additiva e della varianza di dominanza.

Effetto di sostituzione genica come regressione. Un modo alternativo per ricavare effetto di sostituzione genica e BV è l'utilizzo della regressione in cui:

x = genotipo codificato in base al numero di alleli (2, 1 e 0 rispettivamente per p^2 , $2pq$ e q^2)

y = fenotipo

w = frequenza genotipica

Genotipo	x	y	w	z = 2p	xyw	xw	yw	x ² w	x - z		BV = (x - z)α	
q ²	B ₂ B ₂	0	6	0,16	1,2	0	0	0,96	0	-1,2	-2p	-3,36
2pq	B ₁ B ₂	1	10	0,48	1,2	4,8	0,48	4,8	0,48	-0,2	(q-p)	-0,56
p ²	B ₁ B ₁	2	12	0,36	1,2	8,64	0,72	4,32	1,44	0,8	2q	2,24
				1		13,44	1,2	10,08	1,92			

L'effetto di sostituzione genica (α) può essere calcolato come regressione pesata (b) di y su x.

$$\text{Cov}(x,y) = 13,44 - (1,2 \times 10,08) = 1,344$$

$$V(x) = 1,92 - 1,2^2 = 0,48$$

$$b = 1,344/0,48 = 2,8$$

oppure dagli effetti *a* e *d*.

$$\alpha = a + d(q - p) = 3 + 1(0,4 - 0,6) = 2,8$$

Sulla semplice formulazione dell'ultima colonna della precedente tabella, che definisce il BV di un individuo a un certo marcatore, si fonda il concetto di indice genomico: $GBV = (\mathbf{x} - \mathbf{z})\alpha$. Se conosciamo gli effetti di sostituzione genica ad ogni singolo marcatore genotipizzato in una popolazione, possiamo attribuire ad ogni individuo un BV ottenuto dalla somma di tutti i singoli BV calcolati per ogni marcatore in funzione dello specifico genotipo. Per ulteriori dettagli vedi anche l'appendice 8.

5. Depressione da consanguineità e vigore ibrido

Nell'appendice 3 abbiamo visto come le frequenze genotipiche varino in relazione alla consanguineità presente nella popolazione e nell'appendice 4 abbiamo abbinato ai genotipi un fenotipo e calcolato la media del carattere:

$$\mu = m + a(p - q) + 2pqd.$$

Possiamo ora calcolare μ_F , ossia la media della popolazione in presenza di F, utilizzando lo stesso esempio di appendice 4.

Genotipo	F = 0	1 > F > 0	Fenotipo	
AA	p^2	$p^2(1 - F) + pF$	12	$m + a$
AB	$2pq$	$2pq(1 - F)$	10	$m + d$
BB	q^2	$q^2(1 - F) + qF$	6	$m + (-a)$

$$\mu_F = m + a(p - q) + 2pqd(1 - F)$$

Quindi, se in una popolazione viene raggiunto un livello di consanguineità pari ad F, la variazione della media sarà pari a: $\mu_F - \mu = -2pqdF$. Questa quantità viene indicata come depressione da consanguineità e infatti ha segno negativo. L'aumento della consanguineità ha un effetto negativo, sulla media dei fenotipi, proporzionato a F, ma che dipende però dalla grandezza d . In assenza di deviazioni d , cioè con eterozigoti esattamente intermedi tra i due omozigoti, l'effetto della consanguineità è inesistente.

Affinché si determini una depressione da consanguineità è, quindi, cruciale la deviazione d per la quale sono descrivibili quattro possibili situazioni, che possiamo rappresentare in questa scala crescente:

- $d = 0$ *dominanza intermedia o assente*, l'eterozigote è intermedio tra i due omozigoti
- $a > d > 0$ *dominanza incompleta*, l'eterozigote supera la media dei due omozigoti, ma è inferiore all'omozigote più favorevole
- $d = a$ *dominanza completa*, l'eterozigote è indistinguibile dall'omozigote più favorevole
- $d > a$ *sovra dominanza*, l'eterozigote supera l'omozigote più favorevole

La chiave di comprensione del meccanismo d'azione dell'eterosi sta nel fatto che dall'incrocio di due diverse razze, che hanno frequenze alleliche diverse al locus di interesse, in prima generazione (cioè nell' F_1) il numero degli eterozigoti è sproporzionatamente aumentato. In precedenza abbiamo visto come entro una stessa popolazione il numero degli eterozigoti ($2pq$) raggiunga il suo massimo (50%) con $p = q$ in condizioni di HWE. Incrociando due diverse razze, A e B, invece, il numero degli eterozigoti sarà pari a $p_A q_B + p_B q_A$, come graficamente illustrato dalla figura seguente.

	$p_A = 0,7$	$q_A = 0,3$
$p_B = 0,1$	$p_A p_B = 0,07$ omozigoti	$p_B q_A = 0,03$ eterozigoti
$q_B = 0,9$	$p_A q_B = 0,63$ eterozigoti	$q_A q_B = 0,27$ omozigoti

In questo esempio, gli eterozigoti sono il 66%, una percentuale del tutto superiore a quella massima possibile entro razza. Se nell’F1 abbiamo un eccesso di eterozigoti, questo eccesso rientra, però, subito nella norma accoppiando tra loro gli F1 ad ottenere una F2. Nell’F1 infatti p avrà valore intermedio tra 0,7 e 0,1 cioè 0,4 e nell’F2 troveremo il 48% di eterozigoti come atteso in base ad HWE. Questo eccesso di eterozigoti dipende dalla differenza tra p_A e p_B . Se questa differenza è massima, cioè pari a 1, significa che in una razza è fissato un allele e nell’altra è fissato l’allele opposto. In questo caso, il 100% dei soggetti F1 saranno eterozigoti. Se la differenza è minore di 1 avremo progressivamente una quota di eterozigoti inferiore.

A questo punto, per vedere concretamente l’effetto dell’eterosi in questo specifico esempio, possiamo calcolare i valori medi delle due popolazioni incrociate A e B, dell’F1 e dell’F2 per un carattere quantitativo arbitrario controllato dal gene g con due alleli g_1 e g_2 , in cui $m = 100$, $a = 10$ e d assume valori crescenti dalla dominanza intermedia, a quella incompleta, completa, sovra dominanza e forte sovra dominanza.

Popolazione	Frequenze genotipiche				Medie al variare della deviazione d				
	$p(g_1)$	g_1g_1	g_1g_2	g_2g_2	$d = 0$	$d = 5$	$d = 10$	$d = 15$	$d = 30$
A	0,7	0,49	0,42	0,09	104	106,1	108,2	110,3	116,6
B	0,1	0,01	0,18	0,81	92	92,9	93,8	94,7	97,4
F1	0,4	0,07	0,66	0,27	98	101,3	104,6	107,9	117,8
F2	0,4	0,16	0,48	0,36	98	100,4	102,8	105,2	112,4
	Media fenotipica di A e B				98	99,5	101	102,5	107
	Effetto dell’Eterosi: (F1 – media)				0	1,8	3,6	5,4	10,8
	Effetto F1 – F2				0	0,9	1,8	2,7	5,4

Come si vede, in assenza di dominanza ($d = 0$), l’incrocio tra due razze non ha alcuna utilità. L’eterosi invece si manifesta al crescere di d . Con questa differenza

di p tra le due razze incrociate (0,6 nell'esempio), è necessaria una forte sovrappresenza per avere un F1 migliore della razza A, ma con una differenza maggiore è sufficiente un valore di d più vicino alla dominanza completa per rendere conveniente lo sfruttamento dell'eterosi. L'effetto dell'eterosi, al di là dei valori numerici dell'esempio, può essere calcolato direttamente in funzione di d e della differenza $(p_A - p_B)$ come $d(p_A - p_B)^2$. Evidentemente, in un carattere quantitativo complesso i geni coinvolti saranno molti e quindi l'eterosi sarà determinata dalla sommatoria di tutte le singole quote relative ad ogni gene.

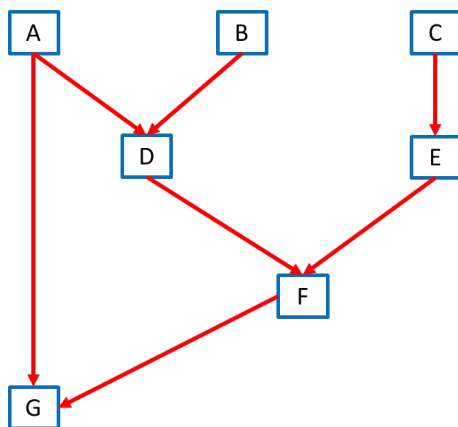
Un aspetto importante che va sottolineato è che qualora nelle due razze incrociate si sia accumulata della consanguineità, gli effetti negativi a questa associata vengono azzerati dall'incrocio che nell'effetto dell'eterosi cumulerà anche l'eventuale depressione da consanguineità osservabile nelle due razze. L'eterosi, infatti, dipende dalle frequenze alleliche e non da quelle genotipiche, mentre la consanguineità varia queste ultime, ma non le frequenze alleliche.

L'eterosi è, per certi aspetti, l'altra faccia della medaglia della depressione da consanguineità. L'incrocio tra individui distanti (razze diverse) genera il vigore ibrido esattamente come l'accoppiamento tra individui vicini (parenti) genera depressione dei diversi caratteri.

6. Costruzione di una matrice di parentela genealogica

Una matrice di parentela è una tabella quadrata e simmetrica che contiene sulla diagonale le parentele di ogni individuo i con sé stesso, parentela che è uguale a $1 +$ la sua consanguineità ($a_{ii} = 1 + F_{ii}$) e fuori diagonale la parentela dell'animale della riga i con quello della colonna j (a_{ij}). Per costruire la tabella è necessario ordinare gli animali dal più vecchio al più giovane e disporli in testa ad ogni colonna della tabella e, con identico ordine, all'inizio di ogni riga. Si inizia poi a compilare la tabella aggiungendo "1" sulla diagonale. Si procede a questo punto da sinistra a destra partendo dalla prima riga e, completata questa, si ricopiano gli stessi coefficienti nella prima colonna. Ogni coefficiente della riga i e colonna j è calcolato come $a_{ij} = 0,5a_{im} + 0,5a_{jp}$ in cui m e p sono i genitori di j . I genitori di j in quanto più anziani precedono j nella stessa i -ma riga. I coefficienti sulla diagonale si calcolano invece come $a_{ii} = 1 + 0,5a_{mp}$ dove m e p sono i genitori di j .

Vediamo un semplice esempio. Queste sono le relazioni che legano 7 animali.



Si prepara una tabella 7×7 con le intestazioni degli animali per riga e per colonna. Per comodità di calcolo, sopra agli animali in colonna vengono indicati i relativi genitori. Poi si procede secondo le regole sopra indicate.

Genitori	--	--	--	AB	C-	DE	AF
Animali	A	B	C	D	E	F	G
A	1	0	0	0,5	0	0,25	0,625
B	0	1	0	0,5	0	0,25	0,125
C	0	0	1	0	0,5	0,25	0,125
D	0,5	0,5	0	1+0	0	0,5	0,5
E	0	0	0,5	0	1	0,5	0,25
F	0,25	0,25	0,25	0,5	0,5	1+0	0,625
G	0,625	0,125	0,125	0,5	0,25	0,625	1+0,125

La matrice di parentela è di fatto la matrice di varianza e covarianza \mathbf{A} associata a un vettore di valori genetici additivi di una lista di animali. Se A_i è il valore genetico additivo di un individuo (vedi appendice 4), la parentela tra due individui rappresenta la loro covarianza genetica dovuta a geni condivisi: $a_{ij} = \text{Cov}(A_i, A_j)$.

7. Dal DNA alla proteina

Si tratta di un argomento molto complesso per il quale si rimanda a testi specialistici. Qui si ricapitolano semplicemente i punti salienti che portano alla produzione di una proteina a partire da un segmento di DNA.

Le due catene antiparallele di DNA, composte da sequenze di nucleotidi, che si avvolgono a spirale su sé stesse, sono costituite da una catena codificante contrapposta ad una catena stampo. Le lettere indicano la base azotata di ciascun nucleotide della catena, Adenina (A), Guanina (G), Citosina (C) e Timina (T).

ATGAGGCGCTATAGCTGAC	Catena codificante
TACTCCGCGATATCGACTG	Catena stampo

In determinate condizioni, quando è necessario tradurre quel segmento di DNA, le due catene si separano e sulla catena stampo viene sintetizzata una catena di RNA.

ATGAGGCGCTATAGCTGAC	Catena codificante
AUGAGGCGCUAUAGCUGAC	RNA
TACTCCGCGATATCGACTG	Catena stampo

L'RNA, a differenza del DNA, è a catena singola e coincide con la sequenza della catena codificante. Un'altra differenza è che la Timina (T) è sostituita dall'Uracile (U). Questa operazione viene indicata come *trascrizione* e l'RNA viene indicato come mRNA, ossia RNA messaggero. Dopo alcuni processi di maturazione, l'mRNA si sposta nel citoplasma a livello dei ribosomi che, scorrendo lungo il filamento, ne riconoscono la sequenza a gruppi di tre basi. Ogni gruppo di tre basi del mRNA (codone) viene riconosciuto da un anti-codone complementare sito all'estremità di un diverso tipo di RNA: l'RNA transfer o tRNA. Il tRNA porta ad un estremo l'anti-codone ad all'altro estremo uno specifico aminoacido. Ad ogni tripletta corrisponde quindi uno specifico aminoacido.

Nell'esempio che precede, la prima tripletta codificante del DNA è **ATG** che viene trascritta in una tripletta di mRNA **AUG** (codone). Quest'ultima viene riconosciuta dall'anti-codone **UAC** portato dal tRNA, che all'altra estremità porta la Metionina. La lettura in sequenza delle triplette determina la formazione co-lineare al DNA di una sequenza di aminoacidi precisamente definita, che si legano tra loro a formare una catena proteica. In questo modo si verifica la *traduzione* del DNA in una proteina.

L'abbinamento tra una determinata tripletta di DNA codificante e un preciso aminoacido costituisce il *Codice Genetico*. Poiché le lettere dell'alfabeto genetico sono 4 (A, T, C e G), le parole di 3 lettere possibili sono 64. Gli aminoacidi

sono però solamente 20, quindi più triplette possono codificare per lo stesso aminoacido.

Naturalmente in ogni cellula solo alcuni geni, funzionali al metabolismo di quel tessuto, vengono trascritti e tradotti in una proteina. Quali geni, in quali tessuti, in quali animali e in quale momento debbano essere tradotti è determinato da complessi meccanismi di regolazione per i quali si rimanda a testi specialistici. Ad esempio, le caseine, proteine presenti nel latte dei ruminanti, sono sintetizzate solo dalle cellule dell'epitelio mammario, solo nelle femmine e solo durante il periodo della lattazione conseguente al parto. Ma i geni delle caseine sono presenti, sebbene inespresi, anche ad esempio nei bulbi piliferi dei maschi, che possono quindi essere utilizzati per determinarne il genotipo.

8. Costruzione di una matrice di parentela genomica

La disponibilità di strumenti per la genotipizzazione di moltissimi SNP (decine o anche centinaia di migliaia) per ogni animale a costi sempre più contenuti consente il calcolo di una matrice di parentela genomica basata sui genotipi anziché sul pedigree. Questo approccio può essere di grande interesse nelle popolazioni in cui non siano disponibili pedigree affidabili o ragionevolmente completi.

Per costruire una matrice di parentela genomica è necessario codificare i genotipi ad ogni SNP con coefficienti 2, 1 e 0 indicando con 2 il genotipo omozigote per l'allele al quale viene attribuita la frequenza p . Ad esempio:

Genotipo	Frequenza	Codifica (x)
AA	q^2	0
AT	$2pq$	1
TT	p^2	2

Come abbiamo visto nell'appendice 4, il valore riproduttivo (BV) di ogni individuo viene definito a seconda del suo genotipo ad un certo particolare SNP, in accordo con le regole ricapitolate nella seguente tabella. Qui si assume che la frequenza di T nella popolazione analizzata sia $p(T) = 0,6$ e che pertanto $2p = 1,2$.

Genotipo		x	$z = 2p$	$x - z$		$BV = (x - z)\alpha$
q^2	AA	0	1,2	-1,2	-2p	-2p α
$2pq$	AT	1	1,2	-0,2	(q-p)	(q - p) α
p^2	TT	2	1,2	0,8	+2q	2q α

Il punto è quindi il calcolo del coefficiente $(x - z)$ che varia per ogni SNP e per ogni individuo in funzione del suo genotipo.

L'esempio che segue, solo illustrativo, descrive i calcoli necessari per determinare la parentela genomica (**G**) tra 10 animali valutati in base a 6 SNP. Viene dapprima costruita la matrice **M**, che ha tante righe quanti animali e tante colonne quanti SNP. Di ogni animale è quindi codificato il genotipo ad ogni SNP secondo le regole indicate più sopra. La tabella riporta in calce le frequenze di p , q e pq per ciascuno SNP

Animale	$p(T)$	$p(G)$	$p(G)$	$p(G)$	$p(A)$	$p(T)$
	SNP1	SNP2	SNP3	SNP4	SNP5	SNP6
A	2	0	1	1	1	1
B	1	1	1	2	1	1
C	1	1	1	2	2	0
D	0	2	0	1	2	1
E	0	1	0	2	2	1
F	1	2	0	2	2	1
G	1	2	1	1	1	0
H	2	1	1	1	1	0
I	1	1	0	2	2	0
J	1	2	1	0	1	0
p	0,5	0,65	0,3	0,7	0,75	0,25
q	0,5	0,35	0,7	0,3	0,25	0,75
pq	0,25	0,2275	0,21	0,21	0,1875	0,1875

Si costruisce ora la matrice \mathbf{P} che ha il valore $2p$ per ogni SNP.

1	1,3	0,6	1,4	1,5	0,5
1	1,3	0,6	1,4	1,5	0,5
1	1,3	0,6	1,4	1,5	0,5
1	1,3	0,6	1,4	1,5	0,5
1	1,3	0,6	1,4	1,5	0,5
1	1,3	0,6	1,4	1,5	0,5
1	1,3	0,6	1,4	1,5	0,5
1	1,3	0,6	1,4	1,5	0,5
1	1,3	0,6	1,4	1,5	0,5
1	1,3	0,6	1,4	1,5	0,5
1	1,3	0,6	1,4	1,5	0,5

A questo punto si calcola la matrice \mathbf{Z} dalla differenza $\mathbf{M} - \mathbf{P}$. La matrice \mathbf{Z} contiene quindi per ogni animale e per ogni SNP il corrispondente valore $-2p$, $(q - p)$ e $+2q$ in funzione dello specifico genotipo a quello SNP di quell'animale.

Possiamo ora scrivere la matrice di parentela genomica come $\mathbf{G} = \mathbf{ZZ}' / 2\Sigma pq$. In questo semplice esempio illustrativo $2\Sigma pq = 2,545$.

1,379	0,318	-0,075	-0,782	-0,428	-0,546	-0,232	0,672	-0,232	-0,075
0,318	0,436	0,043	-0,271	0,083	-0,035	-0,114	0,004	-0,114	-0,350
-0,075	0,043	0,436	-0,271	0,083	-0,035	-0,114	0,004	0,279	-0,350
-0,782	-0,271	-0,271	0,986	0,554	0,436	-0,035	-0,703	-0,035	0,122
-0,428	0,083	0,083	0,554	0,908	0,397	-0,468	-0,743	0,318	-0,703
-0,546	-0,035	-0,035	0,436	0,397	0,672	-0,193	-0,468	0,200	-0,428
-0,232	-0,114	-0,114	-0,035	-0,468	-0,193	0,515	0,240	-0,271	0,672
0,672	0,004	0,004	-0,703	-0,743	-0,468	0,240	0,750	-0,153	0,397
-0,232	-0,114	0,279	-0,035	0,318	0,200	-0,271	-0,153	0,515	-0,507
-0,075	-0,350	-0,350	0,122	-0,703	-0,428	0,672	0,397	-0,507	1,222

Per come viene costruita, utilizzando un numero molto elevato di SNP in animali non parenti tra loro, i valori attesi della diagonale di \mathbf{G} sono pari a 1 e i valori fuori diagonali sono pari a 0. In altri termini, \mathbf{G} stima \mathbf{A} in assenza di dati anagrafici degli animali. In questo esempio il numero ridotto di SNP produce dei risultati che non hanno significato pratico, ma solo ed esclusivamente illustrativo del procedimento.

Gustavo C. Gandini · Giulio G. Pagnacco

Razze domestiche locali

Capirle, conservarle e promuoverle nel concreto

L'uso sostenibile della diversità delle razze locali, così come la loro conservazione e il loro sviluppo, sono di vitale importanza per l'agricoltura, la produzione di alimenti, la conservazione di aree rurali, la salvaguardia dell'ambiente e del paesaggio e, in ultima analisi, per la sopravvivenza della nostra stessa specie. Ciononostante l'erosione di questa diversità, legata alla meccanizzazione e all'intensificazione agricola esplosi dal secondo dopoguerra, è tutt'ora in corso. Questo manuale presenta i principali concetti dottrinali e le concrete tecniche operative per la salvaguardia di questa biodiversità delle razze locali in modo semplice, con approfondimenti ed esempi in sezioni specifiche. Si rivolge a un pubblico diversificato, dagli studenti e ricercatori universitari, alle associazioni razza, ai gestori di aree protette, ai consorzi di prodotti animali, ai politici e tecnici di Regioni e Ministeri, con lo scopo di favorire la collaborazione tra settori diversi e lo sviluppo di una visione interdisciplinare comune. L'ambizione è anche quella di far conoscere il problema della salvaguardia delle razze domestiche a un pubblico più vasto e generico di curiosi e appassionati.

In copertina: disegno di © Jean Blanchaert
per gentile concessione dell'autore
Progetto grafico: Claude Marzotto

ISBN 979-12-5510-196-3 (print)

ISBN 979-12-5510-198-7 (PDF)

ISBN 979-12-5510-200-7 (EPUB)

DOI 10.54103/milanoup.185