

### Genomica: opportunità per la Razza Piemontese

Nel maggio 2009 il Consorzio internazionale per il sequenziamento del genoma bovino ha comunicato la conclusione dei lavori attraverso la pubblicazione di un articolo sulla prestigiosa rivista Nature: erano riusciti a "leggere" gli oltre tre miliardi di basi del genoma di una vacca di razza Hereford. Si è trattato del secondo mammifero completamente sequenziato, ovviamente dopo il sequenziamento del genoma umano completato nel 2003.

Con lungimiranza, già nel 2007, il Mipaaf (ora Mesaf) aveva sostenuto un importante progetto nazionale, SelMol, che aveva permesso di caratterizzare geneticamente oltre 2800 tori italiani, fra i quali anche un buon numero di tori Piemontesi forniti da Anaborapi. Da allora, le tecnologie per l'analisi del DNA ed i modelli statistici hanno fatto passi da gigante; le prime sono diventate sempre più disponibili e meno costose, i secondi più accurati e predittivi.

Dopo un impegnativo lavoro durato alcuni anni e dopo aver genotipizzato gli oltre 1200 tori della riserva genetica, la Piemontese (prima fra le razze autoctone italiane) ha iniziato ad utilizzare i dati genomici all'interno degli indici di selezione nel 2020. Fin qui tutto rose e fiori. Tuttavia è opportuno spiegare i vantaggi ma anche i limiti dell'utilizzo della genomica nella nostra Razza.

Partiamo dagli ultimi. La razza bovina Piemontese è una popolazione ridotta, i tori provati sono pochi e, per non limitare ulteriormente il numero di tori necessari a mettere a punto i modelli di calcolo, dobbiamo utilizzare anche tori distanti 3 o 4 generazioni rispetto ai soggetti che intendiamo valutare; questo fatto purtroppo determina alcuni svantaggi. Inoltre, non possiamo contare su collaborazioni internazionali, come invece avviene per le razze cosmopolite, Frisona e Bruna in primis; in quest'ambito vi è infatti uno scambio di informazioni che permette di ampliare il numero dei tori testati per mettere a punto i modelli di valutazione. Tutto questo fa sì che i nostri indici genomici abbiano un'accuratezza meno elevata rispetto al settore latte. Accuratezza inferiore non vuol dire tuttavia che la genomica non possa essere utilizzata in modo proficuo. E qui veniamo ai vantaggi: in primo luogo la valutazione genomica può essere effettuata già alla nascita (basta un prelievo di pelo), in secondo luogo la genomica risulta molto efficiente nel valutare caratteri che richiederebbero molto tempo per essere rilevati (es. facilità di parto). La genomica poi, permette di valutare, a priori, soggetti che con gli indici tradizionali apparirebbero identici: due fratelli pieni, in assenza di altri rilievi, avrebbero i medesimi indici, mentre con la genomica possiamo valutarli e caratterizzarli singolarmente, ciascuno per il suo effettivo valore genetico. Dobbiamo ancora ricordare che gli indici prodotti da Anaborapi non sono indici genomici puri, ma sono indici nei quali la genomica viene utilizzata per "aggiustare" e migliorare l'accuratezza degli indici tradizionali con risultati eccellenti e verificati.

Infine recenti studi, basati sulla genomica, hanno ulteriormente confermato che la Piemontese rappresenta un unicum a livello nazionale, ovvero è pochissimo imparentata con le altre razze bianche autoctone e questo può permetterle un'ulteriore valorizzazione. I medesimi studi hanno anche confermato che nella nostra razza esiste un'ampia variabilità genetica, variabilità che è il presupposto indispensabile ad ogni futura attività di miglioramento genetico: insomma il lavoro è appena iniziato!

A tutti auguro buona lettura.



Andrea Quaglino – Direttore

# Allevamento Dalmasso

**Allevamento** iscritto al Libro Genealogico della Razza Piemontese dal 1989  
**Allevamento** ufficialmente indenne da I.B.R.  
**Allevamento** biologico

**300 TORI VENDUTI PER LA MONTA NATURALE,  
 MANZE GRAVIDE CON CERTIFICATO GENEALOGICO**






**Allevamento Dalmasso**

**www.aziendaagricoladalmasso.it**

AZ. AGR. DALMASSO GIOVANNI, CRISSOLO (CN) - Cell: 347.8851706, e-mail: dalmasso.giovanni@libero.it

