

SNP-Typisierung: eine neue Ära in der Ziegenzucht

Franz Seefried

Der Schweizerische Ziegenzuchtverband wechselt die Technologie für die Abstammungskontrolle. In den zurückliegenden Wochen wurden die Grundlagen für die SNP-basierte Abstammungskontrolle gelegt. SNP sind punktuelle Veränderungen im Erbgut. Dadurch eignen sie sich zur Charakterisierung und eindeutigen Identifikation von verschiedenen Tieren einer Population.

Abstammungskontrolle

Korrekte Abstammungen sind die Grundlage für sämtliche genetische Auswertungen (Zuchtwertschätzung) und damit für die Zucht im Allgemeinen. Daneben sind korrekte Abstammungen auch für das Monitoring von Populationen (Inzuchtentwicklung) wichtig. Bisher wurde die Abstammung beim Schweizerischen Ziegenzuchtverband (SZZV) mittels «Mikrosatelliten» untersucht. Diese werden nun abgelöst durch die SNP-Analyse. Wie auch bei den Mikrosatelliten werden im Rahmen der Abstammungskontrolle die Ergebnisse aus der SNP-Analyse eines Tiers mit den Ergebnissen seinen Eltern verglichen. Im Hintergrund stehen die Mendelschen Vererbungsregeln (Kasten, Seite 14). In der SNP-basierten Abstammungskontrolle werden die SNPs gezählt, an denen die

Mendelschen Regeln beim Vergleich Tier-Eltern verletzt werden. Die Summe über alle SNPs ergibt das Ergebnis für die Abstammungskontrolle. Ein Schema mit 10 SNPs als Beispiel ist in Abbildung 1 (Seite 13) zu sehen. Routinemässig werden bei der Ziege 195 SNPs dafür verwendet. Grundsätzlich ist eine 100% Übereinstimmung das Ziel. Da jedoch auch technische Fehler möglich sind, werden auch Abstammungen mit 1–2 Fehlern auf SNP-Ebene akzeptiert.

Nutzen für den Züchter

Ein wesentlicher Unterschied zum bisherigen System ist auch, dass ab sofort die Daten aus der Untersuchung dem SZZV zur Verfügung stehen. Im bisherigen System wurde lediglich das Ergebnis aus der Abstammungskontrolle «Abstammung akzeptiert/abgelehnt» festgehalten und dem Züchter zurückgemeldet. An der Rückmeldung zum Tierbesitzer ändert sich nichts, diese beschränkt sich auch in Zukunft auf die Kernaussage «Abstammung akzeptiert/abgelehnt». Zukünftig werden allerdings die 60 000 Genotypen jeder untersuchten Ziege gespeichert und stehen so auch für zukünftige Anwendungen zur Verfügung. Eine erste unmittelbare Anwendung für den Züchter findet man in der Suche nach möglichen Eltern. Sollte die angegebene Abstammung abgelehnt werden, wird automatisch nach alternativen Eltern gesucht. Die Typisierung von knapp 60 000 SNPs eignet sich also auch für die Suche nach möglichen Eltern und zur Lösung von Problemfällen wie z.B. mehrere Böcke in einer Herde. Die Suche nach möglichen Eltern erfolgt in umgekehrter Weise zur Abstammungskontrolle. Unter allen genotypisierten Tieren werden unter Verwendung aller SNPs mögliche Eltern gesucht und ausgewiesen. Diese Suche ist hoch präzise und zuverlässig. Im bisherigen System «Mikrosatelliten» war dies nicht möglich.

SNP – Single Nucleotide Polymorphism

Definition

Der Begriff SNP kommt aus der englischen Sprache und bedeutet «Einzelbasenaustausch». SNPs finden wir im Erbgut der Ziege. Dieses umfasst insgesamt rund 3 Mrd. Basen, den sog. genetischen Buchstaben. Es ist in fast jeder Zelle des Organismus vorhanden. Wegen der enormen Grösse braucht es Struktur und Organisation. Zwei wesentliche Grundstrukturen werden unterschieden: Chromosomen und Doppelhelix.

Chromosomen sind Untereinheiten des Erbguts. Die Ziege hat davon 30, die paarweise vorliegen, d.h. jedes



Die SNP-Typisierung dient der Abstammungskontrolle und liefert den Züchtern Informationen zur Genetik ihrer Tiere. La typisation SNP sert au contrôle de l'ascendance. Elle fournit en sus aux éleveurs des informations sur la génétique de leurs animaux.

(Photo: T. Hodel)

Gen ist zweifach vorhanden. Eins wird vom Vater vererbt, das andere von der Mutter. Die Anzahl der Chromosomen ist eine Eigenschaft der Spezies (Abbildung 2, Seite 14). Jedes dieser Chromosomen besteht aus einer sog. Doppelhelix. Dabei sind zwei umeinanderlaufende Stränge gegenseitig verwunden (Abbildung 3, Seite 14). Jeder Strang ist eine Abfolge der genetischen Buchstaben (A, C, G und T), die aneinander gekettet, den Strang bilden. Ein Großteil dieser Stränge ist zwischen verschiedenen Tieren identisch, nämlich rund 99%. Zu den verbleibenden 1% zählen unter anderem auch die SNPs (Abbildung 4, Seite 16). Bei einem SNP trägt ein Tier an dieser Stelle z.B. ein A und ein anderes Tier ein C. Interessant für den Tierzüchter sind die Stellen, an denen auf den Strängen Unterschiede zwischen den Tieren vorhanden sind.

Entstehung

SNPs entstehen spontan im Erbgut und oft bei der Vermehrung des Erbgutes. Je nach Position des SNP und der Zelle, in der es entsteht, kann die Wirkung eines neuen SNP sehr unterschiedlich sein. SNPs, welche spontan z.B. in einer Körperzelle entstehen, werden nicht an die Nachkommen weitergegeben, sondern sind beschränkt in ihrem Auftreten auf die jeweilige Zelle sowie deren Tochterzellen aus der Zellteilung. Hingegen werden SNPs, die in der Keimbahn, den Samen- bzw. Eizellen, entstehen, über die Generationen hinweg vererbt. Durch Zuchtmanagement und Definition bzw. Trennung von Rassen ist es somit durchaus möglich, dass ein SNP in seinem Auftreten auf eine oder wenige Rassen beschränkt ist.

Wirkung

Je nach Position eines SNP (innerhalb oder ausserhalb eines Gens) sind seine funktionellen Auswirkungen sehr unterschiedlich. Längst nicht jeder SNP hat zwangsläufig eine (heute bekannte) Funktion. So ist die unmittelbare Funktionalität nur von einem kleinen Bruchteil aller SNPs heute überhaupt bekannt. Über den weitaus größten Teil der SNP ist auch heute nichts bzw. wenig von ihrer Wirkung bekannt.

Zu den SNPs mit bekannten Auswirkungen gehören z.B. SNPs in Farbgenen oder Milchproteinengen. Diese SNPs führen zur Ausprägung kategorischer Merkmale wie Eiweisstyp oder Farbe. Noch schwieriger wird der Nachweis eines SNP auf ein quantitatives Merkmal. Dennoch gibt es auch hier ein Paradebeispiel: der Effekt von einem SNP aus dem Gen namens DGAT1 auf das Merkmal Fettgehalt. Tiere, die an dieser Stelle im Genom ein C aufweisen, haben einen deutlich höheren Fettgehalt in der Milch als Tiere mit einem T an entsprechender Position.

Typisierung

Im Verlauf der letzten Jahrzehnte entwickelten sich verschiedene Technologien für die Analyse, welche Buchstaben in einem SNP eines Tieres vorhanden sind. Diese Analyse nennt man Typisierung. Der Fortschritt in diesem Bereich war enorm. Angetrieben vom Motor der Grundlagenforschung sind seit inzwischen mehr als 10 Jahren

Abbildung 1: Abstammungskontrolle mit SNP

Illustration 1: Contrôle d'ascendance par le biais des SNP

	Vater/Père	Mutter/Mère	Nachkomme/Descendance	Fehler/Erreur
SNP1	AA	CC	AC	0
SNP2	CC	CC	CC	0
SNP3	GT	GG	GT	0
SNP4	GG	GG	GG	0
SNP5	AG	AA	AG	0
SNP6	GG	GT	GT	0
SNP7	CC	CC	CC	0
SNP8	AA	AT	AA	0
SNP9	GG	GG	GG	0
SNP10	TT	TT	TT	0
Summe/Somme Ergebnis/Résultat			Abstammung akzeptiert/ Ascendance acceptée	0

(Quelle/Source: Qualitas AG)

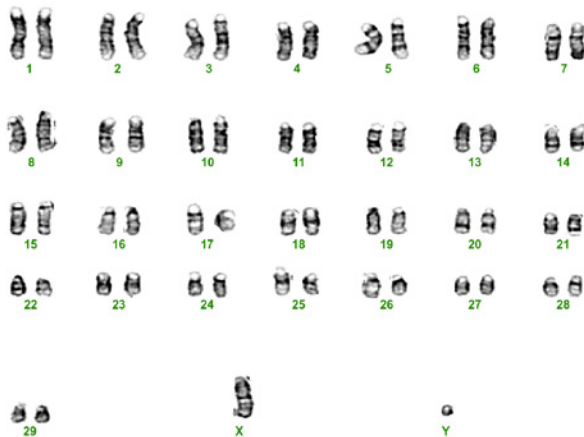
SNP-Chips auch für Nutztierarten verfügbar. Das bekannteste Beispiel für die Anwendung dürfte die genomische Selektion beim Rind sein, wo seit 2010 SNP-Chips nicht mehr wegzudenken sind. SNP-Chips (Abbildung 5, Seite 15) sind Einheiten (Arrays), bei denen man im Hochdurchsatz pro Tier mehrere Tausend SNP gleichzeitig untersucht. Der technologische Fortschritt bewirkte auch einen massiven Rückgang der Kosten. Umgerechnet kostet daher eine Typisierung heute netto rund 0,1 Rappen pro SNP. Damit wurde eine praktische Anwendung ausserhalb von Forschungsprojekten überhaupt erst möglich.

Chips

Wie eingangs erwähnt, muss man davon ausgehen, dass im Ziegen genom rund 30 Mio. SNPs vorhanden sind. Dies übersteigt die Möglichkeiten eines Chips, da mit dieser Technologie maximal rund 1 Mio. SNPs analysiert werden können. So muss aus dem theoretisch vorhandenen SNP-Pool für die Chip-Typisierung eine Auswahl getroffen werden. Eine Schlüsseleigenschaft ist die gegenseitige Lage der SNP, da mit einer gleichmässigen Verteilung der ausgewählten SNP ein Netz an Markern über das Erbgut gelegt wird. Dieses Netz ist entscheidend für die folgenden Anwendungsmöglichkeiten, u.a. die genomische Selektion. Für ein möglichst breites Anwendungsspektrum eines Chips sollten auch SNPs für die Abstammungskontrolle enthalten sein. Diese müssen nämlich eine zusätzliche Eigenschaft erfüllen und in möglichst vielen verschiedenen Rassen vorhanden sein, damit die Abstammungskontrolle mit demselben Chip für sämtliche Ziegenrassen durchgeführt werden können. Aktuell sind auf dem Chip 195 SNPs für die Abstammungskontrolle enthalten. Relevante Zusatztests z.B. Kappa Kasein (Milchprotein) runden einen Chip ab. Der Chip, der für die Abstammungskontrolle verwendet wird, ist eine Erweiterung

Abbildung 2: Chromosomensatz eines Ziegenbocks (Karyotyp)

Illustration 2: Paire de chromosomes d'un bélier (caryotype)



(Quelle/Source: en.wikipedia.org/wiki/File:Karyotype_of_normal_male_goat.png)

Abbildung 3: Doppelhelix des Erbguts

Illustration 3: Double-hélice du matériel génétique



(Quelle/Source: openscience.or.at)

ring des seit 2014 bestehenden Chips. Vor allem im Bereich der Zusatztests wurde erweitert. Er wurde durch ein internationales Konsortium (Internationales Ziegen-genomkonsortium IGGC, Kasten) entwickelt, bei dem auch Schweizer Wissenschaftler des Instituts für Genetik der Universität Bern einen Beitrag geleistet haben.

Worterklärungen

Mendelsche Vererbungsregeln

Die Mendelschen Regeln beschreiben den Vererbungsvorgang bei Merkmalen, deren Ausprägung von nur einem Gen bestimmt wird. Sie sind nach ihrem Entdecker Gregor Mendel, einem Augustinermönch, benannt. Mendel publizierte sie 1866, zunächst ohne grosse Wahrnehmung von der Öffentlichkeit. Erst 1900, lange nach seinem Tod, wurden sie «wieder entdeckt» und sind seither in der Genetik nicht mehr wegzudenken. (Quelle: Wikipedia)

Internationales Ziegenomkonsortium IGGC

Das Ziel dieses Konsortiums besteht darin, die Situation der Ziegenzucht allgemein zu verbessern. Dies soll auf zwei Schienen erfolgen: einerseits durch eine Verbesserung der Datengrundlage (Ziegen-genom) und andererseits durch neue Werkzeuge bzw. Instrumente (Zuchtwertschätzung). Die neuen Erkenntnisse im Bereich der Ziegenzucht können unmittelbar in die praktische Anwendung übergehen. Sämtliche Erkenntnisse und Daten werden öffentlich zugänglich gemacht. (Quelle: goatgenome.org)

SMARTER (Small Ruminants breeding for Efficiency and Resilience)

Das Projekt SMARTER ist ein EU-Projekt mit 27 Partnerorganisationen und verfolgt das Ziel, in wie weit die Effizienz und Widerstandsfähigkeit bei Kleinwiederkäuern züchterisch bearbeitet werden kann. Die Schweizer Partner, FiBL und Qualitas AG (Unterauftragsnehmer) haben die Magendarmparasiten sowie die länderübergreifende züchterische Zusammenarbeit im Fokus, analog zu Interbull bei den Rindern. (Quelle: smarterproject.eu)

Ausblick

Im Vordergrund steht die Einführung der Abstammungskontrolle. Da aber im Chip eine Reihe von zusätzlichen Markern (Kappa Kasein, DGAT1) enthalten sind, wird deren Verarbeitung und Publikation im Laufe des Jahres folgen. Über das internationale Projekt SMARTER (Kasten) in dem ebenfalls Genotypen von Schweizer Ziegen generiert werden, wird sich die Datenmenge schnell vergrössern, so dass theoretisch auch weiterführende Anwendungen (genomische Selektion) in Reichweite gelangen. Es ist wünschenswert, wenn die Züchter in ihrem Alltag zukünftig möglichst zahlreich von der SNP-Typisierung Gebrauch machen, da dies der Ziegenzucht schnell zu Gute kommt.

Der Autor des Artikels / L'auteur de cet article



Franz Seefried ist Genetiker bei der Qualitas AG. Dort ist er verantwortlich für den Bereich SNP-Typisierung.

Franz Seefried, généticien, travaille auprès de Qualitas SA. Il y est responsable du secteur de typisation SNP.

Typisation SNP: nouvelle ère en sélection caprine

Franz Seefried

La Fédération suisse d'élevage caprin change de technologie pour le contrôle d'ascendance. Au cours des dernières semaines, nous avons jeté les bases du contrôle d'ascendance en fonction des SNP. Les SNP sont des modifications ponctuelles du patrimoine génétique. Elles sont donc particulièrement bien adaptées à la caractérisation et à l'identification univoque de différents animaux d'une population.

Contrôle d'ascendance

Une ascendance correcte constitue la base de toutes les évaluations génétiques (estimation de la valeur d'élevage) et donc de la sélection en général. Par ailleurs, elle est également importante pour la surveillance des populations (évolution de la consanguinité). A ce jour, la Fédération suisse d'élevage caprin (FSEC) vérifiait l'ascendance sur la base de «microsatellites». Ceux-ci sont désormais remplacés par l'analyse des SNP. Comme c'était le cas avec les microsatellites, le contrôle d'ascendance s'attelle à comparer les résultats de l'analyse des SNP d'un animal avec ceux de ses parents. On se base pour cela sur les règles de l'hérédité de Mendel (encadré, page 16). Pour ce faire, on compte les SNP où les règles de Mendel sont violées lors de la comparaison animal/parents. La somme de tous les SNP donne le résultat du contrôle d'ascendance. L'illustration 1 (page 13) redonne un schéma avec 10 SNP. Chez la chèvre, on se sert généralement de 195 SNP. En principe, on souhaite avoir 100% de correspondance. Compte tenu du fait qu'il n'est cependant pas possible d'exclure toute erreur technique, les ascendances présentant 1 à 2 erreurs de SNP sont aussi admises.

Utilité pour l'éleveur

Une autre différence essentielle en regard du système actuel est le fait que la FSEC peut dès aujourd'hui disposer des données des examens. Dans l'ancien système, seul le résultat «ascendance acceptée / rejetée» était enregistré et communiqué à l'éleveur. Avec le nouveau système, la communication à l'éleveur demeure la même, cependant les 60 000 génotypes de chaque chèvre examinée sont sauvegardés et peuvent dès lors servir à d'autres applications. La première application tangible pour l'éleveur est la recherche automatique de parents éventuels, par exemple lorsque l'ascendance indiquée est refusée. La typisation de près de 60 000 SNP autorise donc l'identification de pa-



Abbildung 5: SNP-Chip. Illustration 5: Puce à ADN.

(Quelle/Source: snp.toulouse.inra.fr/~sigenae/50K_goat_snp_chip)

rents potentiels et la résolution de cas problématiques comme on les rencontre par exemple lorsqu'il y a plusieurs boucs dans un troupeau. L'identification de parents potentiels se fait de manière inverse au contrôle de l'ascendance: on recherche les parents parmi tous les animaux génotypés, en se servant de tous les SNP. Cette investigation est très précise et efficace. Dans le système actuel utilisant les microsatellites, cela n'était pas possible.

SNP – Single Nucleotide Polymorphism

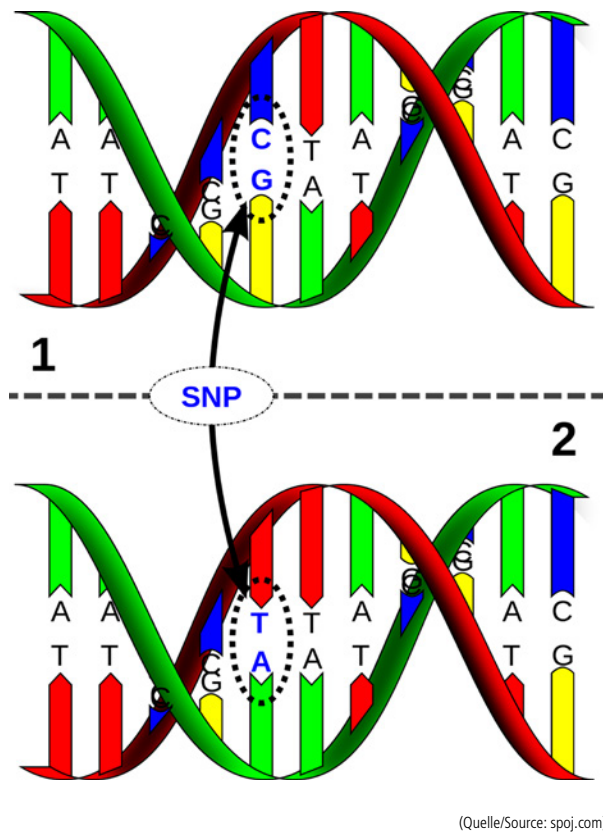
Définition

La notion de SNP signifie en anglais «remplacement de bases uniques». On retrouve les SNP dans le matériel génétique de la chèvre. Celui-ci englobe au total environ 3 mia. de bases, chacune constituant en quelque sorte les lettres génétiques. On le retrouve dans pratiquement toutes les cellules de l'organisme. En raison de sa taille énorme, une structure et une organisation s'avèrent nécessaires. On distingue deux structures de base: les chromosomes et la double-hélice.

Les chromosomes sont des sous-unités du matériel génétique. La chèvre en possède 30, disposés en paires. Autrement dit, chaque gène est disponible en double, l'un étant transmis par le père et l'autre par la mère. Le nombre de chromosomes est caractéristique de chaque espèce (illustration 2, page 14). Chacun de ces chromosomes est constitué d'une double-hélice, formée de deux brins qui s'enroulent l'un sur l'autre (illustration 3, page 14). Chaque brin est composé d'une séquence de lettres (A, C, G et T) enchaînées les unes aux autres. Une grande partie de ces brins, environ 99% d'entre eux, est identique pour tous

Abbildung 4: Einzelbasenaustausch (SNP)

Illustration 4: Remplacement de bases uniques (SNP)



les animaux. Les SNP font partie, entre autres, du 1 % restant (illustration 4). Dans un SNP, un animal possède à cet emplacement p.ex. un A, alors qu'un autre animal possède un C. Ces emplacements sont intéressants pour l'éleveur lorsque l'on trouve des différences entre les animaux sur les brins.

Apparition

Les SNP apparaissent de manière spontanée dans le matériel génétique, souvent lors de la multiplication de celui-ci. Selon la position du SNP et la cellule dans laquelle il apparaît, l'effet d'un nouveau SNP peut être très variable: les SNP qui apparaissent de manière spontanée, par exemple dans une cellule de l'organisme, ne sont pas transmis à la descendance, mais demeurent confinés à la cellule en question et à la descendance de celle-ci. En revanche, les SNP qui apparaissent dans une lignée cellulaire embryonnaire, dans les cellules spermatiques ou les ovules, sont retransmis d'une génération à l'autre. Par la gestion de l'élevage et la définition, respectivement la distinction des races, il est donc possible qu'un SNP soit limité dans son apparition à une ou quelques races.

Implications

Les implications fonctionnelles d'un SNP varient fortement selon son emplacement (au sein ou en-dehors d'un gène). Les SNP n'ont de loin pas tous une fonction (connue à ce jour). On ne connaît aujourd'hui en effet qu'une fraction des fonctionnalités de tous les SNP.

Glossaire

Principes de l'hérédité selon Mendel

Les principes d'hérédité de Mendel décrivent le processus d'hérédité auquel sont soumis les caractères dont l'expression n'est déterminée que par un seul gène. Ils ont été décrits pour la première fois par Gregor Mendel, un moine augustin, qui les a publiés en 1866. Tout d'abord à peine pris en compte, ils n'ont été «redécouverts» que longtemps après sa mort, en 1900. La génétique actuelle ne peut se passer de ces règles. (Source: Wikipedia)

Consortium international sur le séquençage du génome caprin IGGC

Le but de ce consortium est d'améliorer la situation de l'élevage caprin en général. Cela se fait de deux manières: d'une part grâce à l'amélioration de la base d'informations (génome caprin) et d'autre part via l'implémentation de nouveaux outils (estimation de la valeur d'élevage). Les dernières connaissances dans le domaine de l'élevage caprin peuvent être mises directement au service d'applications pratiques. Toutes les connaissances et données sont mises à disposition du public. (Source: goatgenome.org)

SMARTER (Small Ruminants breeding for Efficiency and Resilience)

Le projet SMARTER est un projet de l'UE mené en collaboration avec 27 organisations partenaires. Il poursuit l'objectif de vérifier dans quelle mesure l'efficacité et la robustesse des petits ruminants peuvent être influencées par le travail zootechnique. Les partenaires suisses, FiBL et Qualitas SA (sous-mandataire), s'intéressent aux parasites intestinaux, de même qu'à la collaboration zootechnique interétatique, de manière analogue à Interbull pour les bovins. (Source: smarterproject.eu)

Parmi les SNP aux implications connues font partie ceux observés dans les gènes codant pour la couleur du pelage ou pour les protéines du lait. Ces SNP entraînent l'expression de caractéristiques de catégories comme le type de protéine ou la couleur. La mise en évidence d'un SNP sur une caractéristique quantitative s'avère encore plus difficile. Il en existe toutefois un exemple remarquable, l'effet d'un SNP d'un gène dénommé DGAT1 sur la caractéristique matière grasse: les animaux qui présentent un C dans leur génome à cet emplacement affichent une teneur en matière grasse du lait nettement plus élevée que ceux qui ont un T à cette position.

Typisation

Différentes technologies ont vu le jour au cours des dernières années, autorisant l'analyse des lettres présentes dans un SNP d'un animal. Cette analyse est désignée par le terme de typisation. Les progrès réalisés dans ce domaine sont énormes. Mus par le moteur de la recherche fondamentale, des puces à ADN sont désormais disponibles aussi pour les espèces d'animaux de rente depuis déjà plus de 10 ans. L'exemple d'application le plus connu

est certainement la sélection génomique chez le bovin, où l'on ne peut plus se passer des puces depuis 2010. Les puces à ADN (illustration 5, page 15) sont des unités (arrays) avec lesquelles on peut, à grande cadence, examiner simultanément plusieurs milliers de SNP par animal. Les progrès technologiques ont également permis une très forte diminution des coûts. On arrive ainsi aujourd'hui à environ 0.1 centime net par SNP pour la typisation. C'est ce qui a rendu possible une application pratique en-dehors des projets de recherche.

Puces

Comme expliqué plus haut, on doit s'attendre à trouver environ 30 mio. de SNP dans le génome caprin. Cela dépasse les possibilités d'une puce, car cette technologie permet d'en analyser au maximum 1 mio. Ainsi, il a fallu faire une sélection parmi le pool de SNP théoriquement existants. Une caractéristique clé est la position face-à-face des SNP, car une répartition régulière des SNP sélectionnés permet d'établir un réseau de marqueurs dans le matériel génétique. Ce réseau est décisif pour les possibilités d'applications consécutives, notamment pour la sélection génomique. Pour assurer un spectre d'utilisation aussi large que possible d'une puce, il convient d'y intégrer également des SNP servant au contrôle de l'ascendance. Ils doivent pour cela satisfaire une caractéristique supplémentaire et être présents dans le plus possible de races, afin de pouvoir réaliser le contrôle d'ascendance avec la même puce pour toutes les races de chèvres. A l'heure actuelle, 195 SNP ont été sélectionnés pour le contrôle d'ascendance sur la puce. Des tests supplémentaires comme la caséine kappa (protéine du lait) viennent compléter la puce. La puce mise en œuvre pour le contrôle d'ascendance est une extension, principalement dans le domaine des tests supplémentaires, de la puce existant depuis 2014. L'extension a été réalisée par un consortium international (Consortium international sur le séquençage du génome caprin IGCC, encadré, page 16), dans le cadre duquel ont participé des scientifiques suisses de l'Institut de génétique de l'Université de Berne.

La tipizzazione SNP apre una nuova era nell'allevamento caprino

La Federazione svizzera d'allevamento caprino passa a una nuova tecnologia in materia di controllo dell'ascendenza. In queste ultime settimane sono state poste le basi per il controllo dell'ascendenza in base al metodo SNP. Gli SNP (polimorfismo a singolo nucleotide) sono lievi variazioni selettive nel patrimonio genetico individuale (genoma). Ciò consente di caratterizzare e identificare in modo univoco i singoli animali di una stessa popolazione. Secondo una stima approssimativa, il genoma delle capre è costituito da circa 30 milioni di SNP. Quasi 60 000 di essi sono SNP genotipizzati nel corso di un controllo dell'ascendenza. Ciò ha reso disponibile un'enorme quantità di dati rispetto al metodo precedente, e in futuro non solo sarà possibile accertare che la genitorialità sia corretta, ma anche cercare potenziali genitori di un determinato animale. Il cambiamento tecnologico nell'ambito del controllo dell'ascendenza è un evento significativo per l'allevamento caprino svizzero. La stessa tecnologia è utilizzata con successo nel bestiame bovino da oltre 10 anni nel contesto della cosiddetta selezione genomica. A dipendenza del numero di richieste di analisi SNP (numero di animali) nonché dei fenotipi questa nuova tecnologia apre anche all'allevamento caprino svizzero nuove prospettive per il futuro. Sarebbe auspicabile che gli allevatori facessero il maggior uso possibile della tipizzazione SNP, in quanto ciò andrebbe a vantaggio dell'allevamento caprino.

Perspective

L'interêt premier est l'introduction du contrôle d'ascendance. La puce contenant cependant aussi une série de marqueurs supplémentaires (caséine kappa, DGAT1), leur traitement et leur publication auront lieu dans le courant de l'année. La quantité de données disponibles dans le cadre du projet international SMARTER (encadré, page 16), dans le cadre duquel on génère aussi des génotypes de chèvres, va rapidement augmenter, si bien que théoriquement de nouvelles applications (sélection génomique) devraient bientôt être à portée de main. Plus le nombre d'éleveurs faisant usage de la typisation SNP dans leur quotidien sera élevé à l'avenir, plus la sélection caprine pourra progresser rapidement.