RELAZIONE FINALE DEL PROGETTO "SVILUPPO DI NUOVI STRUMENTI SELETTIVI PER LA RIDUZIONE DEL BOAR TAINT IN SUINI PESANTI " (PSR del Veneto DGR 1354 del 03/08/2011 – Misura 124. Domanda d'aiuto n. 2071525 "Progetto GENOTAINT")

Ente proponente (R): Gorzagri s.s. impresa agricola

Partner (P1): Università degli Studi di Padova - Dipartimento di Biomedicina Comparata e Alimentazione

Periodo di riferimento dell'attività: dal 27/04/2012 al 27/10/2014

1. Introduzione

Per odore di verro, o "boar taint" (BT), s'intende l'odore e il sapore sgradevole che si manifesta durante la cottura o il consumo di carne suina e prodotti derivati ottenuti da maschi interi in età pubere. Esso è dovuto all'accumulo nel tessuto adiposo di tre composti: l'androstenone (AND), lo scatolo (SCA) e l'indolo (IND) (Zamaratskaia and Squires, 2009). AND è un ormone sessuale prodotto con il raggiungimento della pubertà, mentre SCA e IND sono prodotti di origine fecale che derivano dalla degradazione dell'aminoacido triptofano determinata dall'attività della flora microbica intestinale. SCA e IND sono assorbiti a livello intestinale, probabilmente per diffusione passiva, e raggiungono tramite la circolazione sanguigna il fegato dove, per la metà, sono degradati. La frazione non degradata si deposita, per l'alto grado di lipofilicità, nel tessuto adiposo. AND è sintetizzato a livello delle cellule di Leydig nel testicolo e raggiunge tramite la circolazione sanguigna le ghiandole salivari, svolgendo funzione di ferormone, e il fegato. Il fegato è responsabile della sua degradazione. Anche in tal caso la frazione non degradata di AND, essendo lipofila, si deposita e accumula nel tessuto adiposo. La concentrazione di AND a livello sanguigno influenza il metabolismo epatico di SCA e IND. Elevati livelli plasmatici di AND riducono la sintesi e l'attività di enzimi epatici (citocromo P450 mono-ossigenasi) che intervengono nella degradazione di SCA e IND, favorendone un maggior deposito nel tessuto adiposo e aumentando il rischio di BT.

Attualmente, il BT è controllato tramite la pratica della castrazione chirurgica senza anestesia dei suinetti di sesso maschile, ma a partire dal 1° gennaio 2018 tale pratica dovrà essere abbandonata in seguito a un agreement tra Commissione Europea e rappresentanti degli allevatori europei, veterinari, organizzazioni non governative per la tutela del benessere animale e stakeholder dell'industria della macellazione e trasformazione della carne suina (European Declaration on Alternatives to Surgical Castration, 2011). Poiché la castrazione chirurgica con sedazione non è pratica economicamente sostenibile, la ricerca di nuove strategie per ridurre la concentrazione dei tre composti responsabili del BT nel grasso suino e di alternative alla castrazione chirurgica diviene indispensabile.

E' noto che una parte rilevante della variabilità del contenuto di AND, SCA e IND è determinata da differenze tra individui riconducibili a fattori genetici. Diversi studi condotti in popolazioni di suini leggeri (110 – 120 kg) hanno dimostrato che l'ereditabilità per questi caratteri è medio-alta, come pure sono positive e abbastanza elevate le correlazioni genetiche tra componenti BT (Robic et al., 2008). Pertanto, la selezione genetica in favore di suini maschi interi con ridotto accumulo di componenti BT nei depositi adiposi e caratterizzati, di conseguenza, da bassa probabilità di sviluppare BT potrebbe essere una valida alternativa alla pratica della castrazione chirurgica senza sedazione anche nel caso del suino pesante italiano. Inoltre, poiché il phenotyping individuale di tali componenti (misurazione dei livelli di AND, SCA e IND in tessuto adiposo di candidati riproduttori) è operazione difficoltosa e complessa, strategie selettive con minimi interventi di phenotyping individuale, come avviene nel caso della selezione genomica con uso di panel densi di marcatori molecolari SNP associati al contenuto di AND, SCA e IND, rappresentano un riferimento importante per i programmi di miglioramento genetico finalizzati alla riduzione del BT.

2. Obiettivi del progetto

I principali obiettivi del progetto sono stati:

- lo sviluppo di un metodo analitico per la quantificazione di AND, SCA e IND in microcampioni di tessuto adiposo prelevati *in vivo*, tramite biopsia, da 500 maschi interi di linea GOLAND C21 (Gorzagri, Fonzaso) al raggiungimento del peso di 110 kg e, successivamente, di 160 kg. Questa doppia quantificazione ha permesso, da un lato, di valutare e confrontare le concentrazioni di AND, SCA e IND nei verri di linea C21 a un peso simile al peso di macellazione del suino leggero allevato in Europa (sul quale sono stati condotti tutti gli studi sul BT reperibili nella letteratura scientifica), dall'altro di studiare per la prima volta il BT in suini più maturi da un punto di vista sessuale e che hanno raggiunto il peso di macellazione previsto per i disciplinari di produzione di prodotti tipici DOP;
- la verifica della capacità di predire il contenuto dei composti responsabili del BT nel grasso di copertura delle cosce attraverso la tecnologia della spettroscopia del vicino infrarosso (NIRS);
- lo studio della variabilità genetica e fenotipica e la stima dei parametri genetici per i contenuti dei composti responsabili del BT nel grasso sottocutaneo;
- l'analisi del genoma degli animali oggetto di studio per la determinazione del genotipo a 64,232 polimorfismi a singolo nucleotide (SNPs) attraverso l'impiego di panel densi di marcatori (DNA-chips);
- l'identificazione di regioni genomiche associate al contenuto di AND, SCA e IND che potrebbero essere utilizzate in futuro come siti d'interesse per il fine mapping e l'identificazione di geni con effetto sui livelli di accumulo dei componenti del BT .

3. Materiali e metodi

3.1 Sviluppo di un metodo analitico per la separazione e la quantificazione di AND, SCA e IND

Per la separazione e la quantificazione dei composti responsabili del BT, è stato sviluppato, presso i laboratori di **P1**, un metodo analitico basato sulla cromatografia ad alta prestazione con rilevazione della fluorescenza (HPLC-FL). La prima fase della messa a punto ha previsto lo sviluppo di un protocollo per l'estrazione di AND, SCA e IND dalla matrice adiposa. La procedura prevedeva lo scioglimento dei microcampioni di tessuto adiposo in microonde, la successiva estrazione di 150 µl di grasso liquido da diluire in 750 µl di metanolo e la precipitazione a freddo della componente non estratta.

Successivamente, è stata ottimizzata la reazione di derivatizzazione di AND necessaria per rendere il composto fluorescente e quindi rilevabile dal fluorimetro. Essa prevedeva l'utilizzo della dansilidrazina al 2% come fluoroforo in presenza di acqua e trifluoro di boro.

La messa a punto della separazione e quantificazione mediante HPLC-FL è avvenuta attraverso la scelta di una colonna specifica per l'analisi, seguita dalla scelta dei solventi da utilizzare come fase mobile, della temperatura di analisi e velocità di flusso, e dallo sviluppo del gradiente. L'ottimizzazione di tutte queste variabili ha permesso la definizione di due protocolli per la separazione dei composti. Per la separazione di AND, SCA e IND è stato utilizzato un sistema HPLC Shimatzu con colonna cromatografica Zorbax Eclipse Plus C18, 4.6 x 100 mm, 5 µm (Agilent). Tale colonna ha permesso di separare sia i composti indolici che l'AND eseguendo due corse cromatografiche separate (la prima per i composti indolici, la seconda per l'AND) così da poter quantificare SCA e IND senza che il campione fosse stato precedentemente derivatizzato. La temperatura della colonna era di 45°C per entrambe le analisi.

La separazione di IND e SCA è avvenuta utilizzando una fase mobile isocratica data da una soluzione di acqua:acetonitrile in proporzioni 70:30, al flusso di 1.5 ml/min. Entrambi i composti sono stati rilevati alle lunghezze d'onda di 270 nm (eccitazione) e di 350 nm (emissione). Per la separazione di AND è stata usata invece una fase mobile a gradiente binario che utilizzava, come solventi, il metanolo 100% (solvente A) e una soluzione di acqua:acetonitrile 70:30 (solvente B), con un flusso di 1.5 ml/min.

AND è stato rilevato alle lunghezze d'onda di 346 nm (eccitazione) e di 521 nm (emissione). Per la determinazione quantitativa dei tre composti sono state costruite delle rette di calibrazione utilizzando delle soluzioni a idonea concentrazione preparate da standard analitici presenti in commercio per i tre composti in esame. Il passo successivo è stato quello di testare la stabilità dell'estratto e quindi di validare i metodi di separazione, testandone la ripetibilità e la riproducibilità. Al fine di verificare i risultati analitici ottenuti, periodicamente sono sati analizzati dei campioni in doppio e rianalizzato le soluzioni standard preparate per la calibrazione.

3.2 *Raccolta dei campioni individuali di tessuto adiposo e analisi*

Per ciascuno dei 500 verri oggetto di studio, è stato prelevato un microcampione di tessuto adiposo, tramite biopsia, al raggiungimento del peso di 106.4 ± 9.8 kg e, successivamente, ad un peso di 154.6 ± 14.6 kg. Per la raccolta di microcampioni di tessuto adiposo, è stato utilizzato un dispositivo sviluppato da Suisag (Sempach, Svizzera). Per tutelare il benessere, gli animali sono stati preliminarmente sottoposti ad anestesia locale e a disinfezione della cute con etanolo 80%, utilizzato anche per la disinfezione dell'ago dello strumento impiegato per il prelievo. I campioni di tessuto adiposo prelevati con le microbiopsie sono stati conservati a -80°C fino al momento dell'analisi.

Per 100 animali del gruppo campionato, che sono stati inviati a macellazione poiché in esubero rispetto alla domanda di mercato di riproduttori, è stato prelevato un ulteriore campione dal grasso sottocutaneo della coscia. Per quest'ultimo erano stati in precedenza acquisiti gli spettri di riflettanza tramite strumentazione NIRS.

Le concentrazioni di IND, SCA e AND sono state misurate tramite la metodica HPLC-FL descritta in precedenza (vedi punto 3.1) per tutti i campioni prelevati.

3.3 Raccolta dei dati sperimentali sulla progenie dei verri campionati

In sede di macellazione, sono stati eseguiti rilievi sulle carcasse e sulle cosce della progenie dei verri oggetto di studio del BT. In particolare è stato registrato il peso delle carcasse e su di esse è stato misurato lo spessore del grasso dorsale mediante Fat-O-Meter. In fase di rifilatura delle cosce, è stato misurato lo spessore del grasso in corona con strumentazione ecografica e sono stati acquisiti gli spettri di riflettanza, mediante strumentazione NIRS portatile, del grasso di copertura della coscia per la predizione del numero di iodio e del profilo acidico del grasso. Questi rilievi avevano la finalità di mettere in relazione l'informazione genomica dei padri con la qualità della carne e della coscia della progenie, aumentando la precisione d'identificazione delle associazioni tra marcatori SNP e le caratteristiche d'interesse.

3.4 Analisi di genotipizzazione

Al momento del primo prelievo dei microcampioni di tessuto adiposo, da ciascuno dei 500 verri è stato prelevato anche un campione di tessuto auricolare dal quale ottenere il DNA per la successiva analisi di genotipizzazione basata sull'impiego dei DNA chips a 60K. I campioni di tessuto auricolare sono stati inviati al laboratorio GeneSeek (Lincoln, USA) per l'analisi con il chip Illumina PorcineSNP60 BeadChip (Illumina, San Diego, CA, USA). Tale analisi ha consentito di determinare il genotipo degli animali in corrispondenza di 64,232 siti del genoma caratterizzati da presenza di polimorfismo a singolo nucleotide (SNPs).

3.5 Analisi statistica dei dati sperimentali

3.5.1. Elaborazione dei dati ottenuti dall'analisi HPLC-FL dei campioni di tessuto adiposo

I dati ottenuti con l'analisi HPLC-FL sono stati elaborati al fine di confrontare le concentrazioni dei componenti BT misurate in corrispondenza dei due diversi pesi nei microcampioni bioptici e nel grasso di copertura delle cosce, nonché di determinare la percentuale di campioni che superavano le soglie di accettabilità usate per discriminare le carcasse caratterizzate o meno da BT.

3.5.2. Analisi di predizione del contenuto dei composti responsabili del BT a partire da spettri NIRS

Utilizzando le concentrazioni di AND, SCA e IND misurate mediante HPLC-FL con l'analisi dei campioni di grasso sottocutaneo delle cosce e gli spettri NIRS acquisiti sui medesimi campioni, è stata valutata la possibilità di predire la concentrazione di questi composti attraverso la spettroscopia del vicino infrarosso. A tal scopo, sono state inizialmente individuate le regioni dello spettro non informative, che sono state quindi eliminate. Lo spettro rimanente è stato poi sottoposto ad analisi multivariata con metodologia della Partial Least Square Regression (PLS) al fine di creare un'equazione di calibrazione per la predizione dei composti responsabili del BT.

3.5.3. Determinazione dei parametri genetici per il contenuto dei composti responsabili del BT

L'ereditabilità del contenuto di AND, SCA e IND e le correlazioni genetiche e fenotipiche tra la concentrazione di queste sostanze ai due diversi pesi sono state stimate utilizzando procedure Bayesiane. In particolare, le componenti di varianza sono state stimate mediante l'uso di modelli lineari misti bivariati che includevano come effetti fissi il gruppo di test e la data di analisi, e l'animale come effetto casuale.

3.5.4. Analisi di associazione tra i genotipi dei verri e il contenuto dei composti responsabili del BT

Per identificare marcatori molecolari associati al contenuto di AND, SCA e IND nel tessuto adiposo, è stata condotta un'analisi di associazione utilizzando il software PLINK. La posizione nel genoma degli SNPs risultati associati ai caratteri d'interesse è stata determinata attraverso la consultazione di banche dati bioinformatiche (Ensembl e dbSNP).

3.5.5. Valutazione di un approccio di selezione genomica per ridurre il BT

Le informazioni genomiche, ottenute dall'analisi con DNA chips, sono state sfruttate per testare l'applicabilità di un approccio di selezione genomica finalizzato alla valutazione genetica e alla selezione dei candidati riproduttori in grado di produrre progenie caratterizzata da basso rischio di sviluppare BT. I breeding values (EBVs), stimati utilizzando procedure di valutazione genetica classica (metodologia BLUP) e le informazioni fenotipiche e genealogiche disponibili, sono stati correlati con i breeding values genomici (GEBVs) ottenuti attraverso un'analisi single-step BLUP (ssBLUP), nella

quale, invece, le informazioni fenotipiche e genealogiche sono state integrate dal contributo informativo dei genotipi agli SNP inclusi nel DNA chip.

3.5.6. Analisi dei rilievi effettuati sulla progenie dei verri campionati

I dati fenotipici misurati sulla progenie dei verri C21 oggetto di studio sono stati integrati in un dataset più ampio che raccoglieva i rilievi fatti di routine sulla progenie di tutta la popolazione. L'ereditabilità per questi caratteri è stata calcolata utilizzando un modello univariato che includeva gli effetti fissi di sesso e data di macellazione, e come effetti casuali il gruppo sociale e l'animale.

4. Risultati ottenuti

4.1 Sviluppo del metodo per la separazione e la quantificazione di AND, SCA e IND

Il protocollo analitico utilizzato per l'estrazione, separazione e quantificazione di SCA, IND e AND presenti nella matrice adiposa si è dimostrato ripetibile. Il metodo HPLC-FL ha mostrato una sensibilità di 3 ng/g per SCA e IND e 0.15 μg/g per AND, valori inferiori alle concentrazioni soglia stabilite per discriminare carcasse affette o meno da BT (Lundström et al. 2009), rivelandosi idoneo anche alla quantificazione dei composti responsabili del BT in microcampioni di tessuto adiposo suino provenienti da animali più leggeri nei quali le concentrazioni di tali sostanze sono più ridotte. Inoltre, il metodo di separazione analitica si è dimostrato ripetibile e riproducibile (CV < 0.05 per tutti e tre i composti).

4.2 Quantificazione dei composti responsabili del BT nei microcampioni di grasso dorsale e di copertura delle cosce

Le statistiche descrittive per il contenuto dei composti responsabili del BT sono riportate nella Tabella 1. Le concentrazioni di SCA, IND e AND sono risultate maggiori nei campioni prelevati quando i suini hanno raggiunto un peso vivo maggiore. I contenuti di AND e SCA registrati al peso prossimo di 110 kg sono in linea con precedenti studi presenti in bibliografia (Grindfleck et al., 2011; Baes et al., 2013). Al contrario, la concentrazione di IND si è dimostrata più alta. E' importante tenere in considerazione che diversi fattori, tra cui il tipo genetico, possono influenzare il contenuto dei composti responsabili del BT. La distribuzione di frequenza di questi caratteri è una distribuzione non gaussiana caratterizzata da asimmetria verso destra (valori elevati delle concentrazioni). Ciò conferma la presenza, nella popolazione oggetto di studio, di molti individui caratterizzati da valori tendenzialmente bassi o moderati di SCA, IND, e AND e di pochi soggetti con valori elevati dei

Le concentrazioni critiche, prese come riferimento per discriminare le carcasse affette o meno da BT, corrispondono a 1 μg/g per l'AND e 250 ng/g per lo SCA (Lundström et al. 2009). Lo studio ha rivelato che la percentuale di campioni di grasso prelevati da suini leggeri che avevano una concentrazione di

SCA superiore alla soglia è stata pari a 1.2%; ma considerando i campioni raccolti al peso di 160 kg la percentuale è salita al 4.4%. Circa il 30% dei campioni prelevati in suini leggeri ha mostrato una concentrazione di AND superiore al valore soglia di 1 μg/g e tale percentuale ha raggiunto il 66.5% nei campioni prelevati in suini di 160 kg. Questo indica che la frazione di carcasse interessate da BT, nel caso in cui non si ricorra alla castrazione chirurgica dei suinetti di sesso maschile, attesa nell'allevamento del suino pesante è maggiore di quella prevista nell'allevamento del suino leggero.
La correlazione tra le concentrazioni di AND, SCA e IND nei microcampioni di grasso dorsale e quelle dei campioni di grasso sottocutaneo delle cosce è risultata statisticamente diversa da zero ($P < 0.001$) e pari a 0.88, 0.85 e 0.70, rispettivamente. Questo indica che il problema del BT potrebbe essere rilevante anche in prodotti tipici stagionati, ma che interventi per la riduzione del contento dei composti responsabili del BT nel tessuto adiposo dorsale potrebbero avere effetti positivi anche nel tessuto adiposo di altre regioni anatomiche.

4.3 Analisi di predizione del contenuto dei composti responsabili del BT mediante tecnica NIRS

La tecnica NIRS non è risultata in grado di predire i livelli di AND, SCA e IND nel grasso di copertura della coscia. Questo potrebbe essere dovuto all'incapacità di tale tecnica di rilevare questi composti che si trovano in concentrazione molto basse nel tessuto adiposo e che non presentano strette correlazioni con altre costituenti del grasso (acidi grassi) che la tecnica riesce a predire con buona affidabilità.

4.4 Determinazione dei parametri genetici per il contenuto dei composti responsabili del BT

L'ereditabilità del contenuto di AND, SCA e IND nel tessuto adiposo risulta medio-alta sia nel caso di quantificazione operata al peso vivo di 110 kg sia al raggiungimento del peso di 160 kg (Tabella 2). In particolare, per i suini pesanti, una quota compresa tra 60 e 70% della variabilità osservata per il contenuto di queste tre sostanze nel grasso suino risulta essere dovuta a differenze riconducibili a fattori genetici individuali. Questo avvalora il possibile utilizzo della selezione genetica dei riproduttori, basata sulla misurazione dei componenti BT, quale strumento alternativo alla castrazione chirurgica per ridurre, anche nel suino pesante, la probabilità di manifestazione dell'odore di verro nella carne di maschi interi.
Le correlazioni genetiche e fenotipiche tra i tre composti quantificati al raggiungimento dei 110 kg sono positive e in linea con gli studi condotti in popolazioni di suini leggeri (Grindflek et al., 2011). Le correlazioni tra SCA, IND e AND, stimate utilizzando i valori misurati a 160 kg, sono risultate molto simili a quelle ottenute per i valori rilevati al peso più leggero.
Le correlazioni genetiche tra il contenuto di AND, SCA e IND rilevato a 110 kg e quello rilevato a 160 kg sono risultate rispettivamente di 0.67, 0.47 e 0.74, suggerendo che la quantificazione di questi composti in animali giovani non consente di fare una previsione accurata della loro concentrazione

quando gli stessi animali avranno raggiunto un peso più elevato. Questo è stato confermato dalla moderata correlazione tra le classifiche dei candidati riproduttori basate sulla quantificazione dei composti responsabili del BT ai due diversi pesi. Alla luce di ciò, per una valutazione genetica accurata dei candidati riproduttori, sarà necessario attendere il raggiungimento di un peso vivo di 160 kg prima di effettuare i rilievi fenotipici per questi caratteri.

4.5 Analisi di associazione tra genotipi SNP e contenuto dei composti responsabili del BT

L'analisi di associazione ha permesso d'identificare diverse regioni genomiche associate al contenuto dei composti responsabili del BT.

Per quanto riguarda la quantificazione dei composti responsabili del BT in verri di 110 kg, 4 SNPs (localizzati nei cromosomi 4 e 6) sono risultati significativamente ($P < 0.01$) associati alla concentrazione di AND, mentre 2 SNPs, localizzati nel cromosoma 13, hanno evidenziato associazione con la concentrazione di SCA e IND.

Per quanto concerne il contenuto di AND, SCA e IND nel tessuto adiposo di animali prossimi al peso di 160 kg, 10 SNPs (presenti nei cromosomi 4, 5, 6, 13 e 14) sono risultati associati all'ormone, 51 SNPs (nei cromosomi 1, 2, 9, 10, 11, 13 e 16) a SCA e ben 229 SNPs (nei cromosomi 3, 4, 6, 8, 11, 13, 14, 15 e 17) a IND. Lo studio di queste associazioni sarà ulteriormente approfondito stimando degli effetti puntuali che gli SNPs analizzati hanno sul BT utilizzando un approccio statistico Bayesiano.

4.6 Valutazione di un approccio di selezione genomica per ridurre il BT

Per ciascun composto responsabile del BT, gli EBVs calcolati con procedure classiche sono stati messi in correlazione con i GEBVs stimati integrando nelle procedure di stima le informazioni genomiche ottenute dall'analisi con i DNA chips. Per i contenuti di AND, SCA e IND, registrati al peso di 110 kg, la correlazione è risultata pari a 0.70, 0.82 e 0.70, rispettivamente. La correlazione tra EBVs e GEBVs per la concentrazione di AND al secondo rilievo è risultata pari a 0.78, per SCA a 0.84 e per IND a 0.83. Questi risultati confermano l'opportunità di ricorrere a un approccio di selezione genomica per la valutazione genetica e la selezione di candidati riproduttori finalizzata alla riduzione del BT. L'implementazione di un programma di selezione basato sui marcatori permetterà di limitare al minimo il numero di rilievi fenotipici per il BT in quanto, nella routine selettiva, saranno indispensabili solo le informazioni genomiche, mentre la misurazione dei composti del BT dovrà essere effettuata solo periodicamente per verificare la stabilità delle associazioni identificate.

4.7 Analisi dei rilievi effettuati sulla progenie dei verri campionati

La Tabella 3 riassume le statistiche descrittive e l'ereditabilità per i caratteri misurati sulla progenie.

L'ereditabilità per questi caratteri è risultata medio-alta. Non sono emerse correlazioni genetiche significative tra concentrazioni dei componenti BT misurati nei padri e caratteristiche qualitative della

carcassa e della coscia della progenie utilizzata per l'ingrasso e la produzione di prodotti stagionati DOP. Pertanto, i risultati garantiti da interventi selettivi mirati alla riduzione del rischio di carni *tainted* in maschi interi potranno essere ottenuti senza particolari effetti correlati su quelle caratteristiche che, a oggi, rappresentano i principali obiettivi di miglioramento della linea.

5. Conclusioni e benefici derivanti dal progetto

Al termine del presente progetto di ricerca è stata dimostrata la possibilità di ridurre i livelli dei composti responsabili del BT nella linea suina oggetto di studio attraverso interventi di selezione genetica. Infatti, anche per il suino pesante, è stata riscontrata un'elevata ereditabilità per i contenuti di AND, SCA e IND, che sono risultati più elevati rispetto a suini leggeri, più giovani e sessualmente meno maturi. Inoltre, il progetto ha permesso di identificare un certo numero di marcatori molecolari associati al carattere BT e ha confermato la possibilità di implementare nella linea un approccio di selezione genomica per la valutazione genetica e la selezione dei candidati riproduttori finalizzata alla riduzione del rischio BT nelle carcasse prodotte da maschi interi.

Pertanto, l'impresa capofila del progetto **(R)** dispone ora del know-how, di strumenti d'intervento e di possibili soluzioni alle problematiche determinate dalla prospettiva di abbandono della pratica della castrazione chirurgica dei suinetti. I risultati del progetto garantiscono a **R** la capacità di competere efficacemente nel mercato nazionale dei riproduttori del prossimo futuro grazie alla possibilità di proporre al settore dell'allevamento riproduttori selezionati in modo specifico per minimizzare il rischio di carni *tainted* prodotte da maschi interi. Infatti, **R** potrà integrare questi nuovi strumenti selettivi basati sull'uso di marcatori molecolari negli attuali programmi di miglioramento genetico così da intervenire in modo più efficiente su caratteri di difficile valutazione come le concentrazioni dei composti BT. In particolare, sarà possibile produrre una sub-linea di riproduttori selezionata per un ridotto contenuto di AND, SCA e IND. Essa potrà essere sfruttata come linea verri per la produzione di suini maschi interi con basso rischio di BT e per meglio comprendere quali effetti ha una selezione di questo tipo sui soggetti meticci allevati per la produzione dei prodotti DOP. In conclusione, i risultati derivanti dal presente progetto potranno contribuire ad incrementare le capacità competitiva di **R** nel mercato suinicolo di riferimento, grazie alla possibilità di sfruttare strumenti innovativi per aumentare la qualità della carne adeguandosi alle più recenti normative. Rimane da approfondire lo studio delle possibili problematiche ed eventuali effetti correlati della selezione per ridurre il rischio BT sugli aspetti legati al comportamento sessuale e alla libido.

6. Riferimenti bibliografici

Baes, C., S. Mattei, H. Luther, S. Ampuero, X. Sidler, G. Bee, P. Spring, and A. Hofer. 2013. A performance test for boar taint compounds in live boars. Animal. 7(5): 714-720.

European Declaration on Alternatives to Surgical Castration. 2011. Retrieved August, 26, 2014, from http://ec.europa.eu/food/animal/welfare/farm/docs/castration_pigs_declaration_en.pdf.

Grindfleck, E., T. H. E. Meuwissen, T. Aasmundstad, H. Hamland., M. H. S. Hansen, T. Nome, M. Kent, P. Torjesen and S. Lien. 2011. J. Anim. Sci. 89:680-692.

Lundström, K., K. R. Matthews, and J. E. Haugen. 2009. Pig meat quality from entire males. Animal. 3(11): 1497-1507.

Robic, A., C. Larzul, and M. Bonneau. Genetic and metabolic aspects of androstenone and skatole deposition in pig adipose tissue: a review. Genet. Sel. Evol. 40: 129-143.

Zamaratskaia, G., and E. J. Squires. 2009. Biochemical, nutritional and genetic effects on boar taint in entire male pigs. Animal. 3(11): 1508-1521.

Tabelle e figure

Tabella 1. Statistiche descrittive per i composti responsabili del boar taint quantificati a 110 e 160 kg di peso vivo[1]

Variabile	Peso al campionamento							
	110 kg				160 kg			
	Media	DS	P1	P99	Media	DS	P1	P99
Quantificazione in grasso dorsale (N = 500)								
Androstenone (µg/g)	0.98	0.85	0.15	4.51	1.73	1.21	0.35	5.91
Scatolo (ng/g)	51.56	49.93	6.09	295.95	75.89	98.53	8.75	605.23
Indolo (ng/g)	84.32	89.84	15.54	436.17	133.17	146.94	12.26	773.82
Quantificazione in grasso sottocutaneo di coscia (N = 100)								
Androstenone (µg/g)					1.92	1.40	0.30	6.83
Scatolo (ng/g)					63.04	56.99	6.56	283.80
Indolo (ng/g)					139.50	173.00	6.13	950.53

[1]DS: deviazione standard; P1: 1° percentile; P99: 99° percentile.

Tabella 2. Ereditabilità (nella diagonale), correlazioni genetiche (sotto la diagonale) e fenotipiche (sopra la diagonale) per le concentrazioni di scatolo, indolo e androstenone misurate a 110 e 160 kg

		110 kg	
	Androstenone	Scatolo	Indolo
Androstenone	0.40	0.12	0.27
Scatolo	0.30	0.60	0.50
Indolo	0.40	0.75	0.40
		160 kg	
	Androstenone	Scatolo	Indolo
Androstenone	0.60	0.23	0.44
Scatolo	0.56	0.60	0.43
Indolo	0.72	0.80	0.70

Tabella 3. Statistiche descrittive per i dati sulla progenie ed ereditabilità[1]

Variabile	**N**	**Media**	**DS**	**P1**	**P99**	**h^2**
Variabili della carcassa						
Peso della carcassa, kg	11,490	140.5	11.8	112.2	169.0	0.42
Resa alla macellazione, %	11,352	82.59	1.67	78.57	86.68	0.27
Spessore grasso dorsale, mm	10,041	26.6	5.1	17.0	40.4	0.38
Percentuale carne magra, %	5,946	49.84	2.68	43.22	56.27	0.44
Variabili della coscia						
Peso medio delle cosce, kg	10,774	13.90	1.09	11.38	16.58	0.49
Numero di iodio	10,878	66.11	2.58	57.90	74.13	0.42
Contenuto di acido linoleico, %	8,614	12.71	1.39	9. 13	16. 11	0.44
Contenuto di acido stearico, %	8,614	10.42	1.01	8.120	13.07	0.60
Contenuto in omega-6, %	8,614	14.18	1.41	11.21	17.88	0.44
Contenuto acidi grassi polinsaturi, %	8,614	15.92	1.57	12.65	20.04	0.45
Rapporto tra mono- e poli-insaturi	8,614	3.11	0.37	2.15	3.91	0.47
Spessore grasso in corona, mm	7,412	6	1	4	9	0.40

[1]DS: deviazione standard; P1: 1° percentile; P99: 99°percentile; h^2: ereditabilità.