

simuGMsel: Una herramienta para simular la evolución del microbioma. Aplicación en un experimento de selección divergente

C. Casto-Rebollo^{1*}, I. Pocrnic², G. Gorjanc², N. Ibáñez-Escriche¹

¹Instituto de Ciencia y Tecnología animal. Universitat Politècnica de València, C/Camino de Vera s/n, València, 46022, Spain.

*crिकासre@posgrado.upv.es

²The Roslin Institute, The University of Edinburgh, Easter Bush Campus, Edinburgh, EH25 9RG, UK

Summary

La composición del microbioma influye en la respuesta del huésped a la selección y contribuye a los fenotipos complejos. La composición del microbioma es un carácter multifactorial, cuya variabilidad depende de la herencia microbiana, el genoma del huésped y las propias interacciones microbianas. El alto coste de las técnicas basadas en secuenciación limita la disponibilidad de datos empíricos. Por ello, son necesarios otros enfoques para evaluar las estrategias de estudio del microbioma. El objetivo de este trabajo fue desarrollar una herramienta que permitiera simular la evolución del microbioma del huésped bajo selección. Los resultados que se muestran es una aplicación en un experimento de selección divergente en base al fenotipo en conejos, considerando tanto la herencia del genoma como la del microbioma. Para ello se simuló el genoma y el microbioma de una población base de 1000 individuos, y se calculó el fenotipo considerando una varianza genética y del microbioma de 0.13. Para la simulación del microbioma se tuvo en cuenta una herencia microbiana donde el individuo estaba expuesto al 80% de las especies de un microbioma parental (PM; microbioma materno) y un 20% de un microbioma ambiental (EM). Además, se consideró que, de las 1000 especies simuladas, sólo 35 especies afectaban al fenotipo del individuo. Se realizó la simulación de tres escenarios, dependiendo de la heredabilidad microbiana asignada a un 10% de las especies: baja heredabilidad microbiana (LMH), heredabilidad microbiana intermedia (IMH), y alta heredabilidad microbiana (HMH). Los resultados mostraron tendencias genéticas, del microbioma y fenotípicas a lo largo de 13 generaciones de selección. Sólo se observaron diferencias en la contribución del microbioma al fenotipo en el escenario con un alto efecto genético del microbioma en el huésped (HMH), teniendo en cuenta heredabilidades microbianas entre 0.5 y 0.9. Estos resultados, bajo la simulación asumida, mostraron que es necesaria una alta heredabilidad microbiana para observar una contribución significativa del microbioma a la respuesta a la selección. Este es un trabajo preliminar y actualmente se está implementando una matriz de relaciones de simbiosis entre las especies bacterianas para tener en cuenta cómo la interacción entre especies bacterianas modula también la abundancia de cada especie. Las mejoras del programa estarán disponibles para la comunidad investigadora.

Financiación. Este estudio ha sido financiado con el proyecto PID2020-114705RB-I00 del Ministerio de Ciencia e Innovación (MIC)-Agencia Estatal de Investigación (AEI) y el Fondo Europeo de Desarrollo Regional (FEDER), y la beca EST19/00713 del Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades.

Keywords: simulación, microbioma, genoma, selección, conejos

