

Selezione Genomica e Diversità, una Breve Introduzione

Christian Maltecca, *NC STATE University*
Francesco Tiezzi, *Università degli Studi di Firenze*

Convegno Tecnico ANAFIBJ
27, Ottobre 2023
Montichiari (BS)

- Parte-1-
 - Selezione e Consanguineità
- Parte -2-
 - Difficoltà ed Opportunità

Selezione e Consanguineità

Cosa Succede Quando Selezioniamo?

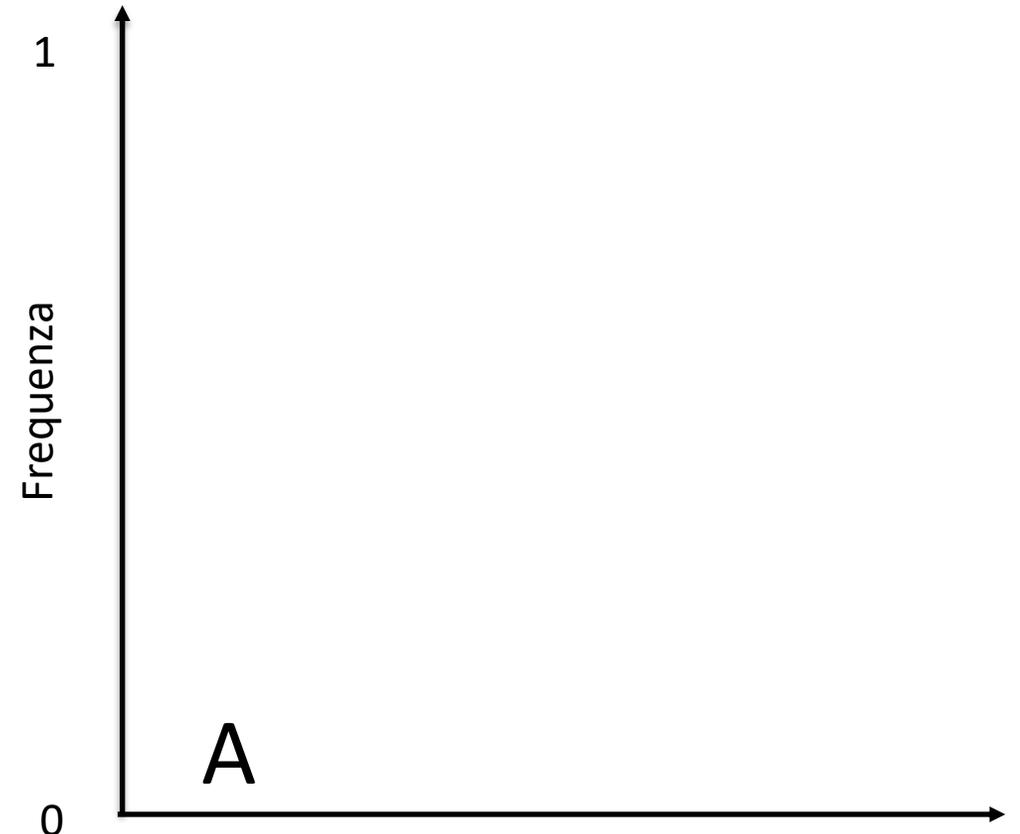
- L'accumulo di consanguineità é inevitabile
 - Alto livello di Selezione Direzionale
 - Alta variabilità di successo riproduttivo
 - Uso di metodologia BLUP e “Truncation Selection”

E Voluto!

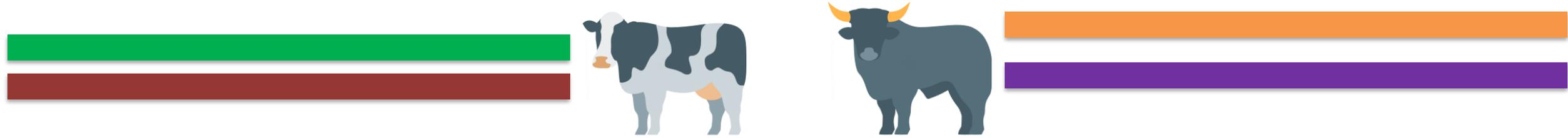
Singolo Gene

- Per ogni allele **A** +1 al valore genetico
- Per ogni allele **a** -1 al valore genetico

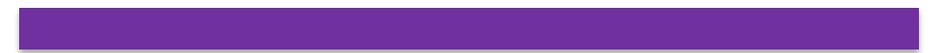
		Dam		
		A	a	
Sire	A	AA	Aa	Dam
	A	AA	Aa	
Sire	A	A	+2	0
	A	A	+2	0



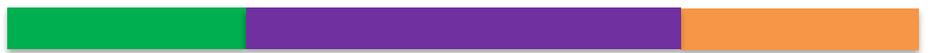
Ma purtroppo non siamo in grado di selezionare un solo GENE!



a a a A a A a A a a A A A A a A a a A a A a a a a a



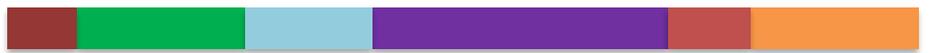
A a a A A A a A a a A a a a A a a A a A a a a a a



Ricombinazione



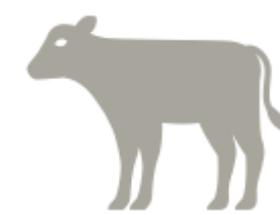
Tempo



A a a A a A a A a a a a a a a A a A a a a a a

a a a a a a a a

a a a a a a a a



Cosa é Cambiato Con la Selezione Genomica

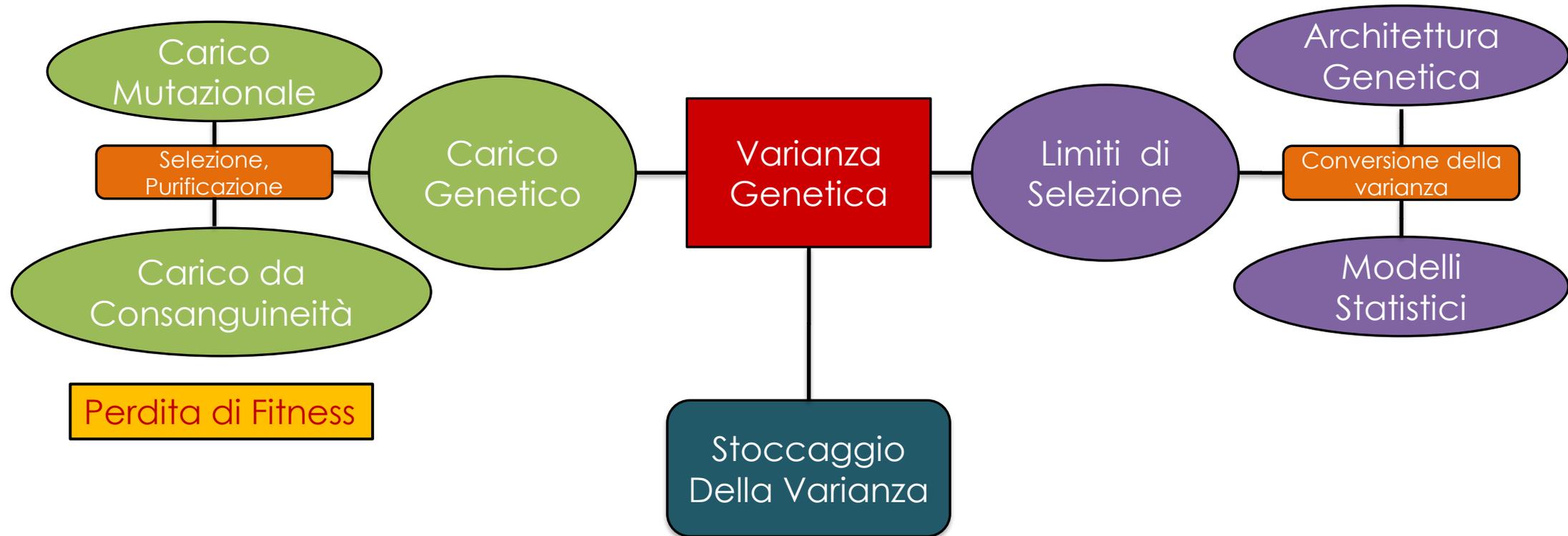
- Il tasso di consanguineità annuale aumenta a causa della riduzione dell'intervallo di generazione
- Il tasso di consanguineità per generazione diminuisce perché la MS viene valutata meglio
- Il tasso di consanguineità per generazione diminuisce perché è potenzialmente possibile campionare un pool più ampio di genotipi

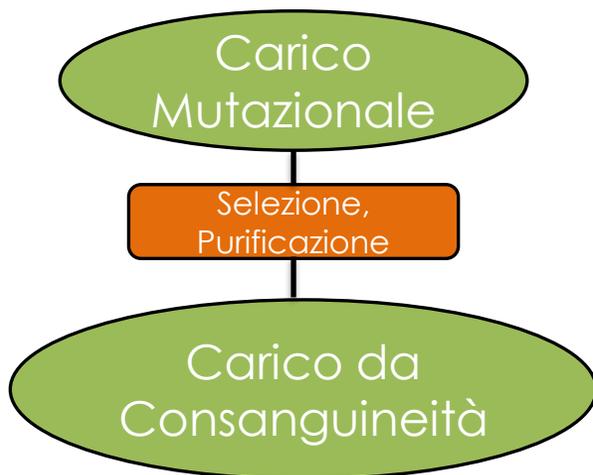
Tutto ciò è **VERO**, ma l'effetto – **NETTO** – è un più rapido accumulo di omozigosi nella popolazione

Difficoltà
ed
Opportunità

Gestire la variabilità genetica (meno la logistica)

Esaurimento della Varianza Genetica





Le misure di omozigosi dell'intero genoma sono cattivi indicatori del carico genetico

- Le usiamo perché facciamo fatica a identificare varianti deleterie (subletali).
- L'architettura genetica è una funzione diretta del processo di selezione
- Quanta dominanza direzionale vi sia nei bovini da latte è ancora una questione aperta

Spesso diamo per scontato che l'eliminazione di varianti deleterie non avvenga o non avvenga abbastanza velocemente

- Le popolazioni da latte sono sottoposte a una forte selezione indiretta e diretta per l'"idoneità funzionale"
- La fitness è difficile da definire e quantificare sul campo

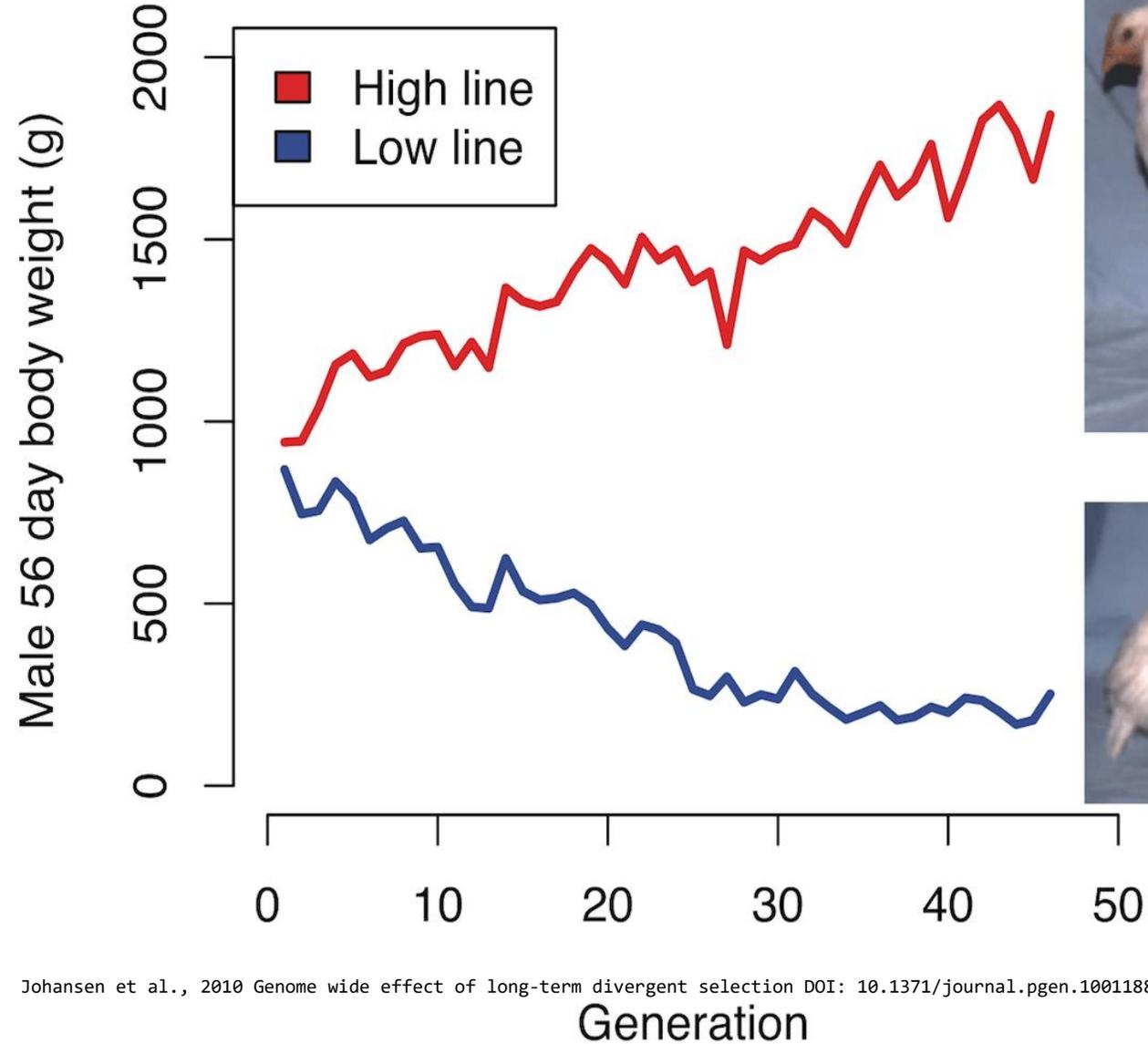
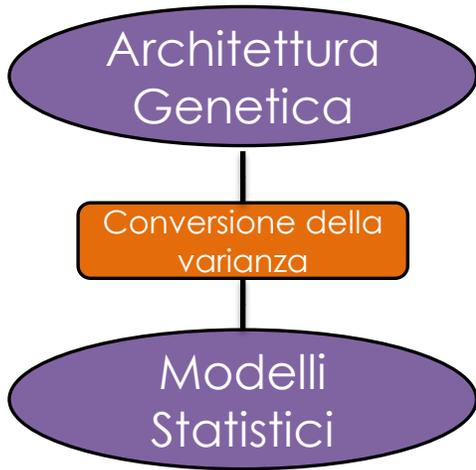
Dedurre l'architettura genomica della consanguineità dalle popolazioni commerciali è più complicato che per la varianza additiva:

- Non è economicamente fattibile condurre esperimenti di selezione
- Ad alcune di queste domande non è possibile rispondere veramente in modo retrospettivo

- Aumentare l'attenzione sulla fenotipizzazione
- Aumentare l'integrazione dell'annotazione funzionale
- Aumentare il numero di individui genotipizzati
- Affinare gli strumenti di analisi
- Integrazione di approcci basati su organismi modello
- Investigare le potenziali tecnologie avanzate
- Condivisione dei dati

Sul medio periodo importante conoscere meglio la struttura genetica della depressione da consanguineità e creare nuovi strumenti di controllo e gestione

Genetic Diversity



Review > *J Anim Breed Genet.* 2017 Jun;134(3):196-201. doi: 10.1111/jbg.12270.

"Conversion" of epistatic into additive genetic variance in finite populations and possible impact on long-term selection response

W G Hill¹

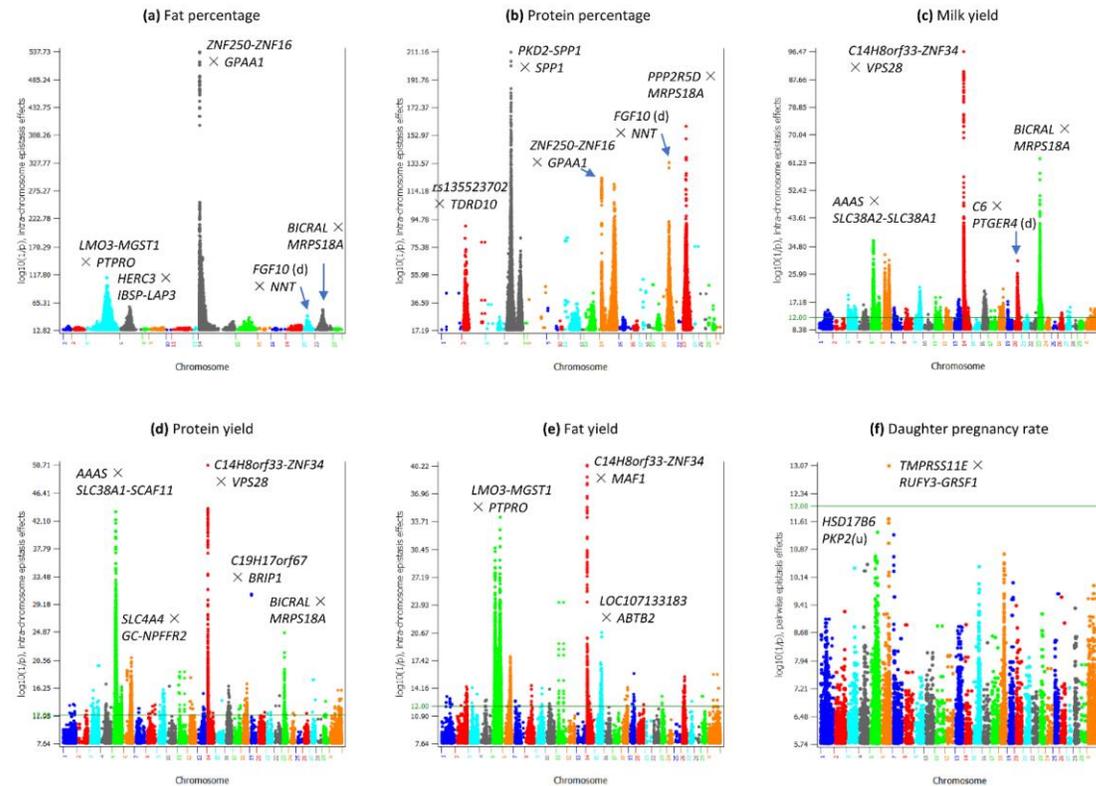
Johansen et al., 2010 Genome wide effect of long-term divergent selection DOI: 10.1371/journal.pgen.1001188

> Genet Sel Evol. 2022 Mar 7;54(1):19. doi: 10.1186/s12711-022-00709-7.

Open Access Article

A Large-Scale Genome-Wide Association Study of Epistasis Effects of Production Traits and Daughter Pregnancy Rate in U.S. Holstein Cattle

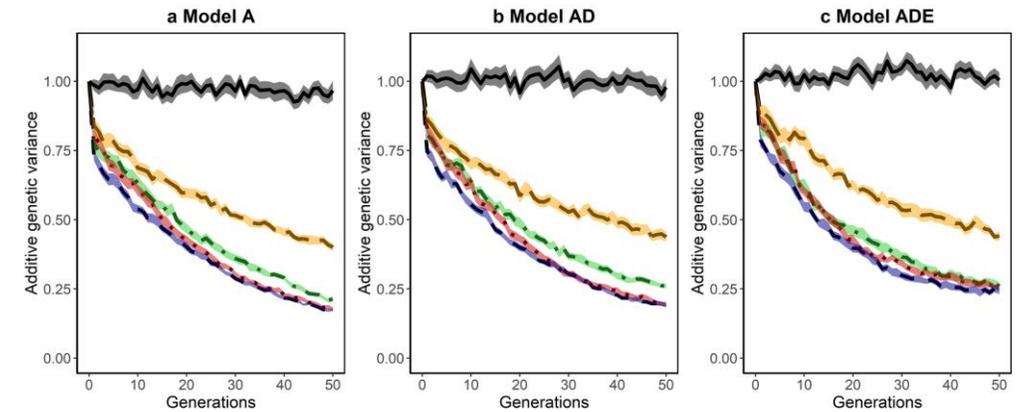
by [Dzianis Prakapenka](#)¹, [Zuoxiang Liang](#)¹, [Jicai Jiang](#)², [Li Ma](#)³ and [Yang Da](#)^{1,*}



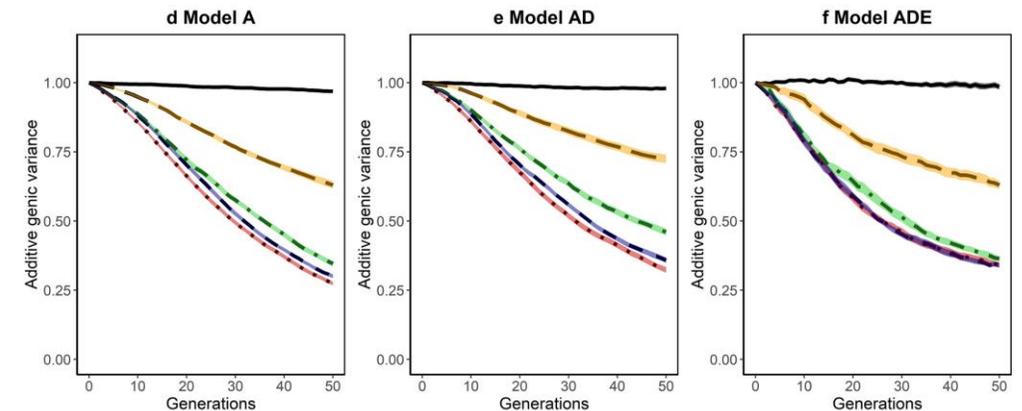
The long-term effects of genomic selection: 1. Response to selection, additive genetic variance, and genetic architecture

[Yvonne C J Wientjes](#)¹, [Piter Bijma](#)², [Mario P L Calus](#)², [Bas J Zwaan](#)³, [Zulma G Vitezica](#)⁴, [Joost van den Heuvel](#)³

Additive genetic variance



Additive genetic variance



Method: RANDOM (black), MASS (orange), PBLUP_OP (green), GBLUP_NoOP (red), GBLUP_OP (blue)

Research article | [Open Access](#) | [Published: 27 April 2018](#)

Characterization of recombination features and the genetic basis in multiple cattle breeds

[Botong Shen](#), [Jicai Jiang](#), [Eyal Seroussi](#), [George E. Liu](#) & [Li Ma](#) ✉

BMC Genomics **19**, Article number: 304 (2018) | [Cite this article](#)



ELSEVIER

Journal of Dairy Science

Volume 102, Issue 6, June 2019, Pages 5279-5294



Research

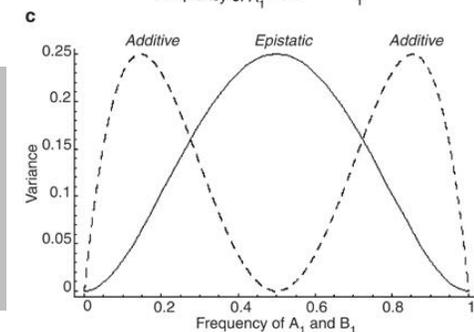
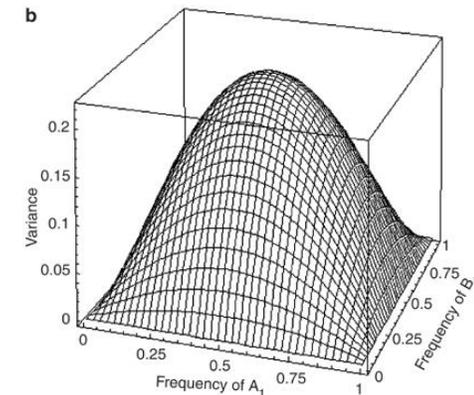
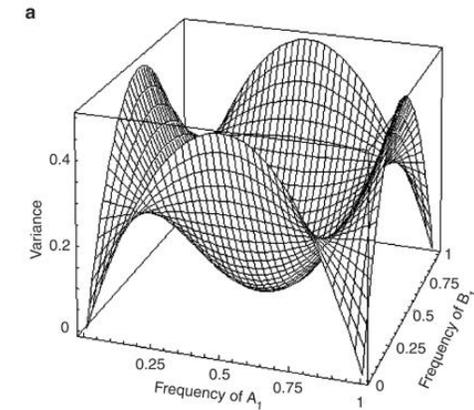
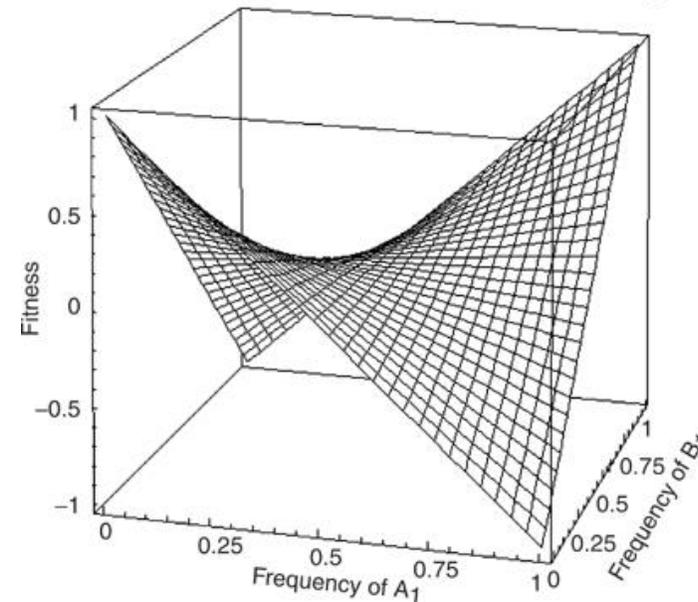
Variance of gametic diversity and its application in selection programs

[D.J.A. Santos](#)^{1,2} ✉, [J.B. Cole](#)³, [T.J. Lawlor Jr.](#)⁴, [P.M. VanRaden](#)³, [H. Tonhati](#)², [L. Ma](#)¹ ✉

The conversion of variance and the evolutionary potential of restricted recombination

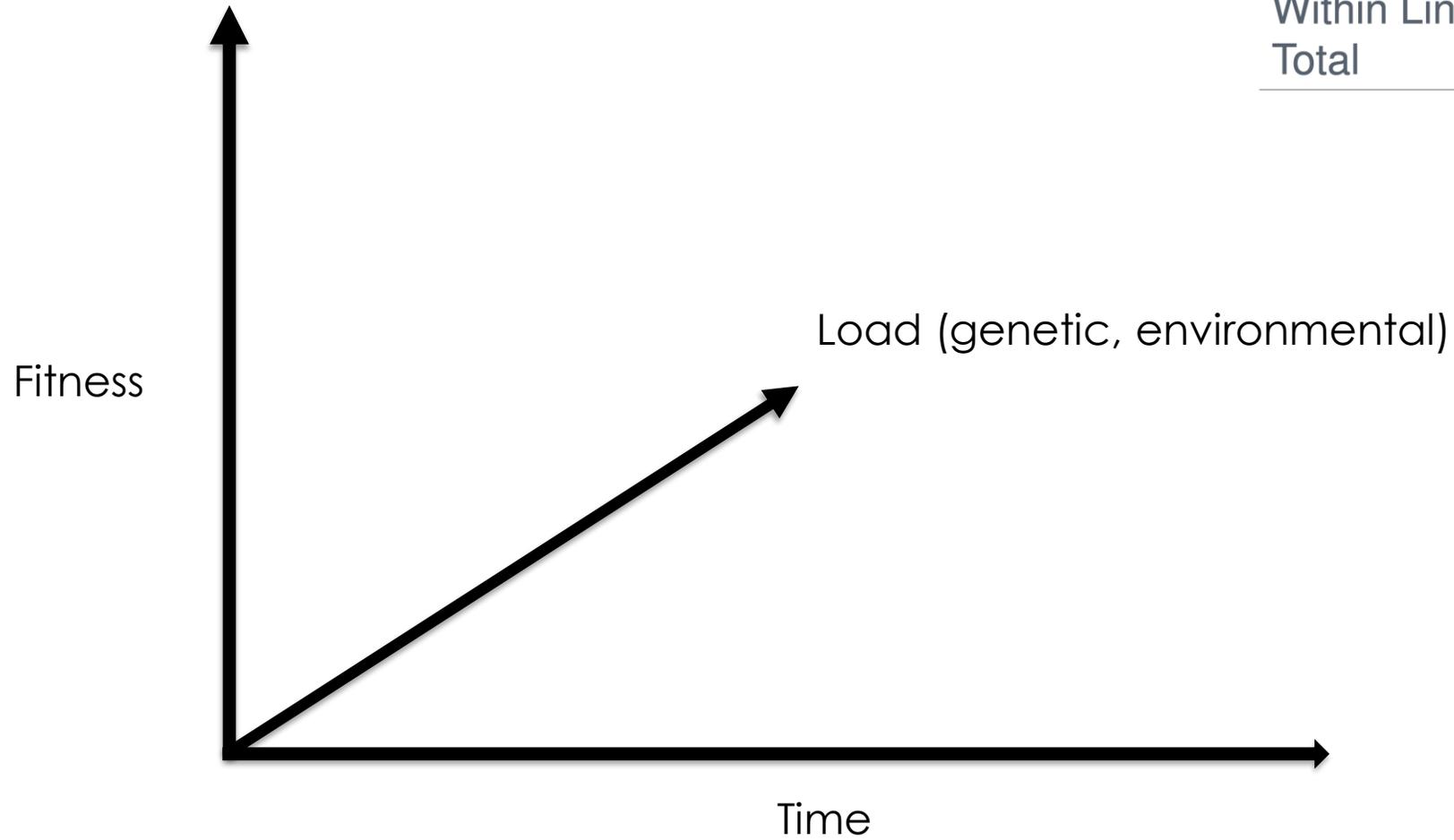
[M Neiman](#) ✉ & [T A Linksvayer](#)

Heredity **96**, 111–121 (2006) | [Cite this article](#)



Genetic recombination is usually considered to facilitate adaptive evolution. However, recombination prevents the reliable cotransmission of interacting gene combinations and can disrupt complexes of coadapted genes. If interactions between genes have important fitness effects, restricted recombination may lead to evolutionary responses that are different from those predicted from a purely additive model and could even aid adaptation.

	General	F=1	F=0
Between Lines	$(2F)V_A$	$2V_A$	0
Within Lines	$(1-F)V_A$	0	V_A
Total	$(1+F)V_A$	$2V_A$	V_A



Ringraziamenti



Francesco Tiezzi
Christine Baes
John Cole
Jennie Pryce
Paul VanRaden
Jicai Jiang

Università degli Studi di Firenze DAGRI
University of Guelph
Urus Peaks Genetics
La Trobe University
USDA AGIL
NCSU