



UNIVERSITÀ DEGLI STUDI DI PERUGIA

DIPARTIMENTO DI SCIENZE AGRARIE, ALIMENTARI E
AMBIENTALI

UNITÀ DI RICERCA DI SCIENZE ZOOTECNICHE
CORSO DI LAUREA MAGISTRALE INTERDIPARTIMENTALE

IN SCIENZE ZOOTECNICHE

Tesi di Laurea

***“Studio della variabilità genetica della razza bovina Limousine
allevata in Umbria”***

“Genetic variability of Limousine breed reared in Umbria”

Il Laureando

Eleonora Grillo

Eleonora Grillo

Il Relatore

Chiar.ma Prof.ssa Francesca M. Sarti

Francesca Maria Sarti

Il Co-Relatore

Chiar.mo Prof. Camillo Pieramati

Camillo Pieramati

Anno Accademico 2019-2020

SOMMARIO

1. INTRODUZIONE	5
STORIA DELLA RAZZA BOVINA LIMOUSINE.....	5
CARATTERISTICHE FISICHE E CARATTERI FUNZIONALI....	7
LA VALUTAZIONE DELLA RAZZA LIMOUSINE	9
LA SELEZIONE GENETICA.....	11
ENDOG PER L'ANALISI DELLE INFORMAZIONI DI PEDIGREE.....	13
2. SCOPO DELLA TESI	15
3. MATERIALI E METODI	16
4. RISULTATI	22
5. CONCLUSIONI	31
6. BIBLIOGRAFIA e SITOGRAFIA	32

RIASSUNTO

In questa tesi si è voluta analizzare la situazione della razza Limousine allevata in Umbria. Dall'Associazione Nazionale Allevatori delle razze bovine Charolaise e Limousine Italiane (ANACLI) è stato fornito un dataset che conteneva tutti gli animali umbri e le relativa genealogia per un totale di 9.535 individui. Con il software Pedigree Viewer è stato costruito il file genealogico e poi un file di input per l'analisi con il software Endog.

I dati rilevano una forte riduzione della variabilità genetica nella popolazione locale dimostrata anche da un elevato valore del rapporto f_b/f_a che sta a confermare la presenza di un collo di bottiglia; questi risultati sono confortati anche da un lavoro condotto su tutta la popolazione allevata in Italia.

Importante per il futuro sarà: utilizzare i parametri ottenuti con Endog (parentela media, coefficiente di consanguineità, indice di conservazione genetica) per pianificare gli accoppiamenti programmati e utilizzare la genomica per aumentare il progresso genetico dei caratteri riproduttivi, monitorare la consanguineità e definire strategie appropriate per il mantenimento della variabilità genetica.

ABSTRACT

The aim of this thesis is to analyze the situation of the Limousine breed reared in Umbria. The National Association of Breeders of Italian Cattle Charolaise and Limousine (ANACLI) provided a dataset that contained all the animals reared in this Region and their genealogy for a total of 9,535 individuals. With the Pedigree Viewer software was computed the genealogical file and then an input file for analysis with the Endog software.

The data show a strong reduction of genetic variability in the local population also demonstrated by a high f_e/f_a ratio that confirms the presence of a bottleneck; these results are also confirmed by a paper that examined the entire Limousine population reared in Italy.

For the future will be important: to utilize the Endog parameters (average relatedness, coefficient of inbreeding, genetic conservation index) to plan the matings and to use genomics to increase the genetic gain of reproductive traits, to avoid inbreeding and to define appropriate strategies for maintaining genetic variability.

1. INTRODUZIONE

STORIA DELLA RAZZA BOVINA LIMOUSINE



Immagine di bovino sulle pareti di Lascaux

La storia della Limousine è molto antica, i disegni ritrovati nelle grotte di Lascaux vicino a Montignac (Francia) testimoniano come già a quei tempi la Limousine fosse conosciuta e apprezzata. La razza Limousine è originaria del Limousin, a ovest del Massiccio centrale della Francia, e proprio da qui prende il nome con cui tutti noi la conosciamo. La regione è caratterizzata da suoli poco profondi e terreni acidi poveri di calcio e fosforo, comprende altitudini che variano dai 200 ai 700 metri s.l.m. e possiede un clima contraddistinto da estati calde e inverno molto rigidi con precipitazioni abbondanti. Le peculiarità del territorio hanno contribuito a selezionare una razza capace di adattarsi ad ambienti difficili. Infatti, mentre in inverno la maggior parte dei bovini nei paesi europei veniva accolto in apposite strutture, quelli appartenenti a questa razza venivano lasciati allo stato brado anche nei mesi più freddi.



Bovini di razza Limousine allevati allo stato brado

Per questo motivo, la razza si è diffusa in numerosi paesi in Europa e fuori dall'Europa. Negli ultimi decenni, si è espansa in molte regioni ed è oggi presente in 64 diversi paesi dei 5 continenti tra cui ricordiamo Sud America, Canada, Stati Uniti e Gran Bretagna.

La razza Limousine insieme alla Charolais sono state esportate in tutto il mondo per scopi produttivi in puro o in sistemi incrociati (Bouquet et al.2011). I loro caratteri funzionali e le loro caratteristiche fisiche fanno sì che esse siano considerate le razze da carne francesi principali. Queste stanno assumendo, giorno dopo giorno, maggiore importanza in termini di animali allevati in Italia; la Limousine, infatti, è oggi la seconda razza da carne in Italia solo dopo la Piemontese. In Italia gli animali sono iscritti ai libri genealogici di Limousine e Charolais che vengono controllati dall' Associazione Nazionale Allevatori Razze bovine Charolais e Limousine Italiane (ANACLI).

CARATTERISTICHE FISICHE E CARATTERI FUNZIONALI

La Limousine è una razza di antiche origini, appartenente al gruppo delle “razze rosse” brachicere europee molto presente in tutto il mondo. Un tempo a triplice attitudine, negli ultimi 150 anni è stata selezionata per la produzione di carne.

Presenta un mantello di colore fromentino vivo, privo di pigmentazioni, con cerchi più chiari intorno agli occhi e al muso e sfumature di un colore più chiaro sulle gambe. La morfologia è tipica delle razze da carne: testa leggera e corta con un’ampia fronte, collo corto e muscoloso, spalle e cosce muscolose, arti corti e muscolosi, tronco lungo e cilindrico. L’altezza media è di 145cm al garrese. I tori raggiungono in età adulta un peso che varia tra i 10 e i 12 quintali, mentre le femmine raggiungono un peso che varia tra i 5,5 e gli 8 quintali.

I caratteri funzionali che contraddistinguono questa razza sono:

- **RUSTICITA’**: non è particolarmente elevata; infatti è una razza suscettibile a malattie e dismetaboliche;
- **FERTILITA’**: buona capacità materna, facilità al parto 97-98% con una fecondità del 94%;
- **PRODUZIONE DI LATTE**: è sufficiente allo svezzamento dei vitelli;
- **PRODUZIONE CARNE**: i vitelloni raggiungono pesi alla macellazione di 6,5-7 ql. all’età di 20-24 mesi, con una resa al macello del 63-65% del peso vivo, I.P.M.G (incremento peso medio giornaliero) è di 1200-1350 g in fase di ingrasso e di 1,160 Kg in fase di nascita/svezzamento, I.C.A (indice di conversione alimentare) è di 6,6 Kg di sostanza secca. (Giorgetti A. et al., 1988; Lucifero M. et al., 1990; Giorgetti A. et al., 1991; Giorgetti A. et al., 1992).

Il punto di forza di questa razza, di particolare interesse per l’allevatore, è che tali caratteri funzionali vengono mantenuti quasi del tutto

inalterati che con l'adozioni di sistemi di allevamento molti diversi tra loro. Quindi tali animali possono essere allevati sia in intensivo, semintensivo o addirittura semiestensivo.

Altro punto di forza per gli allevatori che si avvicinano ad altre tipologie di allevamento, quale ad esempio quello biologico, riguarda il fatto che, anche in condizioni diverse, questa razza riesce a produrre carni di elevata qualità sia dal punto di vista sensoriale che dietetico. Infatti l'allungamento del periodo di accrescimento nell'allevamento biologico, con input alimentari più modesti rispetto ai sistemi intensivi, obbliga solitamente a macellare ad età relativamente avanzate, con diminuzione della tenerezza e delle caratteristiche nutrizionali delle carni. (Lucifero M. & Giorgetti A., 1988; Giorgetti A. & Poli B.M., 1991).

Nella razza Limousine tutto questo non accade. Infatti la sua precocità commerciale rende molto proficuo l'utilizzo del pascolo per lunghi periodi senza significativi rallentamenti nella crescita. Quest'ultimo comporta non solo una diminuzione complessiva del contenuto in grasso delle carni ma anche un aumento della quota di acidi grassi insaturi e polinsaturi a discapito degli acidi grassi saturi; si ha quindi un vantaggio nelle caratteristiche dietetiche del prodotto (<http://www.anacli.it/libro-genealogico/razze/limousine>).

Il Libro Genealogico e lo Standard di razza

Il Libro Genealogico (L.G.), è lo strumento primario dell'attività di selezione, promozione, conservazione, diffusione e valorizzazione sia sul piano genetico che economico delle diverse specie e razze di interesse zootecnico e garantisce una continuità storica, sociale e culturale. Attraverso il Libro Genealogico si individuano quali possano essere gli obiettivi di selezione ed uno standard di razza che riesca a soddisfare le numerose richieste da parte degli allevatori in base alla domanda di mercato garantendo contemporaneamente la conservazione

delle caratteristiche originali. Il Libro Genealogico è regolato da un disciplinare e da norme tecniche che definiscono, oltre ai caratteri generali, anche quelli di razza, tra i quali la statura e il colore del mantello.

LA VALUTAZIONE DELLA RAZZA LIMOUSINE

La valutazione morfologica viene eseguita fra i 6 e i 15 mesi di età dagli esperti di razza e viene effettuata mediante il rilevamento di 24 elementi di giudizio, costituiti da 23 caratteri morfologici o funzionali individuali e da una nota sulle condizioni generali d'ingrasso dell'animale.

Per ogni elemento di giudizio si esprime un punteggio che può variare da 1 a 10 secondo la seguente progressione:

- 1-2 molto scadente;
- 3-4 scadente;
- 5-6 normale;
- 7-8 buono,
- 9-10 molto buono.

Diciotto dei 23 Caratteri presi in esame sono raggruppati sulla scheda in 4 categorie omogenee. E' prevista per ogni categoria la somma dei punti assegnati a ciascun carattere; le 4 sommatorie esprimono il giudizio sull'animale. I rimanenti 5 caratteri che non rientrano nelle categorie precedenti, hanno unicamente funzione descrittiva.

I tre raggruppamenti di caratteri sono:

Sviluppo muscolare (SM):

Esprime un giudizio sulla conformazione muscolare dell'animale, valutandone: larghezza al garrese, larghezza del dorso, convessità della natica, larghezza del posteriore, spessore dei lombi, lunghezza della natica.

Lo spessore dei lombi è preso in carico due volte nella sommatoria, per farne risaltare maggiormente l'influenza sulla nota finale, espressa in settantesimi.

Sviluppo scheletrico (SS):

Esprime un giudizio sulla conformazione scheletrica dell'animale e sul suo sviluppo, valutando: lunghezza dorso-lombare, lunghezza del bacino, larghezza delle anche, sviluppo.

La valutazione di quest'ultimo carattere è presa in carico due volte, nella sommatoria la nota finale è espressa in cinquantesimi.

Caratteri funzionali (CF):

Sono raggruppati in questa sezione caratteri attinenti alle varie funzioni vitali dell'animale: larghezza del musello, appiombi anteriori, appiombi posteriori, linea dorso-lombare, cintura retro-scapolare.

La nota globale è espressa in cinquantesimi.

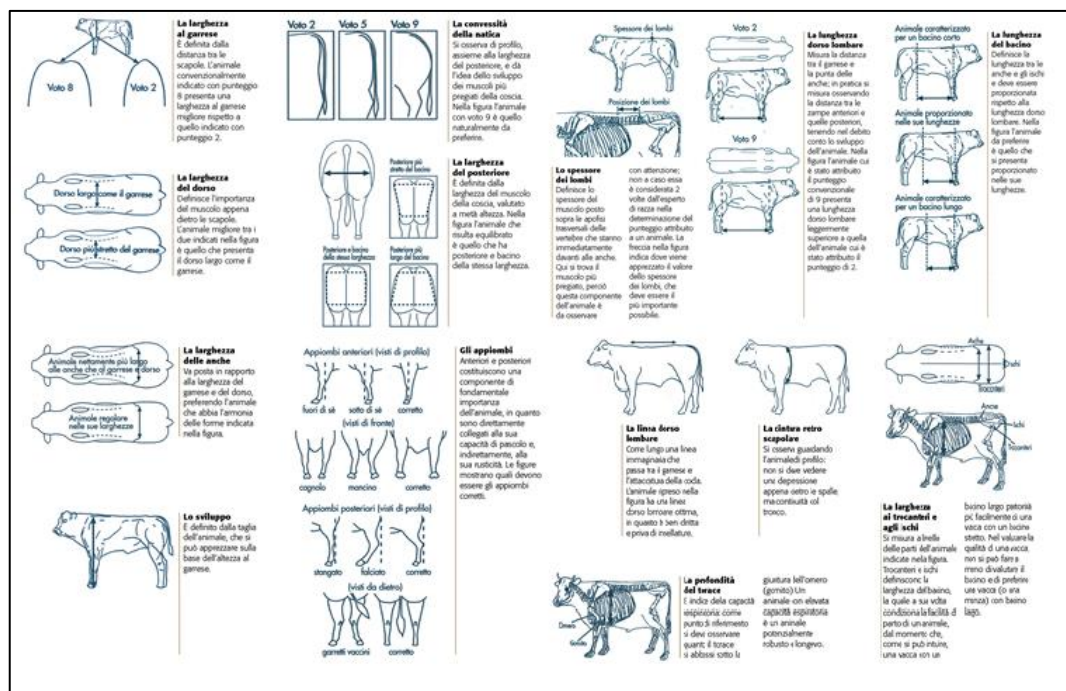
Caratteri di razza (CR):

Si valutano in questa sezione, per l'attinenza allo standard razziale: la testa, il mantello, l'armonia delle forme. La nota complessiva è espressa in trentesimi.

Condizioni di ingrasso:

Nota di giudizio sullo stato di nutrizione dell'animale al momento della valutazione morfologica: il punteggio va da uno a dieci con lo stesso criterio precedentemente descritto.

Hanno funzione di completamento della descrizione dell'animale, ma non influiscono sulle quattro note sintetiche di giudizio i seguenti caratteri: spessore degli stinchi, profondità del torace, larghezza del torace, larghezza ai trocanteri, larghezza agli ischi.



LA SELEZIONE GENETICA

Per la selezione di questa razza si è partiti quindi da un patrimonio genetico molto antico e pregevole sul quale ha operato, con successo, un ottimo lavoro di selezione, iniziato già a partire dalla seconda metà del XIX secolo.

In Italia gli animali sono iscritti ai libri genealogici di Limousine e Charolais che vengono controllati dall' Associazione Nazionale Allevatori Razze bovine Charolais e Limousine Italiane (ANACLI).

I libri genealogici di Limousine e Charolais sono chiusi, e l'unica via da cui dipende il flusso genetico è l'uso di animali stranieri selezionati (principalmente francesi) precedentemente accettati dall'associazione degli allevatori. Gli animali selezionati hanno un effetto positivo sul miglioramento genetico del paese importatore ma allo stesso tempo, potrebbe aumentare la possibilità di consanguineità perché molti di loro sono strettamente legati (<http://www.anacli.it/libro-genealogico/razze/limousine>).

La conoscenza della struttura intra-popolazione e della variabilità utilizzando i dati genealogici, consente la stima di alcuni parametri, come la consanguineità, l'effettiva dimensione della popolazione e gli intervalli di generazione. Queste informazioni forniscono una base efficace per l'appropriata gestione delle risorse genetiche, fruttando il beneficio della massima diversità nella selezione e/o i programmi di conservazione (Gutierrez et al., 2003), strategie di allevamento (Carneiro et al., 2007), evoluzione e/o storia delle generazioni (Valera et al., 2005).

Oggi, la razza è anche coinvolta nel progetto di sviluppo rurale per il miglioramento genetico delle popolazioni bovine allevate in Italia (IBEEF) e, in questo contesto, gli indici genetici saranno sviluppati seguendo un approccio genomico sia per i caratteri classici quali la crescita, la morfologia e i parametri riproduttivi sia per caratteri innovativi come resistenza al calore e longevità funzionale. Per attivare e rendere funzionale un programma selettivo di questo genere è importante conoscere nel dettaglio i parametri della popolazione studiata e, in modo particolare, la sua struttura e la consanguineità.

Infine, l'efficienza riproduttiva delle femmine è un fattore rilevante per la redditività economica del sistema di produzione del bestiame (Berry et al., 2014), principalmente a causa del costo di mantenimento dei capi nella mandria (Malhado et al., 2013). Tra i caratteri riproduttivi, età al primo parto (AFC) e interparto (CI) giocano un ruolo importante nel sistema produttivo dei bovini da carne (Berry et al. 2014). Femmine che partoriscono presto e regolarmente nella vita tendono a produrre una quantità maggiore di vitelli in un tempo minore (Åby et al., 2012), incrementando la vita riproduttiva delle femmine (Short et al., 1994) e ottimizzando il ritorno d'investimento. Infatti, è importante valutare i parametri genetici di questi caratteri al fine di massimizzare la risposta alla selezione e osservare i trend genetici e fenotipici, che consentono di quantificare quanto del guadagno annuale della mandria è dovuto alla genetica e anche di verificare i possibili effetti ambientali (Vergara et al., 2009). La produttività di una mandria è elevata quando si dà la priorità

all'accoppiamento di individui geneticamente superiori (Boligon et al., 2008). D'altra parte, questo processo fa sì che la maggior parte delle razze selezionate vengano considerate come popolazioni di dimensione limitata in relazione ad un contributo disuguale di un numero limitato di animali riproduttori. Questa situazione, specialmente se è sottoposta ad un costante programma di selezione, è considerata la causa maggiore di consanguineità (Pedrosa et al., 2010). In queste popolazioni, teoricamente, non vi è alcuna introduzione di animali da altre mandrie, e quelli considerati inappropriati per la riproduzione sono scartati con conseguente aumento delle frequenze degli alleli selezionati, ma anche con il problema di una riduzione della variabilità genetica complessiva (De Rezende et al., 2020).

ENDOG PER L'ANALISI DELLE INFORMAZIONI DI PEDIGREE

Il software Endog (4.8) è un programma di genetica della popolazione per computer che conduce diverse analisi demografiche e genetiche sulle informazioni genealogiche in modo semplice. Il programma è utile sia ai ricercatori che agli allevatori per monitorare i cambiamenti nella variabilità genetica e nella struttura della popolazione attraverso la preparazione precedente di una quantità limitata di dataset. Il programma, la guida dell'utente e il file di esempio, possono essere scaricati gratuitamente dal Word Wide Web all'indirizzo http://pendientedemigracion.ucm.es/info/prodanim/html/JP_Web.htm.

Le funzioni primarie svolte da ENDOG sono:

- La stima della consanguineità dell'individuo (F) e la media dei coefficienti di parentela (AR);
- la valutazione della completezza del pedigree e la stima della dimensione effettiva della popolazione (N_e) utilizzando le varianze familiari;
- l'identificazione dei fondatori e dei capostipiti ed il loro contributo genetico;

- le F-statistics e le distanze genetiche di ogni sottopopolazione presa in esame;
- la stima degli intervalli generazionali.

2. SCOPO DELLA TESI

Questo lavoro nasce da un duplice interesse: saper utilizzare un software che studia la genetica di popolazione e capire la situazione dell'allevamento della razza Limousine in Umbria data la sua notevole diffusione in tutta la nazione a partire dal 1997 come testimonia uno studio condotto da De Rezende et al., 2020.

A tale scopo ci si è rivolti all'Associazione Nazionale Allevatori delle razze bovine Charolaise e Limousine (ANACLI) che ci ha permesso di utilizzare i dati necessari alla realizzazione della tesi fornendo tutti gli animali umbri corredati dalle relative genealogie.

3. MATERIALI E METODI

I dati per la stesura della tesi sono stati forniti dall'Associazione Nazionale degli Allevatori delle razze bovine Charolaise e Limousine (ANACLI). I capi iscritti al Libro Genealogico dal 2005 al 2019 consistono in: 38.215 vacche, 9.758 manze, 27.838 giovane bestiame e 1.863 tori. I dati forniti sono stati utilizzati per costruire un file genealogico tramite l'utilizzo del software Pedigree Viewer. Successivamente sul dataset di output sono stati calcolati i parametri genetici e demografici mediante l'utilizzo del software Endog v 4.8 (Gutiérrez and Goyache, 2005).



TREND CONSISTENZE 2005 - 2019

LIMOUSINE					
ALLEVAMENTI	VACCHE	MANZE	GB	TORI	ALL. TOTALI
337	9.484	2.568	7.500	475	
393	11.203	3.127	8.618	471	543
421	11.632	3.369	9.773	526	585
426	12.512	3.614	9.677	568	573
457	12.361	3.417	9.789	590	623
636	15.568	4.370	12.375	705	844
740	17.630	4.606	13.934	805	966
849	19.022	4.560	14.851	869	1.080
967	19.937	5.117	16.197	954	1.212
1.097	21.714	5.748	17.765	1.044	1.349
1.464	26.399	7.425	20.625	1.273	1.807
1.685	30.211	8.393	24.129	1.423	2.094
1.565	30.072	7.194	23.707	1.418	1.862
2.014	36.965	9.266	27.795	1.749	2.473
2.096	38.215	9.758	27.838	1.863	2.561

File di input

Dal dataset originale fornito dall'ANACLI, sono stati individuati tutti i soggetti appartenenti alla razza Limousine, identificati mediante il n.53. È stato creato un file “.xls” nel quale sono specificati: a) la matricola del soggetto; b) la matricola del padre; c) la matricola della madre; d) il

sesso; e) la data di nascita. Questo file è stato successivamente processato utilizzando il programma Pedigree Viewer.

	A	B	C	D	E
1	sog_matr	pad_matr	mad_matr	sog_sess	nas_data
2	"	0	0	0 F	12/03/2016
3	"	0	0	0 F	17/06/2016
4	"	0	0	0 F	10/08/2016
5	"	0	0	0 F	23/04/2016
6	"	0	0	0 F	05/05/2016
7	"	0	0	0 F	06/05/2016
8	"	0	0	0 F	08/05/2016
9	"	0	0	0 F	01/06/2016
10	"	0	0	0 F	06/06/2016
11	"	0	0	0 F	09/06/2016
12	"	0	0	0 F	09/06/2016
13	"	0	0	0 F	11/06/2016
14	"	0	0	0 F	13/06/2016
15	"	0	0	0 F	13/06/2016
16	"	0	0	0 F	21/06/2016
17	"	0	0	0 F	23/06/2016
18	"	0	0	0 F	25/06/2016
19	"	0	0	0 F	14/07/2016
20	"	0	0	0 F	26/07/2016
21	"	0	0	0 F	31/07/2016
22	"	0	0	0 F	01/08/2016
23	"	0	0	0 F	03/08/2016
24	"	0	0	0 F	11/08/2016
25	"	0	0	0 F	29/08/2016
26	"	0	0	0 F	30/08/2016
27	"	0	0	0 F	24/08/2016

Il file che ne deriva è un file “.txt” in cui sono indicati: a) SeqID espresso in numeri crescenti che corrispondono rispettivamente alle matricole dei soggetti riordinati per età; b) SeqSire espresso in numeri corrispondenti rispettivamente alle matricole dei padri; c) SeqDam espresso in numeri corrispondenti rispettivamente alle matricole delle madri; d) matricole dei soggetti ordinate in ordine cronologico.

SeqID	SeqSire	SeqDam	ID
1	0	0	53907/20160312
2	0	0	A100413021968
3	0	0	A100716613968
4	0	0	0200000001014015
5	0	0	020011000141310
6	0	0	D1011460959134
7	0	0	D101570290011
8	0	0	D1015703900160
9	0	0	D101673133330
10	0	0	D1140010046002
11	0	0	DK1104200015
12	0	0	DK0157900138
13	0	0	DK044670226
14	0	0	F100000015386
15	0	0	F1000000100842
16	0	0	F100000012506
17	0	0	F1000000964
18	0	0	F1002860100620
19	0	0	F1000111486801

Infine, dopo aver ottenuto questi dati, viene preparato il file in formato “.xls” di input da processare con il software Endog v 4.8 che contiene:

- a) SeqID;
- b) SeqSire;
- c) SeqDam;
- d) Nas_data in cui viene indicata la data di nascita del soggetto;
- e) Sog_sess in cui viene indicato il sesso dell'animale;
- f) SEX cioè il sesso codificato mediante un numero che equivale rispettivamente ad 1 per i maschi e 2 per le femmine;
- g) ALIVE in cui viene indicato se si tratta di un animale vivo (alive) o morto (death)
- h) Cod_alive rappresenta lo stato dell'animale codificato da un numero che equivale rispettivamente a 1 se l'animale è vivo (alive) o 0 se l'animale è morto (death);
- i) Prov indica la provincia di provenienza dell'animale;
- j) Cod_prov rappresenta la provincia codificata da un numero che equivale rispettivamente a 1 per la provincia di Perugia, 2 per la Provincia di Terni e 0 per tutte le altre provincie;
- k) Reference: indica la reference population da prendere in considerazione durante le analisi.

A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K
SeqID	SeqSire	SeqDam	nas_data	sog_sess	SEX	ALIVE	cod_alive	prov	Cod_prov	Reference
1	0	0	12/03/2016	F		2 alive	1	50	1	1
2	0	0	17/06/2016	F		2 alive	1	50	1	1
3	0	0	10/08/2016	F		2 alive	1	50	1	1
4	0	0	23/04/2016	F		2 alive	1	50	1	1
5	0	0	05/05/2016	F		2 alive	1	50	1	1
6	0	0	06/05/2016	F		2 alive	1	50	1	1
7	0	0	08/05/2016	F		2 alive	1	50	1	1
8	0	0	01/06/2016	F		2 alive	1	50	1	1
9	0	0	06/06/2016	F		2 alive	1	50	1	1
10	0	0	09/06/2016	F		2 alive	1	50	1	1
11	0	0	09/06/2016	F		2 alive	1	50	1	1
12	0	0	11/06/2016	F		2 alive	1	50	1	1
13	0	0	13/06/2016	F		2 alive	1	50	1	1
14	0	0	13/06/2016	F		2 alive	1	50	1	1
15	0	0	21/06/2016	F		2 alive	1	50	1	1
16	0	0	23/06/2016	F		2 alive	1	50	1	1
17	0	0	25/06/2016	F		2 alive	1	50	1	1
18	0	0	14/07/2016	F		2 alive	1	50	1	1
19	0	0	26/07/2016	F		2 alive	1	50	1	1
20	0	0	31/07/2016	F		2 alive	1	50	1	1

Popolazioni di riferimento (reference population)

Per un'efficiente analisi è opportuno scegliere delle “popolazioni di riferimento”, che permettono di studiare in maniera più approfondita la popolazione in esame. A tal proposito, per questo studio, sono state considerate tre popolazioni di riferimento indicate rispettivamente con RP1, RP2 e RP3: la prima popolazione di riferimento comprende tutti gli animali iscritti ai libri genealogici dell'ANACLI allevati in Umbria con i relativi ascendenti nello specifico 9.535 capi pari a circa il 3% della popolazione di Limousine allevata in Italia nel 2017 (De Rezende et al., 2020); la seconda (RP2) comprende tutti gli animali allevati in Umbria, nello specifico 3.283 capi di cui 3.141 allevati nella provincia di Perugia e 142 in quella di Terni; la terza popolazione di riferimento (RP3) comprende tutti gli animali vivi appartenenti alla regione Umbria (2.510), nello specifico 2.386 capi provenienti dalla provincia di Perugia e 124 provenienti dalla provincia di Terni.

Completezza del pedigree

La completezza del pedigree è stata calcolata prendendo in considerazione per ogni individuo: a) numero di generazioni complete tracciabili “*number of fully traced generations*” (definite come le generazioni, g , che separano l'individuo dalla generazione più lontana di cui sono noti 2^g antenati); b) il numero massimo di generazioni tracciate “*number of generations traced*” (numero di generazioni che separano l'individuo dal suo antenato più lontano); c) le generazioni equivalenti complete “*the equivalent complete generations*” (calcolate come la somma di $(1/2)^n$ dove n è il numero di generazioni che separano l'individuo da ogni antenato noto) (Maignel et al., 1996).

Variabilità genetica

La variabilità genetica della popolazione viene identificata mediante alcuni parametri: a) *la consanguineità individuale (F)* (Wright, 1931), definita come la probabilità che un individuo possieda due alleli identici per discendenza calcolata secondo il metodo di Meuwissen e Luo (1992); b) il coefficiente di parentela medio (*Average Relatedness Coefficient=AR*) (Gutiérrez et al. 2003; Goyache et al. 2003) definito come la probabilità che un allele scelto a random da tutta la popolazione appartenga ad un dato animale. Nei fondatori i valori espressi con AR indicano il loro contributo all'intero pedigree (Gutiérrez et al. 2008); c) numero effettivo di fondatori "*effective number of founders*" (f_e) che corrisponde al numero di fondatori che hanno contribuito in egual modo e che dovrebbero produrre la stessa diversità genetica della popolazione studiata. Essi vengono calcolati prendendo in considerazione i singoli AR dei fondatori; d) numero effettivo di antenati "*effective number of ancestors*" (f_a) corrisponde al numero minimo di antenati, non necessariamente fondatori, che spiegano l'intera diversità genetica di una popolazione; e) il rapporto f_e/f_a che indica se la popolazione è affetta da "bottleneck" prodotto dall'uso sbilanciato di individui riproduttori. Il collo di bottiglia si verifica quando f_a è decisamente più piccolo di f_e (rapporto f_e/f_a maggiore di 1) (Boichard et al. 1997); f) Indice di Conservazione Genetica "*Genetic Conservation Index*" (*GCI*) calcolato dai contributi genetici di tutti i fondatori noti.

Struttura della popolazione

La struttura della popolazione è stata studiata attraverso diversi parametri: a) *F-statistics* (Wright, 1978); b) la dimensione effettiva della popolazione (N_e) ottenuta come aumento della consanguineità dell'individuo (Gutiérrez et al, 2008); c) il rapporto $N_e/2$ che ci dà delle informazioni sulla presenza di un collo di bottiglia nella popolazione (Caballero e Toro, 2000; Sorensen et al., 2005); d) gli intervalli generazionali definiti come l'età media dei genitori alla nascita della

progenie (James, 1977) e come l'età media dei genitori alla nascita dei loro figli (utilizzati per la riproduzione o meno). Questi parametri vengono calcolati seguendo 4 vie (padre-figlio, padre-figlia, madre-figlio, madre-figlia); e) l'importanza genetica dell'area geografica.

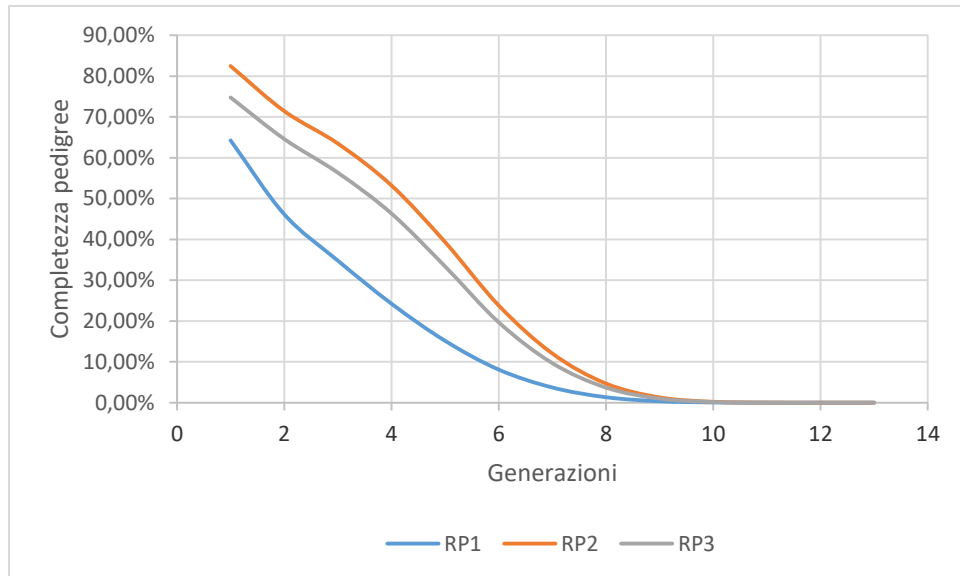
4. RISULTATI

Completezza del pedigree

La completezza delle informazioni di pedigree (numero di generazioni completamente tracciate) sono riportate nel grafico 1. Considerando le tre RP, si può notare che la RP1 presenta dalla prima alla terza generazione completezze rispettivamente del 64,25%, 46,17% e 34,80%; questi modesti valori nelle prime tre generazioni confermano quanto osservato anche da De Rezende et al., 2020 sull'intera popolazione di Limousine allevata in Italia nel 2017, dove i valori delle prime tre generazioni erano pari a 84,14%, 68,72% e 60,11%.

Nella RP2 questi valori salgono fino a 82,47%, 71,43%, 63,48%, mentre nella RP3, inaspettatamente, presentano un leggero calo rispetto alla RP2 scendendo a 74,76%, 64,60%, 56,34%; questi numeri sorprendono in quanto essendo riferiti alla popolazione di animali attualmente viventi in Umbria e iscritti ai libri genealogici, ci si attenderebbe di avere delle completezze che raggiungano addirittura il 100% come già osservato in altre specie (Giontella et al., 2018).

Grafico 1 – Completezza del pedigree nelle tre Reference Population



Per quanto riguarda la media del numero massimo di generazioni tracciabili è pari a 3,58; la media delle generazioni complete è di 1,25 e la media delle generazioni complete equivalenti è di 1,98 nella RP1.

In generale il basso numero medio di generazioni tracciabili, è correlato al fatto che gli antenati noti sono pochi, questo fatto impedisce quindi una stima precisa della consanguineità per la quale servono pedigree più profondi. A tal proposito si ribadisce quanto già prima osservato, cioè che la completezza del pedigree della RP1 raggiunge solo il 64,25%.

Il valore del numero medio di generazioni tracciate (completa, massima ed equivalente) è direttamente proporzionale al numero effettivo (N_e) e inversamente proporzionale alla consanguineità ($\Delta F\%$).

Il valore trovato per il numero di generazioni equivalenti è posizionato tra le generazioni complete e massime confermando che un pedigree superficiale, non permette una stima efficace dell'inbreeding e tende invece a sovrastimare la dimensione effettiva della popolazione.

Questi risultati sono perfettamente in linea con quanto riportato nello studio di De Rezende et al., 2020 in cui per i tre tipi di generazioni sono riportati i seguenti valori:

- Complete: NMGT=1,79, ΔF % 0,47, N_e 105,97
- Massime: NMGT=5,82, ΔF % 0,14, N_e 355,97
- Equivalenti: NMGT=3,07, ΔF % 0,38, N_e 132,64

Tabella 1- Numero medio di generazioni tracciate (NMGT), incremento in consanguineità (ΔF) e dimensione effettiva (N_e) per tipo di generazione

Generazioni	Limousine		
	NMGT*	ΔF %	N_e
Completa	1,25	0,32	156,07
Massima	3,58	0,09	535,89
Equivalente	1,98	0,22	231,25

*NMGT=numero medio di generazioni tracciate

Studio della variabilità genetica

Il valore del coefficiente medio di consanguineità (F) è risultato pari a 0,28% nella RP1, mentre il valore del coefficiente di parentela media (AR) è di 0,15%. Il valore di parentela medio può essere utilizzato per conservare la variabilità genetica di una razza sottoposta a selezione; infatti, l'accoppiamento tra individui con coefficiente di parentela medio basso, serve per contenere la consanguineità.

Il coefficiente d'inbreeding incrementa nelle generazioni (Tabella 2) parte da 0,02% nella prima generazione fino a salire a 2,12% nella quinta. Anche in questo caso i risultati sono perfettamente in linea con lo studio sopra citato in cui il coefficiente d'inbreeding dell'intera popolazione italiana di Limousine era pari a 0,06% nella prima generazione e raggiungeva il 3,70% nella quinta.

La consanguineità media degli individui che derivano dall'accoppiamento tra parenti (F_{Inb} %) incrementa dalla prima alla

seconda generazione per poi scendere a 2,36% nella quinta generazione. Questi valori divergono da quelli dello studio riportato in quanto nel campione italiano si osserva un picco nella prima generazione (6,77%) che si riduce gradualmente fino alla quarta (3,05%) per poi riaumentare nella quinta (4,28%).

Il coefficiente di parentela medio incrementa dalla prima alla quinta generazione passando da 0,03% a 0,40%. In questo caso i risultati sono conformi a quelli dello studio di confronto in cui AR passa da 0,01% a 0,40%.

I valori di N_e sono stati stimati per tutte le generazioni e variano in base all'aumento del coefficiente d'inbreeding medio; c'è da sottolineare che nello studio di De Rezende et al., 2020; questo non viene stimato per la terza generazione in quanto ENDOG in caso di una forte riduzione d'inbreeding tra due generazioni successive non calcola questo valore.

Tabella 2 - Coefficiente di inbreeding medio (F%), percentuale individuale d'inbreeding (Inb%), F medio per animale (FInb%), AR% medio e N_e .

	Limousine					
Gen.	N	F%	Inb%	FInb%	AR%	N_e
0	3491	0,00	0	0	0,03	-
1	2573	0,02	0,47	3,64	0,14	2944,7
2	1625	0,55	11,88	4,62	0,22	93,9
3	1299	0,59	21,56	2,71	0,31	1377,8
4	528	1,79	62,31	2,87	0,37	41,3
5	19	2,12	89,47	2,36	0,4	149,3

Analizzando la progenie per data di nascita, si osserva che il numero di padri aumenta dal quinquennio 1971-1976 al quinquennio 2000-2005 passando da 101 a 482 per poi scendere a 95 nel periodo 2011- 2016; in questi periodi il numero medio di figli per toro varia da 1,4 a 3,0. Per quanto riguarda le madri il loro numero cresce da 118 (1971-1976) a 884

(1994-1999) per poi diminuire a 116 nel periodo 2011-2016; durante tutto il periodo il numero medio di vitelli per vacca oscilla tra 1,0 e 1,2.

Il numero effettivo di fondatori (f_e) nelle popolazioni studiate è pari a 1.161 nella prima, 1.341 nella seconda e 1.194 nella terza. Il numero effettivo di antenati (f_a) è di 543 nella RP1, 417 nella RP2 e 314 nella RP3. Il rapporto f_e/f_a è pari a 2,14 nella prima popolazione di riferimento, e sale a 3,21 nella seconda fino ad arrivare a 3,80 nella terza. Dal calcolo di questi dati, si evince la presenza di un collo di bottiglia dato che il rapporto tra f_e/f_a è di molto superiore a 1 come anche osservato da De Rezende et al., 2020 sull'intera popolazione della Limousine italiana, in cui il numero effettivo di fondatori è pari a 1.079 e il numero di antenati 513 con un f_e/f_a pari a 2,10. Questa progressiva forte riduzione della variabilità genetica nella razza Limousine vivente in Umbria deve essere tenuta in forte considerazione nel momento in cui si procede alla pianificazione degli accoppiamenti; infatti, questo rapporto, come sottolineato anche nello studio sopra riportato, sta ad indicare un basso bilanciamento tra fondatori e antenati che porta ad una forte presenza dell'effetto collo di bottiglia. Queste osservazioni sono confermate anche dalle statistiche del software Pedigree Viewer da cui risulta che un toro è padre di 67 figli.

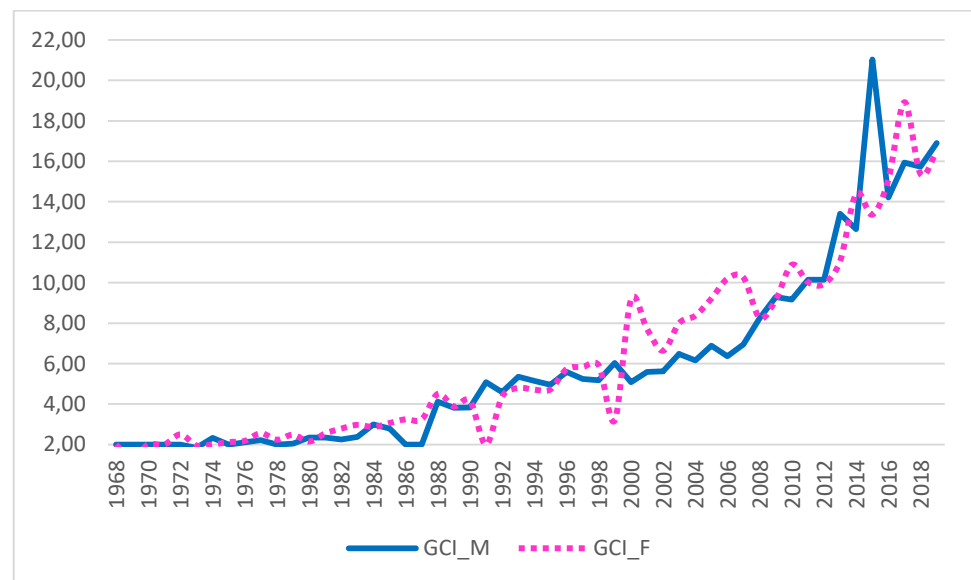
Nella RP1 270 sono gli antenati che spiegano almeno il 50% della variabilità genetica della razza rispetto ai 300 dell'intera popolazione italiana; questi scendono a 247 nella RP2 e a 169 nella RP3.

L'indice di conservazione genetica (GCI) calcola il contributo genetico di tutti i fondatori identificati nella popolazione (6.044), per tale motivo si ipotizza che soggetti che presentano una grande quantità di geni derivanti da un gran numero di fondatori abbiano i maggiori valori di GCI (McManus et al., 2013). Nella RP1 tale valore è pari a $6,24 \pm 8,36$ con un valore minimo pari a 1 ed un valore massimo pari a 65,75.

L'indice è stato poi calcolato nei due sessi ed è risultato pari a $5,86 \pm 4,59$ nei maschi e a $6,16 \pm 4,51$ nelle femmine; come si evince dall'analisi del grafico 2, il GCI presenta un trend crescente sia nei maschi che nelle

femmine dal 1968 ad oggi. L'andamento risulta più costante nei maschi che, però, presentano un picco nel 2016, mentre più altalenante è quello delle femmine in cui si registra un picco positivo nel 2018. Tali valori sono attesi dato che nella specie bovina è la linea maschile quella che viene più fortemente selezionata e quindi sono le femmine che tendono a conservare la maggior quantità dei geni che derivano dai fondatori e rappresentano quindi il serbatoio da cui attingere per mantenere la variabilità genetica.

Grafico 2 – Andamento del GCI nei maschi e nelle femmine



Struttura della popolazione

La dimensione effettiva della popolazione (N_e) calcolata come l'aumento individuale in consanguineità è $255,29 \pm 84,81$ nella RP2 e $254,52 \pm 84,85$ nella RP3; il rapporto $N_e/2$, pari a 128 nella RP2 e 127 nella RP3, se confrontato con il numero effettivo di fondatori (1.341 nella RP2 e 1.194 nella RP3) e con il rapporto f_e/f_a (3,21-3,80), conferma la presenza di un bottleneck nella popolazione.

Inoltre, dall'analisi della RP2, cioè quella degli animali allevati in Umbria, risulta un solo antenato importante (Ortles figlio di Idalgo che compare tra i fondatori come riportato nell'allegato 1 e nessuna femmina; infatti, la percentuale di geni di questo toro nella popolazione è molto elevata e pari al 63,49% nella RP2 per scendere a 43,34% nella popolazione dei viventi RP3. Anche questo dato, unito ai risultati precedenti, confermerebbe che nella popolazione il fenomeno della consanguineità è un problema importante da contenere.

L'intervallo medio generazionale calcolato come media dell'età dei genitori alla nascita della loro prole che viene scelta per la riproduzione è di $5,84 \pm 2,91$ anni, con un range che va da $5,09 \pm 2,52$ (padre-figlio) a $6,56 \pm 3,22$ (madre-figlia). Questi valori sono inferiori rispetto a quelli riportati nel lavoro di De Rezende et al., 2020 in cui l'intervallo generazionale medio è pari a $7,05 \pm 8,14$ anni con un range che va da $6,22 \pm 6,90$ (padre-figlia) ad un massimo di $9,11 \pm 12,51$ (madre-figlio).

Nella RP2 l'intervallo generazionale medio aumenta rispetto alle RP1 risultando pari a $6,49 \pm 3,25$ e sale ancora nella RP3 in cui tale valore è pari a $6,53 \pm 3,42$.

L'intervallo medio generazionale calcolato invece come media dell'età dei genitori alla nascita della loro prole (utilizzata per la riproduzione o no) è di $6,06 \pm 3,02$ anni, con un range che va da $5,39 \pm 2,64$ (padre-figlio) a $6,65 \pm 3,32$ (madre-figlia). Nella RP2 l'intervallo generazionale medio è di $6,58 \pm 3,25$ con un minimo di $6,20 \pm 2,69$ (padre-figlio) ad un massimo di $6,96 \pm 3,52$ (madre-figlia); nella RP3 sale a $6,61 \pm 3,28$ con un minimo di $6,25 \pm 2,74$ (padre-figlio) ad un massimo di $6,91 \pm 3,55$ (madre-figlia).

Dal momento che le vacche vengono utilizzate per un periodo più lungo rispetto ai tori, gli intervalli generazionali risultano essere più lunghi nelle femmine rispetto ai maschi di circa un anno.

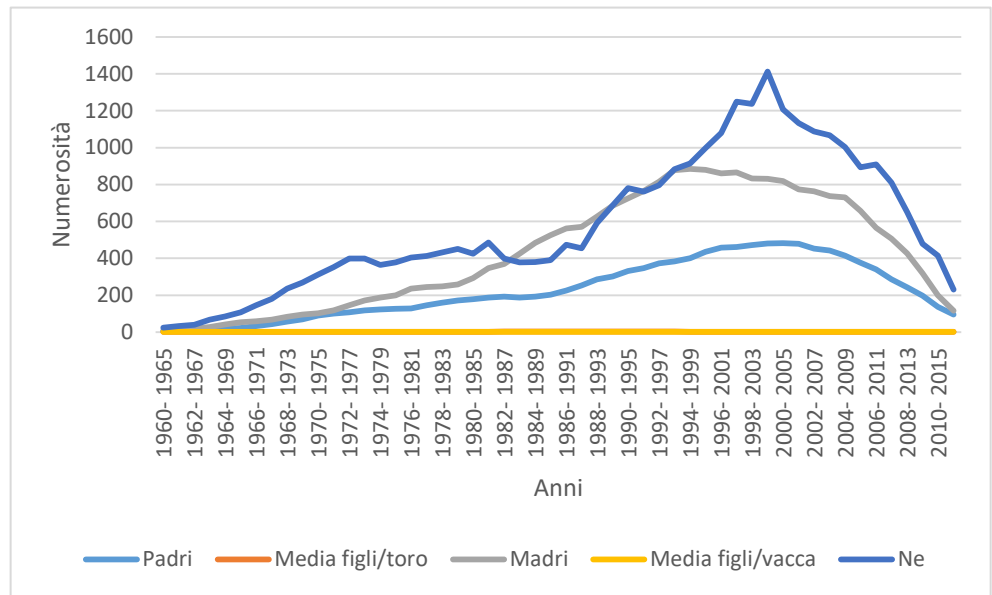


Grafico – Numero di padri e madri, media di figli/riproduttore e Ne della popolazione nel periodo 1960-2016

Il numero di tori e vacche nel periodo 1960-2016 aumenta con un andamento lineare (bassa variazione) dal 1977 al 2007; in tale periodo si nota anche un aumento nella dimensione effettiva Ne. Più precisamente, la razza ha mostrato un marcato aumento nelle dimensioni nel periodo 1997-2007 raggiungendo il massimo valore nella dimensione effettiva (1412,76) nel periodo 2000-2005, seguito poi da un declino nella Ne che è drasticamente scesa a 231,38 nell’intervallo temporale 2011-2016. I dati riportati sono perfettamente in linea con quelli del lavoro di De Rezende et al., 2020 sull’intera popolazione italiana.

Dal campione analizzato, si evince che (tabella 4), 3.141 vitelli sono nati nella provincia di Perugia e che il 44,00% dei loro padri proviene dalla stessa provincia, mentre il 56,00% da altre zone; nella provincia di Terni i vitelli nati sono 142 e i loro padri sono per il 40,14% della stessa zona, mentre il 59,86% provengono da altre provincie.

Tabella 4 – Distribuzione dei vitelli secondo la zona geografica di provenienza

		Altre Prov.	Perugia	Terni
Numero di animali nati per area		6252	3141	142
% padri nella stessa area		58,61	44,00	40,14

Infine, le F di Wright sono state calcolate per valutare le differenze genetiche all'interno delle sottopopolazioni Perugia, Terni vs altre regioni; i valori sono pari a: $F_{ST}=0,0017$, $F_{IT}=0,0003$ e $F_{IS}=0,002$. Tali valori indicano che non c'è una marcata suddivisione delle popolazioni forse dovuta a deriva genetica in misura pari a circa lo 0,2% della variazione genetica totale (F_{ST}); il restante 99,8% è dovuto alle differenze tra individui e che c'è un leggero eccesso di omozigoti sia nella popolazione totale (F_{IT}) che nelle sottopopolazioni (F_{IS}).

5. CONCLUSIONI

L'analisi dei risultati del lavoro porta a concludere che la popolazione di Limousine allevata in Umbria, presenterebbe una elevata consanguineità, come anche confermato dallo studio di De Rezende et al., 2020 condotto su tutti i capi allevati in Italia.

A tale proposito si evidenziano alcuni suggerimenti che potrebbero essere messi in atto in funzione dell'analisi svolta:

- 1) la necessità di avere pedigree più completi poiché il modesto valore medio di generazioni complete tracciate sta a significare che pochi sono gli antenati conosciuti;
- 2) tenere in forte considerazione l'importante fenomeno del "collo di bottiglia" dimostrato dal rapporto f_e/f_a ;
- 3) cercare di aumentare la dimensione effettiva della popolazione utilizzando negli accoppiamenti programmati animali il meno parenti possibili cioè con valori di AR ed F contenuti e valori di GCI elevati;
- 4) la necessità di ridurre l'intervallo generazionale dato che la sua lunghezza si traduce in un diretto maggior ritorno economico.

Concludendo, l'utilizzo di questi parametri nel processo selettivo, può risultare importante se i tecnici sul campo saranno precedentemente preparati per poter sollecitare l'allevatore a seguire le raccomandazioni che l'Associazione proporrà nell'effettuazione degli accoppiamenti programmati. Altro strumento utile potrebbe essere il ricorso alla genomica per aumentare il progresso genetico dei caratteri riproduttivi, monitorare la consanguineità e definire strategie appropriate per il mantenimento della variabilità genetica.

6. BIBLIOGRAFIA e SITOGRAFIA

Åby BA, Aass L, Sehested E, Vangen O. 2012. Effects of changes in external production conditions on economic values of traits in Continental and British beef cattle breeds. *Livest Sci.* 150(1–3):80–93.

Berry DP, Wall E, Pryce JE. 2014. Genetics and genomics of reproductive performance in dairy and beef cattle. *Animal.* 8(s1):105–121.

Boichard D, Maignel L and Verrier É 1997. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. *Genetics Selection Evolution* 29, 5–23

Boligon AA, Albuquerque LG, Rorato PRN. 2008. Genetic associations among weights and reproductive traits in Nelore cattle. *R Bras Zootec.* 37(4):596–601.

Caballero A and Toro MA 2000. Interrelations between effective population size and other pedigree tools for the management of conserved populations. *Genetics research* 75, 331–343.

Carneiro PLS, Malhado CHM, Euclides RF, Carneiro APS, Cunha EE. 2007. Inbreeding, alleles fixation and selection limit in populations under traditional or marker assisted selection methods. *R Bras Zootec.* 36(2):369–375.

De Rezende MPG, Malhado CHM, Biffani F, Carneiro PLS, Bozzi R. 2020. Genetic diversity derived from pedigree information and estimation of genetic parameters for reproductive traits of Limousine and Charolais cattle raised in Italy, *Italian Journal of Animal Science*, 19:1, 762-771, DOI:10.1080/1828051X.2020.1778547

Giontella A., Pieramati C., Silvestrelli M., Sarti F. M. 2018. Analysis of founders and performance test effects on an autochthonous horse

population through pedigree analysis: structure, genetic variability and inbreeding. *Animal*, page 1-10 doi:10.1017/S1751731118001180.

Goyache F, Gutiérrez JP, Fernández I, Gómez E, Álvarez I, Díez J and Royo LJ 2003. Using pedigree information to monitor genetic variability of endangered populations: the Xalda sheep breed of Asturias as an example. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 120, 95–103.

Gutierrez JP, Altarriba J, Diaz C, Quintanilla R, Canon J, Piedrafita J. 2003. Pedigree analysis of eight Spanish beef cattle breeds. *Genet Sel Evol.* 35(1):43–63.

Gutierrez JP, Goyache F. 2005. A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information. *J Anim Breed Genet.* 122(3):172–176.

Gutiérrez JP, Cervantes I, Molina A, Valera M and Goyache F 2008. Individual increase in inbreeding allows estimating realised effective sizes from pedigrees. *Genetics Selection Evolution* 40, 359–378.

Maignel L, Boichard D, Verrier E, 1996. Genetic variability of French dairy breeds estimated from pedigree information. *Interbull Bull* 14: 49-54.

Malhado CHM, Malhado ACM, Martins Filho R, Carneiro PLS, Pala A, Carrillo JA. 2013. Age at first calving of Nelore cattle in the semi-arid region of northeastern Brazil using linear, threshold, censored and penalty models. *Livest Sci.*154(1–3):28–33.

McManus C, Santos SA, Lima Dallago BS, Rezende Paiva S, Saraiva Martins RF, Braccini Neto J, Rocha Marques P and Pinto de Abreu UG 2013. Evaluation of conservation program for the Pantaneiro horse in Brazil. *Revista Brasileira de Zootecnia* 42, 404–413.

Pedrosa VB, Santana ML, Oliveira PS, Eler JP, Ferraz JBS. 2010. Population structure and inbreeding effects on growth traits of Santa Ines sheep in Brazil. *Small Ruminant Res.* 93(2–3):135–139.

Short RE, Staigmiller RB, Bellows RA, Greer RC. 1994. Breeding heifers at one year of age: biological and economic considerations. In Fields MJ, Sand RS, Yelich JV, editors. Factors affecting calf crop. London (UK): CRC Press; p. 55–68.

Valera M, Molina A, Gutierrez JP, Gomez J, Goyache F. 2005. Pedigree analysis in the Andalusian horse: population structure, genetic variability and influence of the Carthusian strain. *Livest Prod Sci.* 95(1–2):57–66.

Vergara OD, Elzo MA, Ceron-Muñoz MF. 2009. Genetic parameters and genetic trends for age at first calving and calving interval in an Angus-Blanco Orejinegro Zebu multibreed cattle population in Colombia. *Livest Sci.* 126(1–3): 318–322.

Associazione Nazionale Allevatori delle razze bovine Charolaise e Limousine Italiane (ANACLI). 2020. <http://www.anacli.it/WEBSITE/index.php?&pagid=2455>

https://webs.ucm.es/info/prodanim/html/JP_Web_archivos/EN_Us_G.pdf

Allegato 1 - Scheda del toro Ortles

Razza	Matricola	N. Az.	Nome	Sesso	Data di Nascita	
Limousine	IT010PC016C026		ORTLES	M	01-08-1998	
Altre Identificazioni		Passaggi di Proprieta'				
		Codice	Rag. Sociale	Ingresso	Uscita	Motivo
		38.62066	Marina Gianfranco E Matteo S.s (PC)	--	13-06-2001	Vendita
		23.21511	Pasti Clemente (VE)	28-02-2000	01-06-2000	Vendita
		41.24158	Az.agr.collungo Di Pasti C.s.s (AR)	01-06-2000	01-01-2008	Vendita
Soggetto iscritto al Registro Tori Abilitato alla Fecondazione Naturale						

RISULTATI MOSTRA			
Classifica	Categoria	Mostra	Data

VALUTAZIONE MORFOLOGICA											
Esito	I	Larghezza Garrese	7	Spessore Stinchi	0	Testa	7	Larghezza Musello	7	Condizioni di Ingrasso	7
Data Valutazione	19-05-1999	Larghezza Dorso	6	Lungh. Dorso Lombare	7	Mantello	7	Appiombi Anteriori	7	Profondita del Torace	7
Codice Esperto	DAL	Convessità Natica	7	Lungh. Bacino	7	Armonia Forme	7	Appiombi Posteriori	6	Larghezza Torace	7
		Larghezza Posteriore	7	Largh. Anche	8			Linea Dorso Lombare	8	Larghezza ai trocanteri	8
		Spessore Lombi	7	Sviluppo	7					Larghezza agli ischi	7
		Lunghezza Natica	7								
		Totale	48	Totale	36	Totale	21	Totale	34		

GENEALOGIA			
IT010PC016C026 Ortles Data N.: 01-08-1998 Val.: I		FR3688009219 Dactarie Data N.: 01-12-1988 Val.: Fondatore	FR3782004512 Tartuffe
	53PC930330 Idalgo Data N.: 12-12-1993 Val.: Fondatore		
		53PC910068 Giungla Data N.: 17-02-1991 Val.: I	FR8787012258 Canada
			53PC870104 Carmen
		53PC840039 Vasco Data N.: 20-03-1984 Val.:	FR2381054121 Second
	53PC900285 Data N.: 18-08-1990 Val.: I		FR8780001644 Reglisse
	53PC100111X 23 Data N.: - - Val.: A		

PESATE									
Pesate								Pesi alle et� tipiche	
Data Peso	Eta' mm/gg	Tipo	Peso Kg		Accrescimento dalla nascita	Accrescimento da ultimo peso	Cod. Contr.	Peso a Mesi	Peso Kg
21-10-1998	2\21	Peso	110.0		0.877	0.877		4	155.0
18-02-1999	6\21	Peso	248.0		1.040	1.150		7	258.0

INDICI GENETICI		
Indice	Valore	Accuratezza
120 - Indice Peso a 120 gg	103.0	75
210 - Indice Peso a 210 gg	102.0	83
365 - Indice Peso a 365 gg	99.0	82
AMU - Indice aggregato muscolo (Popolazione)	80.0	1
ASC - Indice aggregato sviluppo scheletrico (Popolazione)	100.0	1
IPM - Indice Peso - Morfologia (Performance test)	88.0	42

RINGRAZIAMENTI