

GALLO 2.0: Una herramienta para la priorización funcional de genes candidatos posicionales

Pablo A.S. Fonseca¹, Aroa Suárez-Vega², y Ángela Cánovas^{3}*

¹ Instituto de Ganadería de Montaña (CSIC-Universidad de León), León, España

² Universidad de León, León, España

³ Universidad de Guelph, Departamento de Biociencias Animales, Centro de Mejora Genética del Ganado, N1G 2W1, Guelph, ON, Canadá.

* acanovas@uoguelph.ca

Resumen

El desarrollo de herramientas sencillas para procesar e integrar resultados obtenidos a partir de estudios ómicos es una necesidad crítica en todos los campos de investigación. A pesar del uso intensivo de tecnologías ómicas en el sector ganadero para investigar numerosos caracteres productivos, existe una falta de herramientas accesibles para el análisis de datos de alto rendimiento en comparación con otras especies como humanos y organismos modelo. GALLO (Genomic Annotation in Livestock for positional candidate LOci) es un paquete en R diseñado para proporcionar un entorno automatizado y sencillo para la anotación de genes y loci de caracteres cuantitativos (QTL) en regiones candidatas obtenidas a partir de estudios ómicos en especies ganaderas. Publicado inicialmente en CRAN en septiembre de 2020, actualmente (enero de 2026) cuenta con más de 49.000 descargas y 264 citas (Google Scholar).

En los últimos años, GALLO se ha utilizado en diferentes estudios sobre la base genética de caracteres económicamente relevantes como fertilidad, producción, salud y resiliencia en bovinos de leche y carne, caprinos, ovinos, porcinos y aves. La demanda y retroalimentación de los usuarios, junto con el análisis de enfoques comunes en genética animal, impulsaron el desarrollo de nuevas funcionalidades en GALLO. Entre ellas destacan la investigación de la base biológica de las correlaciones genéticas entre caracteres, la implementación de ajustes más eficientes para pruebas múltiples y métodos de priorización génica. El objetivo de este trabajo es presentar las nuevas funcionalidades incluidas en la mayor actualización de GALLO desde su lanzamiento inicial.

Las pruebas de rendimiento se realizaron en el entorno R (versión 4.2.0) en un equipo con procesador Intel® Core™ i5-10400 (2.9 GHz) y 16 GB de RAM. Entre las nuevas funcionalidades se incluye la estimación de efectos pleiotrópicos basados en marcadores mediante un estadístico chi-cuadrado multivariante, la estimación del número de marcadores efectivos y segmentos cromosómicos independientes, y el cálculo de valores p a nivel génico mediante distintos enfoques basados en meta-análisis y desequilibrio de ligamiento.

Asimismo, GALLO 2.0 permite la visualización de interacciones entre grupos de características mediante redes dinámicas y el cálculo de métricas de centralidad. También incorpora un pipeline para la integración de datos ómicos y funcionales mediante técnicas de aprendizaje representacional, que permite estimar probabilidades posteriores de asociación (PPA) para priorizar genes candidatos.

Los resultados muestran un buen rendimiento computacional de las nuevas funciones y confirman la utilidad de enfoques basados en redes para la priorización de genes con efectos pleiotrópicos en caracteres productivos y de salud en ganado. Este pipeline puede aplicarse fácilmente a otras especies y conjuntos de fenotipos.

En conclusión, GALLO 2.0 introduce nuevas herramientas para la detección de efectos pleiotrópicos, la estimación de marcadores efectivos, el cálculo de valores p a nivel génico, y la visualización y priorización génica basada en redes. Estas mejoras amplían significativamente la capacidad de los usuarios para integrar datos de alto rendimiento y estudiar la arquitectura genética de caracteres complejos en especies ganaderas.

Keywords: GALLO, priorización génica, ómicas, genética animal, GWAS

Agradecimientos: PASF agradece al Consejo Superior de Investigaciones Científicas (CSIC) por las Ayudas para la incorporación de personal Científico Titular (Acceso libre OEP 2022), que permitieron

la participación en este evento. AC gratefully acknowledge funding support from the Natural Sciences and Engineering Research Council of Canada (NSERC) Alliance, the Beef Cattle Research Council (BCRC) Beef Cluster Fund, Beef Farmers of Ontario (BFO), the Ontario Ministry of Agriculture, Food and Agribusiness (OMAFRA), the Agricultural Research Institute of Ontario (ARIO), and the Canada First Research Excellence Fund.