

Modelos multiómicos para la era postgenómica: incorporación de información epigenética

A. López-Catalina^{1,2,3,*}, A. Reverter³, O. González-Recio¹

¹Departamento de Mejora Genética Animal, Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA), CSIC, Crta. de la Coruña km 7.5, 28040, Madrid, Spain.

²Departamento de Producción Agraria, Escuela Técnica Superior de Ingeniería Agronómica, Alimentaria y de Biosistemas, Universidad Politécnica de Madrid, Ciudad Universitaria s/n, 28040, Madrid, Spain.

³CSIRO Agriculture & Food, Queensland Bioscience Precinct, 306 Carmody Road, Brisbane, Queensland 4067, Australia.

*Corresponding autor: alopez.catalina@inia.csic.es

Resumen

El uso de la selección genómica en la última década ha permitido duplicar la tasa de ganancia genética en poblaciones ganaderas, facilitando una mejora constante y sostenida de los fenotipos animales asociados a caracteres económicos. En la actualidad, no solo contamos con información genómica, sino que también podemos obtener caracteres -ómicos, como la microbiota, marcas epigenéticas o datos de transcriptómica a un coste asequible. En concreto, las marcas de metilación, permiten medir la interacción del genoma de un individuo con su ambiente para poder adaptarse mejor a este. La aparición de nuevas tecnologías técnicas de secuenciación emergentes, como EpiGLOWS, ofrecen oportunidades para la adquisición simultánea y rentable de datos genéticos y epigenéticos, por lo que debemos estudiar cómo integrar correctamente nuevos caracteres intermedios en los programas de selección.

En este estudio, secuenciamos el metiloma de 6 vacas lecheras y utilizamos esta información para simular el perfil de metilación de 13.183 animales genotipados, con el fin de determinar el impacto de añadir información de metilación sobre el fenotipo en las evaluaciones genómicas mediante un modelo multiómico (GOBLUP). La heredabilidad de la producción de leche estimada con el modelo BLUP tradicional aumentó en función del valor de la heredabilidad simulada para la susceptibilidad a la metilación. (0,20 para $h^2_{\text{meth}} = 0,1$; 0,21 para $h^2_{\text{meth}} = 0,3$ y 0,23 para $h^2_{\text{meth}} = 0,8$). Sin embargo, la heredabilidad estimada con el método GOBLUP permaneció constante independientemente de la heredabilidad de la susceptibilidad a la metilación. Esto sugiere que es posible separar adecuadamente las varianzas del carácter de estudio y la susceptibilidad a la metilación.

Los modelos tradicionales parecen capturar parte de la varianza epigenética como varianza aditiva. Los modelos multiómicos proporcionan una mejor identificación de las varianzas epigenéticas y aditivas en el carácter de interés, lo que permite tomar decisiones de selección más informadas y optimizar la selección para los rasgos deseados.

Keywords: epigenética en bovino lechero, metilación, modelo multiómico, metilación en programas de mejora