

ANÁLISIS DE ASOCIACIÓN GENÓMICO DE LA RESILIENCIA EN CERDOS

Laghouaouta¹, H., Ros-Freixedes¹, R., Laplana¹, M., Estany¹, J., Fraile¹, L. y Pena¹, R.N.

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

INTRODUCCIÓN

La resiliencia se puede definir como la aptitud del animal para mantener su producción a pesar de los desafíos a los que puede enfrentarse (Colditz y Hine, 2016). Entre ellos, la infección por patógenos es muy común y puede producir pérdidas económicas importantes. Durante los últimos años, se han desarrollado varias estrategias para mejorar la respuesta a los patógenos y la resiliencia es una buena aproximación. Se han elaborado, en consecuencia, diferentes métodos para cuantificarla y poder aplicar criterios de selección (Scheffer *et al.*, 2018). En este trabajo, se ha usado una vacuna vírica atenuada como estresor externo en cerdos en crecimiento y se han empleado la desviación en el ritmo de crecimiento y los niveles de proteínas de fase aguda (haptoglobina) para identificar fenotipos de resiliencia y realizar un estudio de asociación genómica.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se han utilizado 322 cerdos comerciales de raza Duroc. A las 12 semanas de edad, se vacunaron 265 animales (Grupo V) con una vacuna comercial contra el virus de Aujeszky (Auskipra, Laboratorios Hipra, Amer, Girona) mientras que a 57 animales (Grupo C) se les administró suero salino. Se registró el peso a los -14, 0 y 28 días post vacuna (DPV). Se usó la curva de crecimiento del grupo C para predecir el peso a los 28 DPV de los animales vacunados. Posteriormente, se calculó la diferencia (ΔP) entre el peso observado y predicho de cada animal del grupo V. Además, se extrajeron muestras de sangre a los 0 y 4 DPV y se cuantificó el incremento de haptoglobina sérica (ΔH) a los 4 DPV. Cerdos con mayor ΔP y una menor activación de la haptoglobina sérica (menor ΔH) fueron considerados los más resilientes. Se genotiparon los animales vacunados mediante el chip GGP-Porcine 70K (Illumina, San Diego, CA, EUA). Tras realizar un control de calidad de los genotipos con el software Plink, se llevó a cabo un análisis de asociación entre los indicadores de resiliencia (ΔP y ΔH) y los SNPs mediante un análisis de regresión marcador a marcador y un análisis simultáneo de múltiples marcadores empleando los programas Gemma (Zhou y Stephens, 2012) y Gensel (Garrick y Fernando, 2013), respectivamente. Los SNPs que se asociaron con un p-valor $\leq 1E-4$ y un factor de Bayes ≥ 10 se consideraron relevantes y se anotaron los genes situados entre $\pm 1\text{Mb}$ a partir de Ensembl usando el Sscrofa11.1 como genoma de referencia. Se realizó el análisis de las anotaciones funcionales de los genes mediante la base de datos DAVID.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los fenotipos ΔP y ΔH han mostrado variabilidad suficiente como para ser utilizados como indicadores de la respuesta resiliente. El estudio de asociación genómico detectó regiones asociadas con ΔH en los cromosomas SSC8 (7.7-9.7 y 17-19 Mb), SSC10 (24.7-26.7 y 42.9-44.9 Mb), SSC11 (8-10 Mb) y SSC13 (5.7-7.7 Mb). Las regiones genómicas asociadas con ΔP fueron SCC1 (6.6-8.6 Mb), SSC2 (10.6-12.6 Mb), SSC9 (9.5-11.6 Mb) y SSC13 (132.8-136.7 Mb). En estas regiones, se localizan genes (PTGDR2, CD5, ADIPOR1, TFRC, LRR32) involucrados en procesos de respuesta inmune, respuesta al estrés y señalización celular.

CONCLUSIÓN

Nuestro trabajo ha elaborado indicadores para cuantificar la resiliencia en cerdos en crecimiento. Se identificaron diferentes regiones genómicas asociadas con la resiliencia. En base a estos indicadores, se extenderá el presente estudio con la selección de cerdos con alta o baja resiliencia para la secuenciación completa de su genoma.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

• Colditz, I.G. y Hine, B.C. 2016. Anim. Prod. Sci. 56: 1961-1983. • Garrick, D.J. y Fernando, R.L. 2013. Genome-Wide Association Studies and Genomic Prediction. pp. 275-298. • Scheffer, J.M. *et al.* 2018. PNAS. 115: 11883-11890 • Zhou, X. y Stephens, M. 2012. Nat. Genet. 44: 821-824.

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).