**Το DNA στην υπηρεσία της επιλογής και της βελτίωσης του ζωικού κεφαλαίου. Η ανάπτυξη και η εφαρμογή της γονιδιωματικής ως ένα νέο εργαλείο βελτίωσης**

Ζήσης Μαμούρης, Καθηγητής Γενετικής, Τμήμα Βιοχημείας και Βιοτεχνολογίας, Πανεπιστήμιο Θεσσαλίας

**Εισαγωγή**

Τα τελευταία 50 χρόνια, έχουμε βιώσει μια άνευ προηγουμένου αύξηση του ανθρώπινου πληθυσμού. Με βάση τις τρέχουσες προβλέψεις, ο παγκόσμιος πληθυσμός θα αγγίξει τα 9 δισεκατομμύρια το 2030. Το να ανταποκριθούμε στην αυξανόμενη ανάγκη των τροφίμων χρησιμοποιώντας λιγότερους πόρους, είναι μια από τις μεγαλύτερες προκλήσεις που η σύγχρονη γεωργία αντιμετωπίζει. Πρόσφατες εκτιμήσεις από τον Οργανισμό Τροφίμων και Γεωργίας των Ηνωμένων Εθνών δείχνουν ότι για να ανταποκριθεί στην αυξανόμενη ζήτηση, η παραγωγή τροφίμων πρέπει να διπλασιαστεί μέσα στα επόμενα 50 χρόνια. Με άλλα λόγια, η γεωργία θα πρέπει να παράγει περισσότερα τρόφιμα από ότι τα τελευταία 10.000 χρόνια μαζί. Όταν χρησιμοποιείται ως βάση το έτος 2000, οι προβλέψεις δείχνουν αύξηση της παγκόσμιας κατανάλωσης κρέατος κατά 68% και γάλακτος κατά 57% έως το 2030. Η μεγαλύτερη ζήτηση για τρόφιμα με βάση ζωικές πρωτεΐνες μαζί με τις πιθανές επιπτώσεις της κλιματικής αλλαγής και της έλλειψης νερού, θρεπτικών συστατικών και ενέργειας θα οδηγήσει σε μεγάλα κενά ως προς την παραγωγικότητα. Επομένως, είναι ζωτικής σημασίας η συστηματική εφαρμογή τεχνικών και επιστημονικών μεθόδων για τη βελτίωση της τροφής, διατροφής, γενετικής, αναπαραγωγής, του ελέγχου της υγείας των ζώων, καθώς και για τη γενική βελτίωση της κτηνοτροφίας προκειμένου να καλυφθούν τα επερχόμενα κενά της παραγωγικότητας. Τα μεγαλύτερα κέρδη θα έρθουν από καινοτομίες που επιταχύνουν την παραγωγικότητα της γεωργίας με παράλληλη μείωση του κόστους και τον περιορισμό των περιβαλλοντικών επιπτώσεων.

**Οι παραδοσιακές μέθοδοι διασταύρωσης είναι επιτυχείς, αλλά περιορισμένες**

Για αιώνες, οι κτηνοτρόφοι έχουν χειριστεί πολύ αποτελεσματικά τα γονιδιώματα των παραγωγικών ζωικών ειδών, βασιζόμενη στο γεγονός ότι υπάρχουν φυσικές διακυμάνσεις μέσα σε ένα είδος, μέσα σε μια φυλή, και μέσα σε ένα πληθυσμό. Η παραδοσιακή αναπαραγωγή και βελτίωση έχει γίνει σε μεγάλο βαθμό απουσία της γνώσης της μοριακής σύστασης των γονιδίων που ελέγχουν τα ποσοτικά γνωρίσματα των ζώων. Οι κτηνοτρόφοι έχουν βελτιώσει τα παραγωγικά χαρακτηριστικά στα κοπάδια τους, επιλέγοντας τα καλύτερα άτομα ως προγόνους για τις επόμενες γενιές. Αυτές οι βελτιωμένες «τιμές αναπαραγωγής» έχουν επιτευχθεί συνδυάζοντας την φαινοτυπική καταγραφή των ατομικών επιδόσεων με γενεαλογικές πληροφορίες. Σε βοοειδή γαλακτοπαραγωγής Holstein, η παραγωγή γάλακτος εξακολουθεί να αυξάνεται κατά 110 κιλά ανά ζώο ετησίως. Στην παραγωγή χοίρων, τα κιλά της τροφής που απαιτούνται για να παραχθεί ένα κιλό χοιρινού κρέατος, μια παράμετρος γνωστή και ως η μετατροπή τροφής, εκτιμάται ότι μειώθηκε κατά 50% μεταξύ 1960 και 2005. Παρά το γεγονός ότι τα αποτελέσματα αυτά αποτελούν ισχυρά παραδείγματα του τι μπορεί να επιτευχθεί μέσω των παραδοσιακών μεθόδων εκτροφής, η αποτελεσματικότητα αυτών των παραδοσιακών μεθόδων μειώνεται όταν τα γνωρίσματα είναι δύσκολο να μετρηθούν, έχουν χαμηλή κληρονομικότητα, ή δεν μπορούν να μετρηθούν γρήγορα, ανέξοδα και σωστά σε ένα μεγάλο αριθμό ζώων. Τέτοιες δύσκολες στην μέτρηση και καταγραφή γνωρισμάτων είναι συχνά εξαιρετικά σημαντικές γιατί περιλαμβάνουν τη γονιμότητα, τη μακροζωία, την αποδοτικότητα της τροφής και την ανθεκτικότητα στις ασθένειες. Η Επιλογή για αυτά τα γνωρίσματα πρέπει επομένως να επιτευχθεί μέσω της γονιδιωματικής.

**Οι μεγάλες προσδοκίες της Γονιδιωματικής**

Κατά τη διάρκεια των τελευταίων 2 δεκαετιών, η ταχεία ανάπτυξη της γονιδιωματικής έχει ανοίξει νέους δρόμους για την αντιμετώπιση της επιστημονικής βάσης της βιολογίας της κτηνοτροφίας και της αναπαραγωγής και έχει οδηγήσει σε νέες μεθόδους παραγωγής για να επιτευχθεί σταθερή αύξηση των αποδόσεων των ζωοτροφών και μακροπρόθεσμες βελτιώσεις στην αποδοτικότητα της ζωικής παραγωγής. Μια νέα εποχή, η «γονιδιωματική εποχή», υπόσχεται να καταστήσει δυνατή την αντικειμενική πρόβλεψη των επιπτώσεων που βασίζεται στην άμεση πρόσβαση στην πλήρη αλληλουχία του DNA πολλών ατόμων, και ως εκ τούτου μια ανανεωμένη και πιο αντικειμενική άποψη της γενετικής αξίας των ζώων που δεν θα περιορίζεται σε μερικά μόνο χαρακτηριστικά της παραγωγής. Ένας από τους παράγοντες που πυροδότησαν την ανάπτυξη αυτής της γονιδιωματικής εποχής ήταν το διεθνές πρόγραμμα για την αποκωδικοποίηση του ανθρώπινου γονιδιώματος. Ο στόχος αυτού του προγράμματος ήταν να παραχθεί η πρώτη (*de novo*) πλήρης αλληλουχία DNA ενός ανθρώπινου όντος. Μαζί με αυτό ήρθε η ανάπτυξη και η εφαρμογή νέων εργαλείων γονιδιωματικής, ιδιαίτερα βελτιωμένων τεχνολογιών της αλληλούχισης του DNA και η αυξημένη διαθεσιμότητα σε πλατφόρμες υψηλής απόδοσης για την ανάλυση των γενοτύπων. Η τιμή για την αλληλούχιση ενός μόνο νουκλεοτιδίου του DNA έχει μειωθεί κατά 100 εκατομμύρια φορές από το 1990. Οι τεχνολογικές καινοτομίες που έχουν οδηγήσει αυτή τη μείωση του κόστους έχουν επίσης διευκολύνει την αλληλούχιση ολόκληρων γονιδιωμάτων για πολλά ζωικά είδη

**Γονιδιωματική: Το πέρασμα της Επιστήμης της Ζωικής Παραγωγής σε μια νέα διάσταση**

Από επιστημονικής άποψης, η επιτάχυνση της ανάλυσης των γονιδιωμάτων σε ευρεία κλίμακα θα έχει σημαντικό αντίκτυπο. Θα τροφοδοτήσει με νέες πληροφορίες την κατανόηση της βασικής δομής και λειτουργίας των γονιδιωμάτων του ζωικού κεφαλαίου, και θα εξηγήσει περαιτέρω τον έλεγχο των πολύπλοκων χαρακτηριστικών γνωρισμάτων. Με την παραγωγή των αλληλουχιών ολόκληρου γονιδιώματος για τα μεγάλα είδη ζώων σε πολύ χαμηλό κόστος, η σύγκριση αλληλουχιών από διάφορα άτομα διαφορετικών φυλών με μία αλληλουχία αναφοράς είχε ως αποτέλεσμα την ανακάλυψη μιας σχεδόν ανεξάντλητης πηγής γενετικών δεικτών, πρωτίστως πολυμορφισμών με τη μορφή μοναδικού πολυμορφισμού νουκλεοτιδίου (SNP). Έτσι, η επιστημονική κοινότητα απέκτησε πρόσβαση σε εκατομμύρια SNP, αλλά και σε ελεύθερα προσβάσιμες βάσεις δεδομένων(http://www.ncbi.nlm.nih.gov/projects/SNP). Αυτές οι βάσεις δεδομένων περιέχουν σήμερα πληροφορίες για περισσότερους από 86 οργανισμούς και συνολικά πάνω από 50 εκατομμύρια SNPs. Ένα άλλο σημαντικό τεχνολογικό επίτευγμα υπήρξε η ανάπτυξη και η συνεχής βελτίωση της τεχνολογίας των συστοιχιών DNA, που επέτρεψε την ανέξοδη ανάλυση των SNPs σε ένα δεδομένο δείγμα. Η επιτυχία αυτών των συστοιχιών DNA έγκειται στο γεγονός ότι παρουσιάζουν μία ισχυρή ικανότητα παράλληλης επεξεργασίας, καθώς και μια αξιοσημείωτη ικανότητα αυτοματοποίησης. Αν και χρησιμοποιήθηκαν για πρώτη φορά για μελέτες γονιδιακής έκφρασης, αυτές οι συστοιχίες DNA αποδείχθηκαν πολύ χρήσιμες για την ανάπτυξη ολόκληρων πάνελ γονιδιώματος SNP για πολλά είδη, μεταξύ των οποίων πολλά παραγωγικά είδη. Με συστοιχίες DNA, εκατοντάδες χιλιάδες SNP μπορούν να εξεταστούν παράλληλα, επιτρέποντας στους επιστήμονες να εκτελέσουν μελέτες συσχέτισης γονιδιώματος, που θα ήταν αδύνατες με άλλες τεχνικές ή δείκτες. Κατά τα τελευταία χρόνια, αρκετές μελέτες έχουν δημοσιευθεί που αποδεικνύουν την αποτελεσματικότητα τους (π.χ., BovineSNP50, OvineSNP50, EquineSNP50, PorcineSNP60).

**Γονιδιωματική: μια παραδειγματική στροφή στη εκτροφή των Ζώων**

Η μεγαλύτερη εξέλιξη επιτελείται στην εφαρμογή της γονιδιωματικής στον σχεδιασμό και την υλοποίηση των προγραμμάτων εκτροφής ζώων και υπόσχεται κέρδη σε όλη την αλυσίδα αξίας. Για τους κτηνοτρόφους και τα υπόλοιπα μέλη του κλάδου της κτηνοτροφίας, η γονιδιωματική αναμένεται να αυξήσει την αποτελεσματικότητα και την παραγωγικότητα της εκτροφής ζώων ενώ για τους καταναλωτές και τον τομέα της μεταποίησης, αναμένεται να ενισχύσει την ασφάλεια και την ποιότητα των ζωικών προϊόντων. Οι νέες γνώσεις που αποκτώνται σχετικά με την ανάπτυξη, τη διατροφή, την υγεία, και την προστασία των ζώων αναμένεται να επιτρέψουν μια καλύτερη κατανόηση των μοριακών μηχανισμών των γνωρισμάτων με εμπορικό ενδιαφέρον. Ως εκ τούτου, η γονιδιωματική, αξιοποιώντας νέες πηγές γενετικών πολυμορφισμών, δημιουργεί περαιτέρω ευκαιρίες για να βελτιωθεί η ακρίβεια επιλογής, μειώνοντας παράλληλα το κόστος και τα διαστήματα μεταξύ γενιών.

**Αρχή της Επιλογής μέσω Γονιδιωματικής**

Η επιλογή μέσω γονιδιωματικής περιγράφηκε για πρώτη φορά από τον Meuwissenetal (2001) και βασίζεται στη θεμελιώδη αρχή ότι οι πληροφορίες από ένα μεγάλο αριθμό δεικτών θα μπορούσαν να χρησιμοποιηθούν για την εκτίμηση της αναπαραγωγικής αξίας χωρίς να υπάρχει ακριβής γνώση για το που βρίσκονται επάνω στο γονιδίωμα τα ειδικά γονίδια που ελέγχουν τα συγκεκριμένα χαρακτηριστικά. Με δεκάδες χιλιάδες SNPs, καλά επιλεγμένα για να είναι αντιπροσωπευτικά του συνόλου του γονιδιώματος, αναμένεται ότι θα υπάρχει πάντα ένα SNP σε άμεση γειτνίαση με ένα συγκεκριμένο γονίδιο ή μέρος του DNA που μας ενδιαφέρει και ότι η υπάρχουσα ανισορροπία σύνδεσης μεταξύ ενός (ή περισσότερων) SNPs και ενός γονιδιακού αλληλομόρφου θα είναι σημαντική και θα μπορεί στη συνέχεια να χρησιμοποιηθεί για να εξηγήσει ένα σημαντικό κλάσμα της μεταβολής του επιθυμητού χαρακτηριστικού. Το πρώτο βήμα στη διαδικασία επιλογής μέσω γονιδιωματικής είναι, επομένως, η πρόσβαση σε μια μεγάλη ομάδα ζώων, είτε σε έναν πληθυσμό αναφοράς με ακριβείς φαινοτύπους για τον χαρακτήρα(ες)-στόχο. Ο πληθυσμός αυτός θα πρέπει επίσης να έχει γενοτυπηθεί χρησιμοποιώντας είτε μια σειρά SNPs για ολόκληρο το γονιδίωμα, είτε ήδη γνωστά SNPs σε περιπτώσεις που αυτά έχουν χαρακτηριστεί. Στη συνέχεια, τα δεδομένα που θα προκύψουν θα χρησιμεύσουν ως αναφορά για την ανάπτυξη ενός στατιστικού μοντέλου εκτίμησης της αλληλεπίδρασης του κάθε SNP με το χαρακτηριστικό(α)-στόχο. Το αποτέλεσμα είναι μια έξυπνη εξίσωση για τον υπολογισμό μιας γονιδιωματικής εκτιμώμενης αξίας αναπαραγωγής (GEBV). Μετά από ένα βήμα επικύρωσης, η γονιδιωματική αναπαραγωγική αξία των νέων ζώων μπορεί να υπολογιστεί χρησιμοποιώντας την εξίσωση πρόβλεψης, με βάση τους γενοτύπους τους από τη συστοιχία SNP και ελλείψει οποιωνδήποτε ακριβών πληροφοριών για τον φαινότυπο των ζώων αυτών (Εικόνα 1 και Πίνακας 1). Η ακρίβεια του GEBV εξαρτάται από το μέγεθος του πληθυσμού και την κληρονομισημότητα του χαρακτηριστικού-στόχου.

Πίνακας 1. Παράδειγμα ενός απλοποιημένου υπολογισμού της γονιδιωματικής αναπαραγωγικής αξίας, με 4 SNPs και τις εκτιμώμενες επιπτώσεις

**

**

Εικόνα 1. Ένας ζωικός πληθυσμός αναφοράς αξιολογείται και βαθμολογείται για βασικά παραγωγικά χαρακτηριστικά και γενοτυπείται με τη χρήση SNPs. Οι γενότυποι αντιπροσωπεύονται από την μεταβλητή Χ, με τιμές 0, 1, 2 (ομόζυγος, ετερόζυγος ή εναλλακτικός ομόζυγος). Μια εξίσωση πρόβλεψης δημιουργείται, συνδυάζοντας όλους τους γενοτυπικούς δείκτες με τα αποτελέσματά τους για να υπολογιστεί μία γονιδιωματική εκτιμώμενη αξία αναπαραγωγής για κάθε ζώο. Αυτή η εξίσωση πρόβλεψης μπορεί να εφαρμοστεί ακόμη και σε μια ομάδα ζώων τα οποία δεν έχουν φαινοτυπηθεί, οι τιμές αναπαραγωγής μπορούν να εκτιμηθούν, και τα καλύτερα ζώα μπορούν να επιλεγούν για αναπαραγωγή. Προσαρμοσμένος από Goddard και Hayes (2009)

**Η Εφαρμογή της Γονιδιωματικής Επιλογής**

Η Γονιδιωματική επιλογή βασίζεται σε υπάρχοντα προγράμματα αναπαραγωγής στα οποία η συλλογή γενεαλογικών πληροφοριών σε συνδυασμό με φαινοτυπικά δεδομένα είναι ήδη ρουτίνα. Παρέχει ένα νέο επίπεδο πληροφοριών που μπορεί να ενσωματωθεί στη διαδικασία λήψης αποφάσεων για τον εντοπισμό και την επιλογή τα πιο παραγωγικών ζώα. Τα κύρια πλεονεκτήματα της γονιδιωματικής επιλογής είναι ότι μπορεί να εφαρμοστεί πολύ νωρίς στη ζωή του ζώου, δεν είναι περιορισμένη σε συγκεκριμένο φύλο, και μπορεί να επεκταθεί σε οποιαδήποτε χαρακτηριστικά που καταγράφονται σε έναν πληθυσμό αναφοράς. Παρέχει, ειδικά για γνωρίσματα δύσκολα να βελτιωθούν, μια καλύτερη ακρίβεια επιλογής με ταυτόχρονη μείωση του διαστήματος μεταξύ γενιών, αυξάνοντας έτσι την ένταση της επιλογής. Επιπλέον, δεν περιορίζεται σε συγκεκριμένες οικογένειες. Ήδη από το 2006, ο Schaeffer (2006) έδειξε ότι με χρήση γονιδιωματικής επιλογής, το γενετικό κέρδος ανά έτος θα μπορούσε να διπλασιαστεί στα βοοειδή γαλακτοπαραγωγής, με δυνατότητα να μειωθεί το κόστος για την προμήθεια ταύρων κατά περισσότερο από 90%. Αντί τα βοοειδή να διέρχονται από ένα μακρύ και δαπανηρό έλεγχο απογόνων με καταγραφή των φαινοτυπικών πληροφοριών για μεγάλο αριθμό από θυγατέρες, τα ακριβή δεδομένα GEBV θα μπορούσαν να υπολογιστούν μέσω μιας οικονομικά αποδοτικής γονιδιωματικής μελέτης των καταλληλότερων γενοτύπων. Τα προφανή οφέλη που παρατηρήθηκαν σε γαλακτοπαραγωγικά βοοειδή μπορούν επίσης να μεταφερθούν σε άλλα είδη. Η ευρύτερη χρήση της γονιδιωματικής προσέγγισης, ή ακόμα και η γονιδιωματική επιλογή, υπόσχεται να είναι μια από τις επόμενες σημαντικές προόδους σε προγράμματα αναπαραγωγής για όλα τα ζωικά είδη. Καθώς συνεχίζουν να αναπτύσσονται αποδοτικά εργαλεία γονιδιωματικής για ζώα, φυτά και ψάρια, οι αντίστοιχες βιομηχανίες εκτροφής θα είναι σε θέση να λαμβάνουν αποφάσεις για επιλογή νωρίτερα, να βελτιώνουν τα χαρακτηριστικά που είναι δύσκολο να αντιμετωπιστούν με παραδοσιακές μεθόδους, και να παρέχουν στους καταναλωτές υψηλής ποιότητας, ασφαλέστερα τρόφιμα, μειώνοντας παράλληλα τον αντίκτυπο της εκτροφής στο περιβάλλον (περιβαλλοντικό αποτύπωμα) και διασφαλίζοντας την μακροπρόθεσμη βιωσιμότητα προϊόντων και εκτροφών. Οι εφαρμογές της γονιδιωματικής προσέγγισης στον τομέα εκτείνονται πολύ πέρα ​​από την αναπαραγωγή, επειδή εργαλεία γονιδιωματικής μπορούν επίσης να παρέχουν ακριβείς πληροφορίες σχετικά με την ταυτοποίηση των ζώων, την επικύρωση της πατρότητας (γεννήτορες) και την ιχνηλασιμότητα τροφών και ζωικών φυλών. Η γονιδιωματική μπορεί επίσης να εφαρμοστεί στη διαδικασία διαχείρισης των κοπαδιών με βελτιστοποίηση του ζευγαρώματος και τη μείωση της ενδογαμίας.

**Το Επόμενο Κύμα ανακαλύψεων και οι νέες προσεγγίσεις**

Συστοιχίες με υψηλότερη πυκνότητα SNPs με αρκετές εκατοντάδες χιλιάδες SNP έχουν ήδη αναπτυχθεί για διάφορα είδη ζώων. Στα βοοειδή, η επιτυχία της γονιδιωματικής επιλογής επεκτείνεται συνδυάζοντας διάφορες φυλές προκειμένου να αυξηθεί το μέγεθος του πληθυσμού αναφοράς και να προκύψουν αξιολογήσεις μεταξύ των φυλών. Η προσέγγιση αυτή θα αποδειχθεί πολύ επωφελής για φυλές με περιορισμένο αριθμό ατόμων ή φαινοτυπικά αρχεία, ή για τα είδη για τα οποία οι διασταυρώσεις μεταξύ των φυλών είναι ένα αποτελεσματικό εργαλείο στη διαδικασία της βελτίωσης. Καθώς το κόστος της αλληλούχισης συνεχίζει να μειώνεται και η πρόσβαση προς την αλληλούχιση ολόκληρου του γονιδιώματος για συγκεκριμένα άτομα καθίσταται προσιτή, ένα από τα επόμενα βήματα θα είναι να περιληφθούν δεδομένα αλληλούχισης ολόκληρου του γονιδιώματος σε γενετικές αξιολογήσεις ρουτίνας. Σύμφωνα με μια προσομοίωση παρουσιάζεται από τους Meuwissen και Goddard (2010), ένα κέρδος 40% στην ακρίβεια της πρόβλεψης των γενετικών τιμών θα μπορούσε να επιτευχθεί με τη χρήση των δεδομένων πλήρους αλληλούχισης αντί μόνο των δεδομένων από 30.000 συστοιχίες SNPs. Επιπλέον, με τη χρησιμοποίηση των δεδομένων αλληλούχισης ολόκληρου του γονιδιώματος, η πρόβλεψη της γενετικής αξίας παρέμεινε ακριβής, ακόμη και όταν τα δεδομένα αναφοράς και αξιολόγησης είχαν απόσταση 10 γενιών, δεδομένου ότι η ακρίβεια που παρατηρήθηκε ήταν παρόμοια με εκείνη για δεδομένα από την ίδια γενιά.

**Ευκαιρίες για τις αναπτυσσόμενες χώρες**

Στις αναπτυγμένες χώρες, φαινότυποι και γενεαλογίες έχουν καταγραφεί για ορισμένα είδη, όπως τα βοοειδή, για περισσότερα από 100 χρόνια. Ο έλεγχος απογόνων εφαρμόζεται εδώ και σχεδόν 50 χρόνια. Η εφαρμογή προγραμμάτων βελτίωσης στις αναπτυσσόμενες χώρες συχνά περιορίζονται από την απουσία προγραμμάτων καταγραφής φαινοτύπων για διάφορες φυλές ζώων και την έλλειψη αξιολόγησης ή εθνικών προγραμμάτων δοκιμών για την εκτίμηση της γενετικής αξίας των γεννητόρων. Η γονιδιωματική προσέγγιση θα πρέπει να βοηθήσει στον εντοπισμό των κρίσιμων πληθυσμών για τη διατήρηση ορισμένων τοπικών φυλών που είναι καλά προσαρμοσμένες και θα μπορούσαν να χρησιμοποιηθούν περαιτέρω για την αναπαραγωγή πολύτιμων ζώων μέσω ενός συνδυασμού επιλογής και διασταύρωσης. Φυσικά, όπως και με τη γονιδιωματική, μπορούμε να διαχειριστούμε μόνο ότι μπορούμε να μετρήσουμε, και η συλλογή ενός ελάχιστου αριθμού φαινοτύπων θα παραμείνει ένα από τα κρίσιμα και δύσκολα βήματα για την περαιτέρω ανάπτυξη της γονιδιωματικής επιλογής στις αναπτυσσόμενες χώρες.

**Συμπεράσματα και Προοπτικές για το Μέλλον**

Η ικανότητα να διερευνηθεί το γονιδίωμα, το μεταγράφωμα, το επιγονιδίωμα και το μεταγονιδίωμα οποιουδήποτε είδους με μεθόδους αλληλούχισης υψηλής απόδοσης ανοίγει ένα νέο κόσμο δυνατοτήτων. Περαιτέρω μείωση του κόστους αλληλουχίας θα συνεχίσει να οδηγεί σε ευρύτερη αποδοχή των νέων προσεγγίσεων και την εφαρμογή τους προς όφελος της έρευνας για την κτηνοτροφία και τους καταναλωτές. Όλα τα οικονομικά αποδοτικά είδη, υποείδη, και τα παθογόνα τους αναμφίβολα θα αλληλουχηθούν στο εγγύς μέλλον. Χιλιάδες συγγενικά γονιδιώματα επίσης θα αλληλουχηθούν για να ελεγχθεί η γενετική ποικιλότητα εντός και μεταξύ ομάδων γενετικών αποθεμάτων, προσφέροντας σημαντικές πληροφορίες για την εφαρμογή προγραμμάτων γονιδιωματικής επιλογής στις ανεπτυγμένες χώρες. Η Γονιδιωματική επιλογή θα ξεπεράσει τις συμβατικές μεθόδους και συγκεκριμένοι γενότυποι που θα ανιχνεύονται μέσω συστημάτων γενοτύπησης υψηλής απόδοσης, θα μπορούν να συνδέονται άμεσα με οικονομικές αξίες. Τα προγράμματα αναπαραγωγής θα καθοδηγούνται κυρίως από τα δεδομένα της γονιδιωματικής λόγω της ανώτερης οικονομικά και πολύ υψηλότερης απόδοσης. Νέα τεχνογνωσία στον τομέα της φαρμακογονιδιωματικής των ζώων θα συμβάλει στην αύξηση των εμβολίων και την εξειδίκευση των φαρμάκων, ενώ η διατροφογονιδιωματική θα βοηθήσει να δημιουργηθούν διατροφικά σχήματα ειδικά σχεδιασμένα με βάση το γονιδιωματικό προφίλ. Καθώς η γονιδιωματική θα συνεχίζει να παρέχει εξαιρετικά πολύτιμες βιολογικές πληροφορίες, το κλειδί για την περαιτέρω επιτυχία της γονιδιωματικής επιλογής και της γονιδιωματικής προσέγγισης θα είναι να συλλεχθούν οι πιο κατάλληλοι φαινότυποι, να εντοπισθούν τα αλληλόμορφα που τους καθορίζουν καθώς και οι ακριβείς μηχανισμοί με τους οποίους αυτοί παράγονται, και να συνδυαστούν τα αλληλόμορφα αυτά σε γραμμές αναπαραγωγής σε όσο το δυνατόν λιγότερες γενιές. Μπαίνουμε σε μια πραγματικά συναρπαστική εποχή που τροφοδοτείται από τη γονιδιωματική.

**Επισκόπηση**

* Υπάρχει σημαντική διαφορά μεταξύ ζήτησης, με βάση την αύξηση του πληθυσμού, και την τρέχουσα πορεία της απόδοσης της κτηνοτροφίας. Αυτό είναι και το σημείο εισόδου της γονιδιωματικής στην βελτίωση του ζωικού κεφαλαίου.
* Παρά το γεγονός ότι οι παραδοσιακές μέθοδοι αναπαραγωγής έχουν αποδειχθεί αποτελεσματικές στην επιλογή των ζώων με εύκολη μέτρηση των χαρακτηριστικών παραγωγής, αυτές οι μέθοδοι έχουν ουσιαστικά φτάσει στα όριά τους και χαρακτηριστικά που είναι πιο δύσκολο να μετρηθούν (και συχνά τα πιο σημαντικά) δεν μπορούν να επιλεγούν αποτελεσματικά, με τη χρήση παραδοσιακών μεθόδων.
* Η κούρσα του ανταγωνισμού για την αλληλούχιση του πρώτου ανθρώπινου γονιδιώματος, και, στη συνέχεια, ο αγώνας για να καταστεί εύκολη η αλληλούχιση για δεκάδες, αν όχι εκατοντάδες χιλιάδες, πρόσθετων ανθρώπινων γονιδιωμάτων, οδήγησε σε μια άνευ προηγουμένου (100 εκατομμύρια φορές) μείωση των τιμών της αλληλούχισης του DNA από το 1990. Η αλληλούχιση των γονιδιωμάτων των ζώων έχει επωφεληθεί από αυτό.
* Η αλληλούχιση του γονιδιώματος των οικονομικά σημαντικών ειδών του ζωικού κεφαλαίου έχει ως αποτέλεσμα την ανακάλυψη εκατομμυρίων πολυμορφισμών μονού νουκλεοτιδίου (single nucleotide polymorphism, SNP). Αυτοίoι πολυμορφισμοί μονών νουκλεοτιδίων έχουν αναπτυχθεί παράλληλα σε μικροσυστοιχίες DNA, επιτρέποντας μαζικές μελέτες συσχέτισης γονιδιώματος ώστε να εντοπιστούν συσχετίσεις γενοτύπου-φαινοτύπου τόσο για απλά και, ακόμη πιο σημαντικό, για πολύπλοκα χαρακτηριστικά.
* Καθοδηγούμενη από μια συνεχώς αυξανόμενη μείωση του κόστους της μέτρησης της γενετικής ποικιλομορφίας, μπαίνουμε σε μια νέα εποχή στην οποία οι πληροφορίες από αυτές τις μελέτες σε επίπεδο συσχέτισης γονιδιώματος θα πρέπει να χρησιμοποιηθούν αποτελεσματικά σε δοκιμές ρουτίνας χρησιμοποιώντας γονιδιωματική επιλογή. Η επιλογή μέσω Γονιδιωματικής ανάλυσης υπόσχεται πιο ελπιδοφόρα αποτελέσματα επειδή δεν έχει την απαίτηση της εκ των προτέρων γνώσης της θέσης των αλληλομόρφων ή των μοριακών δεικτών θέσεις και την απαίτηση ότι η επιλογή βάσει μοριακού δείκτη θα πρέπει να υλοποιηθεί εντός των οικογενειών.