

Yuliaxis Ramayo-Caldas, Laura M. Zingaretti, David Pérez-Pascual, Pamela A. Alexandre, Antonio Reverter, Toni Dalmau, Raquel Quintanilla, **Maria Ballester**

**Objetivos.** El objetivo del presente trabajo fue evaluar la contribución de la microbiota intestinal y el genoma del hospedador sobre la inmunocompetencia en porcino, e identificar biomarcadores microbianos asociados a inmunidad. **Material y métodos.** Se evaluaron 21 fenotipos de inmunidad (inmunoglobulinas, proteínas de fase aguda, poblaciones celulares inmunitarias o fagocitosis, entre otros), junto con la información genotípica (70,000 SNPs) y el perfil de la microbiota intestinal (gen 16S rRNA), en 389 cerdos sanos de 8 semanas de edad. Se implementaron metodologías basadas en estudios de asociación a nivel microbiano y modelos mixtos para integrar y estimar la contribución de ambas fuentes de información.

**Resultados.** La microbiabilidad ( $m^2$ : proporción de varianza explicada por la composición microbiana) estimada sugiere un importante rol de la microbiota intestinal, explicando entre el 15% y el 28% de la varianza fenotípica de los parámetros de inmunidad. Las estimaciones de heredabilidad ( $h^2$ : proporción de varianza explicada por el genoma) fueron en general similares a las de  $m^2$ , excepto para el nivel de haptoglobina en suero, que mostró mayor influencia microbiana ( $m^2 = 0.28$  vs  $h^2 = 0.14$ ) y las concentraciones de IgM e IgG en plasma, más determinadas por la genética del individuo ( $h^2 = 0.32-0.36$  vs  $m^2 = 0.16-0.18$ ). Se identificaron asociaciones positivas entre la abundancia de Fibrobacter y la capacidad fagocítica de los linfocitos ( $r = 0.37$ ), y de Megasphaera y la concentración serológica de haptoglobina ( $r = 0.26$ ). También se observaron asociaciones negativas de la abundancia de Streptococcus con el porcentaje de linfocitos ( $r = -0.34$ ), y de Desulfovibrio con los porcentajes de leucocitos y monocitos ( $r = -0.22$ ).

**Conclusiones.** En conclusión, nuestros resultados revelan un vínculo entre la composición de la microbiota intestinal y el sistema inmunitario en la especie porcina, y sugieren una naturaleza polimicrobiana de la inmunocompetencia. Así mismo, demuestran una contribución conjunta del genoma del individuo y del ecosistema microbiano intestinal en la modulación de la inmunocompetencia en porcino.