

BÚSQUEDA DE BIOMARCADORES PARA ESTRÉS TÉRMICO A PARTIR DE LA INTEGRACIÓN DE DATOS ÓMICOS EN CERDAS IBÉRICAS REPRODUCTORAS

Muñoz^{1*}, M., López-García¹, A., Palma-Granados^{1,2}, P., Gómez³, G., Matos³, G., Óvilo¹, C. y García-Casco^{1,2}, J.M.

¹Departamento Mejora Genética Animal, INIA-CSIC, Madrid, ²Centro de Investigación en cerdo Ibérico INIA-Zafra, INIA-CSIC, Zafra (Badajoz), ³Sánchez Romero Carvajal, Jabugo (Huelva)
*mariamm@inia.csic.es

INTRODUCCIÓN

Una de las consecuencias del calentamiento global es el estrés térmico, que altera la fisiología de los animales reduciendo la eficiencia reproductiva. Los cerdos ibéricos se han adaptado durante siglos a las duras condiciones ambientales del suroeste de la península Ibérica, especialmente en verano, cuando las temperaturas mínimas pueden sobrepasar los 20 °C durante días. A pesar de esta adaptación, hemos observado efectos negativos del aumento de la temperatura sobre caracteres de prolificidad como el índice de parto o el peso de camada. En este trabajo se ha realizado un análisis de integración de datos de microRNAs circulantes y metaboloma de plasma sanguíneo, y microbioma vaginal de cerdas reproductoras, tomados en dos épocas, con estrés térmico (HS) y sin estrés térmico (NHS), con el objeto de identificar señales multiómicas altamente correlacionadas que permitan discriminar entre las dos y encontrar biomarcadores asociados a HS.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se recogieron muestras de sangre y exudado vaginal de un total de 24 cerdas en celo en dos estros consecutivos, junio-julio (HS) y noviembre (NHS) con una temperatura media de 23,84 °C y 9,84 °C durante el muestreo, respectivamente. En las muestras de sangre, se separó el plasma mediante centrifugación y se caracterizó el perfil de microARNs circulantes mediante secuenciación total de ARNs pequeños en 18 muestras (9 por grupo) y el metaboloma de 24 muestras (12 por grupo). El exudado vaginal se empleó para caracterizar su microbioma mediante secuenciación del gen 16S rRNA en 42 cerdas (21 por grupo). Los datos de las tres ómicas se integraron utilizando el procedimiento *Data Integration Analysis for Biomarker Discovery using Latent cOmponents (DIABLO)* del paquete *mixOmics* en R (Singh *et al.*, 2019). Se llevó a cabo un análisis supervisado con la función *block.plsda*, utilizando los dos primeros componentes principales y un diseño en el que se dieron pesos de 0,1 a las correlaciones entre set de datos para maximizar la capacidad discriminante del análisis.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Una vez puesto el modelo a punto y seleccionadas una serie de variables que maximizasen la capacidad discriminadora del modelo, las correlaciones resultantes entre el primer componente de los tres grupos de datos fueron altas (0,85 microRNAs-microbioma; 0,88 microRNAs-metaboloma; 0,84 microbioma-metaboloma), discriminando mejor entre los dos grupos (HS y NHS) los datos de microRNAs y metaboloma. El análisis mostró correlaciones superiores a 0,7 entre 14 microRNAs, 11 variantes de secuencia de amplicón (ASVs) y 13 metabolitos. Los dos microRNAs que más varianza explican dentro del componente 1 son *ssc-mir-769* y *ssc-mir-296*, más expresados en época termoneutral; *ssc-mir-769* mostró su correlación más alta (0,83) con un ASV del género *Streptococcus*, también más abundante en época termoneutra y con un metabolito que no pudo ser anotado. Por otro lado, *ssc-mir-296* mostró su correlación más elevada con un ASV del género *Desemzia* (0,83), más abundante en época termoneutra.

CONCLUSIÓN

Los resultados muestran al menos cuatro candidatos para ser biomarcadores potencialmente relacionados con HS, útiles para identificar o prevenir situaciones ambientales adversas.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Singh, A., *et al.* 2019. *Bioinformatics*. 35: 3055-3062.

Agradecimientos: Este trabajo ha sido financiado con el proyecto RTI2018-096189-J-I00 (FEDER/Ministerio de Ciencia e Innovación – Agencia Estatal de Investigación). Queremos dar las gracias a la empresa Sánchez Romero Carvajal (SRC) y al personal de la granja Monte Castilla (Huelva) por la ayuda recibida durante la recogida de muestras.