

RICCARDO NEGRINI¹, LUCA MARIA BATTAGLINI²

La biodiversità della transumanza

¹ Università Cattolica di Piacenza e Associazione italiana Allevatori

² Università di Torino e Accademia di Agricoltura di Torino

La transumanza è un'antica pratica di allevamento sviluppatasi in Italia in tempi preistorici che consiste nella migrazione periodica del bestiame.

Nelle diverse realtà geografiche questa pratica nelle sue diverse forme è stata per secoli attività fondamentale per il ruolo polifunzionale, produttivo, sociale, ecologico, culturale. Sull'allevamento transumante e sui relativi commerci era centrata la vita economica di molti territori. A questa attività si deve la costruzione di veri e propri "paesaggi", costituiti anche da prati, pascoli e da insediamenti umani a essi connessi. Un paesaggio culturale creato dall'uomo a seguito di pratiche secolari che ha subito una evidente trasformazione a seguito della riduzione degli allevamenti e all'intensificazione produttiva di quelli restanti (Streifeneder et al., 2007; Ronchi et al., 2014). Spesso si tratta di pratiche di allevamento impostate sulla tradizionale organizzazione della famiglia, secondo un modello patriarcale, e dipendenti dalle risorse foraggiere stagionali, collocate su piani altitudinali differenti (Bätzing, 2005).

Sebbene la pastorizia sia profondamente ridimensionata dalle dinamiche di spopolamento di aree montane e interne del secolo scorso, ad essa va comunque riconosciuta la funzione di manutenzione di molti habitat e di conservazione di biodiversità.

Tale pratica è stata una delle più efficaci tecniche di sfruttamento dei pascoli stagionali e montani e, al contempo, di selezione di animali robusti, efficienti, resilienti e di facile allevamento.

Diffusa dall'arco alpino alle regioni meridionali e utilizzata dai pastori per secoli, la transumanza ha contribuito a modellare il patrimonio genetico di molte razze di bovini, ovini e caprini, adattandole alle condizioni di allevamento migratorio, arricchendo così l'eccezionale biodiversità caratterizzante la zootecnia del nostro Paese.

In Italia, infatti, risiede un importante patrimonio zootecnico composto da numerose razze e popolazioni autoctone delle principali specie d'allevamento, generate da processi di selezione naturale e artificiale e ben adattate alle specifiche condizioni dell'ambiente di allevamento. L'adattamento si esprime generalmente in termini di rusticità, frugalità, resistenza alle malattie, capacità di riprodursi e produrre con risorse alimentari locali, in aree in cui razze cosmopolite, sebbene con maggiori attitudini produttive, avrebbero difficoltà di sopravvivenza.

Attualmente, le Risorse Genetiche Animali Italiane (ItAnGR) registrate nel sistema informativo della FAO (Domestic Animal Diversity Information System, DAD-IS) e presenti nel *breed data sheet* sono 282, delle quali 46 transfrontaliere (<http://www.fao.org/dad-is/browse-by-country-and-species/en/>). Il numero di razze/popolazioni citate nel database è molto diversificato entro specie: ovini 71, conigli 46, caprini 45, bovini 35, cavalli 30, polli 16, maiali 12 e asini 8. Il livello di rischio di perdita di questo importante patrimonio è preoccupante, considerato che circa il 38% è giudicato "critical" e il 33% "endangered". Solo il 14% delle Risorse Genetiche Animali Italiane elencate in DAD-IS non è a rischio tra cui molte razze transfrontaliere.

Secondo i dati UNEP (United Nations Environment Programme) riportati nella tabella di seguito, nonostante ne venga riconosciuta l'importanza, la perdita di biodiversità resta un problema irrisolto a livello planetario.

ANNO	POPOLAZIONE	PERDITA DI SUOLO (%)	PERDITA DI SPECIE NEGLI ECOSISTEMI (%)
1800	0.9 x 10 ⁹	7.6	-1.8
1900	1.7 x 10 ⁹	16.9	-4.9
2000	6.1 x 10 ⁹	39.3	-13.6
2100 Green model	8.7 x 10 ⁹	33.4	-11.6
2100 Current Model	12 x 10 ⁹	49.1	-17.0

Tab. 1 *Stime e proiezione della perdita di suolo e di specie negli ecosistemi naturali (Fonte: UNEP)*

Il modello previsionale non prevede inversioni di tendenza nemmeno se venisse adottata una politica di tutela più efficace dell'attuale (Green model), mentre, applicando i modelli di intervento correnti, si stima una perdita del 17% delle specie presenti negli ecosistemi livello globale.

I rischi connessi alla perdita di biodiversità sono stati approfonditi all'interno del progetto EU ENV.G.1/ETU/2007/0044 The Cost of Policy Inaction (COPI) nel quale la Comunità Europea fornisce una definizione precisa tra-

ducibile letteralmente in “non attivazione di politiche efficaci e dedicate”. Citando testualmente: «In the context of the environment, the cost of policy inaction is defined as the environmental damage occurring in the absence of additional policy or policy revision. Inaction not only refers to the absence of policies, but it also refers to the failure to correct misguided policies in other areas. The costs of policy inaction may be greater than just the environmental damage, if the same inaction also creates societal and economic problems».

Combinando i risultati del progetto COPI, le informazioni riportate nel documento OECD Environmental Outlook to 2030 (<https://www.oecd.org/env/indicators-modelling-outlooks/40200582.pdf>) e i modelli predittivi sviluppati da IMAGE-GLOBIO (<https://www.globio.info>) è stato possibile identificare i fattori con maggior effetto negativo sulla biodiversità tra cui:

- L'incremento demografico umano. I modelli demografici più avanzati prevedono che la popolazione mondiale toccherà i 9.1 miliardi entro il 2050 con conseguenti aumenti della domanda di prodotti alimentari e di base (cibo, acqua potabile, energia etc.) superiori al 50% rispetto ad oggi. Nonostante i progressi tecnologici, è prevista la necessità di mettere a coltura circa il 10% di superficie in più rispetto all'attuale Superficie Agricola Utilizzata (SAU).
- Lo sviluppo economico. Sebbene a livello globale le previsioni di crescita del PIL (Gross Domestic Product - GDP) siano modeste (2.8% per anno dal 2005 al 2050) alcuni Paesi a livello mondiale, tra cui Cina e India cresceranno a un ritmo molto più elevato (circa il 5% per anno) stressando la pressione sull'ambiente e sulle biodiversità in particolare.
- La richiesta di energia. Correlato allo sviluppo economico, è previsto un aumento della richiesta/consumo di energia dalle 280 EJ in 2000 a circa 600 EJ in 2050 le cui conseguenze per le biodiversità possono essere drammatiche (ad es. regimazione delle acque per attivazione centrali idroelettriche).

Accanto a questi fattori di carattere generale, altri di carattere più specificamente agro-zootecnico concorrono alla erosione del patrimonio di diversità genetica. Tra questi i più impattanti sono lo sfruttamento eccessivo dei suoli, l'inquinamento, la diffusione di specie aliene invasive, la sostituzione di razze e popolazioni autoctone con razze cosmopolite a elevata produzione.

Oltre alle motivazioni di ordine morale e ambientale, la necessità di tutelare le biodiversità ha anche una forte implicazione di carattere economico e sociale.

Il legame tra attività economiche e biodiversità, sebbene variabile in funzione delle tipologie di business, è infatti stretto e indissolubile.

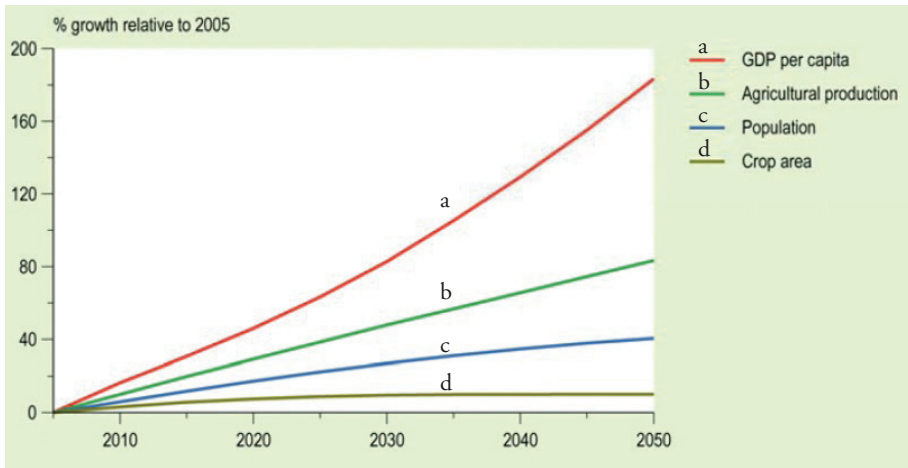


Fig. 1 *Incremento demografico, reddito pro-capite, produzione agricola e aumento dei suoli coltivati nel periodo 2005-2050 (Fonte: L. Braat and P. ten Brink 2008)*

Secondo il Natural Capital Protocol (https://capitalscoalition.org/capitals-approach/natural-capital-protocol/?fwp_filter_tabs=guide_supplement), la relazione tra business e biodiversità può essere distinta in due macrocategorie:

- dipendenze delle aziende dalla biodiversità e dai servizi ecosistemici come input per le attività produttive;
- impatti aziendali sulla biodiversità e sui servizi ecosistemici come output delle attività produttive.

Spesso gli effetti negativi sono evidenti solo a monte della catena di approvvigionamento/produzione e, in alcuni casi, sulla biodiversità di Paesi diversi da quello in cui l'azienda risiede. In termini di servizi ecosistemici quindi, funzioni fondamentali come ad esempio l'impollinazione e l'irrigazione, se non fornite dalla biodiversità naturale, avrebbero un costo stimato in diversi miliardi di euro.

Secondo i dati del progetto COPI, dal 1997 al 2011 la perdita di servizi ecosistemici a livello globale ha causato perdite economiche stimabili in un range da 3,5 a 18,5 miliardi di euro per anno.

La biodiversità e i servizi ecosistemici agrozootecnici offrono impiego, nella sola Europa, a oltre 9.6 milioni di operatori agricoli dei quali circa 3.1 milioni legati ai siti Natura 2000, aree protette e controllate.

La perdita di biodiversità mette inoltre a rischio la sicurezza alimentare. Infatti, la sostituzione di razze e popolazioni locali ben adattate al territorio con razze cosmopolite e l'introduzione di specie vegetali aliene, riducono la

variabilità genetica complessiva e rendono il sistema produttivo molto più fragile e vulnerabile ad esempio ai cambiamenti climatici.

Infine, studi recenti hanno dimostrato che la perdita di biodiversità ha anche due impatti significativi sulla salute umana e sulla diffusione di malattie. Da un lato le razze e le specie in grado di sopravvivere alla frammentazione e degradazione degli habitat sono anche più resilienti, quindi in grado di sopportare un carico di patologie maggiore delle quali divengono portatrici; dall'altro la frammentazione degli habitat aumenta la prossimità tra le popolazioni animali e la popolazione umana, aumentando la possibilità di contatto con soggetti malati anche asintomatici.

In una *review* pubblicata sulla rivista «Nature», Keesing et al. (2010) riportano un ampio studio epidemiologico condotto in Oregon (USA) nel quale è stato dimostrato che l'unica variabile correlata significativamente all'aumento della prevalenza di patologie infettive nelle popolazioni di roditori locali (*Peromyscus maniculatus*) era la riduzione della variabilità genetica delle specie di mammiferi presenti. In particolare la prevalenza dell'Hantavirus Sin Nombre, che causa severe conseguenze nell'uomo fino al 40% di mortalità, è passata dal 2% al 14% in relazione alla diminuzione di variabilità (Dizney L. J. & Ruedas, 2009).

Il dato è stato poi confermato per via sperimentale da Suzán et al. (2009) nelle piccole popolazioni di mammiferi residenti a Panama.

Dai grafici in figura 2 si evince che la riduzione artificiale di diversità nelle popolazioni di mammiferi ha causato un aumento della densità delle specie ospiti del virus e conseguente aumento dei soggetti seropositivi al virus stesso.

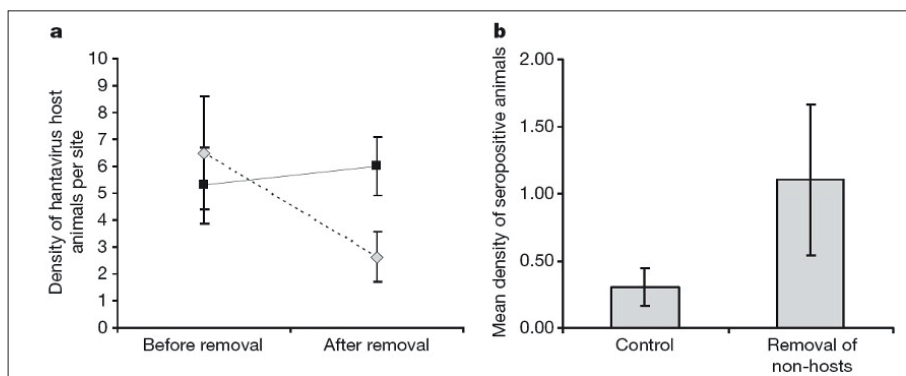


Fig. 2 Effetto della rimozione artificiale di specie di mammiferi. a) Media ed errore standard dell'abbondanza delle popolazioni di ospiti di Hantavirus in campo prima e dopo la rimozione di specie non ospiti (linea continua) e nei controlli (linea tratteggiata). Nel controllo è evidente la forte decrescita stagionale. b) Media ed errore standard della densità di soggetti seropositivi al virus nei controlli e nelle popolazioni a variabilità ridotta (Fonte: Keesing et al., 2010)

In Italia la conservazione del ricco patrimonio di biodiversità zootecniche è operata in larga parte dai Libri Genealogici nei quali sono iscritti e gestiti i soggetti di razza. La dimensione demografia delle razze e popolazioni locali è molto eterogenea con razze a numerosità e diffusione sufficientemente ampie ed altre a rischio più o meno grave di erosione genetica.

A titolo esemplificativo, nei grafici in figura 3 e 4 sono riportati i trend delle consistenze di alcune delle razze ovicaprine interessate alla pratica della transumanza nel decennio 2010-2021.

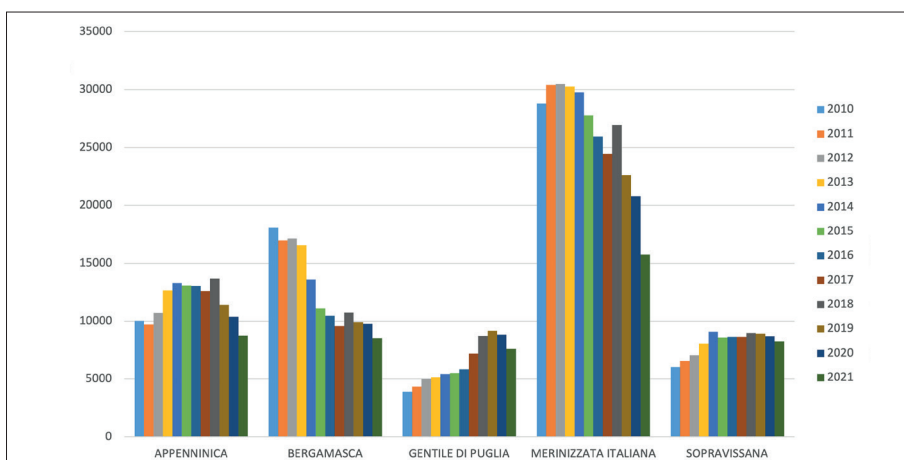


Fig. 3 Trend delle consistenze di Libro Genealogico di alcune razze ovine utilizzate nella transumanza (Fonte: Associazione Nazionale della Pastorizia)

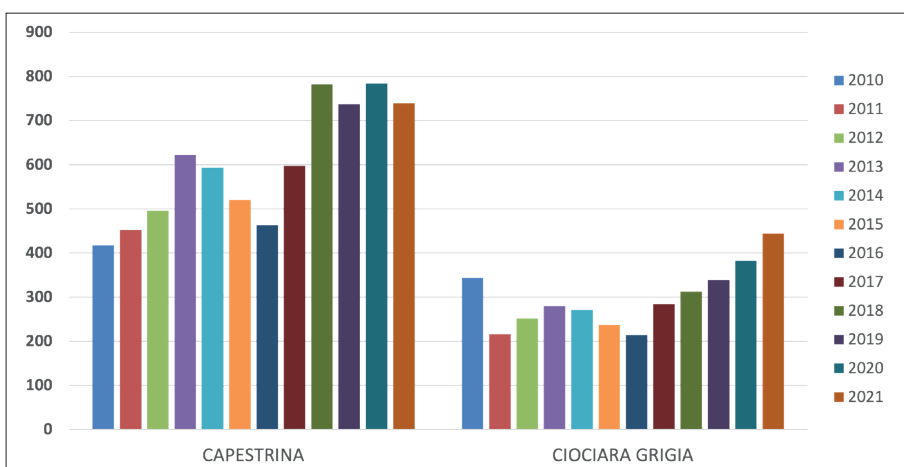


Fig. 4 Trend delle consistenze di Libro Genealogico di due razze caprine utilizzate nella transumanza (Fonte: Associazione Nazionale della Pastorizia)

La razza ovina Merinizzata Italiana, pur mantenendo la sua numerosità a livelli più elevati rispetto ad altre razze, ha subito la più marcata riduzione di consistenze di Libro Genealogico con un dimezzamento della popolazione nel periodo analizzato. La razza Bergamasca sembra aver mantenuto una certa stabilità dopo il crollo di circa un terzo dei soggetti iscritti registrato nel 2015, sebbene ora la popolazione sia al di sotto dei 10.000 capi totali. Stabile la situazione della razza Sopravvissana, mentre è da attenzionare in modo particolare il trend evidenziato della razza Appenninica nel triennio 2019-2021, in netto calo rispetto al picco di animali iscritti registrato nel 2018. L'unica razza in crescita è la Gentile di Puglia, che sta parzialmente recuperando una situazione demografica a forte rischio genetico.

Entrambe le razze caprine riportate in figura 4 hanno popolazioni in aumento. Tuttavia, le numerosità restano estramamente ridotte (inferiori ai 1000 capi) rendendo le razze esposte a un forte rischio di elevata consanguineità e tutt'ora estremamente fragili.

Lo sbilanciamento tra i sessi tipico delle popolazioni allevate rende la situazione, se analizzata attraverso i dati di popolazione effettiva (N_e) che tiene conto del numero di riproduttori suddiviso in maschi e femmine, ancora più critica. Tale affermazione diviene drammaticamente evidente semplicemente conteggiando il numero di maschi registrati nel decennio (fig. 5). Solo nella popolazione di Merinizzata Italiana i maschi adulti sono all'incirca un migliaio, anche se in significativo calo. Nelle altre popolazioni ovine riportate i maschi non superano le 600 unità.

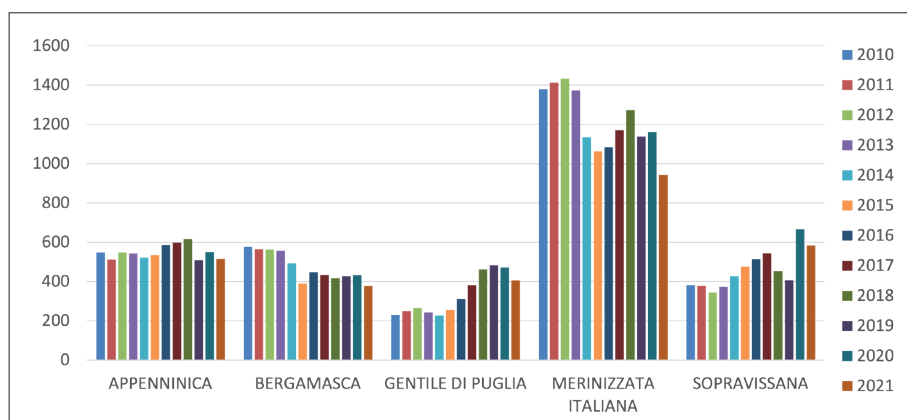


Fig. 5 Numero dei maschi adulti registrati nei Libri Genealogici di razza nel periodo 2010-2021. (Fonte: Associazione Nazionale della Pastorizia)

Nella valutazione dello stato di rischio di una razza è altresì necessario considerare il numero di allevamenti nei quali è presente. Una eccessiva frammentazione della popolazioni in numerosi micronuclei o, al contrario, la riduzione degli allevamenti a poche unità costituiscono, infatti, fattori di ulteriore criticità.

Nelle figure 6 e 7 sono descritte le variazioni nel numero di allevamenti per singola razza nel periodo 2010-2021.

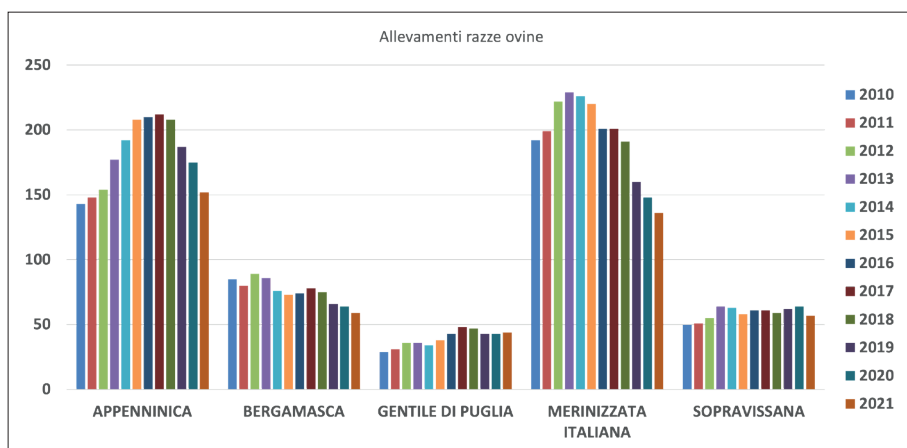


Fig. 6 Andamento del numero di allevamenti ovini iscritti ai Libri Genealogici nel periodo di analisi. (Fonte: Associazione Nazionale della Pastorizia)

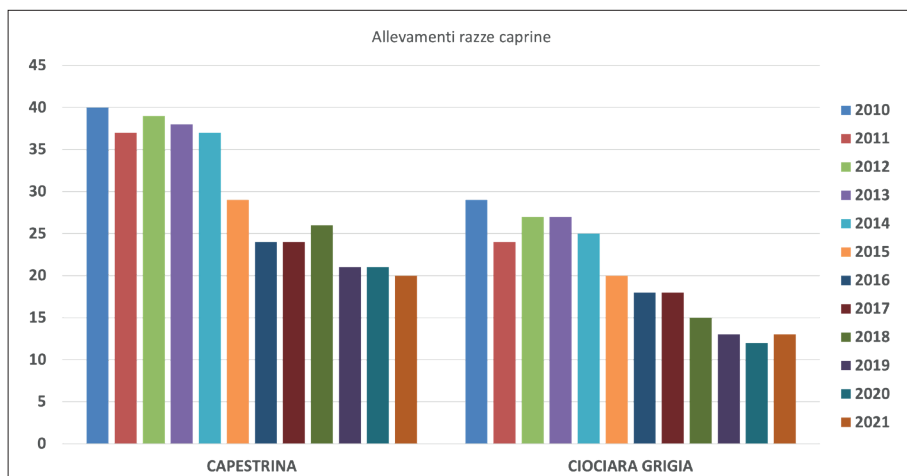


Fig. 7 Andamento del numero di allevamenti delle razze caprine Capestrina e Grigia Ciociare iscritti ai Libri Genealogici nel periodo di analisi (Fonte: Associazione Nazionale della Pastorizia)

È facile notare, nel caso delle razze ovine, un andamento del numero di allevamenti sovrapponibile ai trend delle consistenze complessive di animali iscritti, indicatore dello stretto legame tra le razze e i loro allevamenti. Tale riduzione delle consistenze è quindi plausibile essere la conseguenza diretta della chiusura, per ragioni disparate, tra cui il difficile ricambio generazionale delle aziende zootecniche registrata negli ultimi anni (ad esempio le aziende bovine da latte sono passate da 28311 a 25370 nel quinquennio 2017-2021 ISMEA 2022).

Nelle razze caprine, al contrario, si assiste a una riduzione del numero di allevamenti contestuale all'aumento della numerosità per razza. In questo caso, è possibile che l'aumento della consistenza delle greggi entro allevamento porti a una maggior sostenibilità anche economica dell'impresa zootecnica.

Lo studio approfondito delle caratteristiche peculiari di adattamento, della qualità delle produzioni, della originalità e variabilità genetica delle razze autoctone, in particolar modo a livello molecolare, è fondamentale per la valorizzazione e la salvaguardia di questo patrimonio legato frequentemente a prodotti DOP o IGP, alla economia di comunità rurali e aree marginali, e a sistemi tradizionali di allevamento, tra i quali le diverse forme di transumanza.

Il progresso negli strumenti molecolari di analisi misurato sia come contenuto informativo che come costo per singola analisi, è stato, in queste ultime decadi, impressionante.

Oggi sono disponibili sul mercato piattaforme per l'analisi di marcatori molecolari SNP (Mutazioni di Singolo Nucleotide) a elevata efficienza, in grado di interrogare contemporaneamente centinaia di migliaia di loci informativi dispersi uniformemente nell'intero genoma.

Nella tabella 2 sono riportate le caratteristiche di alcuni dei più recenti SNP chip disponibili sul mercato per l'analisi di bovini e ovini. Si noti ad esempio il Bovine HD, in grado di analizzare le mutazioni in 777 mila loci SNP per singolo esperimento.

Grazie a questi strumenti e a una serie di progetti europei e nazionali, negli ultimi anni si sono compiuti progressi determinanti nella conoscenza delle razze autoctone italiane, molte delle quali utilizzate nelle pratiche di transumanza e alpeggio.

Ad esempio grazie a una analisi *ad hoc* del database molecolare prodotto dal consorzio Sheep Hap Map è stato possibile ricostruire la storia demografica di oltre 21 popolazioni ovine, partendo da 2500 generazioni or sono, corrispondenti a oltre 12.000 anni se si considera un intervallo di generazione medio di 5 anni.

Species	Array Name	No. of Markers	Add on Available	Description	Link to Data Sheet	Min. Sample Req.
Cow	BovineLD	7.9K	80K	An accurate genotyping array to understand the impact of genetics on milk production, reproduction, health, and more. It features ~8000 evenly spaced single nucleotide polymorphism (SNP) probes across the entire bovine genome with higher density at chromosomal ends for increased imputation efficiency.	Data Sheet	48
Cow	Bovine SNP50v2	55K	30K	A high-throughput, cost-effective genetic screening array for beef and dairy cattle. It features > 50,000 evenly spaced SNP probes for genome-wide enabled selection, identification of quantitative trait loci (QTL), evaluation of genetic merit of individuals, and comparative genetic studies.	Data Sheet	48
Cow	BovineHD	777K	N/A	A comprehensive genome-wide bovine genotyping array that provides superior power to interrogate genetic variation across any breed of beef and dairy cattle. It features > 777,000 evenly spaced SNP probes across the entire bovine genome.	Data Sheet	48
Sheep	Ovine SNP50	54K	54K	A comprehensive genome-wide genotyping array for the ovine genome. It features > 54,000 evenly spaced SNP probes enabling identification of QTL, evaluation of genetic merit, cross-breed mapping, linkage disequilibrium studies, comparative genetic studies, and breed characterization for evaluating biodiversity.	Data Sheet	48
<i>Bos taurus</i> and <i>Bos indicus</i>	GGP Bovine LD (v3)	26K	N/A	A GGP array developed for imputation accuracy to higher density arrays, both ILMN catalog and GGP. Add-on content includes key diagnostic SNPs plus performance trait SNPs chosen for their expected or demonstrated impact on function. Overlap to the GGP Bovine uHD is essentially 100% and it makes an excellent low- to mid-density solution for genetic selection programs. Average spacing: 97 kb.	Data Sheet	288
<i>Bos taurus</i>	GGP Bovine 150K	134K	N/A	A comprehensive GGP array for genome-wide selection, evaluation of genetic merit, and comparative genetic studies across beef and dairy cattle breeds. It features diagnostic, International Society for Animal Genetics (ISAG) parentage, and ILMN Bovine LD, SNP50, HD SNP probes. Average spacing: ~19 kb with a high concentration on chromosomal ends for increased imputation efficiency.	Data Sheet	288

Tab. 2 SNP Chip di ultima generazione disponibili sul mercato

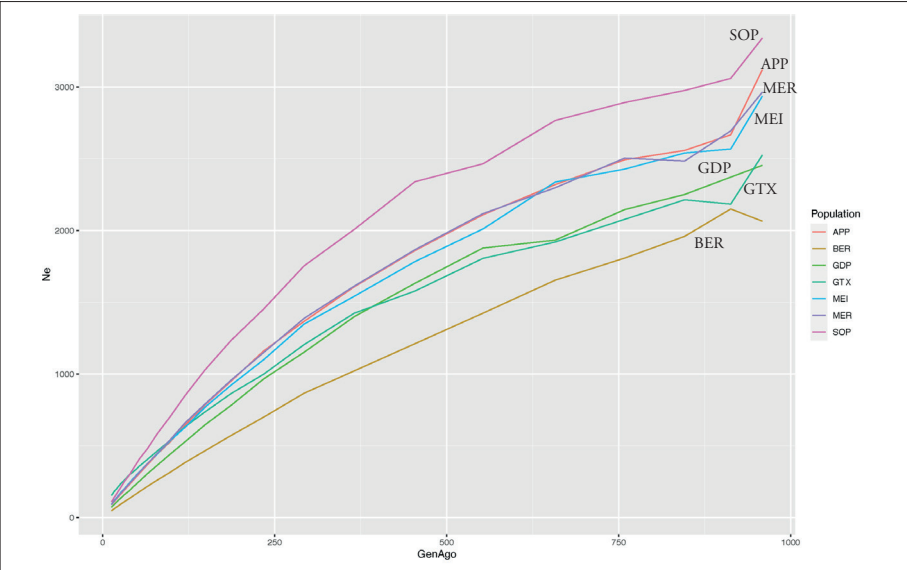


Fig. 8 Trend della popolazione effettiva stimato sulla base del Linkage Disequilibrium tra i marcatori sull'intero genoma. Legenda: APP=Appenninica; BER=Bergamasca, GDP=Gentile di Puglia, GTX=Textel, MER=Merinos Italiana, MER=Merinos originale, SOP=Sopravvissana

Come previsto dai modelli di diffusione delle popolazioni domesticate, in generale la Numerosità Effettiva (N_e) decresce in maniera continuativa subendo una accelerazione evidente a partire da circa 100 generazioni or sono.

Lo stesso tipo di informazione a livello molecolare ha permesso a Ciani et al. (2014) di identificare nelle popolazioni ovine attualmente presenti a livello nazionale una forte struttura geografica.

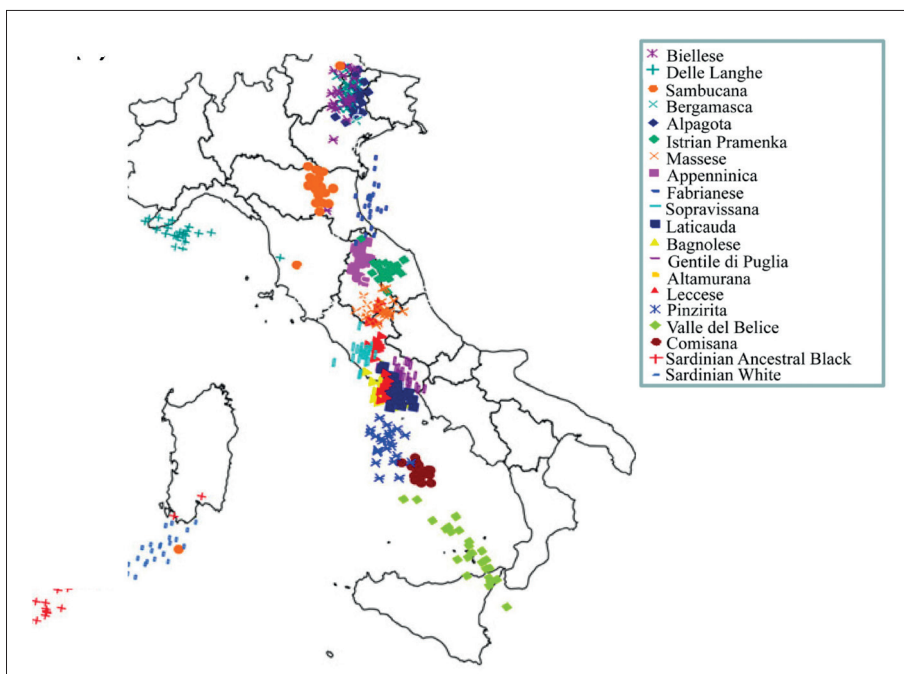


Fig. 9 Scatterplot delle dimension 1 e 2 prodotte dalla analisi multimesional scaling costruita a partire dalla matrice delle distanze "identical by state" e sovrapposto alla mappa geografica d'Italia (Fonte: Ciani et al., 2014)

Analoga struttura geografica è stata identificata nelle razze caprine italiane da Cortellari et al. (2021) sempre sfruttando analisi molecolari ad alta efficienza, come illustrato nella figura 10.

Come atteso dalla loro storia evolutiva e commerciale, la geografia, intesa come barriera al flusso genetico e localizzazione del baricentro di origine e diffusione delle razze (latitudine e longitudine) ha avuto un effetto maggiore nella creazione della struttura genetica attuale delle razze ovicaprine che delle razze bovine (26.4% negli ovini rispetto al 13.8% nei bovini). Sottratta alla variabilità genetica complessiva la componente geografica, sorprendentemen-

te il 13.3% e il 10.1% della variabilità genetica residua rispettivamente di ovini e bovini, è attribuibile alla componente climatico-ambientale (Senczuk et al., 2022). Ciò spiega, almeno in parte, l'elevata componente genetica di adattamento delle razze all'ambiente di origine e all'allevamento.

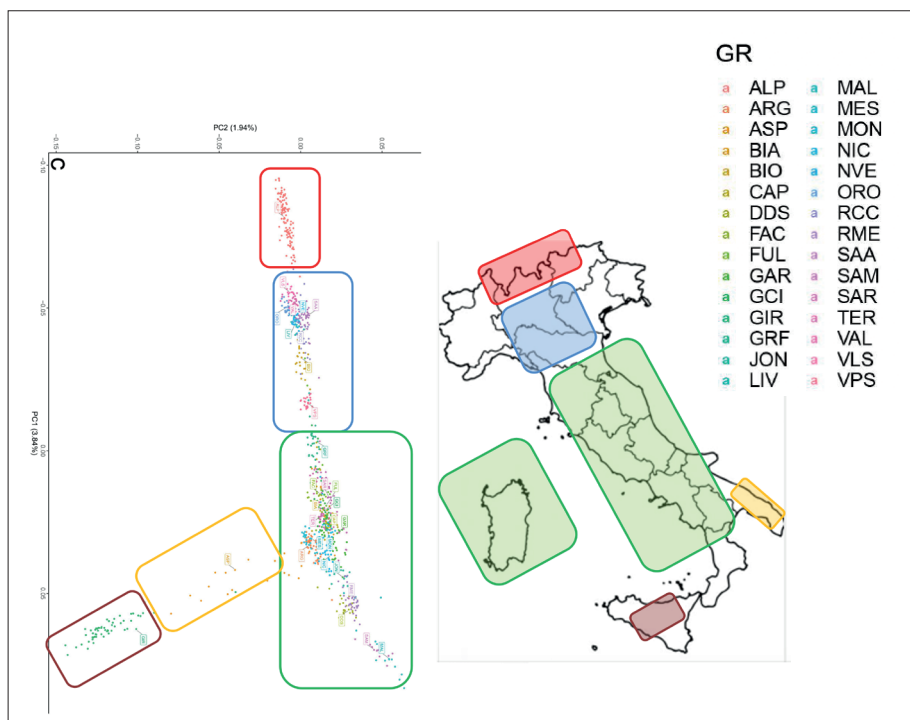


Fig. 10 Prima e seconda component ottenuta dalla analisi Multidimensional scaling trasposte sulla mappa geografica d'Italia. ALP=Camosciata delle Alpi ARG=Argentata dell'Etna ASP=Capra dell'Aspromonte BIA=Bianca Monticellana BIO=Bionda dell'Adamello CAP=Capestrina DDS=Derivata di Siria FAC=Facciuta della Valnerina FUL=Fulva del Lazio GAR=Garganica GCI=Grigia Ciociara GIR=Girgentana GRF Garfagnana JON=Jonica LIV=Capra di Livo-Lariana MAL=Maltese MES=Messinese MON=Capra di Montefalcone NIC=Nicastrese NVE=Nera di Verzasca ORO=Orobica RCC=Roccamare RME=Rossa Mediterranea SAA=Saanen SAM=Maltese sampled in Sardinia SAR=Sarda TER=Capra di Teramo VAL=Valdostana VLS=Vallesana VPS=Capra della Val Passiria (Fonte: modificata da Cortellari et al. 2021)

L'analisi fine a livello del genoma è anche in grado di individuare flussi genetici e introgressioni tra razze non documentati. Come riportato da Ciani et al. (2014), la costruzione di un albero filogenetico utilizzando l'algoritmo Neighbour Network applicato alla matrice di distanze genetiche di Reynolds et al. (1983) ha

evidenziato il noto contributo Merinos nelle razze Sopravissana e Gentile di Puglia (fig. 11) ma anche il sorprendente e sconosciuto contributo della razza ovina Delle Langhe, originaria del Piemonte, nel *make up* genetico della razza Altamurana, nello specifico della popolazione campionata a Foggia (fig. 12).

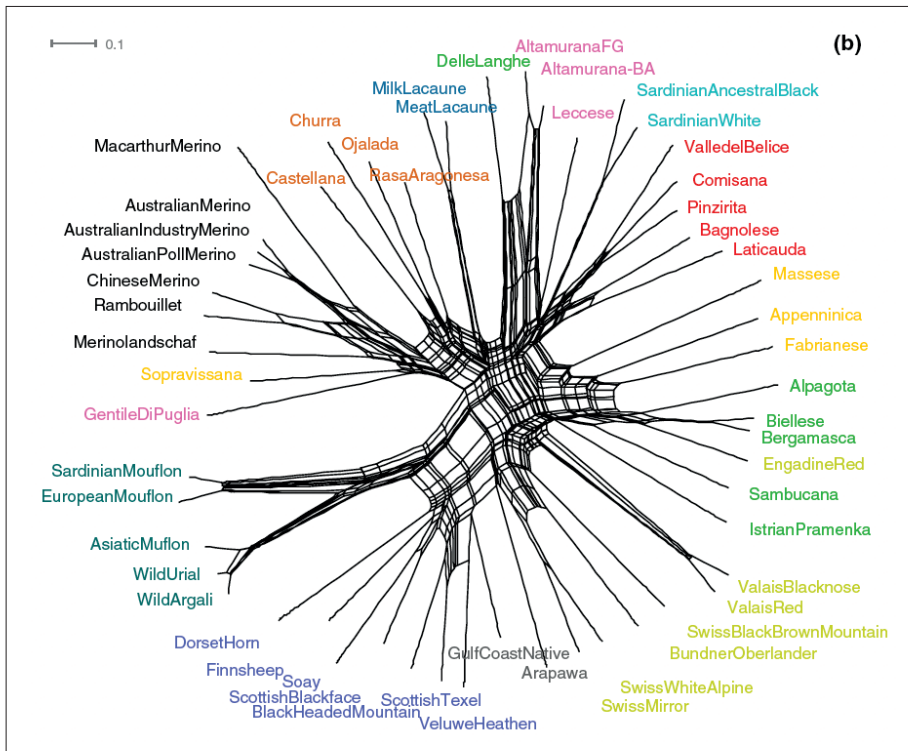


Fig. 11 Albero filogenetico Neural Network costruito sulle distanze genetiche di Reynolds tra razze a livello globale (Fonte: Ciani et al., 2014)

L'investigazione approfondita della variabilità genetica entro e tra razze ha, inoltre, una serie di applicazioni pratiche. Da un lato evidenzia il livello di similarità tra gli individui e quindi la loro somiglianza genetica (più gli individui appaiono dispersi nel grafico meno sono tra loro imparentati geneticamente). Il livello di dispersione è un indicatore indiretto del livello di consanguineità, parametro critico nella gestione delle razze zootecniche. Dall'altro, indica razze che sono tra loro geneticamente più simili, e suggerisce un eventuale serbatoio di variabilità genetica da cui attingere come *extrema ratio* in caso di grave crisi (ad esempio di carattere sanitario) che porti la razza sull'orlo dell'estinzione, evento irreversibile.

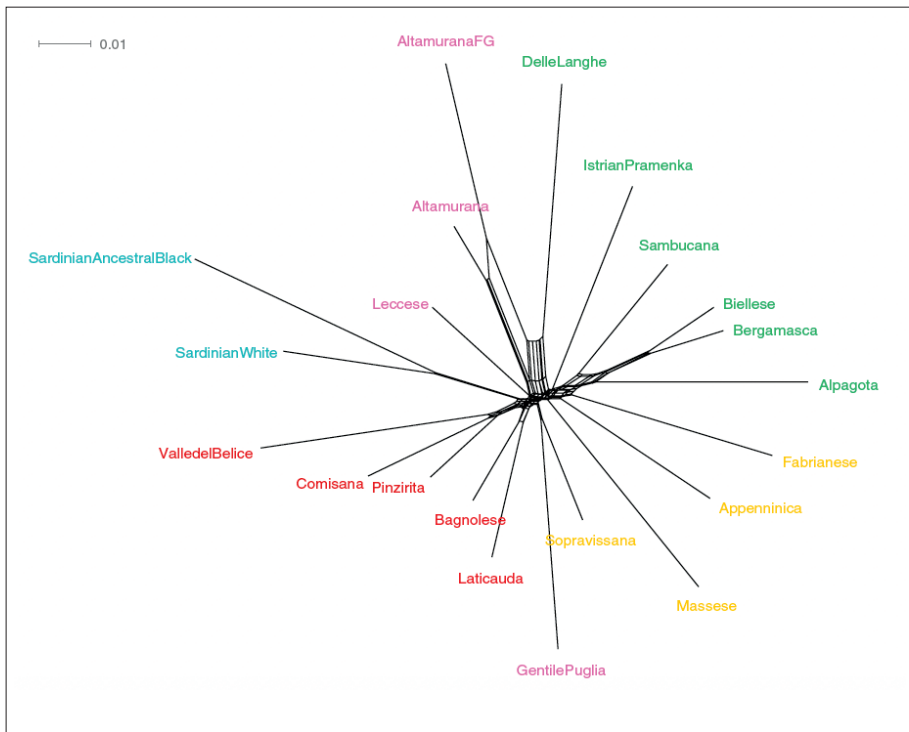


Fig. 12 *Albero filogenetico Neural Network costruito sulle distanze genetiche di Reynolds tra le sole razze italiane (Fonte: Ciani et al., 2014)*

Ad esempio, in figura 13, è riportata la distribuzione degli individui di una serie di razze ovine in funzione della loro distanza genetica utilizzando la tecnica multivariata delle Componenti principali. Presupponendo che il campionamento dei soggetti sia randomizzato e rappresentativo, la razza cosmopolita Textel (GTX) appare molto più dispersa longitudinalmente sulla prima componente principale rispetto a tutte le altre razze, indice di maggior distanza genetica tra individui e quindi di maggior variabilità. Evidente la somiglianza genetica tra la razza Sopravissana (SOP), la razza Merinos Italiana (MEI) e la razza Merinos originale della Spagna (MR) utilizzata in tempi storici come miglioratrice. Da notare, infine, l'estrema similarità genetica degli individui di razza Bergamasca, segnale di bassa variabilità genetica ed elevata parentela media, aspetto che potrebbe essere connesso a certe forme di transumanza che limitano il ricambio di sangue.

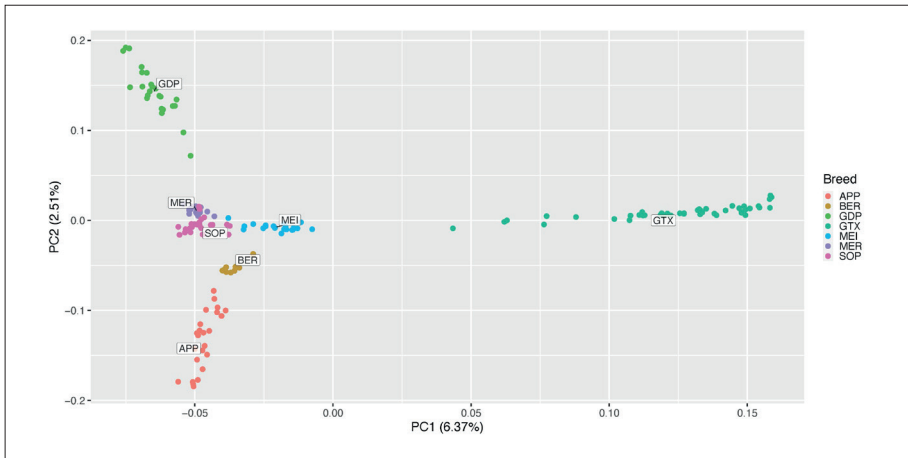


Fig. 13 Componenti principali 1 e 2 calcolate sulle distanze genetiche by dissent tra soggetti puri di razze ovine. APP=appenninica, BER=Bergamasca, GDP=Gentile di Puglia, GTX=Textel, MEI=Merinizzata Italiana, MER=Merinos originale, SOP=Sopravvissana

Analoghe informazioni possono essere dedotte applicando le stesse metodologie statistiche alle razze caprine (fig. 14). Interessante notare come le razze Capestrina e Grigia Ciociara condividano una ampia porzione di variabilità genetica, effetto probabile della condivisione dei medesimi pascoli durante la transumanza che facilita lo scambio genetico tra soggetti (spesso non desiderato).

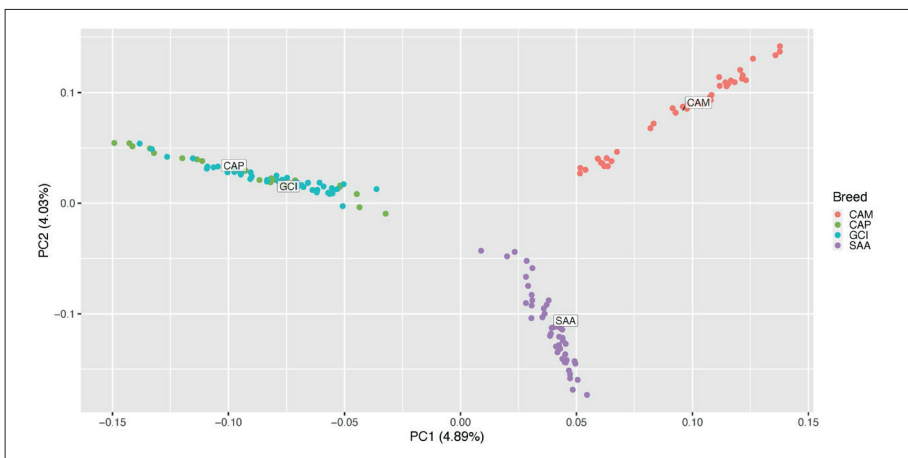


Fig. 14 Componenti principali 1 e 2 calcolate sulle distanze genetiche by dissent tra soggetti puri di razze caprine. CAP=capestrina, GCI=Grigia Ciociara, SAA=Saanen, CAM=Camosciata

La capacità esplorativa dei marcatori molecolari su larga scala arriva perfino a identificare i segnali genetici delle modalità con le quali, nei secoli, le razze sono state gestite, risultato della commistione continua tra effetti ambientali e tecniche zootecniche di allevamento.

Ad esempio Cortellari et al. (2022) analizzando la lunghezza delle Run of Homozigosity (porzioni di DNA identiche su entrambi i cromosomi indicative di un'origine comune tra gli individui di una popolazione) e comparandole tra razze caprine originarie del nord e del sud Italia, hanno identificato alcune peculiarità interessanti legate proprio all'ambiente e alle modalità di allevamento (fig. 15).

Più in dettaglio, le razze originarie delle valli alpine dell'Italia del Nord, separate le une dalle altre da barriere geografiche imponenti e quindi rimaste isolate geneticamente per generazioni, hanno evidenziato un elevato numero di ROH corte, il segnale nel DNA di eventi di ibridazione tra soggetti e razze molto lontani nel tempo. Al contrario, nelle razze originarie del sud Italia, le ROH lunghe sono più rappresentate nel genoma, segnale di eventi continui di scambio genetico che gli autori attribuiscono alla pratica della transumanza orizzontale, molto diffusa anche nei tempi moderni, alla condivisione quindi dei pascoli che questa pratica impone, ma anche alla tradizione di allevare più razze nello stessa azienda e infine a una standardizzazione dei caratteri di razza molto recente.

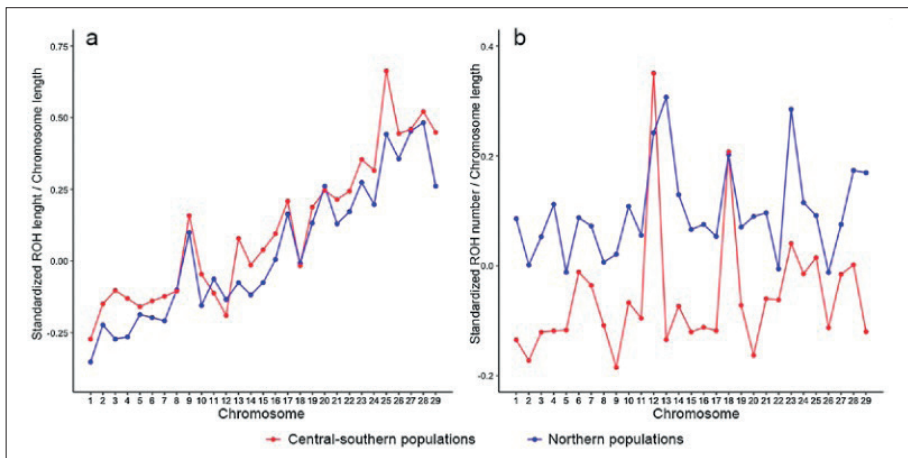


Fig. 15 Comparazione tra la lunghezza media standardizzata delle ROH nei due gruppi di razze. Nel grafico a) è rappresentata graficamente la media standardizzata delle lunghezze mentre nel grafico b) è rappresentato il numero di ROH standardizzato in funzione della lunghezza dei rispettivi cromosomi (Fonte: Cortellari et al., 2021)

Analogamente, l'analisi delle sequenze ROH ha evidenziato differenze marcate anche tra razze della specie bovina e in particolare tra le razze Piemontese e Pezzata Rossa, molto diffuse negli alpeggi dell'arco alpino italiano, e le razze Frisona e Bruna Alpina, cosmopolite e sottoposte a schemi di selezione spinta per i caratteri lattiferi.

In particolare, un elevato numero di corte sequenze ROH (porzioni di genoma omozigoti ereditate dai genitori), indicatrici di una consanguineità ancestrale, è stato identificato nella razza Piemontese e nella razza Pezzata Rossa. Di contro, nelle razze Frisona Italiana e Bruna Alpina l'analisi delle ROH ha evidenziato segnali di consanguineità recente, effetto collaterale negativo dell'elevata intensità di selezione (fig. 16; Marras et al. 2014).

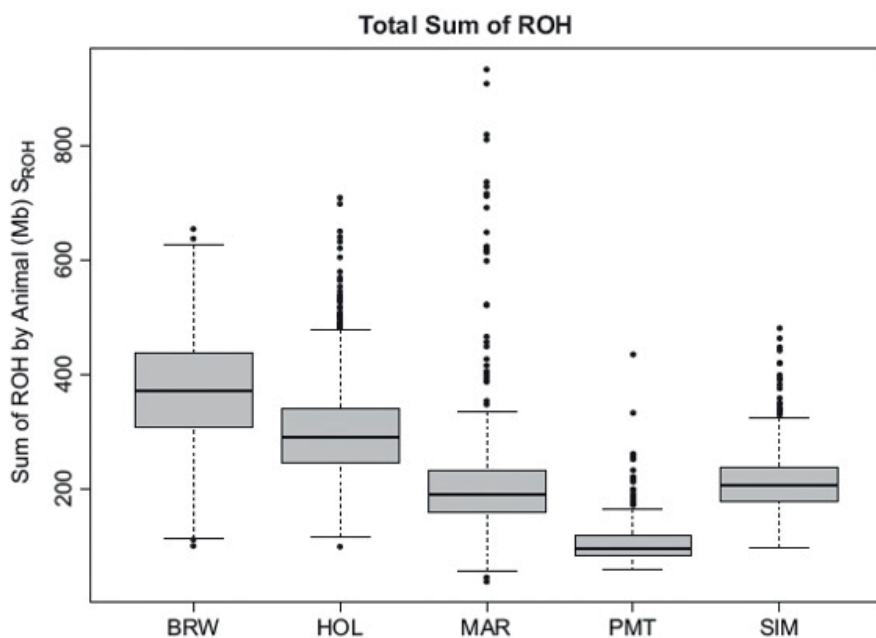


Fig. 16 Box plot delle lunghezze medie di ROH entro razza misurate in Mb. BRW=Brown Swiss, HOL=Holstein, MAR=Marchigiana, PMT=Piemontese, SIM=Pezzata Rossa

La pratica della transumanza non ha solo contribuito alla diversità genetica e alla selezione delle razze zootecniche ma anche alla conservazione delle risorse pastorali. Risorse che, in molte aree montane, hanno subito un graduale abbandono con una imponente avanzata del bosco d'invasione, favorendo

estesi dissesti e incendi e compromettendo la biodiversità (Cocca et al., 2012; MacDonald et al., 2000).

La contrazione della transumanza e delle connesse pratiche pastorali, a seguito dell'abbandono di piccole realtà di allevamento e per il cambiamento di gestione di molte aree pastorali alpine, ha portato alla perdita di innumerevoli specie vegetali di elevato interesse foraggero. Più recentemente, per la protezione dai grandi predatori, l'obbligatorietà di una nuova gestione del bestiame attraverso il ricovero notturno in recinti e la derivante concentrazione delle deiezioni (a scapito della distribuzione della fertilità sui pascoli) ha ulteriormente impoverito la biodiversità di queste aree un tempo percorse da greggi transumanti, con banalizzazione della vegetazione e scomparsa di cenosi di interesse pastorale, ambientale e culturale (Battaglini et al., 2012). Parallelamente, si è notato come in ambienti dell'areale mediterraneo in cui è tuttora presente la transumanza, la vegetazione ha mantenuto grazie alla sua biodiversità un certo, seppur delicato e fragile, equilibrio ambientale e idrogeologico (Baumont et al., 2014; Caballero et al., 2009).

Sono anche interessanti alcune espressioni di lunghe transumanze con grandi greggi di ovini di razza Biellese nell'area protetta del Po e della Collina torinese, da pochi anni Riserva di Biosfera MAB UNESCO. Si tratta di movimenti di greggi che da areali di pianura, lungo il fiume Po, raggiungono, talvolta ancora a piedi, i pascoli dei territori alpini (valico del Moncenisio, tra Italia e Francia). Spostamenti che confermano il forte legame delle attività pastorali, basate sulla transumanza, con l'ambiente, generando servizi ecosistemici che contribuiscono alla formazione e al mantenimento di un paesaggio culturale con alte valenze estetiche (Genovese et al., 2022).

La transumanza è in grado di migliorare non solo la composizione vegetazionale ma anche quella foraggera-nutrizionale dei pascoli e, come conseguenza, dei prodotti di origine animale derivati, come osservato con mandrie di vacche da latte nelle Alpi occidentali italiane (Gorlier et al., 2012). In questa ricerca, la valutazione delle composizioni botanica e nutrizionale dei pascoli ha permesso di riconoscere cinque tipi principali e sette sottotipi di vegetazione, co-presenti significativamente in più in ambienti di montagna dove la transumanza è ancora praticata (con abbondanza di specie foraggere di alta e media qualità come *Dactylis glomerata* L., *Polygonum bistorta* L. e *Festuca rubra* s.l.). I risultati hanno mostrato che i cambiamenti nella composizione nutrizionale dei pascoli dipendevano dalle variazioni nella composizione botanica e dalla fenologia al momento della presenza degli animali e che tali fattori, grazie alle modalità di gestione della mandria transumante, concorrevano a migliorare la qualità del latte durante la stagione pascoliva.

Un pascolo ben gestito con la transumanza, oltre a esprimere un impatto positivo sulla biodiversità e sulla qualità dei prodotti e in definitiva sul paesaggio, ostacola, grazie alla densità e qualità vegetale dello strato erboso, lo scorrimento di masse nevose e i rischi di dissesto idro-geologico (Gellrich et al., 2007). L'allevatore che pratica la transumanza svolge pertanto un ruolo di "manutenzione" del territorio non solo attraverso la gestione delle sue greggi ma anche attività agronomiche come lo sfalcio dei prati e la pulizia di fossi e canali, favorendo una regolare regimazione delle acque superficiali e mantenendo vitale l'ambiente nel suo complesso.

Un progetto alpino, Interreg V-A Italia-Austria 2014-2020, denominato TopValue "Il valore aggiunto del prodotto di montagna", annoverava tra i vari obiettivi anche quello della valorizzazione del prodotto di montagna attraverso il riconoscimento del servizio ecosistemico relativo alla conservazione della biodiversità vegetale a seguito di pratiche di transumanze verticali (Bovolenta et al., 2019). L'indagine svoltasi in Veneto, Friuli Venezia-Giulia e Alto Adige ha analizzato la composizione floristica delle aziende coinvolte valutando la ricchezza vegetazionale delle aree e la percezione che gli allevatori avevano di essa. I risultati hanno confermato una relazione inversa tra ricchezza floristica e intensità di utilizzo evidenziando che gli allevatori sono in grado di riconoscere i pascoli con maggiore diversità floristica pur poco consapevoli dell'importanza di questa biodiversità. La ricerca ha anche messo in evidenza che una maggior intensificazione dell'impiego delle superfici prato-pascolive (aumento di sfalci) in contrapposizione a pratiche di pascolamento attraverso la transumanza, riduce significativamente la ricchezza fitosociologica e dunque la biodiversità vegetale (Pasut et al., 2019).

La pastorizia transumante in Italia, nelle sue diverse espressioni di spostamenti orizzontali e verticali, grazie alla presenza di numerose razze, ha costantemente rappresentato un'attività di rilievo per la conservazione di territori meno favoriti. Si tratta di pratiche oggi in difficoltà per lo spopolamento di aree interne e montane ma che devono essere convenientemente riconosciute per le funzioni che mantengono per la conservazione di ambienti fragili e di *habitat* peculiari, nonché per rappresentare serbatoio di una importante biodiversità di razze adattate e resilienti. La conservazione della biodiversità, non solo animale ma anche vegetale, viene garantita da queste attività zootecniche che, utilizzando efficacemente risorse pastorali, permettono il mantenimento di aree marginali particolarmente preziose anche dal punto di vista naturalistico e ambientale. Aree che, a seguito di un esteso degrado e abbandono, seppur meno dotate da un punto di vista agronomico e naturalistico, potrebbero essere recuperate con opportune

pratiche pastorali. In questi territori greggi transumanti di molte razze autoctone, meno dipendenti da risorse alimentari “esterne”, dimostrano una evidente adattabilità all’ambiente grazie a una elevata capacità di utilizzazione di foraggi spontanei, di pascoli poveri, senza manifestare particolari difficoltà di ordine sanitario, produttivo o riproduttivo. I sistemi basati sulla transumanza, sarebbero così in grado di indurre un efficiente riciclo dei nutrienti, una migliore salute del suolo e una conservazione delle risorse agro-silvo-pastorali, aumentando la resilienza ambientale e contribuendo, in un certo qual modo, anche all’adattamento al cambiamento climatico.

RIASSUNTO

La transumanza è stata una delle più efficaci tecniche di sfruttamento dei pascoli stagionali e montani e, al contempo, di selezione di animali robusti, efficienti, resilienti e di facile allevamento.

Diffusa dall’arco alpino alle regioni meridionali e utilizzata dai pastori per secoli, tale pratica ha contribuito a modellare il patrimonio genetico di molte razze bovine e ovicaprine, adattandole alle condizioni di allevamento migratorio, arricchendo così l’eccezionale patrimonio di biodiversità caratterizzante la zootecnia del nostro Paese. Oggigiorno, lo studio della variabilità genetica e dei meccanismi di adattamento delle razze autoctone all’ambiente e ai sistemi di allevamento riveste un ruolo strategico per la conservazione degli ecosistemi e delle biodiversità zootecniche. In Italia sono allevate circa 16 razze bovine e oltre 50 razze ovicaprine autoctone, ufficialmente riconosciute dal Ministero delle Politiche Agricole Alimentari e Forestali, molte delle quali impiegate nelle zootecnie transumanti. Nella relazione verranno illustrati sia i più recenti dati sulla variabilità genetica delle razze a livello del DNA genomico sia dati di campo sulla composizione botanica delle aree interessate alla transumanza come indicatore del grado di conservazione degli agrosistemi pastorali.

Ad esempio, un elevato numero di corte sequenze ROH (porzioni di genoma omozigoti ereditate dai genitori), indicatrici di una consanguineità ancestrale, è stato identificato nella razza Piemontese e nella razza Pezzata Rossa molto diffusa negli alpeggi dell’arco Alpino. Di contro, nelle razze Frisone Italiana e Bruna Alpina l’analisi delle ROH ha evidenziato segnali di consanguineità recente, effetto collaterale negativo dell’applicazione di schemi di selezione spinti. Tra le razze ovine, la razza Bergamasca, le cui greggi sono tradizionalmente transumanti, mostra il minore tasso di consanguineità. Lo stesso tipo di analisi ha permesso di distinguere le razze caprine del nord Italia da quelle originarie delle regioni meridionali nelle quali la variabilità genetica è stata plasmata anche dal flusso genetico di razze e popolazioni attigue scambiato durante le transumanze stagionali. Quale esempio della biodiversità vegetale legata alla transumanza, l’analisi della composizione botanica di due siti di pascolamento bovino dell’arco alpino italiano nord-occidentale ha permesso di identificare ben 5 tipologie di vegetazione principale a loro volta suddivisibili in 7 sotto-tipologie.

Nella relazione verrà quindi discussa l'utilità della conoscenza fine della variabilità genetica degli animali e degli ecosistemi interessati dalla transumanza al fine della conservazione e valorizzazione di questa antica pratica zootecnica.

ABSTRACT

The genetic diversity of transhumant breeds and landscapes. Transhumance has been among the most effective Pastoralists' adaptation strategies, fostering the selection of the most suitable animals for hardiness, easy management, grazing ability, and resilience- crucial traits for migration. In Italy, the widespread seasonal droving of livestock along steady routes since centuries (e.g., Tratturi in the southern regions or Alpage in the northern areas) shaped several cattle, sheep, and goats breeds and ecosystems and contributed to the exceptional livestock biodiversity richness of our Country. Today, in light of the ongoing climate change and the importance of safeguarding the ecosystems, the conservation of livestock genetic variability and the understanding of the genetic basis of its adaptation to the natural environment, breeding conditions, and management strategies they have been subjected to is strategic. Italy counts about 16 breeds of cattle and more than 50 local and autochthonous sheep and goats officially acknowledged by the Ministry of Agriculture, many traditionally bred by transhumant small ruminant herders or mountain farmers.

Here, we show the pattern of genetic diversity within and among the local transhumant breeds at the DNA level by analyzing Runs of Homozygosity (ROH) and the pasture botanical composition of some migration passages as an indicator of landscape ecosystem conservation grade.

The analysis of Runs of Homozygosity (ROH), genomic regions with identical haplotypes inherited from each parent, sheds light on population history, estimate the genomic inbreeding, deciphers the genetic architecture of complex traits and diseases, and helps in identifying genes linked with agro-economic traits. For example, among five Italian dairy and beef cattle breeds, the highest number of short ROH (related to ancient consanguinity) was found in the Piedmontese, followed by Simmental, a dual purpose largely used to exploit summer mountain pastures along all of the Alpine Arch. Conversely, the Italian Brown and Holstein had a higher proportion of longer ROH distributed across the whole genome, revealing recent inbreeding. Among the sheep autochthonous breeds, Bergamasca appeared as the less inbred. The Bergamasca sheep breed is raised traditionally by transhumant management in Lombardy. The ROH analysis in goats revealed an opposite pattern between Northern and Southern breeds. The NRD populations, bred in isolated valleys, present more and shorter ROH segments. In contrast, the CSD populations have fewer and longer ROH, likely due to frequent admixture events during the horizontal transhumance practice followed by a more recent standardization. As an example of vegetational biodiversity linked to transhumance, the longitudinal analysis of the pasture composition of two mountain grazing sites located in the North-Western Italian Alps exploited in sequence by transhumant cows allowed the recognition of five vegetation types and seven vegetation sub-types. How the fine knowledge of animal and pasture biodiversity could support the conservation of transhumance practices is discussed.

BIBLIOGRAFIA

- BATTAGLINI L.M., MARTINASSO B., CORTI M., VERONA M., RENNA M. (2012): *Variazione della vegetazione pastorale in Piemonte a seguito del cambiamento nella gestione del gregge per la predazione da lupo*, «Quaderni SoZooAlp», 7, pp. 261-276.
- BÄTZING W. (2005): *Le Alpi: una regione unica al centro dell'Europa*, Torino, Bollati Boringhieri.
- BAUMONT R., CARRÈRE P., JOUVEN M., LOMBARDI G., LÓPEZ-FRANCOS A., MARTIN B., PEETERS A., PORQUEDDU C. (2014): *Forage resources and ecosystem services provided by mountain and Mediterranean grasslands and rangelands*, Options méditerranéennes, Series A, Mediterranean Seminars, n. 109, Clermont-Ferrand (France).
- BOVOLENTA S., KRIŠTOF P., RESSI W., STURARO E., TRENTIN G., VENERUS S. (2019): *I servizi ecosistemici e l'indicazione "PDM" a sostegno delle filiere lattiero-casearie di montagna: il progetto TopValue*, in: S. Bovolenta e E. Sturaro (a cura di), *I servizi ecosistemici: opportunità di crescita per l'allevamento in montagna?*, «Quaderni SoZooAlp», 10, pp. 61-72.
- BRAAT L. & P. TEN BRINK, (EDS.), WITH BAKKES J., BOLT K., BRAEUER I., TEN BRINK B., CHIABAI A., DING H., GERDES H., JEUKEN M., KETTUNEN M., KIRCHHOLTES U., KLOK C., MARKANDYA A., NUNES P., VAN OORSCHOT M., PERALTA-BEZERRA N., RAYMENT M., TRAVISI C., WALPOLE M. (2008): *The Cost of Policy Inaction, The case of not meeting the 2010 biodiversity target*, Wageningen, Alterra, Alterra-rapport 1718, 314 blz., 85 figs., 45 tables., 140 refs.
- CABALLERO R., FERNÁNDEZ-GONZÁLEZ F., PÉREZ BADIA R., MOLLE G., ROGGERO P.P., BAGELLA S., D'OTTAVIO P., PAPANASTASIS V.P., FOTIADIS G., SIDIROPOULOU A., ISPIKOUDIS, I. (2009): *Grazing systems and biodiversity in Mediterranean areas: Spain, Italy and Greece*, «Pastos», 39 (1), pp. 9-152.
- CIANI E., CREPALDI P., NICOLOSO L., LASAGNA E., SARTI F.M., MOIOLI B., NAPOLITANO F., CARTA A., USAI G., D'ANDREA M., MARLETTA D., CIAMPOLINI R., RIGGIO V., OCCIDENTE M., MATASSINO D., KOMPAN D., MODESTO P., MACCIOTTA N., AJMONE-MARSAN P., PILLA F. (2014): *Genome-wide analysis of Italian sheep diversity reveals a strong geographic pattern and cryptic relationships between breeds*, «Anim Genet», 45 (2), pp. 256-66. doi: 10.1111/age.12106. Epub 2013 Dec 5.
- COCCA G., STURARO E., GALLO L., RAMANZIN M. (2012): *Is the abandonment of traditional livestock farming systems the main driver of mountain landscape change in alpine areas?*, Land Use Policy, DOI information: 10.1016/j.landusepol.2012.01.005
- CORTELLARI M., BIONDA A., NEGRO A., FRATTINI S., MASTRANGELO S., SOMENZI E., LASAGNA E., SARTI F.M., CIANI E., CIAMPOLINI R., MARLETTA D., LIOTTA L., AJMONE MARSAN P., PILLA F., COLLI L., TALENTI A., CREPALDI P. (2021): *Runs of homozygosity in the Italian goat breeds: impact of management practices in low-input systems*, «Genet Sel Evol.», 53 (1), 92. doi: 10.1186/s12711-021-00685-4. PMID: 34895134; PMCID: PMC8666052.
- DIZNEY L.J., RUEDAS L.A. (2009): *Increased host species diversity and decreased prevalence of Sin Nombre virus*, «Emerg. Infect. Dis.», 15, pp. 1012-1018.
- GELLRICH M., BAUR P., KOCH B., ZIMMERMANN N.E. (2007): *Agricultural land abandonment and natural forest re-growth in the Swiss mountains: a spatially explicit economic analysis*, «Agri. Ecosyst. Environ.», 118 (1-4), pp. 93-108.
- GENOVESE D., OSTELLINO I., BATTAGLINI L.M. (2022): *The Conflict of Itinerant Pastoralism in the Piedmont Po Plain (Collina Po Biosphere Reserve, Italy)*, in *Grazing Communi-*

- ties: Pastoralism on the Move and Biocultural Heritage Frictions* (Bindi L. editor), 29, 44, Berghahn Books, Oxford-New York.
- GORLIER A., LONATI M., RENNA M., LUSSIANA C., LOMBARDI G., BATTAGLINI L.M. (2012): *Changes in pasture and cow milk compositions during a summer transhumance in the western Italian Alps*, «Journal Of Applied Botany And Food Quality», 85, pp. 216-223.
- KEESING F., BELDEN L.K., DASZAK P., DOBSON A., DREW HARVELL C., HOLT R.D., HUDSON P., JOLLES A., JONES K.E., MITCHELL C.E., MYERS S.S., BOGICH T., OSTFELD R.S. (2010): *Impacts of biodiversity on the emergence and transmission of infectious diseases*, «Nature», 468, pp. 647-652.
- MACDONALD D., CRABTREE J.R., WIESINGER G., DAX T., STAMOU N., FLEURY P., GUTIERREZ LAZPITA J., GIBON A. (2000): *Agricultural abandonment in mountain areas of Europe: Environmental consequences and policy response*, «Journal of Environmental Management», 59, pp. 47-69.
- MARRAS G., GASPA G., SORBOLINI S., DIMAURO C., AJMONE-MARSAN P., VALENTINI A., WILLIAMS J.L., MACCIOTTA N.P. (2015): *Analysis of runs of homozygosity and their relationship with inbreeding in five cattle breeds farmed in Italy*, «Anim Genet.», 46 (2), pp. 110-121. doi: 10.1111/age.12259. Epub 2014 Dec 22. PMID: 25530322.
- OECD (2008): *Organisation for Economic Cooperation and Development: Outlook to 2030*, Paris.
- PASUT D., PORNARO C., MACOLINO S., SCARIOT A., STURARO E., RESSI W., BOVOLENTA S. (2019): *Valutazione della biodiversità vegetale nel contesto dei servizi ecosistemici offerti dall'azienda agro-zootecnica di montagna*, «Quaderni SoZooAlp», 10, pp. 73-84.
- RONCHI B., PULINA G., RAMANZIN M. (a cura di) (2014): *Il Paesaggio Zootecnico Italiano*, Franco Angeli ed. Milano, pp. 141-159.
- REYNOLDS J., WEIR B.S. & COCKERHAM C.C. (1983): *Estimation of the coancestry coefficient: basic for a short-term genetic distance*, «Genetics», 105, pp. 767-779.
- SENCZUK G., CRISCIONE A., MASTRANGELO S., BISCARINI F., MARLETTA D., PILLA F., LALOË D., CIAMPOLINI R. (2022): *How Geography and Climate Shaped the Genomic Diversity of Italian Local Cattle and Sheep Breeds*, «Animals», 12, 2198. <https://doi.org/10.3390/ani12172198>
- STREIFENEDER T., TAPPEINER U., RUFFINI F.V., TAPPEINER G., HOFFMANN C. (2007): *Perspective on the transformation of agricultural structures in the Alps. Comparison of agro-structural indicators synchronized with a local scale*, «Rev. Geogr. Alp. – J. Alp. Res.», 95, pp. 27-40.
- SUZÁN G., MARCÉ E., TOMASZ GIERMAKOWSKI J., MILLS J.N., CEBALLOS G., OSTFELD R.S., ARMÍÉN B., PASCALE J.M., YATES T.L. (2009): *Experimental evidence for reduced mammalian diversity causing increased hantavirus prevalence*, PLoS ONE 4, e5461.

SITOGRAFIA

<http://www.fao.org/dad-is>
<https://www.unep.org>
<https://www.oecd.org/env/indicators-modelling-outlooks/40200582.pdf>
<https://www.globio.info>
https://ec.europa.eu/commission/presscorner/api/files/attachment/865555/factsheet-business-case-biodiversity_en.pdf.pdf

