

LA STRUTTURA GENETICA DELLA RAZZA BOVINA PIEMONTESE

THE GENETIC STRUCTURE OF PIEMONTESE BEEF BRED

ROBERTA CIAMPOLINI ⁽¹⁾, ELISA MAZZANTI ⁽¹⁾,
FRANCESCA CECCHI ⁽¹⁾, DARIO CIANCI ⁽¹⁾

RIASSUNTO

La ricerca è stata dedicata alla caratterizzazione genetica della razza bovina da carne Piemontese attraverso la identificazione di linee selettive e di tipologie morfo-funzionali definibili attraverso la formula genomica individuale ottenuta con marcatori microsatelliti. I risultati ottenuti, pur con le dovute cautele, sembrano avvalorare le ipotesi sulle relazioni tra genotipi di microsatelliti e parametri somatici.

Parole chiave: caratterizzazione genetica, microsatellite, Individual Multilocus Genotype, razza bovina Piemontese.

SUMMARY

The researches aimed to genetically define the Piemontese beef breed, its breeding guideline and morpho-functional typologies, using the individual multilocus genotypes of DNA microsatellites. The results, even if with the due caution, seem to corroborate the hypothesis on the relationships between microsatellites genotypes and somatic parameters.

Key words: genetic characterisation, microsatellites, Individual Multilocus Genotype, Piemontese beef breed.

INTRODUZIONE

L'impiego dei marcatori genomici microsatelliti per la stima della variabilità tra ed entro popolazioni è ormai diffuso e consigliato, sia in sostituzione dei prodotti genici per la codominanza che consente l'espressione del genotipo completo, sia in alternativa ad altri marcatori

⁽¹⁾ Dipartimento di Produzioni Animali - Direttore Prof. Dario Cianci.

molecolari in relazione al loro elevato polimorfismo (Mac Hugh e coll., 1998; Peelman e coll., 1998; Blott e coll., 1999).

La disponibilità di marcatori altamente informativi rende concreta la possibilità di individuare associazioni con caratteri morfo-funzionali semplici e ad alta variabilità genetica.

Ne sono esempi la groppa doppia dei bovini da carne, carattere ormai geneticamente definito (Grobet e coll., 1997; Kambadur e coll., 1997; McPherron & Se-Jin Lee, 1997), e la fertilità (Booroola) degli ovini, (Fleming e coll., 1992; Smith e coll., 1993; Montgomery e coll., 1994).

Da questi presupposti è scaturita la presente ricerca che è stata condotta su una razza bovina da carne a groppa doppia, la Piemontese, derivante dal *Bos primigenius* (del tipo Aurochs) attraverso le prime migrazioni avvenute nel Pleistocene ancor prima della domesticazione.

La storia più recente parte dalla fine dell'Ottocento quando nell'ambito dei 5 tipi allora esistenti (Scelta della Pianura, Ordinaria di Pianura, Luserna, Canavese, Demonte) e descritti da Vallada (1872) compare, per mutazione, il carattere "coscia" o "groppa doppia" che impiegò molti decenni per essere accettato dalla zootecnia ufficiale, tanto che solo negli ultimi anni '70 è diventato un obiettivo selettivo.

Oggi l'obiettivo selettivo è stato chiaramente definito ed orientato verso la carne ed è sentita la necessità di accelerare il processo di miglioramento con un più sensibile progresso genetico. La totalità dei soggetti iscritti al Libro Genealogico è ormai, fenotipicamente, a groppa doppia; pochissimi soggetti non a groppa doppia sono presenti in allevamenti montani. L'incertezza degli obiettivi selettivi perdurata fino alla revisione dello Standard del 1976, dovuta alla ricerca di un difficile equilibrio produttivo prima tra latte e carne e poi tra carne e latte, hanno condizionato la presenza di una forte variabilità morfo-funzionale certamente di natura genetica.

Abbiamo perciò affrontato la ricerca di relazioni tra proprietà attitudinali dei bovini di razza Piemontese ed il Genotipo Multilocus Individuale (IMG) costituito con marcatori microsattelliti e già presentato in altre ricerche (Ciampolini e coll., 1995a).

Questa metodologia, da noi proposta per la stima delle rassomiglianze genetiche (Ciampolini e coll., 1994) è risultata particolarmente efficace perché ha consentito di suddividere una popolazione animale in sottopopolazioni di individui a maggiore rassomiglianza

genetica e talora caratterizzata da una tipologia morfologica più omogenea (Ciampolini e coll., 1994a, 1994b, 1995a, 1995b, 1995c, 1996a, 1996b, 1996c, 1997a, 1997b, 1997c; Cianci e coll., 1995, 1996, 1997) lasciando ipotizzare l'esistenza di una relazione tra IGM e singoli caratteri morfo-funzionali.

In questo contesto la conoscenza della struttura e della variabilità genetica della popolazione può essere di grande utilità per la programmazione delle linee di miglioramento e per la scelta dei riproduttori.

MATERIALI E METODI

La ricerca è stata condotta su 60 torelli dei quali 54 a groppa doppia in prova di performance. Le valutazioni morfo-funzionali previste dal Regolamento della razza sono state eseguite a cura dell'ANABORAPI, che qui si ringrazia per aver concesso i dati.

Analisi del DNA - Il DNA è stato estratto da campioni di 20 ml di sangue periferico, utilizzando il metodo descritto da Jeanpierre (1987).

Le reazioni di PCR e le procedure per determinare i genotipi dei microsattelliti sono state condotte secondo la metodologia descritta da Vaiman e coll. (1994). Le dimensioni degli alleli sono state stimate usando una sequenza M13 come campione di riferimento caricato su ogni gel di migrazione.

Per questo lavoro sono stati impiegati 20 microsattelliti, diciassette prodotti nei laboratori INRA (Vaiman e coll., 1994) e gli altri da Steffen e coll. (1993). Tre dei microsattelliti utilizzati sono ripetizioni imperfette (CA)_n; uno (INRA 31) è una ripetizione (TA). I microsattelliti sono stati scelti in accordo con il loro polimorfismo, stimato, per quelli INRA, su un panel di 40 soggetti non parenti appartenenza a razze diverse (Vaiman e coll., 1994).

Informazioni sui 20 microsattelliti studiati sono presentate nella Tabella I.

Analisi statistica - Ha previsto l'applicazione del pacchetto Byosis per il calcolo delle frequenze alleliche, del rispetto delle proporzioni di Hardy-Weinberg, dell'eccesso o difetto di eterozigoti, nonché della distanza genetica secondo Cavalli Sforza & Edwards (1967).

Tab. I. Microsatelliti analizzati e loro polimorfismo.

Marcatore	Locus	Cromosoma	Bibliografia	Numero di alleli
INRA 5	D12S4	12	Vaiman e coll., 1994	5
INRA 6	D3S9	3	Vaiman e coll., 1994	6
INRA 11	D1S6	1	Vaiman e coll., 1994	10
INRA 13	D16S10	16	Vaiman e coll., 1994	9
INRA 16	D27S16	27	Vaiman e coll., 1994	10
INRA 23	D3S10	3	Vaiman e coll., 1994	11
INRA 25	D17S6	17	Vaiman e coll., 1994	8
INRA 27	D27S20	27	Vaiman e coll., 1994	6
INRA 31	D21S12	21	Vaiman e coll., 1994	6
INRA 32	D11S9	11	Vaiman e coll., 1994	9
INRA 35	D16S11	16	Vaiman e coll., 1994	7
INRA 37	D10S12	10	Vaiman e coll., 1994	12
INRA 50	D15S6	15	Vaiman e coll., 1994	10
INRA 53	D7S6	7	Vaiman e coll., 1994	5
INRA 63	D18S5	18	Vaiman e coll., 1994	7
INRA 64	D23S15	23	Vaiman e coll., 1994	6
INRA 72	D4S11	4	Vaiman e coll., 1994	10
ETH 131	D21S4	21	Steffen e coll., 1993	13
ETH 152	D5S1	5	Steffen e coll., 1993	7
ETH 225	D9S1	9	Steffen e coll., 1993	5

Le rassomiglianze genetiche sono state stimate con la metodologia di Ciampolini e coll. (1995a) che prevede l'impiego del Genotipo Multilocus Individuale (IGM).

Ogni soggetto è stato definito mediante il proprio genotipo multilocus (nel nostro caso 20 loci di microsatelliti) costituito da una serie di 40 alleli per ogni animale. Per stimare la rassomiglianza genetica tra due individui o tra due gruppi di individui, viene calcolata la proporzione (P) di alleli comuni (A) in relazione alle 2L possibilità (L = numero di loci considerati).

La rassomiglianza genetica è misurata da $P = A/2L$ e la distanza genetica è $1-P$. Le rassomiglianze calcolate tra ogni coppia di soggetti sono mediate per ottenere valori di rassomiglianza entro razze o sottopopolazioni. Per stimare la rassomiglianza (o la distanza genetica) tra razze o sottopopolazioni vengono calcolati i valori medi delle ras-

somiglianze tra ogni soggetto di un gruppo e ciascun soggetto del gruppo a confronto.

Scomposizione della variabilità intrarazza - A causa della grande variabilità osservata tra individui della stessa popolazione (Ciampolini e coll., 1995a) il campione studiato della razza Piemontese è stato suddiviso in sottopopolazioni secondo le province di origine, nonché, *a posteriori*, secondo la loro rassomiglianza genetica con tutti gli altri soggetti del campione.

Questo confronto ci ha permesso di suddividere gli individui in due sottopopolazioni, una (HGS) costituita da soggetti ad alta rassomiglianza genetica con gli altri individui raggruppati nella stessa sottopopolazione, la seconda (LGS) a bassa rassomiglianza genetica (Ciampolini e coll., 1995a)

La formula di popolazione è stata ottenuta scegliendo, per ogni microsatellite, i due alleli più frequenti nella popolazione stessa.

RISULTATI

Il polimorfismo nella razza bovina Piemontese, dei 20 microsatelliti utilizzati, è riportato nella Tabella I. Si rileva un numero di alleli variabile da 5 a 13 con una media di 8,1, particolarmente elevato se confrontato con il polimorfismo medio segnalato per altre razze (Ciampolini e coll., 1995a).

La variabilità entro la razza è stata analizzata distinguendo tra soggetti a groppa semplice o doppia; per questi ultimi, secondo le province di provenienza. I soggetti sono stati inoltre ripartiti in due sottopopolazioni (HGS ed LGS) secondo la metodologia descritta.

I valori delle rassomiglianze genetiche sono riportati nella Tabella II. Si evidenzia una variabilità entro la razza (ormai rappresentata dai soggetti a groppa doppia) di 0,632 (rassomiglianza genetica pari a 0,368) elevata rispetto ai valori trovati per altre razze Ciampolini e coll. (1995a). In un lavoro di confronto sviluppato con 17 microsatelliti trovano infatti 0,46 per la Chianina, 0,39 per la Marchigiana, 0,44 per la Romagnola. Nello stesso lavoro la Piemontese aveva fornito un valore di variabilità pari a 0,36. In uno studio parallelo sulla Frisona, condotto con gli stessi 20 microsatelliti si evidenzia una variabilità dello 0,48 (Ciampolini e coll., 1997); questo può essere spiegato dal maggior

Tab. II. Rassomiglianza genetica.

	Valori medi	Range
Soggetti a groppa doppia	0,368	0,17 - 0,57
Provincia di Asti	0,343	0,27 - 0,42
Provincia di Torino	0,386	0,25 - 0,52
Provincia di Cuneo	0,371	0,17 - 0,57
Asti vs Torino	0,363	0,17 - 0,57
Asti vs Cuneo	0,356	0,17 - 0,52
Torino vs Cuneo	0,372	0,17 - 0,57
Soggetti HGS	0,408	0,25 - 0,57
Soggetti LGS	0,324	0,17 - 0,57
HGS vs LGS	0,358	0,17 - 0,57
Soggetti a groppa semplice	0,462	0,52 - 0,82
Soggetti a groppa semplice vs HGS	0,376	0,22 - 0,57
Soggetti a groppa semplice vs LGS	0,336	0,12 - 0,65

lavoro selettivo effettuato sulla Frisona rispetto alle razze da carne.

Molto meno variabili risultano i soggetti a groppa semplice (rassomiglianza genetica 0,462) che peraltro sono qui riportati solo a titolo di curiosità in quanto il loro limitato numero non può essere considerato rappresentativo. La loro distanza dai soggetti a groppa doppia è indice che i due tipi genetici sarebbero divergenti; peraltro il vecchio tipo genetico (non a groppa doppia) ha maggior rassomiglianza con i soggetti HGS (più omogenei tra loro) che non con il gruppo eterogeneo LGS; quest'ultimo infatti, probabilmente rappresenta la linea evolutiva ancora non consolidata, tenendo conto della tormentata vicenda delle scelte selettive tra latte e carne e della groppa doppia.

All'interno dei soggetti a groppa doppia poco significativa è la suddivisione *a priori* tra soggetti di diversa origine provinciale, pur se va evidenziata la minore omogeneità genetica degli individui provenienti dalla provincia di Asti.

Molto significativa è invece la ripartizione *a posteriori* tra soggetti HGS e LGS per l'elevata rassomiglianza tra gli individui del primo gruppo, peraltro ricercata. Questo comportamento conferma la possibilità di estrarre dalla popolazione un nucleo di soggetti geneticamente più rassomigliante e soprattutto che i restanti soggetti non costituiscono una sottopopolazione altrettanto omogenea, ma un insieme di individui con genotipi disomogenei (Ciampolini e coll., 1995a). Non

Tab. III. Proporzioni di Hardy-Weinberg ⁽¹⁾ per i soggetti a groppa doppia e semplice. I soggetti a groppa doppia sono suddivisi per sottopopolazioni HGS e LGS nonché per province.

Marcatori	Tipo di groppa					Province		
	Media	Soggetti groppa doppia HGS	LGS	Soggetti groppa semplice	Asti	Torino	Cuneo	
INRA 5	0,075	0,008 **	0,634	0,172	0,019 *	0,360	0,046 *	
INRA 6	0,005 **	0,293	0,425	0,065	0,000 ***	0,813	0,023 *	
INRA 11	0,000 ***	0,025 *	0,000 ***	1,000 ***	0,082	0,193	0,861	
INRA 13	0,244	0,492	0,054	0,398	0,656	0,553	0,327	
INRA 16	0,390	0,948	0,677	0,201	0,820	0,205	0,416	
INRA 23	0,448	0,505	0,780	0,152	0,022 *	0,795	0,388	
INRA 25	0,276	0,448	0,430	0,992 **	0,601	0,008 **	0,726	
INRA 27	0,074	0,857	0,135	0,608	0,320	0,728	0,118	
INRA 31	0,001 ***	0,901	0,686	0,275	0,494	0,916	0,598	
INRA 32	0,301	0,016 *	0,331	0,877	0,801	0,167	0,203	
INRA 35	0,149	0,584	0,058	0,029 *	0,656	0,005 **	0,278	
INRA 37	0,000 **	0,014 *	0,000 ***	0,077	0,022 *	0,011 *	0,000 ***	
INRA 50	0,000 ***	0,000 ***	0,412	0,997 **	0,214	0,582	0,000 ***	
INRA 53	0,002 **	0,043 *	0,093	0,082	0,043 *	0,888	0,521	
INRA 63	0,045 *	0,064	0,084	1,000 ***	0,024 *	0,317	0,010 **	
INRA 64	0,029 *	0,353	0,005 ***	0,348	0,094	0,489	0,147	
INRA 72	0,204	0,941	0,134	0,990 **	0,656	0,256	0,596	
ETH 131	0,469	0,221	0,386	0,032 *	0,434	0,585	0,117	
ETH 152	0,986 *	0,970 *	0,841	0,784	0,953 *	0,931	0,981 **	
ETH 225	0,343	0,877	0,374	0,884	0,074	0,901	0,879	

⁽¹⁾ .000 = disequilibrio
1.000 = equilibrio

Tab. IV. Coefficienti di difetto di eterozigoti ⁽¹⁾ per i soggetti a groppa doppia e semplice. I soggetti a groppa doppia sono suddivisi per province ad alta (HGS) e bassa similarità genetica (LGS).

Marcatori	Tipo di groppa			Province			
	Groppa doppia	Soggetti a groppa doppia HGS	LGS	Soggetti a groppa semplice	Asti	Torino	Cuneo
INRA 5	0,076	0,191 *	0,017	0,500 **	-0,182	0,066	0,152
INRA 6	0,021	-0,048	0,094	-0,154	0,000	0,161	0,000
INRA 11	-0,019	0,042	-0,137	0,000	-0,438 **	-0,037	0,069
INRA 13	-0,201 *	-0,052	-0,367 **	-0,185 *	-0,069	-0,188	-0,211
INRA 16	-0,061	0,041	-0,141	0,170	-0,077	-0,188	0,002
INRA 23	-0,085	-0,101	-0,083	-0,379 **	-0,550 ***	0,054	-0,031
INRA 25	-0,068	0,086	-0,208 *	0,250 *	0,364 **	-0,466 **	-0,058
INRA 27	-0,192 *	-0,070	-0,377 **	-0,064	0,000	-0,204	-0,199
INRA 31	0,022	0,024	0,114	0,078	-0,333 **	0,083	0,180
INRA 32	-0,087	-0,199 *	0,029	-0,057	-0,069	-0,044	-0,075
INRA 35	-0,344 **	-0,198 *	-0,452 ***	-0,298 **	-0,069	-0,629 ***	-0,342 **
INRA 37	-0,348 **	-0,343 **	-0,336 **	-0,431 **	-0,550 ***	-0,473 **	-0,270 *
INRA 50	-0,200 *	-0,169	-0,294 **	0,125	-0,325 **	-0,015	-0,203
INRA 53	-0,122	0,039	-0,236 *	0,038	0,000	0,066	-0,113
INRA 63	-0,165	0,073	-0,380 **	0,000	-0,357 **	0,102	-0,165
INRA 64	-0,344 **	-0,279 *	-0,424 ***	-0,064	-0,667 ***	-0,071	-0,315 *
INRA 72	-0,049	0,060	-0,081	0,048	-0,069	-0,071	-0,032
ETH 131	-0,018	0,026	-0,071	-0,102	-0,100	-0,025	-0,005
ETH 152	0,098	0,180	0,087	0,222 *	0,241 *	0,219	0,116
ETH 225	0,022	0,101	-0,075	-0,043	-0,486 **	0,230	0,068

⁽¹⁾ valori negativi = difetto di eterozigosi

* = P < 0,05

** = P < 0,01

*** = P < 0,001

è possibile, con questi dati, optare con certezza per una delle due motivazioni ipotizzabili e cioè maggior indice di parentela tra i soggetti del gruppo HGS o maggior omogeneità intorno al precedente obiettivo elettivo ancora poco interessato al nuovo modello morfo-funzionale e quindi al nuovo genotipo. Peraltro come già visto il fatto che gli LGS siano più variabili ma più distanti dalla originaria popolazione non a groppa doppia suggerisce che questi soggetti tendono al nuovo obiettivo selettivo ma non hanno raggiunto una adeguata stabilità genetica.

Un contributo interessante alla interpretazione del fenomeno ci viene dai risultati esposti nella Tabella III, che per ciascuna sottopopolazione *a priori* o *a posteriori*, riporta la significatività del rispetto delle proporzioni di Hardy-Weinberg.

Si rileva che diversi microsatelliti sono in significativo disequilibrio nella popolazione dei soggetti a groppa doppia, al contrario della popolazione a groppa semplice, cosa confermata, ma in minor misura, nelle sottopopolazioni a groppa doppia sia *a priori* (Province di origine) che *a posteriori* (HGS ed LGS). Solo il microsatellite ETH152 risulta sempre tendente al pieno equilibrio.

Tutto ciò è confermato dai risultati della Tabella IV che riporta, per le stesse sottopopolazioni, i coefficienti di difetto di eterozigoti. Si rileva la prevalente tendenza verso l'omozigosi, significativa per molti marcatori, che talora coincidono con quelli in forte disequilibrio per le proporzioni di Hardy-Weinberg.

I valori medi delle misurazioni somatiche eseguite durante le prove di performance (corrette secondo l'Animal Model) e di alcuni loro rapporti sono riportati nelle Tabelle V e VI insieme all'indice di valutazione soggettiva dei referees.

Si evidenzia che per nessuna delle misurazioni somatiche le differenze tra le province di origine dei soggetti o tra le sottopopolazioni HGS ed LGS raggiungono livelli di significanza statistica probabilmente a causa della elevata variabilità intragruppo. Gli errori standard risultano infatti particolarmente elevati soprattutto per le province di Torino e Asti.

Ci sembra comunque interessante rilevare che tra le province, i soggetti di provenienza Cuneo hanno le minori dimensioni (ma non delle natiche) ed ottengono il più basso punteggio dai referees, ma formano un gruppo particolarmente omogeneo per tutte le misure come evidenziano i bassi errori standard.

Tab. V. Valori medi e std error delle misure somatiche e di alcuni rapporti del totale dei soggetti considerati, delle sottopopolazioni HGS e LGS.

	Totale	HGS		LGS	
	Medie	Medie	Std Err	Medie	Std Err
Altezza garrese	118,27	118,07	± 0,397	118,52	± 0,442
Altezza croce	126,03	126,02	± 0,361	126,04	± 0,402
Altezza torace	61,05	61,04	± 0,218	61,05	± 0,243
Lunghezza tronco	141,52	141,51	± 0,609	141,54	± 0,678
Profondità torace	76,88	76,87	± 0,207	76,88	± 0,230
Lunghezza groppa	50,22	50,22	± 0,166	50,23	± 0,185
Larghezza petto	40,26	40,11	± 0,169	40,44	± 0,188
Larghezza torace	43,75	43,58	± 0,150	43,97	± 0,167
Larghezza bisiliaca	43,18	43,18	± 0,001	43,18	± 0,225
Larghezza bisarticolare	45,48	45,35	± 0,202	45,64	± 0,225
Larghezza bisischiatrica	38,78	38,65	± 0,175	38,94	± 0,194
Lunghezza testa	43,55	43,77	± 0,266	43,29	± 0,296
Circonferenza torace	182,22	181,75	± 0,565	182,80	± 0,629
Circonferenza stinco	18,87	18,89	± 0,075	18,84	± 0,078
Circonferenza natiche	140,50	140,95	± 1,236	140,00	± 1,297
Peso a 150 giorni	161,12	160,61	± 1,151	161,75	± 1,281
Peso a 300 giorni	315,62	316,09	± 4,502	315,04	± 5,009
Peso A 430 giorni	431,53	431,45	± 3,918	431,63	± 4,359
(Bisil + Bisisch)/AlGar	0,693	0,693	± 0,001	0,693	± 0,001
LunTron/LunGroppa	2,818	2,818	± 0,003	2,818	± 0,003
LunTron/CirTor	0,777	0,779	± 0,003	0,774	± 0,003
AlGar/CirStin	6,278	6,268	± 0,012	6,290	± 0,012
LarTor/AlTor	0,717	0,714	± 0,003	0,720	± 0,003
ProTor/AlGar	0,650	0,651	± 0,001	0,649	± 0,001
LarPett/AlGar)	0,340	0,340	± 0,001	0,341	± 0,001
CirNat/Peso 430 gg	0,325	0,325	± 0,004	0,325	± 0,004
CirNat/AlGar	1,186	1,191	± 0,010	1,182	± 0,011
Peso a 430 gg/AlGar	3,647	3,653	± 0,023	3,640	± 0,025
Peso a 430 gg/LunTro	3,048	3,047	± 0,014	3,048	± 0,016
Incremento da 150 a 300 gg	1,361	1,353	± 0,033	1,371	± 0,037
Incremento da 150 a 430 gg	1,384	1,367	± 0,026	1,406	± 0,029
Incremento da 300 a 430 gg	1,415	1,385	± 0,040	1,452	± 0,045
Valutazione referees	5,684	5,501	± 0,152	5,902	± 0,166

Al contrario i torelli originari della provincia di Torino hanno le maggiori misure, anche di peso, ed incrementi particolarmente interessanti, ma non sono premiati dai refereees che invece apprezzano maggiormente i soggetti di Asti a misure medie ma, evidentemente, più armoniche.

Tab. VI. Valori medi e std error delle misure somatiche e di alcuni rapporti del totale dei soggetti considerati, delle sottopopolazioni delle province.

	Asti		Cuneo		Torino	
	Medie	Std Err	Medie	Std Err	Medie	Std Err
Altezza garrese	118,95	± 0,938	118,08	± 0,371	118,46	± 0,793
Altezza croce	126,11	± 0,853	125,95	± 0,337	126,24	± 0,721
Altezza torace	61,10	± 0,515	61,00	± 0,203	61,18	± 0,435
Lunghezza tronco	141,66	± 1,440	141,40	± 0,569	141,89	± 1,216
Profondita' torace	76,93	± 0,488	76,84	± 0,193	77,00	± 0,413
Lunghezza groppa	50,26	± 0,392	50,19	± 0,155	50,32	± 0,332
Larghezza petto	40,48	± 0,403	40,19	± 0,159	40,50	± 0,340
Larghezza torace	44,09	± 0,362	43,67	± 0,143	43,93	± 0,306
Larghezza bisiliaca	43,23	± 0,478	43,14	± 0,189	43,30	± 0,404
Larghezza bisarticolare	45,55	± 0,477	45,43	± 0,188	45,82	± 0,403
Larghezza bisischiatrica	38,85	± 0,412	38,74	± 0,163	39,10	± 0,348
Lunghezza testa	43,40	± 0,635	43,50	± 0,251	43,71	± 0,536
Circonferenza torace	182,42	± 1,334	182,08	± 0,527	183,32	± 1,128
Circonferenza stinco	18,99	± 0,181	18,83	± 0,067	18,95	± 0,148
Circonferenza natiche	137,75	± 2,940	140,83	± 1,091	139,50	± 2,398
Peso a 150 giorni	164,75	± 2,607	160,39	± 1,030	159,82	± 2,203
Peso a 300 giorni	312,66	± 10,573	315,49	± 4,179	319,94	± 8,936
Peso A 430 giorni	432,44	± 9,250	430,76	± 3,656	433,89	± 7,818
(Bisil+Bisisch)/AlGar	0,690	± 0,003	0,693	± 0,001	0,696	± 0,002
LunTron/LunGroppa	2,818	± 0,006	2,817	± 0,003	2,819	± 0,005
LunTron/CirTor	0,777	± 0,006	0,777	± 0,003	0,774	± 0,005
AlGar/CirStin	6,319	± 0,028	6,273	± 0,010	6,265	± 0,023
LarTor/AlTor	0,722	± 0,007	0,716	± 0,003	0,718	± 0,006
ProTor/AlGar	0,647	± 0,002	0,651	± 0,001	0,650	± 0,002
LarPett/AlGar)	0,340	± 0,002	0,340	± 0,001	0,342	± 0,001
CirNat/Peso 430 gg	0,313	± 0,009	0,327	± 0,003	0,319	± 0,007
CirNat/AlGar	1,148	± 0,024	1,192	± 0,009	1,175	± 0,019
Peso a 430 gg/AlGar	3,633	± 0,054	3,647	± 0,021	3,662	± 0,046
Peso a 430 gg/LunTro	3,051	± 0,034	3,045	± 0,013	3,057	± 0,029
Incremento da 150 a 300 gg	1,299	± 0,077	1,367	± 0,031	1,390	± 0,065
Incremento da 150 a 430 gg	1,333	± 0,060	1,383	± 0,024	1,419	± 0,051
Incremento da 300 a 430 gg	1,378	± 0,096	1,404	± 0,038	1,458	± 0,081
Valutazione referees	6,004	± 0,359	5,626	± 0,144	5,815	± 0,304

Tra le sottopopolazioni HGS e LGS quest'ultima sembra leggermente (mai significativamente) prevalere per molte misure soprattutto per gli incrementi; molto più interessante è la variabilità intragruppo più elevata per tutti i parametri nel gruppo geneticamente più disomogeneo (LGS).

DISCUSSIONE

La struttura genetica della razza bovina Piemontese presenta una grande disuniformità evidenziata dalla variabilità genetica, dal mancato rispetto delle proporzioni di Hardy-Weinberg e dal significativo difetto o eccesso di eterozigosi di molti microsatelliti. Anche la rassomiglianza genetica tra tutti i soggetti della popolazione analizzata e nell'ambito delle sottopopolazioni considerate, conferma la storia recente della razza, che dopo alterne vicende, solo da pochi anni ha chiaramente individuato un unico obiettivo selettivo verso il quale tendono oggi le scelte di miglioramento.

Il breve percorso genetico compiuto rende più disomogenee le punte avanzate del processo di selezione (sottopopolazione LGS) ed i soggetti con parametri morfo-funzionali più favorevoli alla produzione di carne sono quelli più distanti geneticamente dal resto della popolazione e, ancor più, dagli originari soggetti a groppa doppia.

Tutto ciò è confermato dai parametri di conformazione dei soggetti sottoposti a prove di performance e quindi scelti con caratteristiche morfologiche rispondenti (almeno alla giovane età e nei genitori) agli obiettivi selettivi.

Ci sembra infine opportuno sottolineare la coincidenza nella sottopopolazione LGS della maggiore disomogeneità dei genotipi individuali e della più elevata variabilità dei parametri morfo-funzionali. Ciò rende possibili ipotesi su relazioni tra caratteri di interesse produttivo e marcatori del DNA avvalorate anche dal coinvolgimento di alcuni microsatelliti (quelli in disequilibrio) nelle azioni di miglioramento, ma anche dalla presenza di microsatelliti del tutto non interessati (quelli in equilibrio) dalle scelte selettive operate sui caratteri oggetto delle prove di performance.

BIBLIOGRAFIA

- BLOTT S.C., WILLIAMS J.L., HALEY C.S. (1999). Discriminating among cattle breeds using genetic markers. *Heredity*, 82: 613-619.
- CAVALLI SFORZA L.L., EDWARDS A.W.F. (1967). Phylogenetic analysis, models and estimation procedures. *An. Jour. of Human Genetics.*, 19: 233-257.
- CIAMPOLINI R., CIANCI D. (1994a). Metodologie genomiche per la individuazione della razza di appartenenza di un soggetto o di un suo tessuto. *Italian beef cattle contest*. 224-229. Perugia 16-18 settembre 94

- CIAMPOLINI R., GROHS C., LEOTTA R., LEVEZIEL H., CIANCI D. (1994b). Use of microsatellites to investigate genetic diversity in four italian beef cattle breeds. XXIV Int. Conf. Anim. Gen. Prague, 23-29 July 94.
- CIAMPOLINI R., MOZAMBI-GOUDARZI K., VAIMAN D., DILLMANN C., MAZZANTI E., FOULLEY J.L., LEVEZIEL H., CIANCI D. (1995a). Individual multilocus genotypes using microsatellite polymorphism permit the analysis of the genetic variability within and between italian beef cattle breeds. *Journal Animal Science*, 73: 3259-3268.
- CIAMPOLINI R., PALAZZO M., MATASSINO D., MAZZANTI E., CIANCI D. (1995b). I marcatori microsatelliti per l'analisi della variabilità genetica di bovini marchigiani con traslocazione robertsoniana 1/29 Congresso S.I.S.V.E.T. Salsomaggiore, Sett. Ott. 1995.
- CIAMPOLINI R., VAIMAN D., MAZZANTI E., LEVEZIEL H., CIANCI D. (1995c). Analisi del Polimorfismo di marcatori microsatelliti mediante sequenziatore automatico per lo studio della variabilità genetica della razza bovina Marchigiana. XII Congresso ASPA 171-172. Grado, Giugno 1995.
- CIAMPOLINI R., MAZZANTI E., CIANCI D. (1996). La razza Romagnola: analisi della variabilità genetica mediante l'impiego di marcatori microsatelliti. Convegno Sisvet, Perugia, Sett. 1996.
- CIAMPOLINI R., MAZZANTI E., LEVEZIEL H., GROHS C., CIANCI D. (1996a). Analysis of genetic variability within the Piemontese cattle breed using microsatellite polymorphism and research of association between individual multilocus genotypes and quantitative traits ISAG, Congress Tours, July 1996.
- CIAMPOLINI R., MAZZANTI E., LEVEZIEL H., GROHS C., CIANCI D. (1996b). La caratterizzazione genetica delle razze autoctone con metodologie di genetica molecolare, Convegno "Ruolo del Germoplasma animale", Bari, Sett. 1996.
- CIAMPOLINI R., MAZZANTI E., AMARANTI R., CIANCI D. (1997). Il genotipo multilocus individuale (GMI) applicato allo studio della variabilità genetica della razza bovina Frisone. Congresso Nazionale ASPA Pisa, 23-26 Giugno 1997.
- CIAMPOLINI R., MAZZANTI E., MORRONI S., AMARANTI R., CIANCI D. (1997b). Metodologie per il riconoscimento dei tipi genetici idonei alla produzione di carni di qualità. Accademia dei Georgofili, Firenze, Luglio 97.
- CIANCI D., CIAMPOLINI R., MAZZANTI E. (1995). Individual multilocus genotype using microsatellite markers for the analysis of the genetic variability between and within breeds. *Medit. Anim. Germoplasm and Future Human Challenge*, Benevento, 143-146, Nov. 1995.
- CIANCI D., CIAMPOLINI R., MAZZANTI E. (1996). L'applicazioni del genotipo multilocus individuale alla stima della variabilità genetica. Ponticelli, 29 ottobre 1996.
- CIANCI D., CIAMPOLINI R., MAZZANTI E. (1997). La caratterizzazione genetica delle razze autoctone con metodologie di genetica molecolare. Tavola Rotonda su "Biodiversità genetiche autoctone quali risorse economiche del territorio", Congresso Nazionale ASPA, Pisa, 23-26 Giugno 1997.
- FLEMING J.S., GREENWOOD P.J., CHEN C.L. (1992). Expression of the clusterin gene in the tissues of Booroola sheep which were homozygotes or non-carriers of the fecundity gene FecB. *J Mol Endocrinol*, 9: 207-211.
- GROBET L., MARTIN R., PONCELET D., PIROTTIN D., BROUWERS B., RIQUET J., SCHOEBERLEIN A., DUNNER S., MENISSIER F., MASSABANDA J.,

- FRIES R., HANSET R., GEORGES M. (1997). A deletion in the bovine myostatin gene causes the double-muscled phenotype in cattle. *Nature Genetics*, 17: 71-74.
- JEANPIERRE M. (1987). A rapid method for purification of DNA from blood. *Nucleic Acids Res.*, 15: 9611.
- KAMBADOUR R., SHARMA M., SMITH T.P.L., BASS J.J. (1997). Mutations in myostatin (GDF8) in double-muscled Belgian Blue and Piemontese cattle. *Genome Research*, Vol. 7, n. 9: 910-915.
- MAC HUGH D.E., LOFTUS R.T., CUNNINGHAM P., BRADLEY D.G. (1998). Genetic structure of seven European cattle breeds assessed using 20 microsatellite markers. *Animal Genetics*, 29: 333-340.
- MALETTO S., (1977). Origini, evoluzione e prospettive attuali e future della Razza bovina Piemontese. Edagricole, Bologna.
- McPHERRON A.C. and SE-JIN L. (1997). Double muscling in cattle due to mutations in the myostatin gene. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 94: 12457-12461.
- MONTGOMERY G.W., LORD E.A., PENTY J.M., DODDS K.G., BROAD T.E., CAMBRIDGE L., SUNDEN S.L., STONE R.T., CRAWFORD A.M. (1994). The Booroola fecundity (FecB) gene maps to sheep chromosome. *Genomics*, 22(1): 148-53 1994 Jul 1.
- PEELMAN L.J., MORTIAU.X.F., VAN ZEVEREN A., DANSERCOER A., MOMMENS G., COOPMAN F., BOUQUET Y., BURNY A., RENAVILLE R., PORTETTELLE D. (1998). Evaluation of the genetic variability of 23 bovine microsatellite markers in four Belgian cattle breeds. *Animal Genetics*, 29: 161-167.
- SMITH P.O.W.S, HUDSON N.L, SHAW L., HEATH D.A., CONDELL L., PHILLIPS D.J., MCNATTY K.P. (1993). Effects of the Booroola gene (FecB) on body weight, ovarian development and hormone concentrations during fetal life. 98: 41-54.
- STEFFEN P., EGGEN A., DIETZ A.B., WOMACK J.E., STRANZINGER G., FRIES R. (1993). Isolation and mapping of polymorphic microsatellites in cattle. *Anim. Genet.*, 24: 121-124.
- VAIMAN D., MERCIER D., MOAZAMI-GOURDARZI K., EGGEN A., CIAMPOLINI R., LÉPINGLE A., VELMALA R., KAUKIEN J., VARVIO S.L., MARTIN P., LEVEZIEL H. (1994). A set of 99 cattle microsatellites: Characterization, synteny mapping and polymorphism. *Mamm. Genome*, 5: 288.
- VALLADA D. (1872). *Abbozzo di Tecnologia o Cenno Zootecnico e Zoografico del bue e delle principali razze bovine d'Europa*. UTET, Torino.