

Basi genetiche e fisiologiche della qualità degli alimenti di origine animale

Pier Lorenzo Secchiari¹¹, Paolo Carnier², Alessandro Priolo³, Marcello Mele¹

¹Dipartimento di Agronomia e Gestione dell'Agro-ecosistema – Sezione di Scienze Zootecniche, Università di Pisa

Via del Borghetto 80, 56124 Pisa

²Dipartimento di Scienze Animali, Università di Padova

Agripolis, Viale dell'Università 16, 35020 Legnaro (PD)

³Dipartimento di Scienze Agronomiche, Agrochimiche e delle Produzioni Animali – Sezione di Scienze delle Produzioni Animali, Università di Catania

Via Valdisavoia 5, 95123 Catania

Associazione Scientifica di Produzione Animale

Riassunto

Il miglioramento della qualità dei prodotti rappresenta, da più di vent'anni, uno degli obiettivi prioritari dell'attività di ricerca nell'ambito delle scienze animali, a causa dell'importanza crescente di questo fattore nelle scelte operate dai consumatori. In questo lavoro vengono passati in rassegna i principali alimenti di origine animale (latte, carni e uova), evidenziando lo stato attuale delle conoscenze genetiche e fisiologiche che sono alla base delle loro principali caratteristiche qualitative. In particolare nei bovini e nei suini viene esaminato il ruolo della genetica quantitativa e l'importanza crescente delle conoscenze derivanti dallo studio del genoma animale e dall'individuazione di QTL, vale a dire *loci* aventi effetto sui caratteri quantitativi. L'aumento delle conoscenze sulle regioni genomiche che controllano i QTL può consentire di avviare programmi di miglioramento genetico, utilizzando la Selezione Assistita da Marcatori (MAS) e l'Introgressione di geni Assistita da Marcatori (MAI). Accanto a queste problematiche vengono riportate le conoscenze relative ai processi fisio-metabolici che determinano la qualità dei prodotti soprattutto riguardo la loro componente lipidica e proteica. In riferimento ai prodotti di altre specie vengono analizzate le conoscenze relative alla fisiologia della produzione delle uova e al miglioramento genetico delle ovaiole e sono ricordati gli aspetti qualitativi più rilevanti delle carni avicole e di coniglio, le particolarità fisiologiche che condizionano l'espressione di quest'ultime e le metodologie di miglioramento genetico oggi attuate.

Parole chiave: alimenti, genetica, fisiologia, qualità.

Summary

GENETIC AND PHYSIOLOGY BASIS OF THE QUALITY OF LIVESTOCK PRODUCTS.

The animal research gives more attention, for more than twenty years, to the improvement of food quality, because this aspect plays an important role in the consumer choice. In this paper are browsed the principal foods of animal origin (milk, meat and eggs), paying attention on the actual genetic and physiologic knowledge, which influence the quality characteristic. Particularly, we examined the role of Quantitative Genetic in bovine and swine and the growing knowledge about animal genomes and individuation of QTL. Information on genomic regions that control QTL, allow to organize genetic improvement programs, using Markers Assisted Selection (MAS) and Markers Assisted Introgression (MAI). Moreover are reported the knowledge about metabolic processes that influence quality especially on lipid and protein component. About other productions are considered the physiology of eggs production and the genetic improvement of hens. Finally the qualitative aspects about poultry and rabbit meat and the actual genetic improvement strategy are reported.

Key-words: foods, genetic, physiology, quality.

* Autore corrispondente: tel.: +39 050 599225; fax: +39 050 540633. Indirizzo e-mail: psecchia@agr.unipi.it

1. Introduzione

L'agricoltura odierna sta attraversando un'importante fase di transizione che la porterà ad acquisire un nuovo ruolo nel contesto socio-economico nazionale e internazionale. L'aumento della produzione agricola non riveste più il fine ultimo delle pratiche agronomiche, perché si stanno sviluppando nuovi aspetti quali la tutela dell'ambiente, l'agricoltura sostenibile, la difesa idrogeologica, la salvaguardia della biodiversità animale e vegetale, la qualità della vita, che hanno sostituito e diversificato l'univoca finalità originaria. L'avvenire dell'agricoltura, per decisione politica della Unione Europea, si indica ormai in termini di sviluppo rurale, che riassume tutti i contenuti in cui si declina l'attività agricola nella sua accezione più moderna.

La zootecnia italiana, dal canto suo, si sta adeguando alle nuove esigenze del settore, grazie anche all'apporto fondamentale della ricerca scientifica. Le conquiste fatte nel campo della genetica, della nutrizione e del management aziendale, hanno permesso di conquistare importanti risultati, con lo scopo di migliorare la produzione non solo da un punto di vista quantitativo, ma anche e soprattutto, qualitativo. Le principali produzioni zootecniche sono rappresentate dal latte dei grandi (bovini e bufali) e piccoli ruminanti (capre e pecore), dalla carne bovina, suina e avicunicola e dalle uova. Il miglioramento della qualità di questi prodotti rappresenta, da più di vent'anni, uno degli obiettivi prioritari dell'attività di ricerca nell'ambito delle scienze animali. Il perseguimento di questo obiettivo ha consentito lo sviluppo di questo specifico ambito di ricerca. Tale sviluppo, tuttavia, non sarebbe stato possibile se non fosse stato accompagnato da un contemporaneo avanzamento delle conoscenze nel campo della genetica e della fisiologia degli organismi animali coinvolti nei processi produttivi, da cui derivano gli alimenti che sono considerati in questa rassegna.

2. Il latte

Il processo fisiologico, che porta alla sintesi del latte, è detto lattazione. Le fasi che caratterizzano questo processo sono la secrezione, l'eiezione e l'estrazione del latte.

La cellula mammaria, durante la sintesi del

latte, preleva sostanze dal sangue e le rielabora per la sintesi dei vari componenti (lattosio, lipidi e proteine), ai quali aggiunge, assumendoli direttamente dal circolo sanguigno, sali minerali e componenti minori (azoto non proteico e vitamine). Per fare questo la cellula epiteliale mammaria ha sviluppato una straordinaria organizzazione ed efficienza nella capacità di convertire i nutrienti circolanti nei componenti del latte (Bauman et al., 2006).

La secrezione di latte da parte della ghiandola mammaria è sostenuta da una serie di controlli di tipo neuroendocrino che stimolano il metabolismo mammario e ai quali si accompagna un largo aumento nella richiesta di nutrienti, soprattutto negli individui appartenenti a razze di ruminanti selezionate per il loro potenziale produttivo. I fabbisogni della ghiandola mammaria sono parzialmente soddisfatti dalla maggiore disponibilità di nutrienti che l'allevatore mette a disposizione con la dieta e dall'aumentata efficienza digestiva e metabolica dell'animale. In aggiunta, la mobilitazione delle riserve minerali, lipidiche e proteiche dell'organismo, fornisce alla ghiandola mammaria l'apporto di metaboliti necessario per assicurare un'adeguata secrezione di latte. In particolare, all'inizio della lattazione, l'animale è soggetto ad una serie di cambiamenti del metabolismo dei diversi organi e tessuti, al fine di assicurare un adeguato rifornimento di nutrienti alla ghiandola mammaria. Tali adattamenti metabolici riguardano: il tessuto adiposo, che, tramite la mobilitazione degli acidi grassi contenuti nei trigliceridi degli adipociti, consente di sopperire al deficit energetico che si realizza negli animali che producono elevate quantità di latte nella fase iniziale della lattazione; il tessuto muscolare, che, sempre nella fase iniziale della lattazione, mobilita proteine di riserva per sopperire agli aumentati fabbisogni della ghiandola mammaria; il fegato, la cui attività di gluconeogenesi, di turnover del glucosio e di ossidazione degli acidi grassi, incrementa notevolmente con l'inizio della lattazione, per sopperire ai notevoli fabbisogni energetici che questo stadio fisiologico necessita, le ossa, che forniscono parte delle grandi quantità di minerali, soprattutto calcio, secreti con il latte. Infine, un ruolo determinante nella regolazione del metabolismo dell'animale in lattazione è svolto dagli ormoni circolanti.

Alla funzionalità della mammella concorrono, infatti, molti ormoni; fra questi, per la mammosi sono importanti gli Estrogeni, che agiscono sullo sviluppo dei dotti e il Progesterone, che influenza il trofismo delle cellule alveolari; abbiamo poi l'effetto di altri ormoni, quali la Prolattina, il Cortisolo, e l'Insulina, gli ormoni tiroidei (T_3 : Triiodotironina e T_4 : Tiroxina), l'IGF₁ e l'ormone placentare prolattina-simile (HPLC, Ormone Lattogeno Placentare). La lattogenesi e la galattopoiesi sono sostenute dalla Prolattina, secreta dalle cellule lattotrofe dell'adenipofisi, che avvia i processi di biosintesi e di secrezione del latte. Nei ruminanti, a differenza dei monogastrici, il mantenimento della secrezione di latte durante la lattazione non è strettamente dipendente dalla concentrazione di Prolattina (Delouis et al., 1980).

Gli Estrogeni svolgerebbero un ruolo indiretto nel favorire la lattogenesi, in quanto l'aumento della loro concentrazione ematica dopo il parto stimolerebbe la secrezione di prolattina da parte dell'adenipofisi (Kann e Houdebine, 1978), così come la diminuzione della concentrazione di Progesterone durante la fase finale della gravidanza è il segnale più efficace nell'indurre la secrezione di Prolattina e, pertanto, avviare il processo di secrezione del latte. Al contrario i livelli di Progesteronemia che si hanno durante la gravidanza inibiscono la secrezione di latte per via diretta tramite la riduzione dell'espressione del gene della prolattina a livello dell'adenipofisi.

Gli ormoni surrenalici e tiroidei sono necessari al mantenimento della lattazione; i primi (Cortisolo) sono infatti indispensabili per la formazione della quota minerale e idrica del latte, mentre i secondi regolano la funzionalità mitocondriale e, quindi, le vie metaboliche energetiche cellulari.

Il GH (Ormone dell'accrescimento) ha un ruolo importantissimo sullo sviluppo mammario, in quanto esercita un'azione di controllo sul numero e sulle dimensioni delle cellule mammarie secernenti durante la lattazione. Inoltre, l'influenza dell'ormone GH, induce l'aumento della produzione epatica di IGF-1, che favorisce la moltiplicazione delle cellule del tessuto mammario (Duclos et al., 1989). Le bovine più produttive avrebbero un'elevata secrezione di GH e questa condizione costituirebbe una caratteristica genetica.

L'eiezione è il passaggio del latte dagli alveoli alla cisterna della mammella. Il processo è regolato da un meccanismo neuroendocrino, originato dalla stimolazione della mammella e del capezzolo con la poppata o la mungitura. I segnali nervosi di questi processi giungono all'encefalo e, quindi, sono trasferiti ai nuclei ipotalamici (sede della sintesi dell'ossitocina) e da qui all'ipofisi (sede del suo accumulo), da cui il neuroormone viene rilasciato nel flusso sanguigno. L'ossitocina agisce sulle cellule mioepiteliali degli alveoli mammari, provocando la loro contrazione e quindi lo svuotamento della ghiandola (Pulina e Nudda, 2001). L'assenza di ossitocina non consentirebbe il completo svuotamento della mammella; nella vacca si riuscirebbe ad estrarre appena il 30-40% del latte totale (Alais, 2000).

La contrazione degli alveoli incrementa la pressione endomammaria, ma non è in grado di vincere la resistenza dello sfintere del capezzolo; questa sarà vinta solo dalla suzione o dalla mungitura (Pulina e Nudda, 2001). Questa fase rappresenta l'estrazione vera e propria del latte. Il latte secreto dalla ghiandola mammaria può essere estratto naturalmente dai lattanti, oppure artificialmente con la mungitura.

Questo complesso sistema ormonale, oltre a regolare lo sviluppo della ghiandola mammaria e l'avvio dell'attività secretoria, interviene anche nella regolazione dei processi di sintesi dei componenti del latte. Tra i diversi componenti del latte quelli che influenzano maggiormente le proprietà chimico, nutrizionali e tecnologiche dello stesso sono sicuramente il lattosio, le proteine e il grasso. La piena comprensione dei meccanismi fisiologici che sono alla base della sintesi di queste componenti rappresenta il primo passo verso la messa a punto di adeguate strategie di miglioramento della qualità dei prodotti.

2.1 Sintesi del lattosio

Il lattosio è un disaccaride costituito da una molecola di glucosio e una di galattosio; dal punto di vista biochimico è osmolaricamente attivo e perciò in grado di richiamare acqua, necessaria a garantire l'osmolarità, entro le membrane del Golgi, poste nel citoplasma cellulare in cui esso viene assemblato. In forza di questo processo il lattosio condiziona la quantità di latte prodotto poiché ne determina il suo contenuto in acqua,

cioè della componente più cospicua del latte medesimo.

La sua sintesi è catalizzata dalla Lattosio-sintetasi, formata dalla UDP-galattosiltransferasi e dalla alfa-lattoalbumina. La disponibilità di questa ultima proteina è controllata dalla Prolattina. Il Progesterone, invece, inibisce la formazione dell'alfa-lattoalbumina e pertanto ha un effetto negativo sulla sintesi del lattosio e, per le ragioni suddette, sulla produzione di latte.

Infine, la disponibilità di glucosio per la ghiandola mammaria è un altro fattore limitante la sintesi del lattosio.

Dal punto di vista nutrizionale, il lattosio svolge un ruolo positivo nel metabolismo del Ca, favorendone l'assorbimento intestinale.

Inoltre, dopo la sua idrolisi intestinale da parte della Lattasi, i glucidi che ne derivano sono così utilizzati dall'organismo: il glucosio, a fini energetici e il galattosio per fornire il substrato glucidico necessario alla sintesi dei galattolipidi. Quest'ultimo aspetto è estremamente importante, poiché i galattolipidi sono componenti della mielina, sostanza che avvolge esternamente il sistema nervoso centrale e periferico. Come è noto la mielinizzazione nei mammiferi si completa dopo la nascita, e pertanto questo processo è favorito dall'assunzione del lattosio del latte, durante la fase di allattamento.

2.2 Sintesi delle proteine del latte

Le principali proteine del latte vengono sintetizzate a partire dagli aminoacidi circolanti, in funzione dell'espressione dei geni codificanti per le quattro caseine (α -s1, α -s2, β e k-caseina), la beta-lattoglobulina e l'alfa-lattoalbumina. La sintesi delle proteine del latte non si avvia subito dopo il parto, ma, in realtà, comincia assai prima, durante la gravidanza, come testimonia la presenza di mRNA caseinico nelle cellule ghiandolari durante questa fase fisiologica. Tuttavia, è solo con il parto che questo processo si amplifica e si estrinseca al suo massimo potenziale, favorito da un ambiente ormonale che vede prevalere la presenza di Prolattina, rispetto al Progesterone. Quest'ultimo, infatti, presente ad elevate concentrazioni nel plasma di animali gravidi, non consentirebbe un'efficiente traduzione di mRNA caseinico in proteina. La Prolattina, al contrario, è il principale ormone che induce l'espressione dei geni delle proteine del latte, stimolandone la trascrizione e stabiliz-

zando l'mRNA prodotto. L'effetto stimolante della Prolattina sarebbe, inoltre, amplificato dall'azione dell'Insulina e degli ormoni glucocorticoidi (Rosa et al., 1982).

La sintesi delle proteine del latte avviene nelle cellule secretive della ghiandola mammaria a livello del reticolo endoplasmatico rugoso. Successivamente, le proteine sono secrete nel lume dell'alveolo mammario attraverso un meccanismo che coinvolge la formazione di vescicole da parte dell'apparato del Golgi e la loro successiva secrezione attraverso un meccanismo di esocitosi (Secchiari et al., 2008).

Alla quantità e alla qualità delle proteine del latte sono legate molte delle proprietà nutrizionali e tecnologiche del latte. È noto, ad esempio, che la resa alla caseificazione è funzione della quantità di caseina totale e del tipo di isoforme di K-caseina. La presenza, invece, di alcuni importanti peptidi bioattivi, come le caseochinine e le caseosine, sono legati all'abbondanza di β e k-caseina. Poiché la quantità delle diverse proteine presenti nel latte è funzione delle diverse forme alleliche presenti nelle popolazioni dei ruminanti, nel caso delle proteine le strategie di miglioramento della qualità del latte sono storicamente fondate sull'individuazione di alleli favorevoli e sull'impostazione di programmi di miglioramento genetico in grado di sfruttare queste conoscenze. Questo aspetto, tuttavia, sarà trattato nella parte relativa alle basi genetiche della qualità del latte.

2.3 Sintesi del grasso del latte

Il grasso del latte è composto per circa il 98% da trigliceridi e la rimanente parte da fosfolipidi, altri esteri del glicerolo, colesterolo e vitamine liposolubili. Per la sintesi di questi composti, le cellule della ghiandola mammaria utilizzano per circa il 50% acidi grassi neosintetizzati a partire dall'acetato e dal beta-idrossi butirrato, mentre, per il rimanente 50% utilizzano acidi grassi preformati prelevati direttamente dal sangue. Questi ultimi derivano dalla dieta e dalla mobilizzazione delle riserve lipidiche. I meccanismi di sintesi del grasso del latte coinvolgono diversi enzimi che sono interessati nel processo di captazione dei precursori dal sangue (Lipoproteinlipasi), nell'allungamento e nella desaturazione delle catene carboniose degli acidi grassi (Acetil-CoA Carbossilasi; Fatty acid Sintasi, Δ -9 desaturasi); nel trasporto degli

acidi grassi all'interno del citoplasma (Fatty Acid Binding Protein); nell'esterificazione del glicerolo per la formazione di trigliceridi e fosfolipidi (Acil-transferasi). Oltre a questi intervengono, inoltre, tutti gli enzimi coinvolti nel metabolismo energetico della cellula ghiandola-re al fine di fornire gli equivalenti riduttivi e l'ATP necessario alla realizzazione delle reazioni biochimiche e di ossidoriduzione che sono alla base della sintesi dei grassi del latte. Un ruolo importante nella determinazione della disponibilità di precursori ematici per la sintesi mammaria di grasso del latte è svolto anche dall'equilibrio ormonale. Gli ormoni maggiormente coinvolti sono l'Insulina, l'Epinefrina, il GH e la Leptina. La loro azione si esplica principalmente sulla capacità dell'animale di mobilitare le riserve lipidiche e, pertanto, di rendere disponibili gli acidi grassi in esse contenuti sia per la loro β -ossidazione sia per aumentare l'apporto di acidi grassi preformati alla ghiandola mammaria, in funzione del bilancio energetico dell'animale.

La conoscenza approfondita dei meccanismi fisiologici e biochimici che sono alla base della secrezione del grasso del latte ha permesso lo sviluppo di strategie nutrizionali finalizzate a migliorare la qualità del grasso del latte dei ruminanti. Data la grande importanza che ha assunto il ruolo nutraceutico degli alimenti nella prevenzione delle principali malattie che affliggono le società dei paesi sviluppati, uno degli obiettivi primari della ricerca negli ultimi vent'anni è quello di migliorare la composizione degli acidi grassi del latte nel senso di ottenere un aumento della frazione insatura a discapito di quella satura. Tale obiettivo nasce dalla consapevolezza che, in assenza di adeguati accorgimenti nutrizionali, la fisiologia del ruminante è indirizzata verso la sintesi di un grasso ad alto contenuto di acidi grassi saturi. Questo si deve a due motivi: da un lato gli acidi grassi insaturi contenuti nella dieta subiscono intensi processi di bioidrogenazione a livello del ruminante ad opera dei microrganismi ivi presenti; dall'altro, l'attività sintetica della ghiandola mammaria è dedicata in massima parte alla formazione di acidi grassi saturi a media catena (indicati come fattori di rischio nell'uomo per le malattie cardiovascolari), grazie ad un sistema enzimatico che non consente di ottenere allungamenti della catena carboniosa degli acidi gras-

si oltre i 16 atomi di carbonio (Mele et al., 2007). D'altra parte le stesse bioidrogenazioni ruminali responsabili dell'accumulo di acidi grassi saturi sono anche la via biochimica che garantisce la formazione a livello ruminale di acido vaccenico (*trans*-11 C18:1), che, a livello delle cellule della ghiandola mammaria, grazie all'azione dell'enzima Δ -9 desaturasi, viene convertito in maniera significativa ad acido rumenico (*cis*-9, *trans*-11 18:2), un isomero coniugato dell'acido linoleico (CLA) dalle riconosciute proprietà antitumorali, antidiabetiche, immunomodulanti e antiaterosclerotiche. Ad oggi, accanto a quelle genetiche, esistono numerose strategie nutrizionali in grado di orientare i meccanismi biochimici e fisiologici che intervengono nel metabolismo lipidico dei ruminanti, al fine di aumentare il contenuto di acidi grassi favorevoli per la salute umana, a discapito di quelli sfavorevoli. Tali strategie si basano sulla modulazione delle bioidrogenazioni ruminali, sull'interferenza che alcuni acidi grassi esercitano sulla neosintesi mammaria di acidi grassi saturi e sulla modulazione dell'attività desaturasica mammaria.

2.4 Basi genetiche della qualità del latte

Il miglioramento della qualità del latte è stato ed è tuttora perseguito attraverso i metodi della genetica quantitativa che hanno come base concettuale il modello infinitesimale. Tali metodi hanno conosciuto nel tempo una considerevole evoluzione nei sistemi di stima dei parametri genetici, tuttavia si basano sempre su informazioni fenotipiche e genealogiche, non considerando, fino a pochi anni fa, aspetti legati alla struttura del genotipo degli animali. I sistemi sopra accennati originano dal modello generale di stima del Valore genetico additivo con il metodo infinitesimale e dalla derivazione da questo dei metodi basati su equazioni di modello misto, che hanno generato l'attuale BLUP-Animal Model. All'ottimizzazione di questo risultato ha dato un grosso contributo l'affinamento delle tecniche di rilievo dei dati fenotipici basato sul Test-Day-Model. L'agevole stima delle parentele degli animali attraverso il Metodo tabulare ha permesso la creazione e l'inserimento nei modelli delle matrici di parentela, aumentando considerevolmente l'accuratezza della stima del Valore genetico, partendo da dati fenotipici che il Test-Day riesce a rap-

presentare adeguatamente (Secchiari et al., 2007).

Inoltre, nell'ultimo ventennio, lo sviluppo delle tecnologie di genetica molecolare ha permesso di ottenere un'enorme quantità di informazioni sul genoma delle specie animali di interesse zootecnico. L'utilizzo di queste informazioni riveste una particolare importanza per quanto riguarda il miglioramento genetico che, in generale, ha come obiettivi finali il miglioramento della quantità e della qualità dei prodotti zootecnici. A tale scopo, lo sfruttamento delle nuove conoscenze, che derivano dalla genetica molecolare, si attua attraverso la selezione degli animali basata sulle informazioni di marcatori del DNA, la così detta selezione assistita da marcatori o Marker Assisted Selection (MAS), che si basa appunto sull'individuazione di QTL, vale a dire *loci* aventi effetto sui caratteri quantitativi. Attualmente, sebbene l'impiego della MAS nei programmi di selezione sia ancora nella sua fase iniziale, gli studi compiuti per sviluppare risorse genetiche e strumenti che permettano l'identificazione di geni o regioni del genoma in grado di influenzare i caratteri di interesse economico rappresentano il punto di partenza per l'identificazione delle strategie future di ricerca e per le applicazioni in campo zootecnico.

Un approccio alternativo alla MAS è rappresentato dallo studio dei geni candidati, basandosi sulle informazioni che derivano dall'aumento delle conoscenze sulla fisiologia degli animali, per identificare direttamente marcatori associati con caratteri produttivi. Dato che il numero di potenziali geni candidati è spesso molto elevato, l'integrazione dell'approccio del gene candidato con le informazioni ottenute dal mappaggio di QTL permette di ridurre notevolmente il numero dei possibili geni da studiare aumentando le probabilità di identificare marcatori effettivamente associati con i caratteri oggetto di studio.

Un esempio di utilizzo del gene candidato è quello delle caseine del latte. La qualità tecnologica del latte è rappresentata eminentemente dalla frazione proteica caseinica: α -s1, β e k-caseina. I tre loci, che presentano un ampio polimorfismo genetico (tab. 1), sono stati mappati sul cromosoma 6 nella specie bovina e sono in stretto linkage fra loro occupando uno spazio di circa 0,25 cM (Ferretti et al., 1990); l'effetto dei

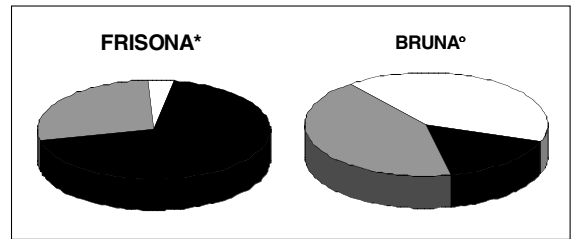


Figura 1. Distribuzione del polimorfismo della k-caseina nelle razze Frisona Italiana e Bruna Italiana. Legenda: nero = AA; grigio = AB; bianco = BB. Frequenza allelica A in Frisona = 82,70%; Frequenza allelica A in Bruna = 38,64% (ANAFI 2005 e ANARB, 2005).

Figure 1. K-casein polymorphism distribution in Italian Holstein Friesian and Italian Brown breed. Legend: black = AA; grey = AB; white = BB. Allelic frequency A in Italian Holstein Friesian = 82.70%; Allelic frequency in Italian Brown = 38.64% (ANAFI 2005 and ANARB 2005).

diversi alleli è stato ampiamente studiato (Pagnacco e Caroli, 1987; Ikonen et al., 1996) ed è stata sottolineata una migliore attitudine alla coagulazione del latte associata alla k-caseina B, rispetto alla A (Pagnacco e Caroli, 1987), mentre la variante E, la cui frequenza nella Frisona Italiana non è irrilevante, sembrerebbe presentare effetti molto negativi (Leone et al., 1998). Questo approccio, basato sull'associazione tra le forme geniche di un singolo locus e le caratteristiche produttive degli animali portatori dei diversi alleli, ha condotto all'applicazione della selezione dei riproduttori genotipizzati per il locus della k-caseina, come avviene nelle razze bovine Frisona Italiana e Bruna Italiana (fig. 1). Quello della K-caseina è, allo stato attuale, l'unico esempio applicativo di MAS che riguarda i caratteri qualitativi del latte.

Alcuni autori, tuttavia, hanno recentemente posto l'attenzione sul fatto che i risultati relativi agli effetti dei polimorfismi dei singoli loci sulle caratteristiche produttive degli animali sono spesso contrastanti tra loro e, pertanto, gli effetti positivi sulla produzione osservati in alcuni studi potrebbero essere dovuti all'associazione tra il locus caseinico e altri loci presenti sul cromosoma 6, piuttosto che all'esclusivo effetto allelico del locus stesso (Braunschweig et al., 2000). Attualmente, pertanto, si ritiene che una miglior stima degli effetti dei vari alleli del locus caseinico si ottenga indirizzando la stima medesima al cluster caseinico, partendo non dai semplici genotipi, ma dai diversi aplotipi osser-

Tabella 1. Varianti genetiche delle componenti della frazione caseinica del latte.

Table 1. Genetic variants of milk caseins.

Caseina	Variante	Variazione rispetto alla forma A specifico per ogni classe	Riferimenti
Alfa s1 caseina	A		Thompson et al., 1962
	B	Inserzione Aa 14-26	Thompson et al., 1962
	C	Glu(192)→Gly	Thompson et al., 1962; Kiddy et al., 1963
	D	Ala(53)→Thr P	Grosclaude et al., 1966
	Eyak	Glu(192)→Gly Gln(59)→Lys	Grosclaude et al., 1974, 1976
	F	Ser(66)→Leu	Erhardt et al., 1992; Erhardt 1993
	G	Variazioni a livello nucleotidico, inserzione di 371 bp nell'esone 19	Rando et al., 1993, 1995 Ramunno et al., 1994
	H	Delezione aminoacidi (Aa) 51-58	Mahè et al., 1999
Alfa s2 caseina	A		Grosclaude et al., 1976
	B	Variante non ancora caratterizzata	Grosclaude et al., 1976
	C	Glu (33)→Gly Ala (47)→Thr Thr (130)→Ile	Grosclaude et al., 1976
	D	Delezione Aa 51-59	Grosclaude et al., 1976, 1978
Beta caseina	A ¹	Pro(67)→His	Peterson e Kopfler, 1966; Kiddy et al., 1963
	A ²		Peterson e Kopfler, 1966; Kiddy et al., 1963
	A ³	His(106)→Gln	Kiddy et al., 1963
	B	Pro(67)→His; Ser(122)→Arg	Aschaffenburg, 1961-1963
	C	Pro(67)→His; Glu(37)→Lys; Ser P(35)→Ser	Aschaffenburg, 1961-1963
	D	Ser P(18)→Lys	Aschaffenburg, 1961-1963
	E	Variante non ancora caratterizzata	Vogolino, 1972
	A'	Variante non ancora caratterizzata	Abe et al., 1975
	A ^{3m}	Variante non ancora caratterizzata	Grosclaude, 1975
	B ²	Variante non ancora caratterizzata	Creamer e Richardson, 1975
A ⁴ (H)	[Pro(67)→His]; Arg(25)→Cys	Han et al., 1983; Chung et al., 1995; Han e Shin, 1996	
F	Pro(67)→His; Pro(152)→Leu	Visser et al., 1991-1995	
A ⁵	Mutazione silente CØT nella 3 ^a posizione del codone codificante per Pro (110)	Lien e Rogne, 1993	
K caseina	A		Neelin, 1964
	B	Thr(136)→Ile; Asp(148)→Ala	Gorodetshij et Kaledin, 1987
	C	Thr(136)→Ile; Asp(148)→Ala; Arg(97)→His	Di Stasio e Merlin, 1978
	E	Ser(155)→Gly	Erhardt et al., 1989; Erhardt 1989
	F	Arg(10)→His	Sulimova et al., 1992
	G	Asp(148)→Ala	Sulimova et al., 1996
	G	Arg(97)→Cys	Erhardt, 1996
	H	Ile(135)→Thr	Grosclaude et al., 1974; Prinzerberg e Erhardt, 1998; Prinzenberg et al., 1999
	I	Ser(104)→Ala	Prinzerberg e Erhardt, 1998; Prinzenberg et al., 1999
	J	Ser(155)→Arg	Mahè et al., 1999

vabili in ogni singola razza. Gli aplotipi sono polimorfismi a due o più *loci* strettamente associati su un cromosoma, generalmente ereditati come un'unità. Recentemente, è stato dimostrato che medesimi aplotipi tendono ad avere effetti simili in razze differenti e questo sembra confermare l'importanza del cluster caseinico ri-

spetto ai singoli polimorfismi ivi contenuti, per spiegare gli effetti ad esso associati (Boettcher et al., 2004).

Anche per quanto riguarda la quantità e la qualità del grasso del latte è stato sperimentato l'approccio del gene candidato, tuttavia, a differenza di quanto evidenziato per la frazione

proteica, mancano ancora delle esperienze applicative nell'ambito della selezione.

Come ricordato in precedenza, il controllo del metabolismo lipidico è regolato dall'espressione e dall'attivazione di numerosi geni che danno origine a molteplici enzimi di cui alcuni svolgono un ruolo chiave come il complesso Acetil-CoA-Carbossilasi (ACC) e Sintasi degli acidi grassi (FAS), le Lipoproteinlipasi (LPL), le Aciltransferasi (GPAT, LPAT, DGAT), le desaturasi degli acidi grassi ($\Delta 4$, $\Delta 5$, $\Delta 6$ e $\Delta 9$ Stearoil Co-A Desaturasi, SCD). La loro regolazione è sicuramente di origine multifattoriale in quanto comprende fattori endogeni ed esogeni. I primi sono costituiti essenzialmente da molecole prodotte dall'organismo (come gli ormoni Insulina e Leptina), che hanno la capacità di attivare fattori che, a loro volta, sono in grado di attivare o reprimere l'espressione dei geni lipogenici. I fattori esogeni, al contrario, sono legati a stimoli esterni come le condizioni ambientali (clima, management e salute dell'animale) e la composizione della dieta. Dal punto di vista delle relazioni fra polimorfismi genetici e caratteristiche produttive degli animali i geni più investigati risultano essere quelli relativi agli enzimi ACC, DGAT e SCD.

Tra gli enzimi lipogenici, le acil-transferasi sono quelle responsabili della sintesi dei trigliceridi, essendo deputate al trasferimento selettivo degli acidi grassi nelle tre posizioni della glicerina (sn-1, sn-2 e sn-3). L'enzima DGAT catalizza l'ultima fase della sintesi dei trigliceridi, in quanto la reazione comporta l'esterificazione dei diacilgliceroli con gli acil-CoA in posizione sn-3.

Nel bovino è stata dimostrata la presenza di un gene candidato, il DGAT1, che presenta un polimorfismo a livello proteico, dove in posizione 232 si nota la sostituzione non conservativa di una lisina (K) con un'alanina (A) (K232A). Questo polimorfismo ha manifestato un forte effetto sul contenuto di grasso nel latte e su altre caratteristiche del latte nelle razze Jersey, Ayrshire e Holstein neozelandese, olandese, tedesca, israeliana e polacca (Grisart et al., 2002; Spelman et al., 2002; Thaller et al., 2003; Weller et al., 2003). L'allele K comporta una V_{MAX} di reazione superiore all'allele A, inoltre esprime un maggior contenuto di grasso nel latte (+0.35%) e una maggiore produzione di latte (+10 Kg) (Grisart et al., 2004; Spelman et al., 2002; Winter et al., 2002). Dall'analisi delle se-

quenze presenti in banca dati (GenBank n. d'accesso AW446985) è stata messa in evidenza l'esistenza di uno *splicing* alternativo. Questo comporta la comparsa di due trascritti che differiscono per la loro lunghezza. Il più lungo utilizza la parte terminale dell'ottavo introne, precisamente 6 bp a monte del sito polimorfico K232A, con una conseguente "intronizzazione" dell'ottavo esone. Amplificando la regione comprendente il sito di *splicing* alternativo, è stato possibile verificare che la variante più corta è associata con l'allele K del *locus* K232A (Grisart et al., 2004). Analisi fatte sulla sequenza del gene DGAT1, hanno mostrato l'esistenza di altri polimorfismi oltre al K232A: due SNP (A→G; C→T) a livello dell'introne 12 chiamati rispettivamente N984+8(AG) e N984+26(CT); ed uno SNP (C→T) nella regione 3'UTR chiamato *Nt-1501* (Grisart et al., 2001). Esiste anche un secondo gene, chiamato DGAT2, evidenziato in topi transgenici, cui era stata bloccata l'espressione del DGAT1, che rappresenta una via alternativa per la sintesi di trigliceridi (Cases et al., 2001). Riguardo alla specificità nei confronti degli acidi grassi, non si sono notate differenze tra DGAT1 e DGAT2, anche se appartengono a famiglie di geni che non mostrano omologia (Cases et al., 2001). Il DGAT1 è localizzato sul cromosoma 14 bovino nella zona di un QTL associato al miglioramento della produzione di grasso del latte. La zona in cui è contenuto questo QTL è compresa tra i marcatori microsatelitari BULGE13-BULGE9 e i dati ottenuti da Grisart et al. (2001) suggeriscono che il DGAT1 sia il gene candidato associato a questo QTL. Tra le desaturasi degli acidi grassi la $\Delta 9$ (SCD) svolge sicuramente un ruolo centrale, in quanto è responsabile della produzione di circa la metà del contenuto di uno degli acidi grassi maggiormente rappresentato nei lipidi animali: l'acido oleico. La SCD è una proteina localizzata sulla membrana del reticolo endoplasmatico dei microsomi ed ha la funzione di catalizzare la desaturazione in posizione *cis*- Δ^9 di alcuni acidi grassi, tra cui l'acido stearico e l'acido vaccenico, originando così rispettivamente l'acido oleico (C18:1 *cis*-9) e l'acido rumenico (CLA *cis*-9, *trans*-11) (Ntambi et al., 2001). La sequenza aminoacidica è caratterizzata dalla presenza di 3 regioni ricche di istidina, che si ripetono in tutte le specie con un elevato tasso di similarità, che si estende anche al regno vegetale. Questo

Aplotipo V:

```
gtactacaaacctgggtgctctgtgtgtgtgcttcctcctgccacactcgtg  
gcc_tggatctctgtgggatgaaacgtttcaaaacagcctgttttttggcac  
cttatctcggtta_gcccttgggctcaacgctcacctggctggatagtg  
tgcccatatgtatggataccgcccttatgacaagaccatcaacccccgaga  
gaatattctgggttccctgggagctg_gg
```

Aplotipo A

```
gtactacaaacctgggtgctctgtgtgtgtgcttcctcctgccacactcgtg  
gcc_tggatctctgtgggatgaaacgtttcaaaacagcctgttttttggcac  
cttatctcggtta_gcccttgggctcaacgctcacctggctggatagtg  
tgcccatatgtatggataccgcccttatgacaagaccatcaacccccgaga  
gaatattctgggttccctgggagctg_gg
```

Figura 2. Aplotipi A e V del gene Δ -9 Stearoyl Co-A Desaturasi.

Figure 2. A and V aploptype of Δ -9 Stearoyl Co-A Desaturase gene.

fa supporre che le tre regioni intervengano attivamente nella catalisi della reazione (Ntambi 1995; Behrouzian et al., 2003; Heinemann et al., 2003).

Il gene della SCD è costituito da sei esoni e cinque introni. Questa organizzazione è stata ritrovata nel gene murino, umano, caprino, ovino e bovino (Bernard et al., 2001). Le sequenze presenti in banca dati rivelano una notevole similarità tra il cDNA della SCD dei caprini e quello di ovini e bovini; mentre è più bassa con quello di topo e uomo (Bernard et al., 2001). Il gene della SCD bovina è lungo 17088 bp ed è localizzato a livello del cromosoma 26. Lo studio della struttura del gene ha rilevato la presenza di un polimorfismo, esteso a molte razze (Holstein, Jersey e Brown Suisse) (Medrano et al., 1999), costituito da tre mutazioni puntiformi (SNP) a carico del quinto esone, le prime due sono mutazioni silenti, mentre la terza comporta la sostituzione di un amminoacido, precisamente una valina con un'alanina, nella terza regione istidinica (Medrano et al., 1999; Taniguchi et al., 2004). Questo comporta la presenza di due aplotipi SCD (A e V), codificanti per due forme proteiche che differiscono per la sostituzione aminoacidica sopra riportata (fig. 2). A partire da questa evidenza sperimentale sono state ipotizzate modifiche nell'attività enzimatica delle due proteine. Recentemente, nell'ambito di un progetto PRIN-MIUR coordinato da P. Secchiari, mediante uno studio condotto su 360 bovine da latte di razza Frisona Italiana, è stato evidenziato che gli individui portatori dell'aplotipo A mostravano un contenuto significati-

vamente più elevato di MUFA nel latte e un'attività desaturasica, misurata come rapporto C14:1/C14:0, più elevata, rispetto agli individui omozigoti per l'aplotipo V (Mele et al., 2007).

Il gene della SCD di capra è stato mappato a livello del cromosoma 26, ma non è stato ancora sequenziato e poco si conosce riguardo la sua struttura. La lunghezza del cDNA è molto simile a quello bovino e ovino con una similarità del 95% e 98% rispettivamente (Bernard et al., 2001). È stato comunque individuato un polimorfismo all'interno del gene, non dovuto a mutazioni puntiformi, come nel caso dei bovini, ma ad una delezione di tre paia di basi (TGT), a livello della regione 3'UTR; precisamente nella zona compresa tra 3178-3180 del cDNA (Bernard et al., 2001). In questo caso la presenza del polimorfismo non è stata ancora associata ad alcun effetto sulla produzione quantitativa o qualitativa di latte.

Negli ovini il gene SCD è localizzato a livello del ventiduesimo cromosoma e, come per la capra, la sua struttura non è stata ancora completamente sequenziata. Attualmente è conosciuta la sequenza del cDNA che è lungo 1986 bp. La sequenza aminoacidica del SCD ovino mostra una similarità del 93% con la SCD1 di ratto, uomo e bovino (Ward et al., 1998). Uno studio condotto su una popolazione di reincrocio Sarda x Lacaune ha evidenziato la presenza di un QTL sul cromosoma 22 che influenza in maniera significativa il rapporto acido ruminico/acido vaccenico. Dato che il gene SCD nella pecora è localizzato sul cromosoma 22 e che l'acido vaccenico rappresenta uno dei substrati

dell'enzima SCD, è stato ipotizzato che il QTL sia associato allo stesso gene SCD (Daniel et al., 2004). Il gene SCD è uno dei pochi, insieme con quello DGAT1 per il quale è stato dimostrato un polimorfismo genetico associato con variazioni significative nella produzione di grasso nel latte e nella carne. Questo fatto induce a considerare questi due geni come possibili candidati per l'individuazione di marcatori molecolari da utilizzare ai fini della selezione.

3. La carne

Si definiscono carni le parti commestibili dei muscoli scheletrici degli animali da macello propriamente detti (bovini, bufalini, equini, ovini, caprini, suini), del pollame, dei conigli e della selvaggina. Nelle carni, oltre al tessuto muscolare, possono essere presenti, in proporzioni differenti, tessuto adiposo, osseo, cartilagineo e connettivale.

La produzione della carne deriva soprattutto da soggetti giovani, dei quali, con appropriate tecniche di allevamento e di alimentazione, si asseconda la naturale tendenza all'accrescimento e al conseguente sviluppo somatico.

Il tessuto maggiormente rappresentato nella carne è quello muscolare striato, composto da fibre muscolari. Queste originano dal mesoderma embrionale, cioè dal mesenchima (pre-mioblasti, mioblasti e miotubi) e diventano fibre polinucleate, dotate di miofibrille.

Mentre durante i primi due terzi dello sviluppo embrionale e fetale, l'aumento in peso e in volume è dovuto a iperplasia, nell'ultima fase della vita prenatale, si ha anche ipertrofia. Dopo la nascita le fibre aumentano sia in lunghezza sia in larghezza (ipertrofia) e l'aumento del loro diametro è dovuto alla proliferazione di cellule dette satellite ed alla loro successiva differenziazione che comporta la loro fusione con le fibre adiacenti e la formazione, pertanto, di cellule polinucleate responsabili dell'accrescimento ipertrofico.

Il tessuto adiposo è formato da adipociti, che, alla nascita, possono essere presenti in due forme: tessuto adiposo bruno e bianco. Il primo, caratterizzato da adipociti piccoli di colore bruno, a causa del maggiore contenuto di citocromo nei mitocondri, ha funzioni energetiche per il neonato e, entro poche settimane, scompare o

è convertito in grasso bianco, caratterizzato da adipociti di volume più grande. Ai fini auxinici gli adipociti si accumulano soprattutto, negli animali giovani, intorno ai visceri e ai reni e, a livello muscolare, nel perimio, cioè nella membrana connettivale che avvolge i singoli muscoli e, infine, sulle fibre muscolari (grasso di marzatura). Successivamente e in maniera particolare durante "l'ingrasso", il tessuto lipidico aumenta nelle regioni suddette e anche nel sottocute, determinando una "copertura" adiposa, più evidente in certe regioni del corpo (i così detti "tasti" o "maneggiamenti"), a livello dei quali è possibile apprezzare l'entità dell'accumulo adiposo e, da questo, stimare lo stato di ingrassamento generale.

Sempre dal mesenchima si originano gli osteoblasti, i fibroblasti e i condroblasti. I primi daranno origine alle cellule ossee (osteociti), i secondi, cioè i fibrociti, formeranno i tendini, i legamenti e i tessuti connettivali lasso e fibroso; gli ultimi, divenuti condrociti, formeranno le cartilagini. L'accrescimento del tessuto osseo è dovuto, nelle ossa lunghe, all'accrescimento della cartilagine epifisaria (centro di ossificazione), che viene gradualmente sostituita da tessuto osseo. Da analoghi centri di ossificazione, presenti nelle ossa piatte, procede la formazione in esse di tessuto osseo definitivo.

Il tessuto connettivo fibroso, formato da collagene, elastina e reticolina, è parte integrante di tutti i muscoli. Il contenuto di connettivo è maggiore nei muscoli scheletrici degli arti che in quelli di supporto, quali i toracici e i lombari, che danno i tagli di carne più pregiati.

L'accrescimento somatico è un processo che inizia già durante la vita prenatale, soprattutto nell'ultimo periodo della gravidanza (nel bovino, dal settimo mese in poi) e si continua poi, dalla nascita fino al raggiungimento dello stato adulto. Sempre nel bovino, l'accrescimento ha una accelerazione dalla nascita alla pubertà e una successiva progressiva decelerazione da questo momento all'età adulta. La maggior velocità di accrescimento si osserva nei muscoli degli arti e in quelli della groppa.

Il diametro delle fibre, cioè la capacità di accrescere il loro volume (ipertrofia) è da mettersi in relazione a fattori genetici (specie, razza, individuo) e ambientali (alimentazione e attività fisica); oltre alla specie (bovini e suini hanno fibre più grandi degli ovini), anche il sesso e l'età

influenzano questo parametro: le fibre muscolari dei maschi sono più grandi di quelle delle femmine e il diametro delle fibre aumenta con l'età.

Se si considera l'accrescimento dei vari tessuti, si osserva che quelli che più precocemente si formano sono il tessuto nervoso, già quasi interamente costituito, salvo l'incompleta mielinizzazione dei nervi, nel corso della vita intrauterina, e quelli che determinano la struttura somatica, cioè i tessuti osseo e muscolare, mentre il tessuto adiposo ha un ritmo di sviluppo più ritardato nel tempo. Da ciò discende che la deposizione di grasso è un processo lungo che si realizza con il progredire dell'età/peso dell'animale.

Dal punto di vista della produzione della carne, con la crescita dell'animale e con il variare dei rapporti tra le parti, si modifica anche la "resa", che tende ad aumentare con l'età. Infatti, l'incidenza percentuale del peso della carcassa tende a crescere con l'aumento del peso vivo dell'animale, mentre le percentuali della pelle e dei visceri tendono a diminuire. Tuttavia, oltre una certa età, fra le componenti della carcassa viene sempre più a incidere il tessuto adiposo sui tessuti muscolare e osseo. Questa osservazione è importante perché il valore della carcassa è in relazione al rapporto fra muscolo, grasso e osso.

Nel corso dell'accrescimento la composizione chimica del muscolo scheletrico si modifica, con differenze dovute a specie, razza, sesso e all'età dell'animale. In generale, aumenta la concentrazione delle proteine sieroplasmatiche e fibrillari e, in particolare, aumenta la mioglobina, proteina del sarcoplasma, che è responsabile del colore rosso più carico delle fibre muscolari dell'adulto, rispetto a quelle dell'animale immaturo. La percentuale di acqua muscolare decresce progressivamente mentre aumenta quella delle proteine e dei lipidi. La diminuzione è più forte nei primi stadi di sviluppo e rallenta con la maturità. Anche il contenuto minerale complessivo aumenta, con differenze tra i singoli elementi minerali (per esempio: dopo la nascita il contenuto di K aumenta e quello di Na diminuisce). Se si considera la composizione chimica dell'intero organismo, si vede che dalla nascita in avanti si riduce il contenuto idrico del corpo, si ha una lieve contrazione di quello proteico, mentre aumenta la componente lipidica. Il grasso, comunque, è la componente più va-

riabile del corpo in relazione al tipo genetico e alla qualità e quantità degli alimenti assunti dall'animale. In generale le razze più precoci tendono ad ingrassare più precocemente di quelle ad accrescimento più lento e la carne dei maschi contiene meno grasso di quella delle femmine.

Il processo di sviluppo, di cui sono stati descritti i momenti fondamentali, è regolato da una serie di fattori intrinseci ed estrinseci. Fra i primi ricordiamo quelli genetici (specie, razza, individuo), il sesso e la componente endocrina; fra i secondi hanno un ruolo preminente l'alimentazione e le tecniche di allevamento, che devono essere in grado l'una di assicurare i substrati nutritivi e le altre di creare le condizioni che favoriscano l'accrescimento.

Un aspetto importante è quello legato ai meccanismi endocrini che governano la crescita e lo sviluppo somatico dopo la nascita. Il principale fattore endocrino che interviene in questo processo è il GH (Ormone dell'accrescimento), la cui azione si esplica sulla crescita cellulare e, in particolare, sull'allungamento delle ossa. Il GH sembra svolgere la sua azione tramite una famiglia di peptidi dotata di attività solfatante e insulinosimile (IGF Insuline-like-growth factors) e le Somatomedine (IGF₁ e IGF₂), prodotte dal fegato. Il GH agirebbe a livello delle cellule delle cartilagini in cui consentirebbe la risposta alla stimolazione delle Somatomedine (IGF₁), promuovendo la differenziazione delle cellule immature (condroblasti) in cellule mature (condrociti); il GH, inoltre, stimolerebbe la produzione epatica e locale della stessa Somatomedina.

L'Insulina aumenta la secrezione del GH; tale azione è molto evidente alla pubertà, in cui l'incremento dell'Insulina corrisponde a una accelerazione della velocità di accrescimento. L'Insulina stimola la sintesi proteica, facilita la produzione di Somatomedina a livello epatico e favorisce la crescita dei tessuti connettivi e muscolo-scheletrici.

Gli ormoni tiroidei (T₃, Triiodotironina e T₄, Tiroxina) hanno un ruolo essenziale sull'accrescimento e sulla maturazione ossea; la loro carenza, infatti provoca il rallentamento e, se assoluta, l'arresto dello sviluppo (nanismo). L'azione degli ormoni tiroidei si esplica essenzialmente sulla maturazione più che sull'allungamento del tessuto osseo.

Gli ormoni sessuali (Estrogeni e Progesterone, prodotti dalle ovaie e Testosterone, prodotto dal testicolo), ma anche dalle ghiandole surrenali (Androgeni), influenzano la normale maturazione della crescita. In particolare il Testosterone, oltre ai noti effetti sulle manifestazioni dei caratteri sessuali secondari, ha azione anabolizzante sui tessuti muscolare e osseo.

3.1 Qualità della carne dei ruminanti.

Le caratteristiche qualitative della carne sono legate, per gli aspetti chimico nutrizionali, alla sua composizione chimica e, in particolare, alla componente lipofila, che rappresenta la quota maggiormente variabile ed influenzabile mediante opportune strategie nutrizionali. Gli aspetti organolettici sono influenzati sia dalle componenti lipofile (che influenzano il gusto, l'aroma e la consistenza della carne) sia dalle componenti proteiche. In quest'ultimo caso gioca sicuramente un ruolo importante la quantità e la qualità di connettivo, ma anche l'organizzazione stessa delle fibre muscolari e il grado di frammentazione di quest'ultime (che dipende anche da caratteristiche endogene dell'animale), nel determinismo di alcune caratteristiche fisiche come la durezza.

In questi ultimi anni i consumatori hanno posto una crescente attenzione all'aspetto edonistico e salutare degli alimenti. Per esempio, il colore della carne è il parametro che influenza maggiormente la scelta di acquisto, mentre l'aroma e la tenerezza sono valutate durante il consumo. Inoltre, la composizione in acidi grassi della carne ha importanti ripercussioni sulla salute umana. La conoscenza dei meccanismi fisiologici che regolano lo sviluppo somatico degli animali e l'accumulo di grasso nei tessuti ha svolto sicuramente un ruolo importante nell'evoluzione dei sistemi di alimentazione finalizzati ad ottenere carni con caratteristiche qualitative apprezzate dai consumatori.

I consumatori associano il colore e la luminosità della carne alla sua freschezza in funzione del loro background culturale. Ad esempio, in consumatori spagnoli (Sanudo et al., 1996) e giapponesi (Zembayashi et al., 1999) gradiscono maggiormente una carne chiara piuttosto che scura. Il colore della carne può essere misurato oggettivamente mediante l'utilizzo dei colorimetri, secondo il sistema CIE $L^*a^*b^*$ ed è descritto dalle tre coordinate L^* (luminosità: mag-

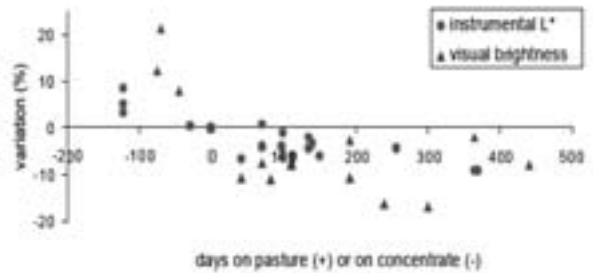


Figura 3. Variazione (%) di luminosità strumentale (instrumental L^*) o visuale (visual brightness) nel muscolo *Longissimus dorsi* bovino dopo pascolamento o alimentazione con concentrato (Priolo et al., 2001).

Figure 3. Variation (%) of instrumental L^* or visual brightness in cattle m. *Longissimus dorsi* after grazing on pasture or fed concentrate (Priolo et al., 2001).

giore è il valore L^* , più luminosa è la carne), a^* (indice del rosso) e b^* (indice del giallo).

È evidente che la carne degli animali allevati al pascolo è più scura rispetto alla carne degli animali allevati in stalla. Effetti diretti della dieta sul colore della carne sono considerati rari. Altri fattori, come l'attività fisica, il pH (fig. 3) ed il grasso di marezatura sono responsabili per queste differenze (Priolo et al., 2001). In generale, gli animali alimentati al pascolo presentano valori di pH finale più alti rispetto agli animali alimentati in stalla. Ciò è dovuto ad un minor accumulo di riserve di glicogeno, e quindi ad un minor potenziale glicolitico, negli animali al pascolo rispetto agli animali nutriti con mangimi concentrati (Daly et al., 1999). L'attività delle calpaine e delle catepsine (che sono gli enzimi responsabili dell'idrolisi delle proteine miofibrillari) dipende dal pH del muscolo (Dransfield et al., 1992) e quindi anche la struttura della carne è influenzata dal pH finale del muscolo. È noto che la struttura del muscolo influenza il colore della carne, dal momento che in funzione della struttura del muscolo la luce può essere più o meno riflessa o assorbita (Geay et al., 2001). Inoltre, anche il contenuto di grasso di marezatura influenza il colore della carne: in generale, gli animali allevati in stalla con mangimi concentrati hanno più grasso di marezatura degli animali allevati al pascolo (Crouse et al., 1984) e considerando che il grasso è più chiaro rispetto al muscolo, la sua presenza può contribuire all'aumento della luminosità della carne (Priolo et al., 2001).

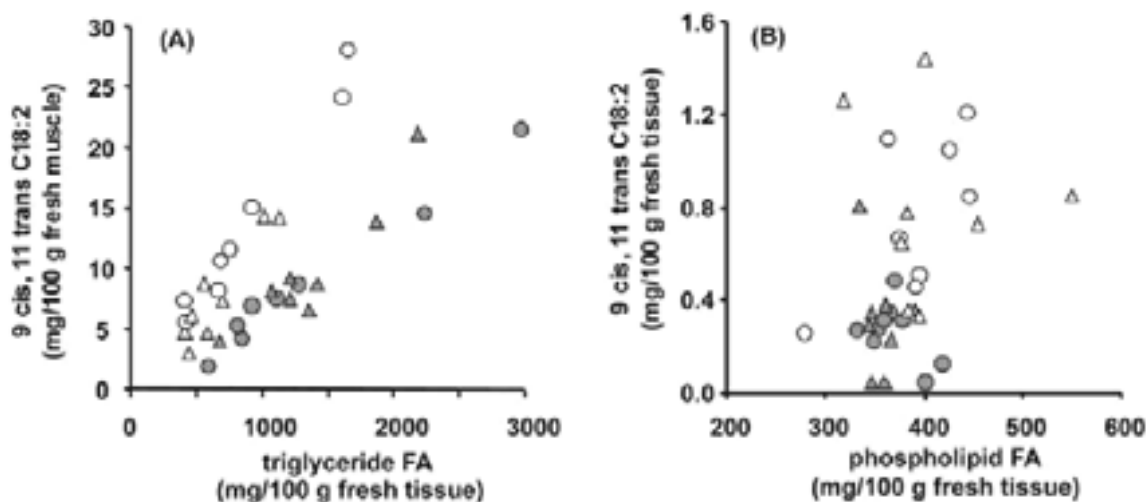


Figura 4. Variabilità del contenuto di 9-cis, 11-trans CLA nei trigliceridi (A) and nei fosfolipidi (B) a seconda del loro contenuto in *Longissimus thoracis* di agnelli alimentati con pascolo (simboli bianchi) o con dieta a base di granella (simboli neri) a due differenti tassi di crescita (basso = triangoli; alto = cerchi) (Aurousseau et al., 2004).

Figure 4. Variability of the amount of 9-cis, 11-trans CLA in triglycerides (A) and in phospholipids (B) according to their content in *Longissimus thoracis* of lambs fed on pasture (white symbols) or on a grain-based diet (black symbols) at two different growth rate (low = triangles; high = circles) (Aurousseau et al., 2004).

Il colore della carne dipende anche dal contenuto e dallo stato chimico della mioglobina (Mancini e Hunt, 2005). Questo pigmento si trova come ossimioglobina, responsabile del colore rosso brillante della carne, e come metamioglobina, che è la forma ossidata della mioglobina. La metamioglobina è responsabile dell'imbrunimento della carne. Quando gli animali sono al pascolo, la loro carne è meno soggetta all'imbrunimento rispetto alla carne degli animali alimentati con concentrato (Scollan et al., 2006). Questo effetto sembra essere dovuto alle proprietà antiossidative della vitamina E, ampiamente presente nell'erba verde (fig. 3).

Gli acidi grassi ingeriti dagli animali con la dieta possono essere depositati immutati nei tessuti adiposi, oppure possono essere elongati e desaturati nel muscolo o nella ghiandola mammaria. Inoltre, negli animali poligastrici, gli acidi grassi mono- e poli-insaturi (MUFA e PUFA) sono bioidrogenati nel rumine. In particolare, come già sottolineato in precedenza, la bioidrogenazione dell'acido linoleico produce tra gli intermedi della reazione Acido rumenico (RA) e acido vaccenico, due acidi grassi dalle riconosciute proprietà nutraceutiche.

Studi pubblicati negli ultimi dieci anni hanno dimostrato che quando gli animali sono al

pascolo la loro carne possiede un contenuto di CLA superiore rispetto agli animali alimentati con mangime concentrato (French et al., 2000; Santos Silva et al., 2002; Aurousseau et al., 2004) (fig. 4). L'elevato contenuto di fibra presente nell'erba favorisce lo sviluppo nel rumine della microflora cellulolitica, come ad esempio il *Butyrivibrio fibrisolvens*, uno dei ceppi batterici responsabili della bioidrogenazione ruminale (Kepler e Tove, 1967). Inoltre, l'erba verde ha un contenuto di acido alfa-linolenico, che è un precursore ruminale dell'acido vaccenico, superiore rispetto al concentrato. L'acido alfa-linolenico è un acido grasso della serie n-3: esso può essere elongato e desaturato nel muscolo dando origine agli acidi grassi C20:5 n-3 (EPA) e C22:5 n-3 (DHA), che sono attivi nella prevenzione delle malattie cardiocircolatorie (Simopoulos, 1999). Quando gli animali ricevono erba verde, il contenuto di acidi grassi n-3 delle loro carni può essere persino il doppio rispetto alle carni di animali alimentati con mangime concentrato (fig. 5). Al contrario, la carne degli animali alimentati in stalla ha elevati contenuti di acidi grassi n-6 (Aurousseau et al., 2004). Secondo le linee guida del dipartimento della salute del Regno Unito (1994) il rapporto n-6/n-3 non deve eccedere il valore di 4 nella dieta umana al fi-

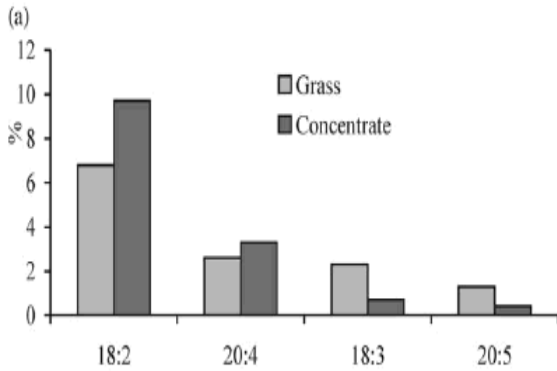


Figura 5. Composizione in acidi grassi di muscolo *Semimembranosus* in pecore alimentate con erba o concentrati (dati espressi come % di lipidi totali) (Fisher et al., 2000).

Figure 5. Fatty acid composition of m. *Semimembranosus* in sheep fed grass or concentrate (data expressed as % of total lipids) (Fisher et al., 2000).

ne di prevenire l'insorgenza di malattie cardiovascolari (Secchiari, 2008).

Un altro aspetto qualitativo della carne che negli ultimi anni ha ricevuto notevole attenzione da parte della ricerca e il cui determinismo è legato, almeno in parte, ad aspetti fisiometabolici è l'aroma delle carni.

La presenza dei composti volatili nei prodotti di origine animale, in effetti, ha più di un'origine: essi possono derivare dal trasferimento diretto dagli alimenti, o possono essere formati dal metabolismo animale (sintesi endogena) o, nel caso dei poligastri, dai microrganismi ruminanti (Suzuki e Bailey, 1985). Inoltre, quando gli animali pascolano, la presenza di alcuni composti volatili può essere influenzata da variabili ambientali come la stagione (Fernández-García et al., 2002), la collocazione geografica del pascolo (Viallon et al., 1999), la sua composizione botanica (Mariaca et al., 1997) o il tempo che gli animali trascorrono al pascolo (Viallon et al., 2000). Alcuni composti volatili sono stati indicati come marcatori del regime alimentare [erba o concentrato] (Priolo et al., 2004) e, nel caso di animali allevati al pascolo, come marcatori dell'area geografica di pascolamento (Coulon e Priolo, 2002). Vari studi hanno riportato che numerose variabili influenzano la presenza dei composti volatili nella carne: la specie animale (Ha e Lindsay, 1991), la razza (Elmore et al., 2000), l'età di macellazione, la maturità sessuale (Sutherland e Ames, 1996) e la dieta (El-

more et al., 2000; Young et al., 1997, 2003; Geay et al., 2002). Alcuni composti volatili hanno effetti evidenti sul flavour della carne (Priolo et al., 2001), mentre altri non contribuiscono alle proprietà sensoriali della carne.

3.2 Basi genetiche della qualità della carne dei ruminanti e del suino

Al pari di quanto ricordato per la qualità del latte, il miglioramento della qualità della carne si basa, in massima parte, sugli schemi di selezione che derivano dall'applicazione dei criteri della genetica quantitativa. Tali schemi si differenziano in funzione delle caratteristiche della specie (a breve o a lungo ciclo riproduttivo, pluripara o unipara, ecc.) e degli specifici obiettivi dettati dalle peculiarità del sistema produttivo e del mercato nazionale. Negli ultimi anni, l'aumento delle conoscenze sul genoma animale ha contribuito, anche nel caso della carne, allo sviluppo di strategie integrate tra genetica quantitativa e informazioni molecolari.

Nel caso della carne bovina, interessanti risultati sono stati ottenuti usando l'approccio del gene candidato per l'identificazione di marcatori associati a diverse caratteristiche produttive. In particolare, per il gene miostatina, scelto sulla base del fatto che l'inibizione del gene determina un aumento delle masse muscolari nel topo, sono state identificate diverse mutazioni associate all'ipertrofia muscolare caratteristica di alcune razze da carne tra cui la razza Piemontese e la razza Marchigiana (Kambadur et al., 1997; McPherron e Lee, 1997; Marchitelli et al., 2003). Diversi altri studi hanno analizzato i geni dell'asse dell'ormone della crescita per identificare associazioni tra marcatori e quantità e qualità della carne (Di Stasio et al., 2005).

Recentemente, uno studio compiuto su razze bovine da carne ha messo in luce l'effetto del polimorfismo del gene *SCD* sulla composizione degli acidi grassi nella carne. In particolare è stato rilevato che la presenza dell'aplotipo con alanina (A) comporta un maggiore accumulo di MUFA, come già ricordato, rispetto all'aplotipo con valina (V) (Taniguchi et al., 2004).

Per quanto riguarda il suino, gli obiettivi di selezione e miglioramento genetico perseguiti in ambito nazionale sono in larga parte diversi da quelli di altri paesi europei, in quanto finalizzati all'ottimizzazione delle caratteristiche qualitative dei prodotti tipici stagionati. La suinicola-

tura italiana, infatti, è caratterizzata da indirizzi produttivi che hanno assunto, in ambito europeo, connotazioni specifiche e originali. L'orientamento prevalente del settore verso la produzione di suini "pesanti e maturi" nel rispetto di linee guida imposte da disciplinari di produzione di prodotti tipici stagionati DOP, quali il prosciutto di Parma e di San Daniele, rappresenta elemento caratterizzante della suinicoltura nazionale. Particolare importanza assumono, per questo tipo di prodotti, le caratteristiche tecnologiche e qualitative della carne suina in quanto la tecnologia di trasformazione, basata sull'aggiunta di sale e stagionatura in ambiente controllato, non è in grado di correggere eventuali difetti e carenze della materia prima impiegata.

L'attività di miglioramento genetico che ha dato origine e tuttora contraddistingue linee suine prodotte da *breeding companies* estere persegue obiettivi selettivi incentrati sulla produzione di carne da consumo fresco che risultano, in larga parte, privi di significato o finanche incompatibili con le esigenze della filiera nazionale di trasformazione delle carni suine. A titolo d'esempio è possibile ricordare gli effetti sconvenienti prodotti dalla selezione per la riduzione dello spessore del grasso dorsale, intensamente praticata in ambito europeo, sul grado di copertura adiposa delle cosce, sul tenore di grasso della carne destinata a trasformazione in prodotti tipici stagionati, e sul calo di stagionatura del prosciutto. Per tali motivi l'utilizzazione di riproduttori appartenenti a tali linee ha frequentemente determinato incertezza e insoddisfazione nell'ambito della filiera produttiva nazionale. Il limitato interesse manifestato dalle *breeding companies* estere e, in particolare, da quelle a connotazione multinazionale, nei riguardi dello sviluppo di linee di riproduttori espressamente selezionate per il mercato nazionale trova ragione nella dimensione ridotta del mercato italiano in rapporto a quello mondiale, nell'entità dell'investimento finanziario richiesto e nelle difficoltà derivanti dall'introduzione di attività straordinarie in un contesto gestionale organizzativo omogeneo e consolidato.

La recente disponibilità di conoscenze, ricavate dall'analisi del genoma animale, offre l'opportunità di integrare approcci innovativi nell'ambito delle metodologie di valutazione genetica e di selezione tradizionalmente utilizzate

nella specie suina e di incrementare l'efficienza degli schemi selettivi classici. La selezione assistita da marcatori genetici (MAS), come indicato in precedenza, è un metodo di selezione innovativo basato sull'utilizzazione di informazioni relative a singoli loci nel determinismo di caratteri quantitativi di interesse economico (ETL) o a regioni genomiche contenenti ETL. L'utilizzazione dei markers molecolari in ambito selettivo consente di incrementare l'efficienza della selezione praticata entro razza o linea suina mediante approcci GAS (Gene Assisted Selection) o di operare interventi selettivi nell'ambito di popolazioni ibride come nel caso dell'introgresione Genica Assistita da marcatori (MAI).

Nella specie suina, l'approccio del gene candidato è stato utilizzato per identificare marcatori associati con caratteristiche qualitative della carne. In particolare, per il potenziale glicolitico e l'attività catepsinica, che rappresentano parametri qualitativi importanti per la trasformazione delle cosce in prosciutti, sono stati studiati una serie di geni coinvolti, rispettivamente, nel metabolismo energetico (Fontanesi et al., 2003) e nella proteolisi enzimatica del muscolo (Russo et al., 2002).

3.3 Carni avicole

Le carni di pollo al pari delle altre tipologie di carne danno un buon apporto proteico, superiore per il petto (22,5%), rispetto al coscio (17,9%). Ugualmente le carni di tacchino (petto, 22%; coscio 20,9%) si collocano su altrettanto buoni valori di proteine. Dal punto di vista qualitativo esse sono dotate dei più utili aminoacidi (Lisina: da 1,6-1,8g/100g di prodotto; Istidina: circa 0,6 g/100g di prodotto e Arginina). Apportano anche Ferro (1,5 mg nel pollo e 2,5 mg nel tacchino) e, se si esclude la pelle, il loro contenuto di grasso è limitato (1% nel petto di pollo e 1,55 in quello di tacchino). Le carni avicole sono facilmente digeribili sia per la struttura delle fibre muscolari, più ridotta rispetto a quella delle carni delle altre specie (diametri: micron 45-48, nel pollo; micron 73-75, nel bovino; micron 50-54, nell'ovino e micron 90-92, nel suino) e per la minor presenza di tessuto connettivo.

La genetica degli avicoli si basa sull'utilizzazione come riproduttori di ibridi commerciali, prodotti all'estero, sia in paesi europei sia negli USA, con le seguenti basi genetiche: per i pol-

li da carne Broilers-Roasters, da linee sintetiche maschili e femminili Plymouth Rock bianca si ottiene la linea parentale femminile che, incrociata con maschi derivati Cornish bianco (originata da incrocio Cornish x Livorno), dà i polli "Broilers" commerciali.

Nella linea maschile sono selezionati i caratteri peso all'età in giorni alla macellazione, indice di conversione, conformazione corpo, qualità carne, grasso addominale, resa in tagli primari, assenza di difetti agli arti e al petto, velocità di impennamento k (rapido), colore penna I (bianco)-i *, colore pelle W (bianco) o w (giallo), presenza o assenza di ascite.

Nella linea femminile sono presi in considerazione per la selezione i caratteri: età al primo uovo, tasso di deposizione, fertilità alla schiusa, velocità impennamento K (lento). Il colore della pelle, bianco o giallo è in, genere, una scelta di mercato.

Il diagramma di flusso per la produzione di riproduttori avicoli è articolato in vari momenti che si susseguono nel tempo e partono dalla creazione di linee consanguinee di maschi super pesanti e di femmine pesanti, cui segue la determinazione della popolazione di gran *parents*, attraverso la realizzazione di tutti gli incroci possibili per identificare le due linee migliori da riprodurre. Le loro uova fertili vengono incubate e da esse si ottengono i riproduttori pesanti da cui deriveranno poi i Broilers che saranno allevati per la produzione della carne.

3.4 Carni di coniglio

Il coniglio è un ottimo produttore di carne, anzitutto in forza delle sue caratteristiche riproduttive. La femmina infatti presenta elevate fecondità, prolificità e attitudine materna e una durata della gravidanza di soli 31 giorni. Negli allevamenti commerciali, viene solitamente impiegato un ritmo riproduttivo semi-intensivo con inseminazione 11-12 giorni *post-partum*, corrispondente a circa 7-8 parti all'anno con una media di 7 conigli venduti/ciclo riproduttivo ad un peso di 2,5-2,7 kg. Ne deriva una produzione annuale per coniglia fattrice di 120-140 kg di conigli macellati corrispondenti a 70-80 kg di carcassa. La carne di coniglio presenta un buon valore proteico (20-21%) con un elevato contenuto di Lisina e Treonina e una limitata quantità di grasso (1,5-5%), prevalentemente sepa-

rabile, caratterizzato da un favorevole rapporto fra acidi grassi saturi e insaturi e da un ottimo apporto di PUFA n-3 (Gondret et al., 1998). Il suo contenuto in colesterolo (70-80 mg/100 g di carne) è inferiore a quello delle carni di altre specie; buona la concentrazione di Fosforo Potassio e Magnesio, mentre Ferro e Iodio sono presenti in quantità limitate (Lebas e Ouhayoun, 1987; Dalle Zotte, 2000). A causa della peculiarità della fisiologia digestiva del coniglio e della suscettibilità alle malattie digestive, non sono possibili variazioni consistenti della composizione della dieta e pertanto l'effetto dei fattori alimentari sulla qualità della carne è in genere modesto (Xiccato, 1999; Trocino e Xiccato, 2000).

Il coniglio, infatti per la conformazione anatomica dell'apparato digerente, dotato di un grosso cieco a livello del quale si realizza la ciecotrofia, ha un comportamento di risparmio alimentare, che, tramite la microflora ciecale, permette di trasformare i residui della digestione in sostanze nutritive che sono nuovamente assorbite dal coniglio con l'assunzione del ciecotrofo.

L'allevamento commerciale del coniglio è basato sull'impiego di tipi genetici specializzati nella produzione della carne, rappresentati in buona misura da ibridi commerciali prevalentemente di origine francese e solo in parte nazionale. L'impiego di razze pure (Bianca di Nuova Zelanda, Californiana) o di incroci domestici a due o tre vie è ancora frequente negli allevamenti di piccole dimensioni e non mancano esempi di grandi allevamenti che utilizzano riproduttori derivanti da selezione e rimonta interna.

Una quota del mercato della carne cunicola, nettamente inferiore rispetto al settore avicolo e stimata pari a circa il 20-25%, è integrata verticalmente e controllata da alcune delle principali industrie mangimistiche italiane, mentre la maggior parte degli allevatori e degli operatori della filiera (macelli, grossisti, distributori) opera indipendentemente nel mercato cunicolo (Xiccato e Trocino, 2007).

Queste sono le note più rilevanti a proposito di una filiera di produzione che vede il nostro paese come primo produttore e consumatore, con un consumo che colloca la carne di coniglio (circa 4-4,5 kg pro capite/anno), al 4° posto dopo le carni suine bovina e avicole.

4. Le uova

L'uovo è prodotto dalle ovaie che, con l'ovidotto, si originano da abbozzi primitivi pari e simmetrici; nel corso dello sviluppo però la porzione destra si atrofizza e nell'animale adulto rimangono soltanto l'ovaia e l'ovidotto di sinistra. L'ovaia si presenta come un grappolo con gli acini costituiti dai follicoli oofori a differente grado di sviluppo.

La produzione di uova nella gallina inizia alla pubertà (5-6 mesi di età), quando l'animale manifesta sensibilità alla luce, segno del completamento dello sviluppo sessuale.

In relazione al ruolo esercitato dalla sensibilità alla luce, l'inizio del ciclo di ovodeposizione può essere posto al momento del passaggio dal periodo di luce a quello di buio; il picco di Ormone Luteinizzante (LH) si ha infatti a distanza di circa 8 ore dall'inizio del buio; contemporaneamente si ha anche il picco degli Estrogeni, degli Androgeni e del Progesterone, che, oltre agli effetti sopra ricordati, induce anche la produzione delle proteine dell'albumine.

Dopo la pubertà, quando l'animale raggiunge la maturità sessuale, a partire dai primi ovociti pronti, inizia lo scoppio dei follicoli per l'ovulazione. Le ovulazioni si susseguono a distanza di circa 24 ore, con un giorno di riposo alla fine del ciclo di ovulazione, che regola la successiva deposizione. La formazione dell'uovo, dopo l'ovulazione, si completa nell'ovidotto, che nella gallina in piena età di produzione è lungo circa cm 70 e consta dei seguenti settori funzionali: infundibolo, camera albuminifera, magnum, istmo e camera calcigena.

Il ciclo di deposizione inizia al giorno zero, con l'emissione del primo uovo fra le 6 e le 8 del mattino; nel giorno successivo questo viene deposto con un ritardo compreso tra 30 minuti e 4 ore e così avanti finché si ha una deposizione nel tardo pomeriggio. A questo punto si blocca l'ovulazione, perché essa non avviene mai nelle ore notturne. La nuova deposizione si avrà dopo circa 36 ore. La deposizione dura per un periodo di circa 365 giorni e rallenta o si attenua solo con la muta, cioè il cambio della livrea, che in genere si ha nei mesi di agosto-settembre.

Questi eventi fisiologici descrivono il processo produttivo delle uova, tipico degli uccelli, ma che, in riferimento alle galline ovaiole, co-

stituisce uno dei più importanti comparti produttivi della zootecnica italiana, con una produzione annua di oltre 13 miliardi di pezzi, che assicura un tasso di autoapprovvigionamento del nostro paese del 101,2%, con un consumo annuo di 222 uova a testa, pari a kg. 14/pro capite.

Le uova hanno forma ovale non regolare e sono di colore bianco o rossastro; hanno un peso che varia dai 30 ai 70 g (peso medio: 60-65 g) e i suoi diametri misurano mediamente 6,1 cm, il maggiore e cm 45, il minore.

I costituenti dell'uovo sono: il guscio e le membrane testacee (12%, del peso dell'uovo), l'albumine (56%) e il tuorlo (32%). Le variazioni rispetto a questi valori possono toccare anche il 10%.

Il guscio è costituito principalmente da Sali di calcio (carbonato di calcio) e, in misura minore, da Sali di Mg, P, Fe, S (95%); si ha poi il 3,5% di proteine, nella sottile cuticola esterna che lo riveste e che ha funzione di barriera contro agenti microbici e spore; infine si ha un 1,5% di acqua. Il guscio possiede circa 7.000 pori, che permettono gli scambi gassosi con l'esterno; questi sono dislocati soprattutto nella zona equatoriale e ai poli dell'uovo. All'interno del guscio, abbiamo la membrana testacea (70% di proteine, 20% di acqua e 10% di sali minerali), formata da due foglietti accollati, che si discostano al polo ottuso per formare la camera d'aria.

L'albumine circonda completamente il tuorlo ed è costituito da più strati che si formano a seguito delle rotazioni dell'uovo e del tipo di secrezioni che avvengono nelle successive parti dell'ovidotto. Nell'albumine si distinguono le calaze che sono formazioni che sospendono il tuorlo longitudinalmente. È costituito per l'86% di acqua; per il 12% di proteine, di cui l'ovoalbumina costituisce il 75%, per lo 0,6% da lipidi; si hanno poi sali minerali e vitamine (B₂, C, B₁, Ac. pantotenico) ed enzimi, fra cui il Lisozima, ad azione battericida. L'albumine contiene anche l'avidina, una antivittamina B₁, che viene inattivata dal calore, come avviene a seguito della cottura.

Il tuorlo è assai disomogeneo e rappresenta un oocita di secondo ordine, che, se fecondato, diviene uno zigote. Ha un elevato valore nutritivo; infatti è costituito per il 48% da acqua, per il 17% da proteine; per 1% di glucidi, 33% di lipidi (62% trigliceridi; 33% fosfolipidi, 5% steroli e cerebrosidi) e per l'1% di sali minerali. È

ricco di vitamine lipo e idrosolubili, di caroteni (pro-vitamina A) e di enzimi.

Il miglioramento genetico delle galline ovaiole è basato sull'utilizzazione per la produzione di uova di femmine commerciali ottenute, per le uova a guscio colorato, dall'incrocio di linee sintetiche maschili (derivate New Hampshire o Rode Island bb) con linee sintetiche femminili (derivate da Plymouth Rock barrata B o bianca). Ugualmente si procede per le galline ovaiole a guscio bianco, con la differenza che le linee sintetiche parentali sono ottenute da soggetti derivati Livorno.

5. Conclusioni

La trattazione dei vari capitoli in cui è articolato il lavoro ha posto in evidenza i processi fisiologici che portano alla secrezione del latte e determinano le sintesi dei suoi componenti principali. È stato altresì ricordato il ruolo della genetica quantitativa e le nuove prospettive aperte dalla genetica molecolare, basate sulle conoscenze relative alle regioni genomiche che controllano i QTL, alle possibilità di utilizzazione della Selezione Assistita da Marcatori (MAS) e dall'Introgresione di geni Assistita da Marcatori (MAI). Un ulteriore approccio considerato è stato quello riguardante lo studio dei geni candidati per identificare direttamente marcatori associati con caratteri produttivi. La stessa metodologia di analisi, applicata agli altri alimenti considerati (carni e uova) ha permesso di analizzare lo stato e le conoscenze relative ad essi, rilevando che è in atto un progressivo aumento dei dati fisio-metabolici che condizionano la qualità delle carni, mentre per le uova le conoscenze in questo ambito sono ben consolidate. In entrambi i casi è preponderante il ruolo della genetica quantitativa con qualche apporto della genetica molecolare soprattutto per le carni bovine e suine.

Questi dati sono utili in relazione alle nuove prospettive che si stanno affacciando nel campo delle scienze animali e che sono legate alle possibilità di studiare l'effetto dei nutrienti sull'espressione dei geni e delle proteine o di investigare i meccanismi fisiologici e biochimici di adattamento che gli animali hanno sviluppato in risposta all'esposizione a differenti nutrienti, mettendo così in luce le varianti genetiche più

favorevoli. Questa nuova area di ricerca è spesso indicata come nutrigenomica, cioè l'integrazione fra genomica funzionale, nutrizione, biochimica e fisiologia anche definita come nutrigenetica.

La sua applicazione in zootecnia può essere rivolta al miglioramento della qualità delle produzioni attraverso una alimentazione mirata degli animali.

Infatti, anche se i nutrienti sono in gran parte metabolizzati a composti energetici o sono coinvolti nelle reazioni chiave del metabolismo (ad esempio le vitamine), alcuni composti naturalmente presenti negli alimenti possono agire direttamente sul genoma alterando l'espressione dei geni, oppure agire come leganti di fattori di trascrizione o, ancora, influenzare indirettamente l'espressione genica, agendo come segnali del processo di traduzione proteica.

Queste sono attualmente le conoscenze più avanzate relativamente ai processi genetici e fisiologici che sono alla base della qualità nutrizionale e nutraceutica degli alimenti di origine animale.

Bibliografia

- Abe T., Komatsu M., Oishi T., Kageyama A. 1975. Genetic polymorphism of milk proteins in Japanese Cattle and European Cattle breeds in Japan. *Japanese Journal of Zootechnical Science*, 46:591-599.
- Alais C. 2000. *Scienza del latte*. 3ª ed. Ed. Tecniche Nuove.
- Aschaffenburg R., Drewry J. 1955. Occurrence of different beta-lactoglobulins in cow's milk. *Nature*, 176:218-219.
- Aurousseau B., Bauchart D., Calichon E., Micol D., Priolo A. 2004. Effect of grass or concentrate feeding system and rate of growth on triglyceride and phospholipid and their fatty acids in the *M. longissimus thoracis* of lambs. *Meat Sci.*, 66:531-541.
- Bauman D.E., Lock A.L., Corl B.A., Ip C., Salter A.M., Parodi P.W. 2006. Milk fatty acids and human health: potential role of conjugated linoleic acid and trans fatty acids. In: Sejrsen K., Hvelplund T., Nielsen M.O. *Ruminant Physiology*, 529-561. Wageningen Academic Publishers, Wageningen, The Netherlands.
- Behrouzian B., Buist P.H. 2003. Mechanism of fatty acid desaturation: a bioorganic perspective. *Prostaglandins, Leukotrienes and Essential Fatty Acids*, 68:107-112
- Bernard L., Leroux C., Hayes H., Gautier M., Chilliard Y., Martin P. 2001. Characterization of the caprine stearyl-CoA desaturase gene and its mRNA showing an

- unusually long 3'-UTR sequence arising from a single exon. *Gene*, 281:53-61.
- Boettcher P., Caroli A., Stella A., Chessa S., Budelli E., Canavesi F., Ghiroldi S., Pagnacco G. 2004. Effects of casein haplotype on milk production traits in Italian Holstein and Brown Swiss Cattle. *J. Dairy Sci.*, 87:4311-4317.
- Braunschweig M., Hagger C., Stranzinger G., Puhani Z. 2000. Associations between casein haplotypes and milk production traits of Swiss Brown cattle. *J. Dairy Sci.*, 83:1387-1395.
- Cases S., Stone S.J., Zhou P., Yen E., Tow B., Lardizabal K.D., Voelker T., Farese R.V. 2001. Cloning of DGAT2, a Second Mammalian Diacylglycerol Acyltransferase, and Related Family Members. *The Journal of Biological Chemistry*, 276:38870-38876.
- Chung E.R., Han S.K., Rhim T.J. 1995. Milk protein polymorphisms as genetic marker in Korean native cattle. *Asian-Australasian Journal Animal Sciences*, 8:187-194.
- Coulon J.-B., Priolo A. 2002. La qualité sensorielle des produits laitiers et de la viande dépend des fourrages consommés par les animaux. *INRA Productions Animales*, 15:333-342.
- Creamer L.K., Richardson B.C. 1975. A new genetic variant of β -casein. *New Zealand Journal of Dairy Science and Technology*, 10:170-171.
- Crouse J.D., Cross H.R., Seideman S.C. 1984. Effects of a grass or grain diet on the quality of three beef muscles. *J. Anim. Sci.*, 58:619-625.
- Dalle Zotte A. 2000. Main factors influencing the rabbit carcass and meat quality. *Proceedings 7th World Rabbit Congress*, July Valencia, Spain, vol. A:507-537.
- Daly C.C., Young O.A., Graafhuijs A.E., Moorhead S.M., Easton H.S. 1999. Some effects of diet on beef meat and fat attributes. *New Zeal. J. Agric. Res.*, 42:279-287.
- Daniel Z.T.C.R., Wynn R.J., Salter A.M., Buttery P.J. 2004. Differing effects of forage and concentrate diets on the oleic acid and conjugated linoleic acid content of sheep tissues: The role of stearyl-CoA desaturase. *Journal of Animal Science*, 82:747-758.
- Delouis C., Djiane J., Houdebine L.M., Terqui M. 1980. Relation between hormones and mammary-gland function. *J. Dairy Sci.*, 63, 9:1492-1513.
- Di Stasio L., Destefanis G., Brugiapaglia A., Albera A., Rolando A. 2005. Polymorphism of the *GHR* gene in cattle and relationships with meat production and quality. *Anim. Genet.*, 36:138-140.
- Di Stasio L., Merlin P. 1978. A new k-casein variant in cattle. *Proceedings XVIth Intern. Conf. Animal Blood Grps and Biochem. Polimorph.*, Leningrad, USSR, 97.
- Dransfield E., Etherington D.J., Taylor M.A.J. 1992. Modelling post-mortem tenderization. 2. Enzyme change during storage of electrically stimulated and non stimulated beef. *Meat Sci.*, 31:75-84.
- Duclos M., Houdebine L.M., Djiane J. 1989. Comparison of insulin-like growth factor 1 and insulin effects on prolactin-induced lactogenesis in the rabbit mammary gland in vitro. *Molecular and Cellular Endocrinology*, 65:129-134.
- Elmore J.S., Mottram D.S., Enser M., Wood J.D. 2000. The effects of diet and breed on the volatile compounds of cooked lamb. *Meat Sci.*, 55:149-159.
- Erhardt G. 1989. k-Caseine in Rindermilch – Nachweis eines weiteren Allels (CASKE) in verschiedenen Rassen. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 106:225-231.
- Erhardt G., Senft B. 1989. Integration of milk protein variants in bovine breeding programmes using an economical screening method. *Animal Genetics*, 20, suppl. 1:61.
- Erhardt G. 1993. A new α 1-casein allele in bovine milk and its occurrence in different breeds. *Animal Genetics*, 24:65-66.
- Erhardt G. 1996. Detection of a new k-casein variant in milk of Pinzgauer cattle. *Animal Genetics*, 27:105-107.
- Fernández-García E., Serrano C., Nuñez M. 2002. Volatile fraction and sensory characteristics of Manchego cheese. 2. Seasonal variation. *J. Dairy Res.*, 69:595-604.
- Ferretti L., Leone P., Sgaramella V. 1990. Long range restriction analysis of the bovine casein genes. *Nucleic Acids Research*, 18:6829-6833.
- Fontanesi L., Davoli R., Nanni Costa L., Scotti E., Russo V. 2003. Study of candidate genes for glycolytic potential of porcine skeletal muscle: identification and analysis of mutations, linkage and physical mapping and association with meat quality traits in pigs. *Cytogenet. Genome Res.*, 102:145-151.
- French P., Stanton C., Lawless F., O'Riordan E.G., Monahan F.J., Caffrey P.J., Moloney A.P. 2000. Fatty acid composition, including conjugated linoleic acid, of intramuscular fat from steers offered grass, grass silage, or concentrate-based diets. *J. Anim. Sci.*, 78:2849-2855.
- Geay Y., Bauchart D., Hocquette J.-F., Culioli J. 2001. Effect of nutritional factors on biochemical, structural and metabolic characteristics of muscles in ruminants, consequences on dietetic value and sensorial qualities of meat. *Reprod. Nutr. Dev.*, 41:1-26.
- Gondret F., Mourot J., Lebas F. 1998. Comparison of intramuscular adipose tissue, cellularity in muscles differing in their lipid content and fibre type composition during rabbit growth. *Livestock Prod. Sci.*, 54:1-10.
- Gorodetskij S.I., Kaledin A.S. 1987. Analysis of nucleotide sequence of bovine k-casein. *Genetika, USSR*, 23, 4:596-604.
- Grisart B., Coppieters W., Farnir F., Karim L., Ford C., Berzi P., Cambisano N., Mni M., Reid S., Simon P., Spelman R., Georges M., Snell R. 2001. Positional Candidate Cloning of a QTL in Dairy Cattle: Identification of a Missense Mutation in the Bovine DGAT1 Gene with Major Effect on Milk Yield and Composition. *Genome Research*, 12:352-368.
- Grisart B., Coppieters W., Farnir F., Karim L., Ford C., Cambisano N. 2002. Positional candidate cloning of a QTL in dairy cattle: identification of a missense mutation in the bovine DGAT1 gene with major effect on milk yield and composition. *Genome*, 12:222-231.

- Grisart B., Farnir F., Karim L., Cambisano N., Kim J.J., Kvasz A., Mni M., Simon P., Frère J.M., Coppieters W., Georges M. 2004. Genetic and functional confirmation of the causality of the DGAT1 K232A quantitative trait nucleotide in affecting milk yield and composition. *PNAS*, 101:2398-2403.
- Grosclaude F., Joudrier P., Mahé M.F. 1978. Polymorphisme de la caséine α_2 bovine: étroite liaison du locus α_2 -Cn avec les loci α_1 -Cn, β -Cn et CASK; mise en évidence d'une délétion dans le variant α_2 -CnD. *Annales de Génétique et de Sélection Animale*, 10:313-327.
- Grosclaude F., Mahé M.F., Mercier J.C. 1974. Comparaison du polymorphisme génétique des lactoprotéines du zébu et des bovins. *Annales de Génétique et de Sélection Animale*, 6:305-329.
- Grosclaude F., Mahé M.F., Mercier J.C., Bonnemaire J., Teissier J.H. 1976. Polymorphisme des lactoprotéines de Bovinés Népalais. I. Mise en évidence, chez le yak, et caractérisation biochimique de deux nouveaux variants: β -Lactoglobuline Dyak et caséine α_1 -E. *Annales de Génétique et de Sélection Animale*, 8:461-479.
- Grosclaude F., Mahé M.F., Mercier J.C., Bonnemaire J., Teissier J.H. 1976. Polymorphisme des lactoprotéines de Bovinés Népalais. II. Polymorphisme des caséines " α -mineures"; le locus α_2 -Cn est-il lié aux loci α_1 -Cn, β -Cn et CASK? *Annales de Génétique et de Sélection Animale*, 8:481-491.
- Grosclaude F., Pujolle J., Garnier J., Ribadeau-Dumas B. 1966. Mise en évidence de deux variants supplémentaires des protéines du lait de vache: α_1 -CnD et LgD. *Annales de Biologie Animale, Biochimie et Biophysique*, 6:215-222.
- Grosclaude F. 1975. Variants génétiques des protéines du lait de vaches mongoles. *Études Mongoles, Cahier du Centre d'études mongoles, Laboratoire d'Éthnologie, Université de Paris X – Nanterre*, 6:81-83.
- Ha J.K., Lindsay R.C. 1991. Volatile alkylphenols and thiophenol in species-related characterizing flavors of red meats. *J. Food Sci.*, 56:1197-1202.
- Han S.K., Chung E.Y., Lee K.M. 1983. Studies on the genetic polymorphism of milk proteins in Korean Cattle. *Proceedings 5th World Conference of Animal Production, August 14-19 1983, Tokyo, Japan*, 2: 51-52.
- Han S.K., Shin Y.C. 1996. Biochemical characterization of the new β -casein variant in Korean Cattle. *Proceedings XXVth International Conference on Animal Genetics, 21-25 July 1996, Tours, France*, 144.
- Heinemann FS, Ozols J. 2003. Stearoyl-CoA desaturase, a short-lived protein of endoplasmic reticulum with multiple control mechanisms. Prostaglandins, Leukotrienes and Essential Fatty Acids, 68:123-133
- Ikonen T., Ruottinen O., Erhardt G., Ojala M. 1996. Allele frequencies of the major milk proteins in the Finnish Ayrshire and detection of a new k-casein variant. *Animal Genetics*, 27:179-181.
- Inea. L'Italia Conta 2005.
- Kambadur R., Sharma M., Smith T.P.L., Bass J.J. 1997. Mutation in myostatin (GDF8) in double-muscling Belgian blue and Piedmontese cattle. *Genome Research*, 7:910-916.
- Kann G., Houdebine L.M. 1978. Role of prolactin in development and initiation of milk secretion. *J. Gynec. Obstet. et Bio. de la Repr.*, 50:262-274
- Kepler C.R., Tove S.B. 1967. Biohydrogenation of unsaturated fatty acids. III Purification and properties of a linoleate Δ^{12} -cis, Δ^{11} -trans-isomerase from *Butyrivibrio fibrosolvens*. *J. Biol. Chem.*, 242:5686-5692.
- Kiddy C.A., Thompson M.P., Johnston J.O., Pepper L. 1963. Genetic control of α s and β -casein. *Journal of Dairy Science*, 46:626-627.
- Lebas F., Ouhayoun J. 1987. Effect of dietary-protein level, housing conditions and season on growth and slaughtered traits of rabbits. *Annales de Zootechnie*, 36:421-432.
- Leone P., Scaltriti V., Sangalli S., Caroli A., Pagnacco G. 1998. Polimorfismo della k-caseina nei bovini: identificazione dell'allele E in torelli di razza Bruna e Frisona Italiana. *Proceedings IVth National Congress Biodiversity, 8-11 September 1998, Alghero, Italy*.
- Lien S., Rogne S. 1993. Bovine casein haplotypes: number, frequencies and applicability as genetic markers. *Animal Genetics*, 24:373-376.
- Mahé M.F., Miranda G., Queval R., Bado A., Zafindrajaona P.S., Grosclaude F. 1999. Genetic polymorphism of milk proteins in African *Bos taurus* and *Bos indicus* populations. Characterization of variants α_1 -Cn H and CASK. *J. Genetics Selection Evolution*, 31:239-253.
- Mancini R.A., Hunt M.C. 2005. Current research in meat color. *Meat Sci.*, 71:100-121.
- Marchitelli C., Bavarese M.C., Crisà A., Nardone A., Ajmone-Marsan P., Valentini A. 2003. Double muscling in Marchigiana beef breed is caused by a stop codon in the third exon of myostatin gene. *Mamm. Genome*, 14:392-395.
- Mariaca R.G., Berger T.F.H., Gauch R., Imhof M.I., Jean-gros B., Bosset J.O. 1997. Occurrence of volatile mono- and sesquiterpenoids in highland and lowland plant species as possible precursors for flavor compounds in milk and dairy products. *J. Agric. Food Chem.*, 45:4423-4434.
- McPherron A.C., Lee S.J. 1997. Double muscling in cattle due to mutations in the myostatin gene. *Proceedings of the national academy of the sciences of the United States of America*, 94:12457-12461.
- Medrano J.F., Johnson A., DePeters E.J., Islas A. 1999. Genetic modification of the composition of milk fat: Identification of polymorphisms within the bovine stearoyl-CoA-desaturase gene. *J. Dairy Sci.*, 82, suppl. 1:71 (abstr.).
- Mele M., Conte G., Castiglioni B., Chessa S., Macciotta N.P.P., Serra A., Buccioni A., Pagnacco G., Secchiari P. 2007. Stearoyl-Coenzyme A Desaturase Gene Polymorphism and Milk Fatty Acid Composition in Italian Holsteins. *J. Dairy Sci.*, 90:4458-4465.
- Neelin J.M. 1964. Variants of k-casein revealed by im-

- proved starch gel electrophoresis. *Journal of Dairy Science*, 47:506-509.
- Ntambi J.M. 1995. The regulation of stearoyl-CoA desaturase (SCD). *Prog. Lipid Res.*, 34:139-150.
- Ntambi J.M., Bené H. 2001. Polyunsaturated fatty acid regulation of gene expression. *Journal of Molecular Neuroscience*, 16:273-278.
- Pagnacco G., Caroli A. 1987. Effect of casein and beta-lactoglobulin genotypes on renneting properties of milks. *J. Dairy Sci.*, 54:479-485.
- Peterson R.F., Kopfler F.C. 1966. Detection of new types of β -casein by polyacrylamide gel electrophoresis at acid pH: a proposed nomenclature. *Biochemical and Biophysical Research Communications*, 22:388-392.
- Prinzenberg E.M., Erhardt G. 1999. A new *CSN3* allele in *Bos indicus* cattle is characterised by *MspI* PCR-RFLP. *Animal Genetics*, 30:164 (abstr.).
- Prinzenberg E.M., Erhardt G. 1998. High-resolution SSCP analysis reveals new alleles at the k-casein (*CSN3*) locus in *Bos taurus* and *Bos indicus* cattle. *Proceedings XXVIth International Conference Animal Genetics*, 9-14 August 1998, Auckland, New Zealand, 17.
- Priolo A., Waghorn G., Lanza M., Biondi L., Pennisi P. 2000. Polyethylene glycol as a means for reducing the impact of condensed tannins in carob pulp: effects on lamb growth, performance and meat quality. *J. Anim. Sci.*, 78:810-816.
- Priolo A., Cornu A., Prache S., Krogmann M., Kondjoyan N., Micol D., Berdagué J.-L. 2004. Fat volatiles tracers of grass feeding in sheep. *Meat Sci.*, 66:475-481.
- Priolo A., Micol D., Agabriel J. 2001. Effects of grass feeding systems on ruminant meat colour and flavour. A review. *Anim. Res.*, 50:185-200.
- Pulina G., Nudda A. 2001. La produzione del latte. In: Pulina G. (ed.): *L'alimentazione degli ovini da latte*, 9-31. *Avenue media*.
- Ramunno L., Rando A., Pappalardo M., Fiorella A., Di Gregorio P., Capuano M., Masina P. 1994. Molecular analyses on quantitative alleles at goat β -Cn and cow α s1-Cn loci. *Proceedings Società Italiana per il Progresso della Zootecnica*, Milano, Italy, 29:233-240.
- Rando A., Mariani P., Fiorella A., Di Gregorio P., Ramunno L., Masina P. 1995. Un allele quantitativo della caseina α s1 di bovino. *Proceedings Associazione Scientifica di Produzione Animale 1995*, Grado, Italy, 11:175-176.
- Rando A., Ramunno L., Di Gregorio P., Fiorella A., Davoli R., Masina P. 1993. Localizzazione di siti polimorfi nella regione di DNA che contiene il gene della caseina α s1 di bovino. *Proceedings Associazione Scientifica di Produzione Animale*, Bologna, Italy, 10:617-620.
- Rosa A.A.M., Djiane J, Houdebine L.M. Kelly P.A. 1982. Stimulatory effects of prolactin and anti-prolactin receptor serum on prolactin binding sites in rat liver cells in suspension culture. *Bioc. And Biop. Res. Comm.*, 106:243-249.
- Russo V., Fontanesi L., Davoli R., Nanni Costa L., Cagnazzo M., Buttazzoni L., Virgili R., Yerle M. 2002. Investigation of candidate genes for meat quality in dry-cured ham production: the porcine cathepsin B (*CTSB*) and cystatin B (*CSTB*) genes. *Anim. Genet.*, 33:123-131.
- Santos-Silva J., Bessa R.J.B, Santos-Silva F. 2002. Effect of genotype, feeding system and slaughter weight to on the quality of light lambs II. Fatty acid composition of meat. *Liv. Prod. Sci.*, 77:187-194.
- Sañudo C., Santolaria M.P., Maria G., Osorio M., Sierra I. 1996. Influence of carcass weight on instrumental and sensory lamb meat quality in intensive production systems. *Meat Sci.*, 42:195-202.
- Scollan N., Hocquette J. F., Nuernberg K., Dannenber, D., Richardson I., Moloney A. 2006. Innovations in beef production system that enhance the nutritional and health value of beef lipids and their relationship with meat quality. *Meat Sci.*, 74:17-33.
- Secchiari P., Conte G., Fontanesi L., Macciotta N.P.P., Mele M., Pieragostini E., Stefanon B. 2007. Relazione introduttiva. In: *Quaderni dei Georgofili 2006-I: Acquisizioni della genetica e prospettive della selezione animale*, 7-48. Ed. Società Editrice Fiorentina.
- Secchiari P. 2008. Aspetti del valore nutrizionale e nutraceutico degli alimenti di origine animale. *Ital. J. Agron., Riv. Agron.*, 1 Suppl.:73-101.
- Simopoulos A.P. 1999. Essential fatty acids in health and chronic disease. *Amer. J. Clin. Nutr.*, 70:560S-569S.
- Spelman R.J., Ford C.A., McElhinney P., Gregory G.C., Snell R.G. 2002. Characterization of the DGAT1 gene in the New Zealand dairy population. *J. Dairy Sci.*, 85:3514-3517.
- Sulimova G.E., Badagueva Yu.N., Udina I.G. 1996. Polymorphism of the k-casein gene in populations of the subfamily Bovinae. *Genetika (Moscow)*, 32, 11:1576-1582.
- Sulimova G.E., Sokolova S.S., Semikozova O.P., Nguet L.M., Berberov E.M. 1992. Analysis of DNA polymorphism of clustered gene in cattle: casein genes and genes of the *BoLA* major histocompatibility complex. *Tsitologiya i Genetika*, 26, 5:18-26.
- Sutherland M. M., Ames J.M. 1996. Free fatty acid composition of the adipose tissue of intact and castrated lambs slaughtered at 12 and 30 weeks of age. *J. Agric. Food Chem.*, 10:3113-3116.
- Suzuky J., Bailey M.E. 1985. Direct sampling capillary GLC analysis of flavor volatiles from ovine fat. *J. Agric. Food Chem.*, 33:343-347.
- Taniguchi M., Utsugi T., Oyama K., Mannen H., Kobayashi M., Tanabe Y., Ogino A., Tsuji S. 2004. Genotype of stearoyl-CoA desaturase is associated with fatty acids composition in Japanese Black cattle. *Mammalian Genome Genes and Phenotypes*, 14:142-148.

- Thaller G., Kramer W., Winter A., Kaup B., Erhardt G., Fries R. 2003. Effects of DGAT1 variants on milk production traits in German cattle breeds. *J. Anim. Sci.*, 81:1911-1918.
- Thompson M.P., Kiddy C.A., Pepper L., Zittle C.A. 1962. Variations in the α s-casein fraction of individual cow's milk. *Nature*, 195:1001-1002.
- Trocino A., Xiccato G. 2000. La carne di coniglio: come variano le richieste del consumatore e la qualità del prodotto. Tratto dal sito <http://www.pubit.it/sunti/euc00081.html>
- Viallon C., Verdier-Metz I., Denoyer C., Pradel P., Coulon J.B., Berdagué J.L. 1999. Desorbed terpenes and sesquiterpenes from forages and cheeses. *J. Dairy Res.*, 66:319-326.
- Viallon C., Martin B., Verdier-Metz I., Pradel P., Garel J.P., Coulon J.B., Berdagué J.L. 2000. Transfer of monoterpenes and sesquiterpenes from forages into milk fat. *Lait*, 80:635-641.
- Visser S., Slangen C.J., Rollema H.S. 1991. Phenotyping of bovine milk proteins by reversed-phase high performance liquid chromatography. *Journal of Chromatography*, 548:361-370.
- Vogliano G.F. 1972. A new β -casein variant in Piedmont cattle. *Animal Blood Groups and Biochemical Genetics*, 3:61-62.
- Ward R.J., Travers M.T., Richards S.E., Vernon R.G., Salter A.M., Buttery P.J., Barber M.C. 1998. Steroyl-CoA desaturase mRNA is transcribed from a single gene in the ovine genome. *Biochimica et Biophysica Acta*, 1391:145-156.
- Weller J.I., Golik M., Seroussi E., Ezra E., Ron M. 2003. Population-wide analysis of a QTL affecting milk-fat production in the Israeli Holstein population. *J. Dairy Sci.*, 86:2219-2227
- Winter A., Krämer W., Werner F.A.O., Kollers S., Kata S., Durstewitz D., Buitkamp J., Womack J.E., Thaller G., Fries R. 2002. Association of a lysine-232_alanine polymorphism in a bovine gene encoding acyl-CoA:diacylglycerol acyltransferase (DGAT1) with variation at a quantitative trait locus for milk fat content. *PNAS*, 99:9300-9305.
- Young O.A., Lane G.A., Priolo A., Fraser K. 2003. Pastoral and species flavour in lambs raised on pasture, lucerne or maize. *J. Sci. Food Agric.*, 83:93-104.
- Young O.A., Berdagué J.-L., Viallon C., Rousset-Akrim S., Theriez M. 1997. Fat-borne volatiles and sheep-meat odour. *Meat Sci.*, 45:183-200.
- Zembayashi M., Lunt D.K., Smith S.B. 1999. Dietary tea reduces the iron content of beef. *Meat Sci.*, 53:221-226.