



La selezione genomica nella specie bovina

La rivoluzione della genomica nel miglioramento genetico degli animali da reddito

La **genomica** è la scienza biologica che viene utilizzata per caratterizzare e sequenziare interi tratti del DNA al fine di definire la loro struttura e quantificarne la funzione. Fino alla prima decade del nuovo millennio (dicembre 2011), l'attribuzione della stima del **valore genetico** di un individuo (EBV – valore genetico stimato), avveniva esclusivamente attraverso la rilevazione del fenotipo dei soggetti iscritti ai Libri Genealogici utilizzando differenti modalità (Indice di Pedigree, Performance Test, Sib Test, Progeny Test).

Fino a tale data, paradossalmente, la stima degli effetti del genotipo era basata sull'esclusiva rilevazione del fenotipo e non sull'effettivo utilizzo derivante dalla "lettura" del genoma. Il **valore genomico** di un soggetto è basato sulle seguenti informazioni (ANAFIBJ, 2021):

1. **genotipizzazione degli animali della popolazione;**
2. raccolta dei **dati fenotipici**, per il calcolo di stima dell'**indice genetico** – EBV;
3. stima del **valore genomico** con l'utilizzo di **marcatori** genetici (SNP);
4. calcolo dell'**indice genomico diretto** (DGV) e del **valore genomico complessivo** (GEBV).

Il sequenziamento e l'interpretazione del genoma è possibile grazie all'avvento di nuove tecnologie associate all'utilizzo della bioinformatica con specifici software per l'analisi statistica dei dati. La lettura del genoma avviene grazie all'utilizzo di particolari marcatori genetici, **SNP – Single Nucleotide Polymorphism**. Gli **SNP** sono letteralmente una **variazione**

all'interno di una sequenza di DNA di un singolo nucleotide (basi azotate + zucchero + gruppo fosfato), che si differenzia tra soggetti della stessa specie o tra una coppia di cromosomi dello stesso individuo (BIANCONERO, novembre 2011).

Gli SNP vengono utilizzati in **kit di laboratorio** (chip in grado di leggere attualmente 68.000 diverse informazioni) che servono per determinare le caratteristiche genetiche di un individuo. Una volta che un individuo viene genotipizzato si deve calcolare l'indice genomico diretto (DGV). Questo è possibile grazie al confronto con i dati fenotipici di soggetti provati ad alta attendibilità (con elevato numero di record fenotipici) e genotipizzati (con la stima dell'indice genetico e genomico conosciuti), noti come "training set". Per esempio, il training set di riproduttori della razza Frisone è di oltre 30.000 soggetti.

Con la genomica è possibile stimare con maggior accuratezza il valore genetico di un soggetto; il dato di stima si ottiene **sommando l'indice genetico tradizionale (EBV) e l'indice genomico diretto (DGV)** da cui si ottiene il dato di stima del **valore genomico** di un individuo (**GEV**) (ANAFBJ, 2021). Questo permette di ottenere il valore genetico stimato di un soggetto con un livello di attendibilità più elevato e in tempi molto più rapidi rispetto al passato. Inoltre, vengono fortemente ridotti i costi di selezione dei riproduttori, aumentando la velocità di miglioramento dei caratteri oggetto di selezione.

VIDEO CONSIGLIATI

- <https://www.youtube.com/watch?v=tnte5qEqdfs>
- <https://www.youtube.com/watch?v=kz8oZeFupNM>
- <https://www.youtube.com/watch?v=Cq7IelltsP8&t=194s>