

esperienza SelMol nella genomica dei bovini da carne

Coordinatore Generale: Alessandro Nardone
Coordinatore UO carne: Alessio Valentini

La missione del progetto SELMOL

- Verificare se la selezione basata sulla genetica molecolare è fattibile e utile nel sistema zootecnico italiano

Fino a poco tempo fa gli unici strumenti di biologia molecolare impiegati concretamente nel settore delle produzioni animali riguardavano la diagnosi di alcune malattie genetiche e la diagnosi di parentela.

Oggi il settore sta vivendo una rivoluzione importante ed è significativo che i primi 20 tori da latte nelle graduatorie degli Stati Uniti devono la loro posizione unicamente alla stima del loro valore genetico ottenuta con marcatori molecolari tramite la Genomic Selection

Perché la genetica su base molecolare

- Caratteri di difficile rilevazione
 - Post mortem
 - Fertilità, difficoltà parto/nascita ecc.
- Caratteri limitati dal sesso
 - Parto
- Velocità di selezione
- Allargamento base selezione

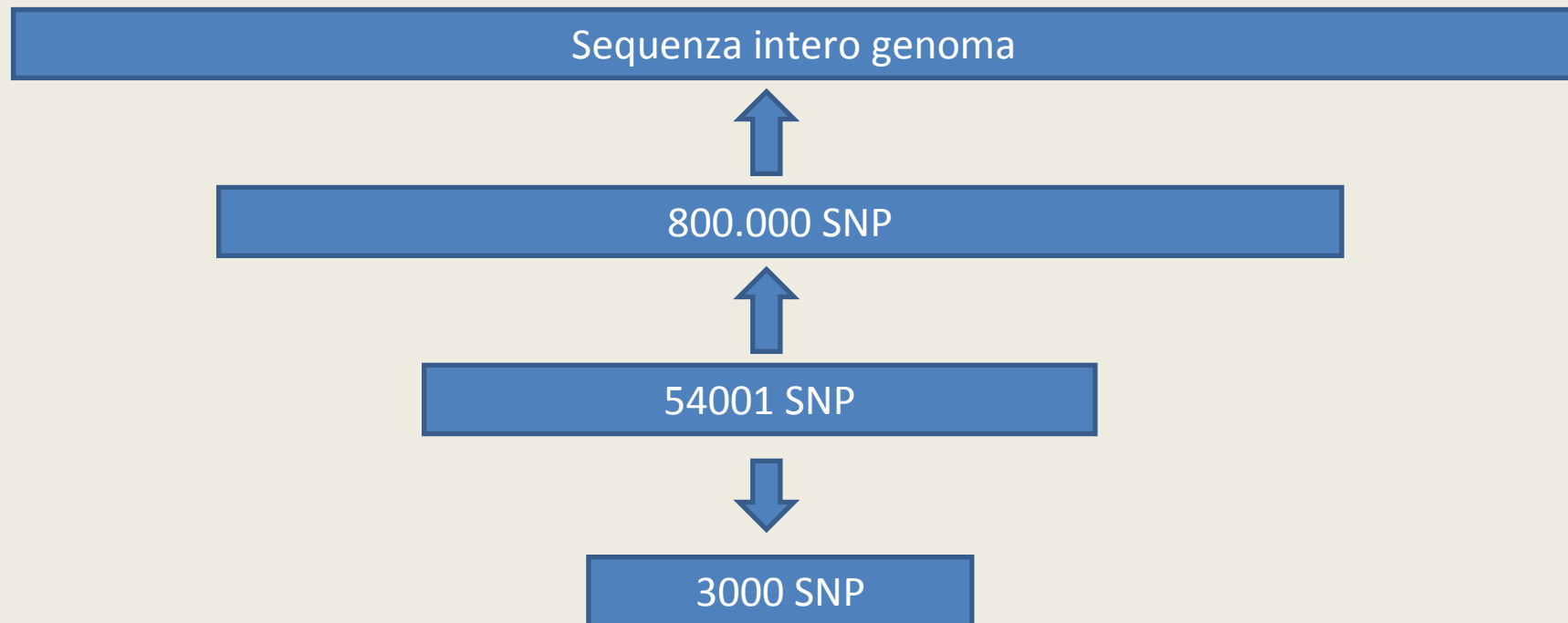
Specie e razze in esame

specie	razza	geni candidati	54001 SNP
ovini	varie	x	
bovini	Char&Lim	x	
	marchigiana	x	x
	pezzata rossa		x
	piemontese	x	x
	chianina	x	

Pannello di 54001 SNP

- Grande diffusione nelle razze da latte
- Notevoli aspettative
- Solo marketing?
- Quanto è valido per le razze da carne?
- Quali alleanze a livello europeo/mondiale?
- Quali sviluppi?

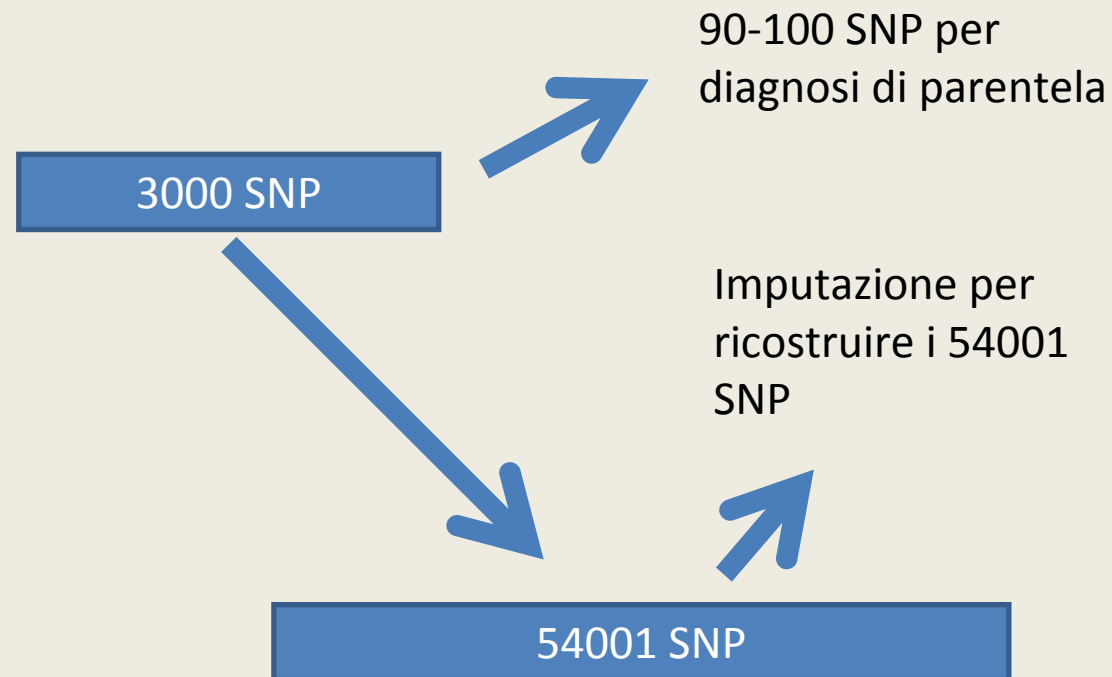
Nuove tecnologie (in atto o di prossima uscita)



Nuove tecnologie (in atto o di prossima uscita)

Sequenza intero genoma	2000-3000 €
800.000 SNP	200 – 400 € ?????
54001 SNP	120 €
3000 SNP	20-50 € ?????

Imputazione per ricostruire i 54k



Nuove tecnologie (in atto o di prossima uscita)

Sequenza intero genoma

800.000 SNP

54001 SNP

3000 SNP

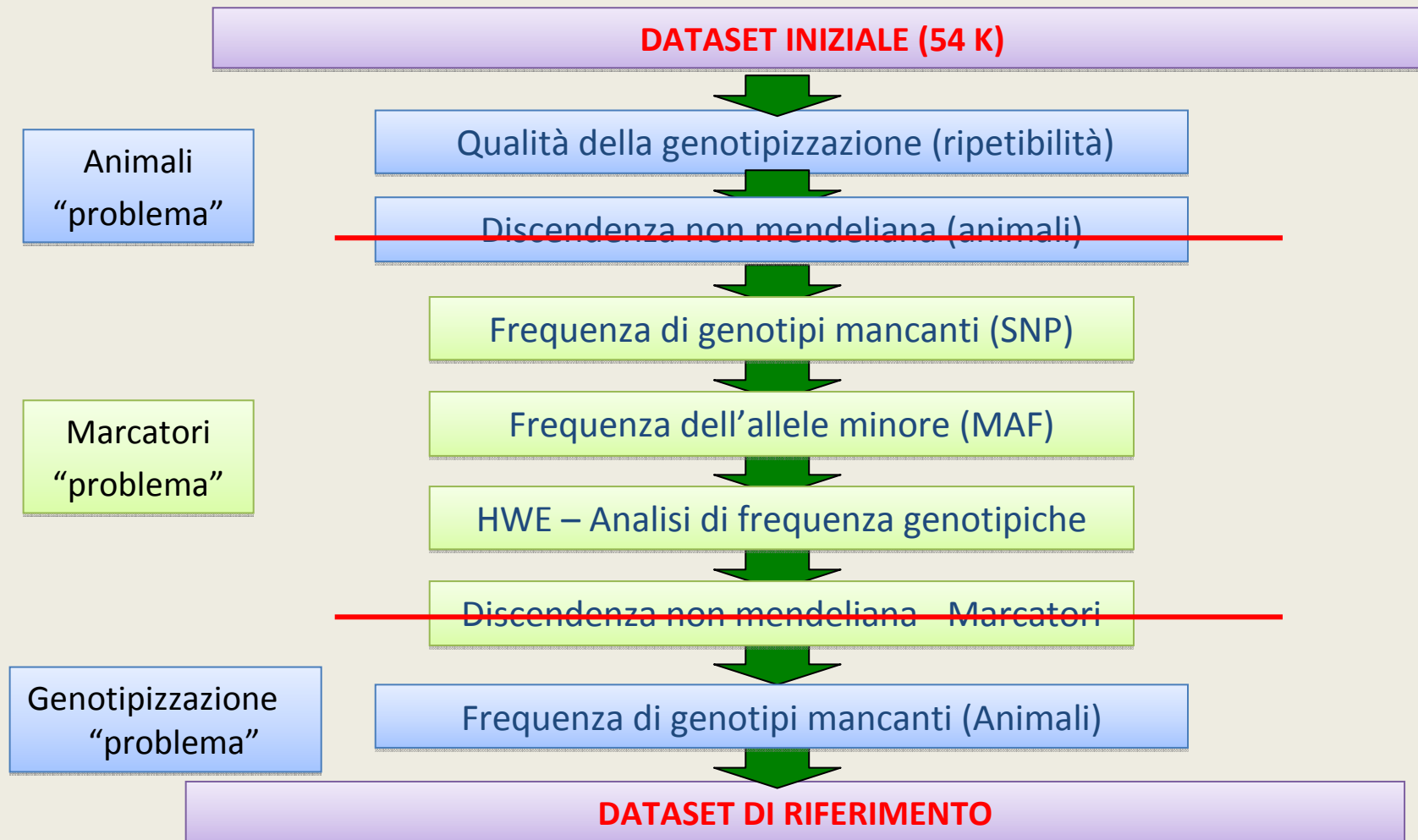


DATASET GENOMICO MARCHIGIANA

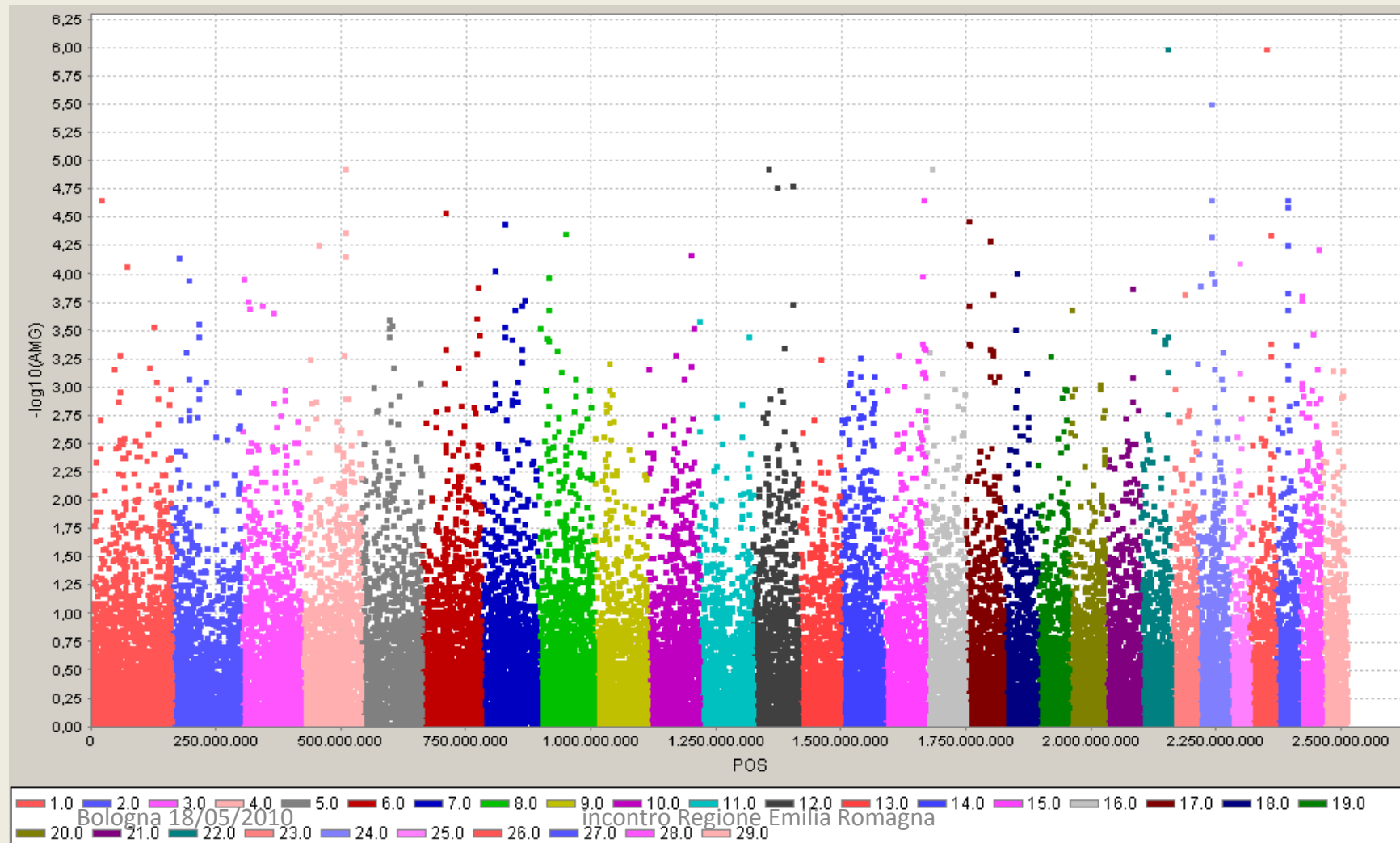
- 54.001 SNPs / genotipizzazione
- Circa 500 soggetti
- TOTALE DI **27'000'000** *DATA POINTS*
- *Prof. C. Pieramati*

DATASET GENOMICO

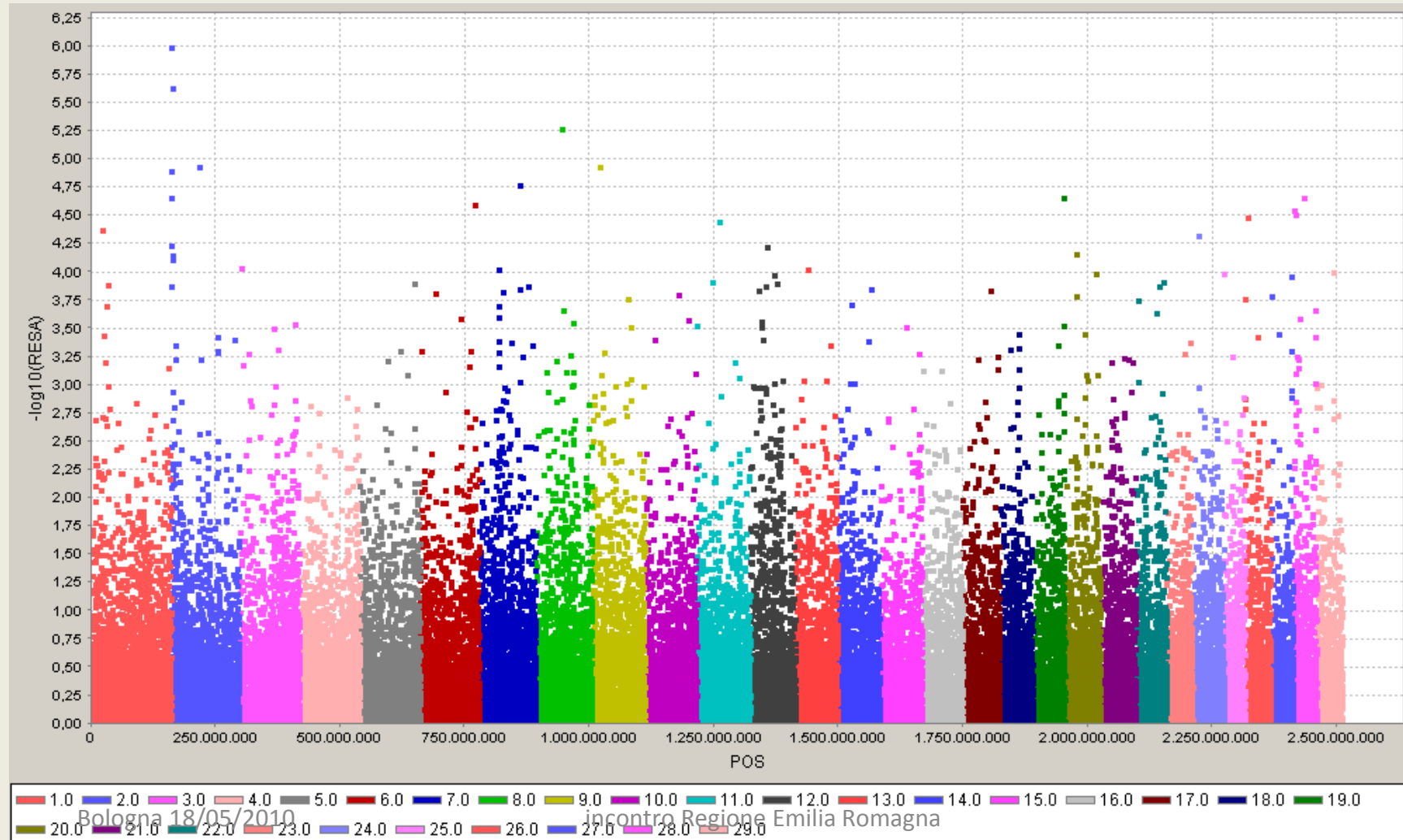
EDITING DEI DATI & ANALISI ESPLORATIVE



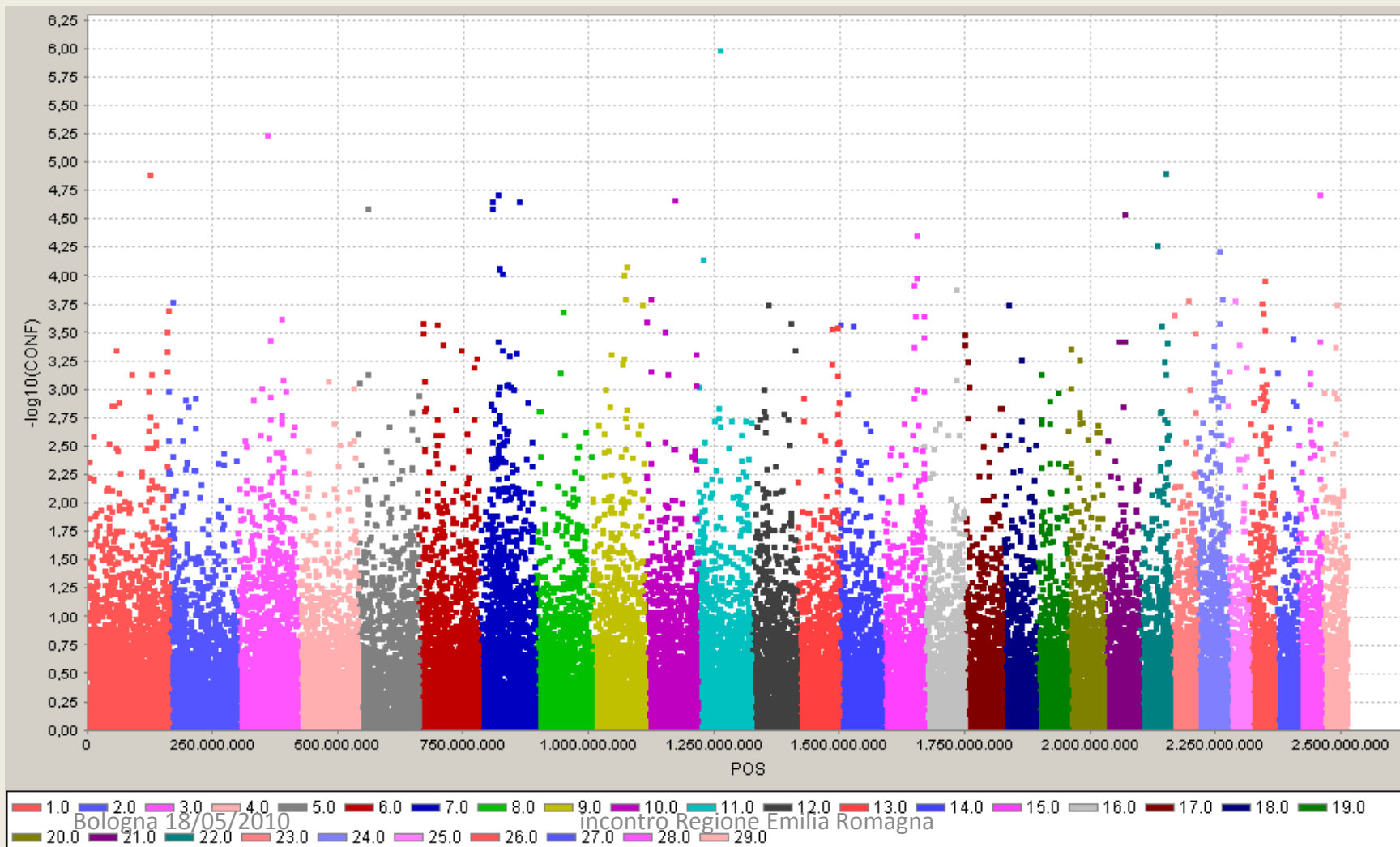
Permutazioni – Accrescimento Medio Giornaliero



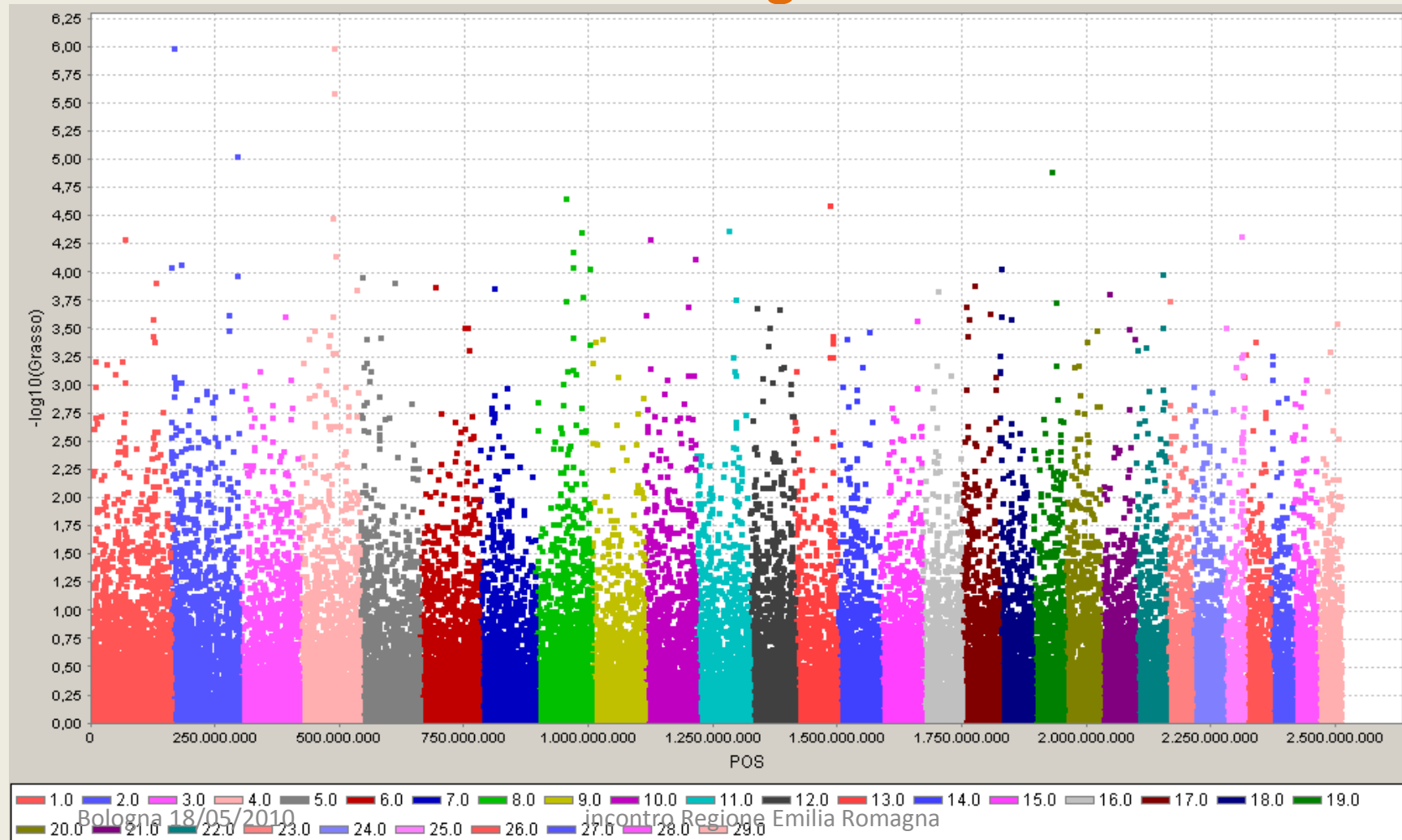
Permutazioni - resa



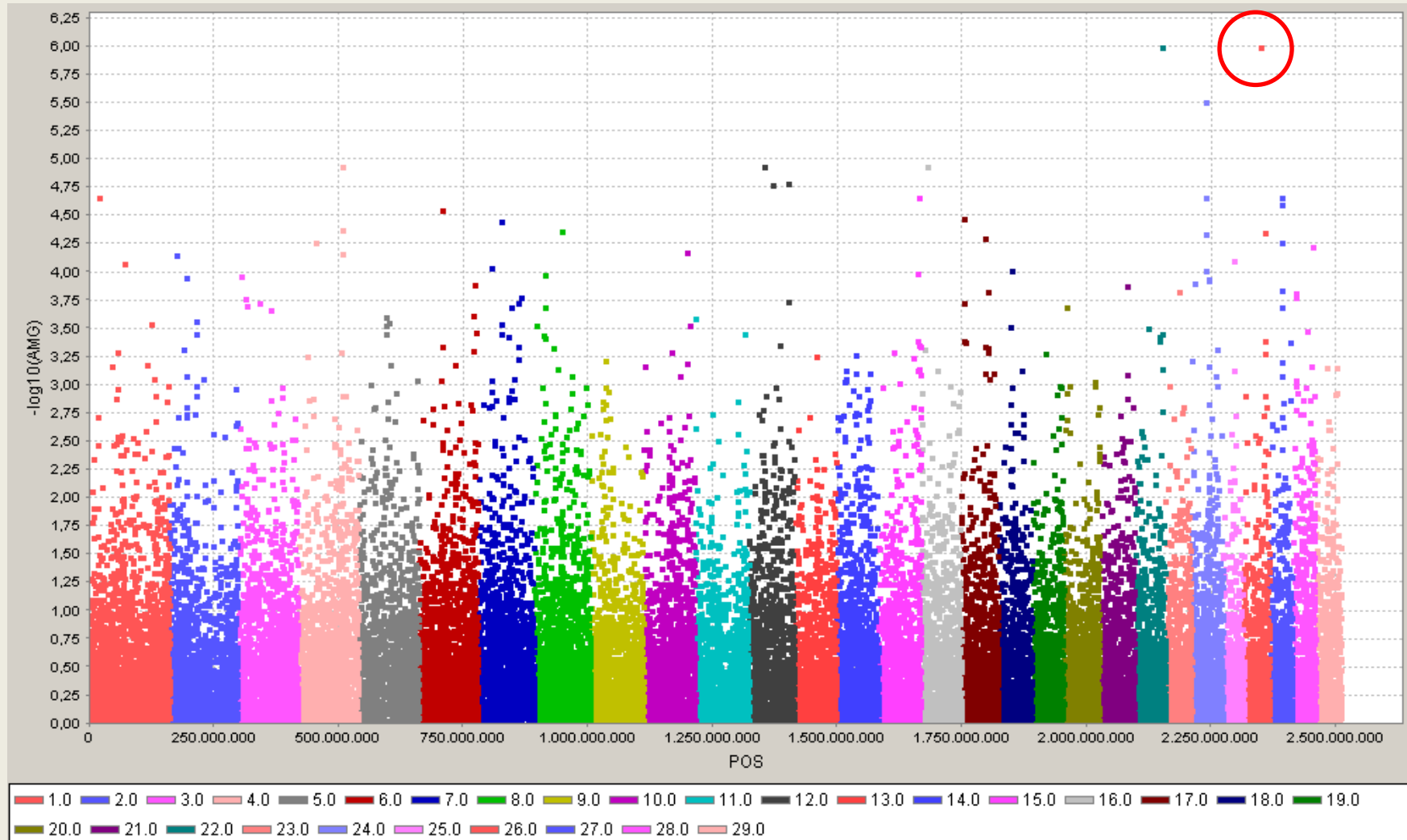
Permutazioni - conformazione



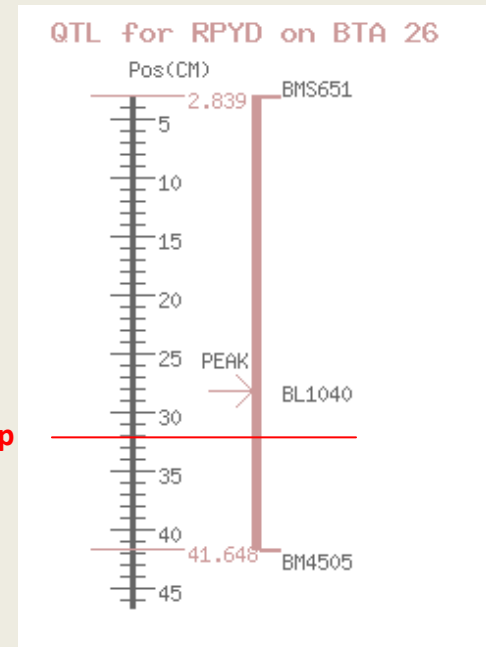
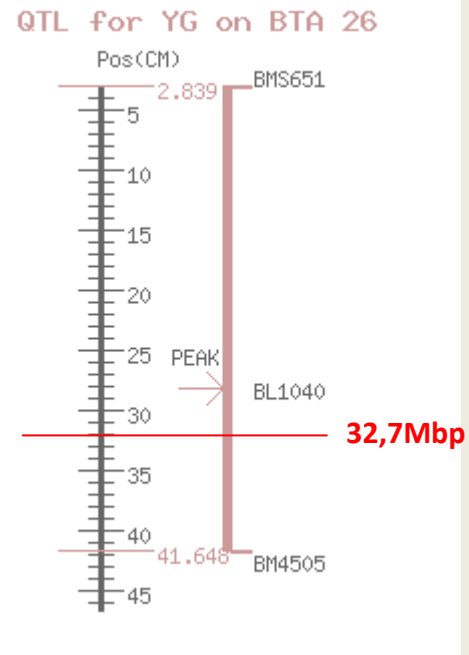
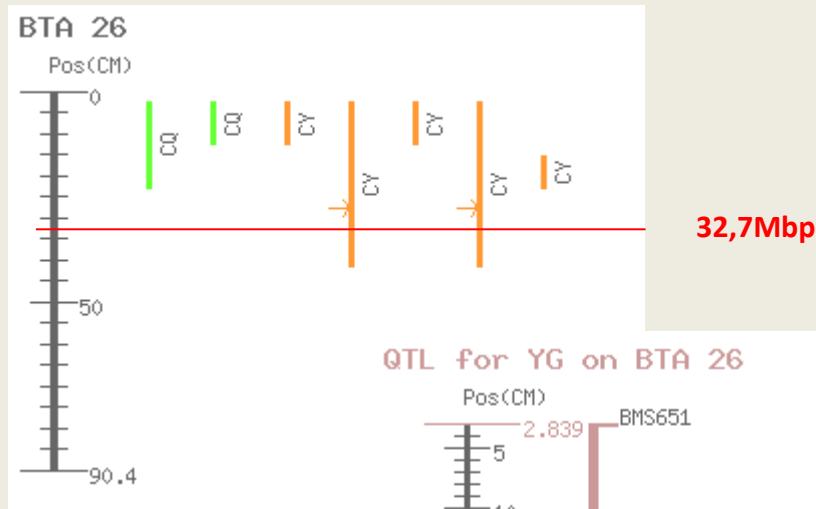
Permutazioni - ingrassamento



Permutazioni - AMG



Permutazioni - AMG



Dati utilizzati

RAZZA	TORI	SNP	SNP	PC	VARIANZA SPIEGATA
Pezzata Rossa	457	54001	40179	2466	70%

Tre scenari training:previsione

70:30 - 80:20 - 90:10

Ordinamento animali:

Anno di nascita

casuale

Caratteri:

Accrescimento, taglia, muscolosità, arti e piedi, igt carne, facilità parto diretto, muscolosità vacche.

Stima BLUP degli effetti di tutti i marcatori o delle PC o nei tori di training

$$Y = 1\mu + Zg + e$$

$$Y = EBV$$

**Z = matrice di incidenza degli effetti degli SNPs (40179) o
dei valori delle PC (2466).**

Previsione dei GEBV

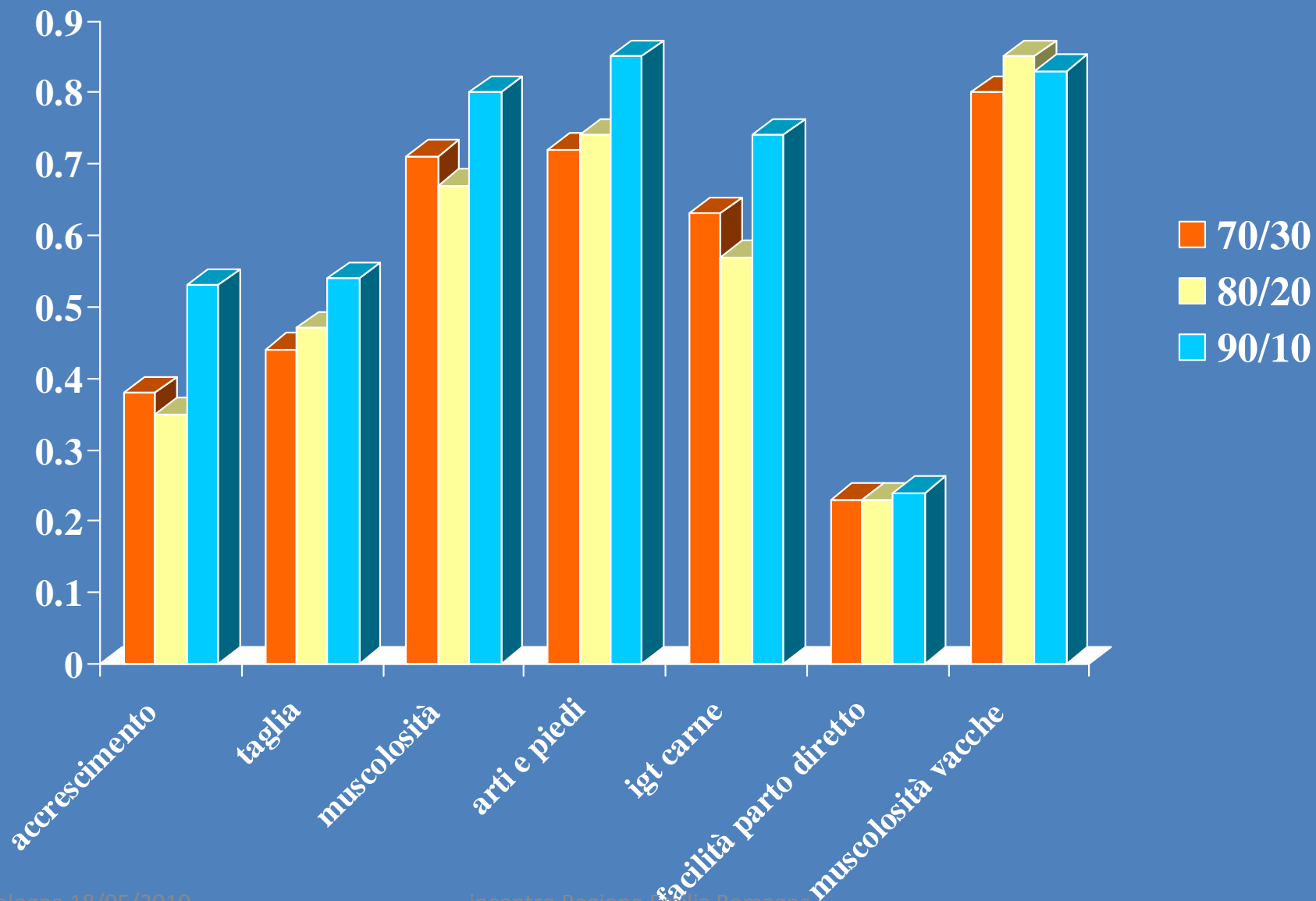
➤ Individui di previsione

$$\mathbf{GEBV}_k = \mu + \sum_{i=1}^m \mathbf{m}'_{ik} \hat{\mathbf{g}}_i$$

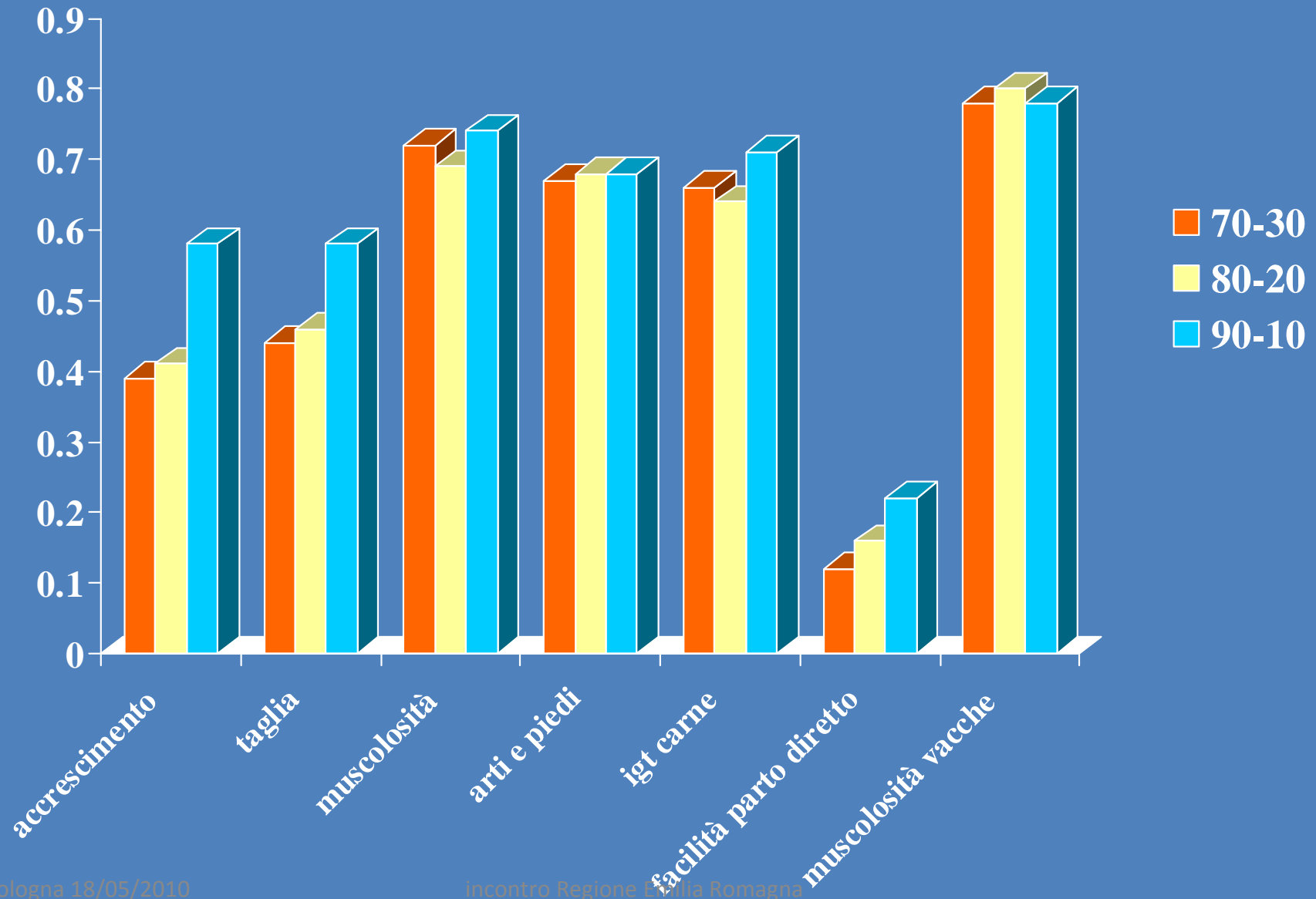
\mathbf{GEBV}_k = Valore Genetico Genomico dell'animale k

Accuratezza = correlazione_{EBV,GEBVs}

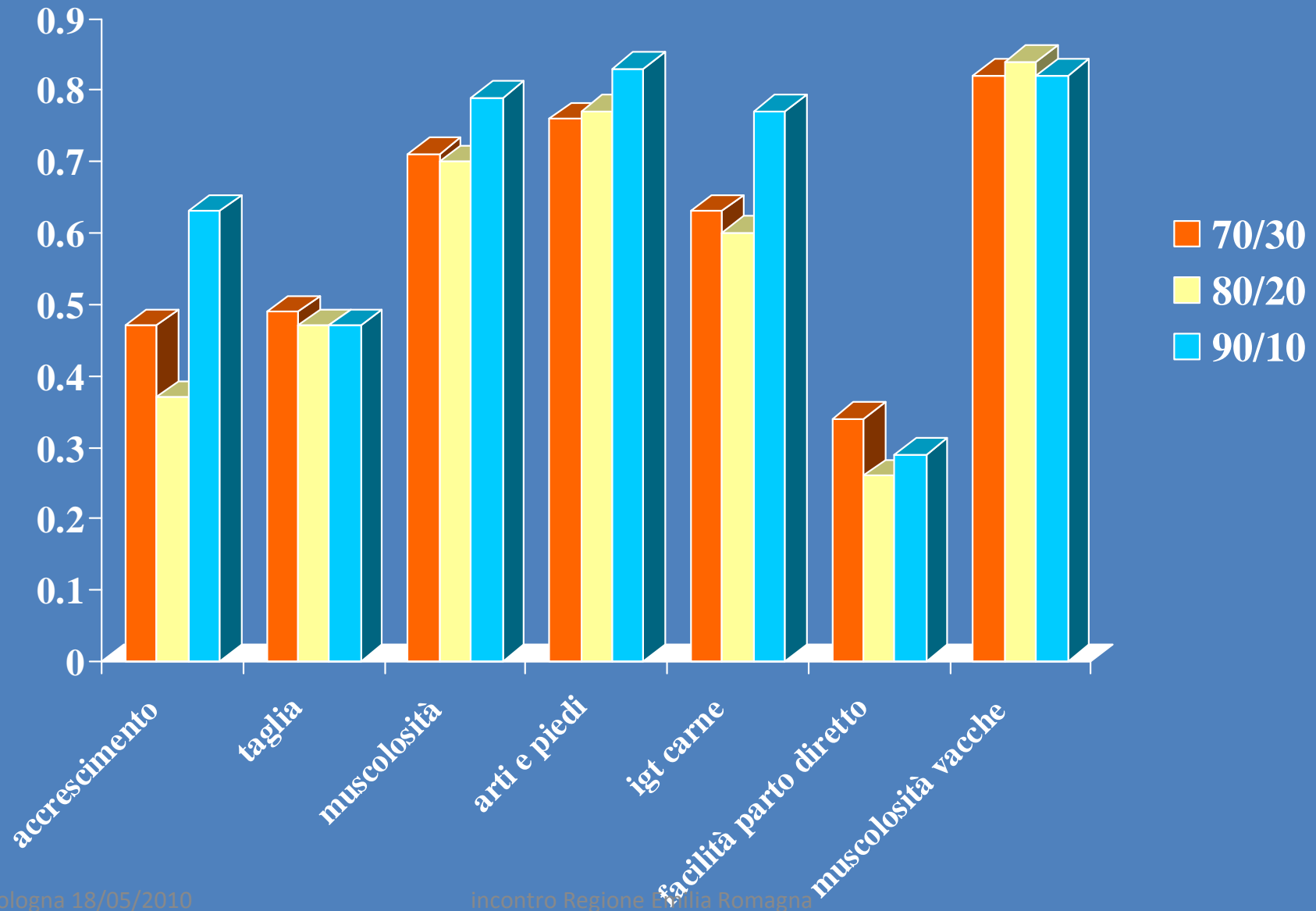
Pezzata Rossa (PC): anno di nascita



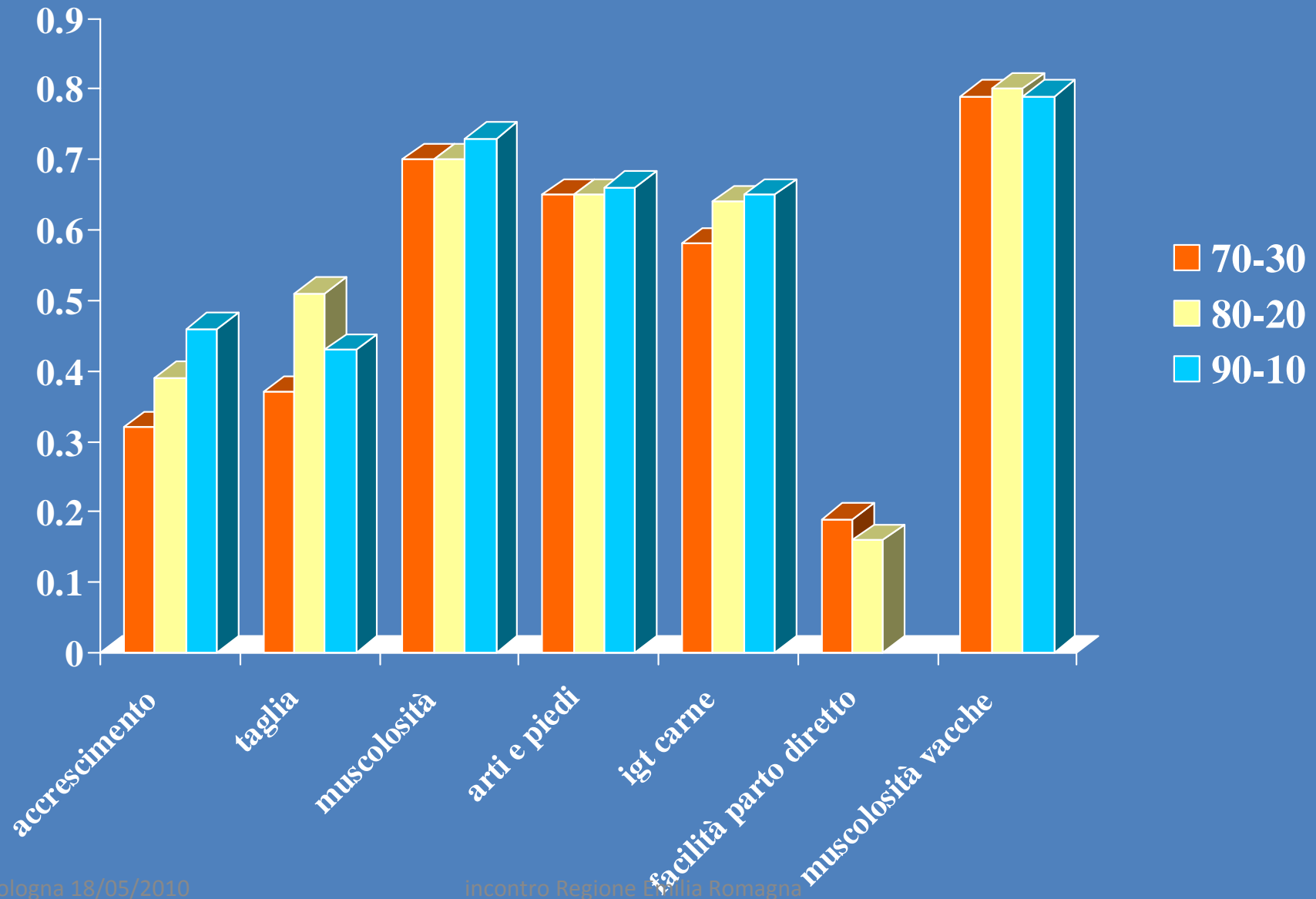
Pezzata Rossa (tutti i marcatori): anno di nascita



Pezzata Rossa (PC): random



Pezzata Rossa (tutti i marcatori): random



Ringraziamenti

- **Alessandro Nardone**
- **Paolo Ajmone Marsan**
- **Ezequiel Nicolazzi**
- **Camillo Pieramati**
- **Nicola Macciotta**
- **Daniele Vicario**
- **Lorenzo Degano**
- **Francesco Filippini**
- **Roberta Guarcini**

Grazie per l'attenzione



Bologna 18/05/2010

incontro Regione Emilia Romagna