

# La selezione del nell'era della ge

**Le innovazioni  
introdotte in questo  
campo consentono  
una maggiore  
efficienza  
e accuratezza  
nella scelta dei torelli  
da avviare alle prove  
di progenie  
e delle madri di toro**

di  
**FABIOLA CANAVESI**

**C**he cosa aggiunge la genomica alla selezione tradizionale? Le recenti innovazioni introdotte nel campo della genomica consentono una maggiore efficienza ed accuratezza nella scelta dei torelli da avviare alle prove di progenie e delle madri di toro. Anche la genomica però non dà risposte assolute ed ha i suoi limiti. Per questa ragione l'implementazione di una selezione che includa la genomica richiede tempo. Presto anche in Italia si renderà questo strumento

*L'autore è responsabile dell'Ufficio ricerca & sviluppo di Anafi (Associazione nazionale allevatori frisona italiana).*

disponibile ad allevatori e centri.

Vediamo con calma. Fino a ieri scegliere il toro migliore fra i fratelli pieni risultato dell'incrocio fra il miglior toro e la miglior vacca in classifica era una specie di terno al lotto. A livello genetico tradizionale, legato all'indice pedigree, tutte le figlie dello stesso padre e della stessa madre infatti hanno lo stesso valore. Questo perché prima della genomica era impossibile sapere quali geni il soggetto avesse ereditato dai genitori attraverso la casualità della fecondazione e soprattutto quale valore avessero questi geni.

La genomica oggi ci permette di:

✓ analizzare il DNA dei soggetti e avere una indicazione di quali alleli possiede

per una serie di circa 50mila punti sul DNA;

✓ assegnare un valore a ciascun punto in base alla relazione esistente tra gli indici tradizionali e le varianti alleliche su questi punti in una popolazione ben conosciuta di tori (vedi figura 1).

Questi due elementi combinati insieme permettono di distinguere in un gruppo di fratelli pieni i soggetti che hanno ereditato casualmente il profilo genetico associato a valori positivi per i caratteri oggetto di selezione dalla proteina alla facilità al parto. Questa informazione combinata con le informazioni date dall'indice pedigree permette di poter scegliere meno a caso i soggetti da avviare alla prova di progenie e quindi di migliorarne in modo estremamente significativo l'efficienza.



● Due vacche risultato della selezione genetica italiana e madri di toro: a sinistra AI. Par. Skywalker Arpa Tv, a destra Villa Curta Mtoto Ambra Et.

# la Frisona nomica

● Fig. 1 - Cos'è un indice genomico diretto. Questa informazione viene combinata con l'indice tradizionale per costituire l'indice genomico.



In base all'aumento di attendibilità rispetto al semplice pedigree si può quantificare il valore dell'informazione ricavata dal DNA in base alle equazioni di stima come l'equivalente numero di figlie che lo avrebbe determinato. I dati pubblicati dall'Usda nel 2008 riferiti a stime quantificavano in circa 11 figlie questo aumento di attendibilità (vedi figura 2).

Per le madri di toro quello che la genetica tradizionale offre agli allevatori e ai tecnici della selezione è un indice con una attendibilità piuttosto bassa e limitata basata su poche lattazioni che sono influenzate da altri fattori oltre alla genetica. Succede spesso di sentire gli allevatori lamentarsi dell'incapacità dell'indice di dare giustizia a dei soggetti che sembrano avere qualcosa in più delle altre. La genomica, consentendo la valutazione del profilo genetico ereditato dai genitori in modo più diretto, permette di valutare in modo più oggettivo ed accurato tutte le bovine.

L'indice genomico, come tutti gli altri indici, è una stima del valore genetico degli animali soggetta a variazioni nel tempo in relazione all'accumulo di nuove e più aggiornate informazioni.

## I LIMITI DELLA GENOMICA

Per poter stimare con sufficiente accuratezza il valore genetico dei punti sul DNA occorre conoscere il profilo genetico specifico di una popolazione di

tori di cui si conosce l'indice in modo accurato, cioè basato su molte figlie, sufficientemente ampia. I dati che ci arrivano dai Paesi che già implementano la genomica ci dicono che serva un numero minimo di 3.500 tori per arrivare ad accuratezze del valore genomico tra il 50 e il 70% ma anche che se si arriva a 16000 tori il livello di accuratezza aumenta ulteriormente e minimizza il rischio di errori.

Nessun Paese da solo è in grado di costruire una popolazione di queste dimensioni ed è per questo che in tutto il mondo si stanno sviluppando accordi internazionali come il North American Consortium e Eurogenomics.

A livello tecnico ci sono ancora parecchi punti oscuri. Come in tutte le cose nuove, ma più del solito in questo campo in cui le innovazioni a livello di laboratorio sembrano andare più veloci della ricerca. Non esistono standard accettati a livello internazionale da tutti né per il calcolo dell'attendibilità né per il sistema di controllo della qualità dei risultati.

Interbull e molti centri di ricerca in tutto il mondo stanno lavorando alacremente per trovare le risposte e anche per sviluppare una metodologia che permetta di con-

frontare i valori genomici dei tori fra Paesi diversi. Le risposte definitive sembrano ancora piuttosto lontane.

Il problema della consanguineità e di come la genomica potrebbe aiutare ad gestirla in maniera più efficace o come possa ulteriormente accelerare il suo incremento è un'altra delle aree senza risposte chiare per ora.

Del DNA misuriamo solo alcuni punti, che valore ha tutto quello che ancora non conosciamo?

## IN ITALIA SULLA FRISONA

Due grandi progetti finanziati dal ministero per le Politiche agricole e forestali hanno permesso anche in Italia come in altri Paesi di genotipizzare quasi 2.200 tori. Un numero non sufficiente per partire con un programma di selezione genomica ufficiale ma fondamentale per poter partire. Il progetto Elica di Anafi, in collaborazione con i maggiori centri di F.A. italiani, sta lavorando per genotipizzare gli altri quasi 1.300 tori che servono per arrivare al numero minimo di 3.500 tori necessari per poter stimare dei valori genomici sufficientemente accurati.

L'ultima riunione tecnica di Anafi ha sottolineato l'importanza della genomica per l'efficacia e la competitività di un programma di selezione del 21mo secolo e ribadito l'importanza strategica di cercare alleanze con altri per ampliare la popolazione di tori di partenza.

Si lavora per poter anche in Italia rendere lo strumento genomico comprensibile e utilizzabile da tutti coloro che ne potranno trarre beneficio, primi tra tutti gli allevatori che potranno scegliere meglio le vacche su cui investire a livello genetico e avere a disposizione tori in prova di progenie scelti con maggiore accuratezza. ●

● Fig. 2 - L'aumento di attendibilità dovuto alla genomica sui giovani tori dipende dal numero di tori con genotipo e indice nella popolazione di riferimento (in questo caso circa 5mila animali).

Carattere	Pedigree	Pedigree+DNA
Latte kg	35%	58%
Grasso kg	35%	68%
Proteina kg	35%	57%
Grasso %	35%	78%
Proteina %	35%	69%
Final Score	24%	42%
Longevità	27%	45%
SCS (Cellule)	30%	51%
Fertilità figlie	25%	41%

L'aumento di accuratezza corrisponde all'informazione portata da circa 11 figlie in lattazione (dati Usda, Van Raden, luglio 2008).