

Incorporación de datos de expresión génica de sangre en la predicción genómica de la inmunidad en porcino

Jové-Juncà^{1*}, T., Haas^{2,3}, V., Calus³, M. Quintanilla¹, R. y Ballester¹, M.

¹IRTA, Genética y Mejora Animal, 08140 Caldes de Montbui, Spain; ²University of Hohenheim, Animal science, 70599 Stuttgart, Germany; ³Wageningen University and Research, Animal breeding and genomics, Droevendaalsesteeg 4, 6708 PB Wageningen, Dutchland

*teodor.jove@irta.cat

INTRODUCCIÓN

La inclusión de caracteres inmunológicos como criterios de selección en programas de mejora genética ha sido propuesta como una estrategia para mejorar la robustez en porcino. Por otro lado, los avances recientes en la generación de datos ómicos de gran calidad hacen cada vez más factible su uso en programas de selección. En este estudio analizamos el potencial de incluir datos transcriptómicos en modelos predictivos de caracteres de inmunidad.

MATERIAL Y MÉTODOS

En una población comercial de 255 cerdos Duroc se midieron caracteres relacionados con la salud, entre ellos las concentraciones de inmunoglobulinas, cortisol y proteínas de fase aguda, así como las distintas subpoblaciones de leucocitos. La población fue genotipada con un chip comercial de 70K SNPs, y se realizó la imputación a nivel del genoma completo. Los datos transcriptómicos se obtuvieron a partir de RNA-Seq de sangre. Para la modelización se usaron diversos modelos mixtos: GBLUP, considerando datos genómicos (Van Raden, 2008); TBLUP, considerando datos transcriptómicos (Guo et al., 2016); GTBLUP, considerando ambos como efectos aleatorios independientes (Li et al., 2019); y los modelos GTCBLUP, GTCBLUPi y MBLUP considerando la interacción entre el efecto genómico y transcriptómico (Perez et al., 2022; Hass et al., 2025; Liang et al., 2022). GTCBLUP y GTCBLUPi corrigen la proporción de varianza del transcriptoma explicada por los datos genómicos con distintas asunciones sobre la varianza transcriptómica, mientras que MBLUP aplica una ponderación a los efectos aleatorios. La precisión de las predicciones de los modelos se calculó por validación cruzada.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El contraste de verosimilitudes entre los modelos confirmó la elevada significación del efecto del transcriptoma de sangre sobre los caracteres de inmunidad. Los modelos que consideraban el efecto del transcriptoma como factor aleatorio capturaban más proporción de varianza y ofrecían predicciones de los fenotipos más precisas que el modelo genómico (GBLUP) para la mayoría de los fenotipos analizados. A pesar de la redundancia de la información aportada por el genoma y el transcriptoma, considerar la interacción entre estos efectos no siempre comportó un incremento en la precisión del modelo. Así, el modelo GTCBLUP mostraba precisiones menores o iguales que el modelo GTBLUP, que consideraba los efectos genómico y transcriptómico como independientes, e incluso que el modelo que sólo incluía datos transcriptómicos (TBLUP). Los modelos GTCBLUPi y MBLUP fueron los que presentaron mejor ajuste y ofrecieron las predicciones más precisas de los fenotipos de inmunidad. Sin embargo, la inclusión de datos transcriptómicos no siempre reportó una mayor precisión de la evaluación genómica. Tan solo el modelo GTCBLUPi tendía a una mayor precisión de la predicción de los valores mejorantes genómicos que el modelo GBLUP, si bien la gran dispersión obtenida entre las distintas réplicas no permite ser concluyente al respecto.

CONCLUSIÓN

Se demuestra el interés de los datos transcriptómicos para mejorar el ajuste del modelo y la predicción de fenotipos de inmunidad en porcino, si bien la ganancia en precisión de la evaluación genómica está condicionada al ajuste de la interacción entre los efectos del genoma y el transcriptoma.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Guo et al. 2016, Theor Appl Genet 129:2413 • Haas et al., 2025, *pending publication* • Li et al. 2019, Front Genet 10:126 • Liang et al. 2022, J Anim Sci Biotechnol 13:103 • Perez et al. 2022, G3, 12, jkac258 • VanRaden 2008, J Dairy Sci 91:4414.

Agradecimientos: Este trabajo se engloba dentro del proyecto nacional METAPIGEN (PID2020-112677RB-C21-22), y la financiación interna del IRTA para becas predoctorales. Los autores agradecen la colaboración de Selección Batallé y del servicio de secuenciación del GNAG.