

ASOCIACIÓN DE POLIMORFISMOS EN LOS GENES *TFRC* Y *LRR32* CON LA RESILIENCIA EN CERDOS DUROC

Laghouaouta, H., Ros-Freixedes, R., Estany, J., Fraile, L. y Pena, R.N.

¹Departament de Ciència Animal, Universitat de Lleida – AGROTECNIO-CERCA Center, Lleida; houda.laghouaouta@udl.cat

INTRODUCCIÓN

En los últimos años, el concepto de resiliencia ha despertado un gran interés en el campo de la mejora genética animal (Berghof *et al.*, 2019), lo que ha llevado a elaborar nuevas medidas de resiliencia para poder examinar su determinismo genético y aplicar criterios de selección. En un estudio previo, hemos empleado la desviación en el ritmo de crecimiento para medir la resiliencia en cerdos desafiados con una vacuna comercial. Se calculó la diferencia (ΔP) entre el peso observado y predicho a partir de la curva de crecimiento de cerdos controles no vacunados (Laghouaouta *et al.*, 2021). Definimos los cerdos susceptibles como los que más les afecta el desafío y pierden más peso ($\Delta P < 0$). A partir de un estudio de asociación del genoma completo para ΔP , se identificaron genes candidatos involucrados en procesos de respuesta inmune, entre ellos, los genes del receptor de la transferrina (*TFRC*, SSC13) y del activador de factores TGFB (*LRR32*, SSC9). El objetivo del presente trabajo es evaluar los efectos aditivos y dominantes de variantes en estos genes (*TFRC* y *LRR32*) sobre el ΔP /peso predicho (% ΔP).

MATERIAL Y MÉTODOS

Se alinearon los datos de secuenciación completa del genoma de 159 animales Duroc con lecturas pareadas mediante NovaSeq 6000 (Illumina, San Diego, CA), con una cobertura media de 8X, mediante la herramienta BWA-MEM usando el *Sscrofa11.1* como genoma de referencia. Se filtraron las variantes presentes en los genes *TFRC* y *LRR32* usando el GATK *HaplotypeCaller* 3.8.0 (DePristo *et al.*, 2011) y se predijeron sus efectos mediante el *Variant Effect Predictor* (VEP) (McLaren *et al.*, 2016) de Ensembl. Teniendo en cuenta el efecto de las variantes y sus frecuencias alélicas, se seleccionaron la variante no sinónima rs345077060 A>G en *TFRC* y las variantes rs343201786 T>C y rs340922838 C>T situadas en las 3' y 5'UTR de *LRR32* para genotipar 259 cerdos Duroc con datos % ΔP mediante un protocolo HRM-PCR. Se estimaron los efectos aditivos y dominantes de los diferentes alelos sobre el % ΔP mediante un modelo lineal corrigiendo por el efecto lote usando el programa R.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Las tres variantes estudiadas han mostrado evidencias de asociación con el fenotipo % ΔP . Los cerdos de genotipo AA para el SNP *TFRC* rs345077060 mostraron valores de % ΔP más altos y positivos que los cerdos GG, mientras que los AG presentaron valores intermedios ($P < 0.001$). El efecto de sustitución del alelo A a G de este SNP fue de -3.4 ± 0.7 % ($P < 0.001$). Por otra parte, los valores % ΔP de los cerdos de genotipo CC para los dos SNPs del gen *LRR32* fueron superiores a los otros genotipos ($P < 0.05$). La sustitución del alelo T a C del SNP rs343201786 mostró un efecto aditivo de $+2.8 \pm 0.8$ % ($P < 0.01$) y dominante de -2.7 ± 1.1 % ($P < 0.05$). Asimismo, la sustitución del alelo C a T del SNP rs340922838 mostró un efecto aditivo de -2.9 ± 0.9 % ($P < 0.01$) y dominante de -2.4 ± 1.1 % ($P < 0.05$). Nuestros resultados indican que podría ser posible mejorar la resiliencia en cerdos mediante selección, sin embargo, sería necesario validar los resultados en otras poblaciones y en condiciones endémicas y epidémicas diversas.

CONCLUSIÓN

Nuestro estudio permitió identificar asociaciones significativas entre polimorfismos en los genes *TFRC* y *LRR32* con % ΔP como medida de la resiliencia en cerdos. Se prevé examinar estas asociaciones en otras poblaciones y entornos sanitarios para validarlas.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Berghof, T.V.L., *et al.* 2019. *Front. Genet.* 9: 692.
- DePristo, M.A., *et al.* 2011. *Nat. Genet.* 43: 491–501.
- Laghouaouta, H., *et al.* 2021. AIDA 2021.
- McLaren, W., *et al.* 2016. *Genome Biol.* 17: 122.

Agradecimientos: Proyecto financiado por el Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades RTI2018-097700-B-I00. H. Laghouaouta es beneficiaria de una beca FI (2020FI_B 00171).