
Editorial - Measuring diversity

In the early 1990s, FAO formulated and proposed the MoDAD (Measurement of Domestic Animal Diversity) initiative to use DNA markers to genetically characterize and quantify the diversity of breeds from the world's major livestock species, to contribute to the design of cost-effective management programmes for animal genetic resources (AnGR). The proposal helped prompt individual countries to begin to apply the ideas of MoDAD. Since that time, continual efforts have been made to improve the global coordination of molecular characterization studies. FAO collaborated with the International Society of Animal Genetics (ISAG) to create the ISAG-FAO Advisory Group on Animal Genetic Diversity to establish standards. The Advisory Group produced guidelines, including recommended microsatellite markers for the major livestock species (<http://lprdad.fao.org/cgi-bin/getblob.cgi?sid=-1,50006252>). Also, international organizations, such as the European Union, funded characterization studies in multiple countries (see www.econogene.eu as an example). The International Livestock Research Institute, in cooperation with partners such as the FAO-IAEA Joint Division, has evaluated breed diversity across Africa and Asia. Individual countries have supported studies, both of their own breeds and in developing countries.

Molecular characterization has been completed for more than 1 000 breeds. Nevertheless, the original goals of MoDAD are far from realized. Several thousand breeds remain to be characterized and no global analysis of independent studies has been done. For these reasons, characterization is among the strategic priorities of the *Global Plan of Action for AnGR*.

Several activities are underway to increase the number of breeds characterized and to use the existing data more effectively. The European Union

is supporting the project GLOBALDIV, which aims to provide a "*global view of livestock biodiversity and conservation*". GLOBALDIV is a network of approximately 30 experts, including FAO staff. Its objectives include reviewing methods for characterization, integrating data and disseminating experience from past studies, identifying future research priorities, and training personnel in AnGR characterization, conservation and utilization.

Scientists who plan future studies should ensure that their data can be standardized and included in global analysis in the most efficient and informative manner. Future work planned in GLOBALDIV includes the meta-analysis of existing data from independent studies. Scientists interested to participate in meta-analyses are encouraged to contact the AnGR group at FAO (via e-mail: DAD-IS@fao.org) whose members can also provide guidance on the collection of critical complementary information on phenotypes and farming system.

High-throughput genotyping methods based on single nucleotide polymorphisms (SNP) are rapidly replacing microsatellites for many applications. The ISAG-FAO Advisory Group is keeping abreast of these developments. The possible switch from microsatellites to SNP will, however, require research to allow the integration of data across platforms, as well as the design of SNP panels that correctly capture AnGR diversity. In the meantime, the current ISAG-FAO guidelines (with the newest marker lists) on molecular characterization remain valid. As always, molecular studies must be complemented with concurrent collection and analysis of phenotypic, farming system, and geographical data, as molecular studies cannot provide a proper picture of a breed's value if done in isolation.

The Editors

Éditorial - Mesurant la diversité

Au début des années 90 la FAO a proposé et formulé le MoDAD (Mesure de la diversité des animaux domestiques), une initiative qui utilise les marqueurs du DNA pour caractériser de du point de vue génétique et quantifier la diversité des races principalement présentes entre les espèces au niveau mondial, afin de contribuer au schéma des programmes de gestion des ressources génétiques animales (AnGR) avec des coûts effectifs. Cette proposition a aidé d'une manière efficace certains pays dans la mise en œuvre immédiate des idées du MoDAD. Depuis, des efforts ont été conçus pour améliorer la coordination globale des études de caractérisation moléculaire. La FAO a collaboré avec la Société Internationale de Génétique Animale (ISAG) dans la création d'un Groupe Consultatif pour la Diversité Génétique Animale ISAG-FAO, pour établir les standards nécessaires. Ce groupe a élaboré des directrices qui comprennent les marqueurs micro satellitaires pour la majorité des espèces domestiques (<http://lprdad.fao.org/cgi-bin/getblob.cgi?sid=-1,50006252>). Parallèlement, des organisations internationales telles que l'Union Européenne, ont réalisé des études de caractérisation dans différents pays (voir comme exemple www.econogene.eu). L'Institut International de Recherche sur l'Élevage en collaboration avec des partenaires comme la Division Conjointe FAO-IAEA, ont réalisé une évaluation sur la diversité en Afrique et en Asie. Certains pays ont contribué à ces études à titre individuel, aussi bien avec leurs propres races comme avec celles des pays en développement.

La caractérisation moléculaire a été complétée sur plus de 1 000 races. Cependant, les objectifs initiaux du MoDAD sont encore loin d'être atteints. Il reste encore des milliers de races à caractériser, et une analyse global des études indépendantes n'a pas été réalisée. En conséquence, la caractérisation se trouve parmi les priorités stratégiques du *Plan d'Action Mondial pour les Ressources Zoogénétiques*. Plusieurs activités sont en voie de développement pour améliorer le nombre de races caractérisées et pour utiliser les données existantes de façon efficace. L'Union Européenne soutient le projet GLOBALDIV qui a comme objectif fournir "une

vision globale de la biodiversité et conservation des races". GLOBALDIV est un réseau d'environ 30 experts, parmi lesquels certains appartenant à la FAO. Ses objectifs comprennent, entre autres, la révision des méthodes de caractérisation à travers l'intégration des données et des expériences de vulgarisation existantes en provenance des études précédentes et en identifiant les priorités de recherches futures, ainsi comme la formation du personnel de AnGR dans les domaines de la caractérisation, conservation et utilisation.

Les chercheurs qui planifient les études futures devront s'assurer que leurs données puissent être standardisées et incluses dans les analyses globales d'une manière plus efficace et informative. Les futurs travaux de GLOBALDIV comprennent le méta analyse des données existantes en provenance d'études indépendantes. On encourage les chercheurs intéressés à participer à ces méta-analyses a contacter avec le groupe AnGR de la FAO (par email: DAD-IS@fao.org) dont les membres peuvent également fournir des renseignements sur la saisie d'information critique complémentaire sur les phénotypes et sur les systèmes d'élevage.

Les investissements importants sur les méthodes de classification de génotypes basés sur les polymorphismes nucléotides individuels (SNP), vont rapidement remplacés les microsattellites dans différentes applications. Le groupe consultatif ISAG-FAO suit de près tous ces développements. Le passage probable de microsattellites à SNP exigera cependant une recherche qui permettra l'intégration des données d'une plate-forme à l'autre, ainsi que le dessin de bases SNP qui incluront correctement la diversité AnGR.

Entre temps, les directrices actuelles du groupe ISAG-FAO en matière de caractérisation moléculaire (qui comprennent la liste des nouveaux marqueurs), sont encore valable. Il est donc nécessaire que les études moléculaire soient complétées avec les saisies actuelles et avec les analyses phénotypiques, de système d'élevage, et de données géographiques, étant donné que les études moléculaires ne peuvent fournir une bonne vision des valeurs des races si celles-ci sont faites d'une manière isolée.

Les Editeurs

Editorial - Midiendo la diversidad

A principios de los años 90 la FAO formuló y propuso el MoDAD (Medición de la diversidad en los animales domésticos), iniciativa que utiliza los marcadores de ADN para caracterizar genéticamente y cuantificar la diversidad de las razas mayormente presentes a nivel mundial entre las especies, con el objetivo de contribuir al diseño de programas de gestión de los recursos zoogenéticos (AnGR) con costos efectivos. La propuesta ayudó al establecimiento inmediato en algunos países de la aplicación de las ideas del MoDAD. Desde entonces se han llevado a cabo esfuerzos continuos para mejorar la coordinación global de los estudios de caracterización molecular. La FAO colaboró con la Sociedad Internacional de Genética Animal (ISAG) en la creación del Grupo Consultor sobre Diversidad Zoogenética ISAG-FAO, para establecer los estándares necesarios. Este grupo ha elaborado unas líneas directrices que comprenden los marcadores microsatelitales para la mayor parte de las especies ganaderas (<http://lprdad.fao.org/cgi-bin/getblob.cgi?sid=-1,50006252>). Al mismo tiempo, organizaciones internacionales, tales como la Unión Europea, han realizado estudios de caracterización en distintos países (ver www.econogene.eu como ejemplo). El Instituto Internacional de Investigación Ganadera en colaboración con socios, tales como la División Conjunta FAO-IAEA, ha realizado una evaluación sobre la diversidad en toda África y Asia. Algunos países han contribuido en estos estudios a título individual, tanto de sus propias razas como aquéllas de países en desarrollo.

La caracterización molecular ha sido completada en más de 1 000 razas. Sin embargo, los objetivos iniciales del MoDAD están lejos de ser alcanzados. Quedan todavía varios miles de razas por caracterizar y no se ha realizado un análisis global sobre los estudios independientes. Por estas razones, la caracterización está entre las prioridades estratégicas del *Plan de Acción Mundial para los Recursos Zoogenéticos*.

Varias actividades están siendo desarrolladas para mejorar el número de razas caracterizadas y para utilizar los datos existentes de forma más efectiva. La Unión Europea apoya el proyecto GLOBALDIV, que tiene como objetivo proporcionar una "visión global de la biodiversidad y conservación de

las razas". GLOBALDIV es una red que cuenta aproximadamente con 30 expertos, incluidos algunos de la FAO. Sus objetivos comprenden, entre otros, la revisión de los métodos de caracterización a través de la integración de datos y divulgación de experiencias obtenidas de estudios llevados a cabo en el pasado, la identificación prioridades de investigación para el futuro, así como la formación de personal en la caracterización, conservación y utilización de los AnGR.

Los investigadores que planifican los futuros estudios deben asegurarse de que sus datos puedan ser estandarizados e incluidos en los análisis globales de la forma más eficaz e informativa posibles. Los futuros trabajos en GLOBALDIV incluyen el meta-análisis de datos existentes provenientes de estudios independientes. Se anima a los investigadores interesados en participar en estos meta-análisis a que contacten con el grupo AnGR de la FAO (por email: DAD-IS@fao.org) cuyos miembros pueden también proporcionar asesoramiento sobre la recogida de información crítica complementaria sobre fenotipos y sistemas de cría.

Las altas inversiones en métodos para la clasificación de genotipos basados en los polimorfismos de nucleótidos simples (SNP) están rápidamente sustituyendo los microsátélites en varias aplicaciones. El Grupo Consultor ISAG-FAO sigue muy de cerca estos desarrollos. Sin embargo, el paso probable de microsátélites a SNP requerirá, una investigación que permita integrar los datos de una plataforma a otra, así como el diseño de bases SNP que incluyan correctamente la diversidad AnGR.

Mientras tanto, las actuales líneas directrices de ISAG-FAO sobre caracterización molecular (que comprenden la lista de nuevos marcadores), siguen siendo válidas. Como siempre, los estudios moleculares deben ser complementados con la recopilación simultánea y el análisis de datos referidos al fenotipo, sistemas de cría, y distribución geográfica, ya que los estudios moleculares no pueden proporcionar una visión adecuada del valor de una raza si éstos se realizan de forma aislada.

Los Editores