

ANÁLISIS DE GENOMA COMPLETO DE LA RESILIENCIA FRENTE A BROTES DE PRRSV EN CERDAS REPRODUCTORAS

Laplana, M., Ros-Freixedes, R., Estany, J., Fraile, L y Pena, R.N.
Departament de Ciència Animal, Universitat de Lleida – AGROTECNIO-CERCA Centre, 25198 Lleida,
España; marina.laplana@udl.cat

INTRODUCCIÓN

La resiliencia, definida como la capacidad de los animales para superar factores estresantes internos y externos, resulta un elemento clave en el sector de producción animal. En los cerdos, uno de los factores de estrés más relevantes es el virus del síndrome respiratorio y reproductivo porcino (PRRSV) que provoca graves problemas de salud y pérdidas de productividad en las granjas. Estudios previos han demostrado la existencia de una base genética en la resiliencia de caracteres reproductivos como son la tasa de abortos (Pena *et al.*, 2019) y el número de cerdos nacidos vivos, número de cerdos momificados y número de pérdidas (Laplana *et al.*, 2020) en cerdas reproductoras durante un brote de PRRSV. El objetivo de este estudio es identificar y caracterizar a nivel de genoma completo las variantes genéticas que influyen en la estabilidad del rendimiento reproductivo durante los brotes de PRRSV.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se ha secuenciado a baja cobertura (7X) el genoma completo de 48 cerdas con fenotipos extremos para la estabilidad del rendimiento reproductivo. Los animales se han seleccionado de una población de 305 cerdas Landrace x Large White proveniente de una granja positiva estable para PRRSV con datos reproductivos recopilados durante casi 3 años hasta que se produjo un brote epidémico de PRRSV en 2017. La estabilidad del rendimiento reproductivo (ERR) frente a la infección por PRRSV se ha calculado como la diferencia entre el número de pérdidas durante el brote de PRRSV y la media de pérdidas en los partos en situación endémica. Las cerdas se han clasificado como “estables” si ERR <1 lechón (N=22) o “sensibles” si ERR >1 lechón (N=26). Los datos de secuenciación se han analizado utilizando una rutina bioinformática basada en BWA y GATK y los programas PLINK, GEMMA y R.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Tras un filtrado inicial de los datos con PLINK en el que se eliminaron las variantes con MAF <0.1 y missings superiores a 0.2, se han analizado más de 14.5 millones de variantes polimórficas en la población. El análisis de asociación a nivel de genoma completo utilizando una matriz de parentesco genético para corregir la estructura poblacional de los datos ha identificado 13 regiones del genoma en 11 cromosomas que contienen 44 variantes ($P < 10^{-6}$) asociadas al fenotipo “estable” de ERR. 304 genes se localizan en las regiones a ± 1 Mb de las variantes relevantes. Un análisis funcional preliminar de estos genes mediante *gene ontology* ha revelado, entre otros, la relación de dichos genes con funciones moleculares como unión a receptores RAGE, implicados en procesos inflamatorios, unión a receptores ephrin, implicados en el desarrollo embrionario, angiogénesis y migración celular, actividad motora o unión a factores de crecimiento.

CONCLUSIÓN

Estos resultados indican la existencia de variabilidad genética relacionada con la estabilidad de los caracteres reproductivos ante un brote de PRRSV. El siguiente paso consistirá en validar los resultados utilizando toda la población y replicarlos en otra población con distinta base genética. La identificación de marcadores genéticos puede ser de utilidad para identificar cerdas resilientes que puedan hacer frente con éxito a una infección epidémica por PRRSV sin sufrir deterioro en su estado de salud o en los parámetros productivos.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Laplana, M., Estany, J., Fraile, L.J. & Pena, R.N. 2020. *Animals*. 10: 902.
- Pena, R.N., Fernández, C., Blasco-Felip, M., Fraile, L.J. & Estany, J. 2019. *Viruses*. 11: 706.

Agradecimientos: Los autores agradecen el apoyo de Piensos del Segre SA en la realización de este experimento y la generosidad de los veterinarios involucrados en este estudio. Proyecto financiado parcialmente por FEDER y el Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades (RTI2018-097700-B-I00 y COMRD116-1-0035-03). M. Laplana es beneficiaria de una beca del programa UdL-Impuls.