

# Predicción de caracteres de inmunocompetencia en porcino combinando información genotípica y de microbiota intestinal

J. Calle-García\*<sup>1</sup>, Y. Ramayo-Caldas<sup>2</sup>, L.M. Zingaretti<sup>3</sup>, R. Quintanilla<sup>2</sup>, M. Ballester<sup>2</sup> & M. Pérez-Enciso<sup>1,4</sup>

<sup>1</sup> Centro de Investigación en Genómica Agrícola (CRAG), 08193, Bellaterra, España.  
[joancallegarcia@gmail.com](mailto:joancallegarcia@gmail.com)

<sup>2</sup> Instituto de Investigación y Tecnología Agroalimentarias (IRTA), 08140, Caldes de Montbui, Barcelona, España.

<sup>3</sup> Universidad Nacional de Villa María, Córdoba, Argentina.

<sup>4</sup> ICREA 08010, Barcelona, España

## Resumen

El objetivo de este trabajo es estudiar la integración de datos genotípicos y de abundancia de la microbiota intestinal para la inferencia de la heredabilidad ( $h^2$ ) y la microbiabilidad ( $b^2$ ) de seis caracteres de inmunocompetencia usando datos de 400 cerdos. Para los análisis se emplean más de 41K SNPs y 2945 *amplicon single variants* (ASVs). Para suavizar la distribución leptocúrtica y con exceso de ceros propia de los datos de abundancia de microbiota, se lleva a cabo la agrupación de los ASVs obtenidos siguiendo dos criterios: por abundancia y por filogenia (aproximadamente a nivel de género), obteniendo en ambos 232 grupos. Esta aproximación “holobionte”, novedosa y de creciente interés, carece de un consenso en cuanto a los métodos estadísticos óptimos a emplear para modelar cada fuente de variación. Es por esto que en el trabajo se emplean REML, Bayes C y *Bayesian reproducing kernel Hilbert space* (RKHS) con diferentes priors y en distintas combinaciones. El rendimiento de cada modelo se mide mediante predicción, usando tres particiones sin reemplazo. Para cada carácter se llevan a cabo más de 100 análisis. Los resultados obtenidos apuntan a que ningún modelo es más adecuado que el resto para modelar cada fuente de variación. Por lo general, la aproximación holobionte rinde mejores resultados que las aproximaciones individuales.

*Palabras clave: predicción, inferencia, integración, genotipo, microbiota, inmunocompetencia, Bayes, holobionte, cerdo*