

Integración del microbioma en modelos genómicos: comparación entre GBLUP y GO-BLUP

Santiago N. Saez-Torillo^{1*}, Tuan Q. Nguyen², Joana Lima², Mathew A. Cleveland³, Rainer Roehe², Marina Martínez-Álvaro¹

¹ Universitat Politècnica de València, Camí de Vera S/N, 46022, Valencia, España

² Scotland's Rural College, West Mains Road, EH9 3JG, Edinburgo, Reino Unido

³ Genus Plc., 100 Bluegrass Hope Court, 53532, DeForest, Estados Unidos de America

* snsaetor@upv.es

Resumen

La precisión en la estimación de valores genéticos (EBVs) es determinante en la respuesta a la selección. Los caracteres productivos están afectados directamente por la genética del animal e indirectamente por efectos mediados por fenotipos intermedios. En este contexto, la creciente disponibilidad de datos ómicos, como el microbioma, ofrece una oportunidad para ser incorporados en las evaluaciones genéticas y mejorar la precisión de los EBVs.

El objetivo de este estudio es evaluar si la inclusión del microbioma puede mejorar la precisión de las evaluaciones genéticas. Se utilizó una población de 1,458 terneros cruzados (British Blue × Holstein) comerciales, todos genotipados y con medidas de microbioma ruminal. Éste se caracterizó mediante secuenciación metagenómica, identificándose 1122 géneros microbianos (MG) y 6,963 Kegg Ontologies (KO), de los cuales se seleccionaron 131 MG y 2.554 KO (presentes en al menos 70% de los animales) para los análisis posteriores. Los caracteres analizados fueron: ganancia media diaria (ADG), ingesta de materia seca (DFI), eficiencia alimentaria (FCR), consumo residual (RFI), peso de canal (CW), grasa subcutánea entre la 12^a y 13^a costilla (SFT), área de la sección transversal del músculo *Longissimus dorsi* (EMA) y grasa intramuscular (IMF).

Cada carácter se analizó con tres modelos de predicción genómica: GBLUP, GO-BLUP usando la matriz de relaciones metagenómicas (MRM) calculada con MG y otro modelo con la MRM calculada con KO. Los modelos se ajustan en 100 iteraciones de validación externa en donde los fenotipos del set de validación se enmascaran. La capacidad predictiva (PA) de cada modelo se calculó como $\text{cor}(y_{\text{test}} - Xb, \text{EBV}_{\text{test}})$. Adicionalmente, se implementó un modelo *Random Regression* GO-BLUP para estimar la contribución de cada variable microbiana a la varianza genética total explicada por el microbioma. Se estimaron los componentes de varianza: microbiabilidad (c^2), heredabilidad directa (h^2_d), total (h^2_t) y del microbioma (h^2_m).

Los resultados mostraron que la h^2_t estimada mediante GO-BLUP fue similar a la obtenida con GBLUP (rango 0.19–0.34) tanto para MG como KO, indicando que ambos tipos de modelos capturan niveles comparables de variación genética total. Sin embargo, la c^2 fue baja (0.01–0.06), lo que sugiere que la mayor parte de la variación explicada sigue siendo atribuible a efectos genéticos directos.

GO-BLUP ajustado con MG mostró mejoras en PA para ADG, DFI y FCR en comparación con GBLUP (+28%, +11%, +13% respectivamente); y cuando GO-BLUP se ajustó con KO, se observó mejora para ADG, FCR y EMA (+38%, +17%, +12%). Para otros caracteres, como RFI, SFT, CW o IMF, no se detectaron diferencias relevantes entre PAs.

El género *UBA2810* (familia Succinivibrionaceae), explicó la mayor proporción de varianza genética mediada por MGs, siendo 22% en ADG, 12% en DMI y 23% en FCR. En cuanto a KOs, K07126 explicó ~5% de varianza genética en los 3 caracteres.

En conclusión, la incorporación de información metagenómica mediante GO-BLUP mejora la precisión de las evaluaciones genéticas para ciertos caracteres productivos.

Keywords: Integración Multi-Ómica, GO-BLUP, Metagenómica Ruminal, Vacuno de carne, Eficiencia Alimentaria.

Agradecimientos

Marina Martínez-Álvaro agradece al Ministerio de Ciencia e Innovación de España la concesión de una ayuda Ramón y Cajal (RYC2021-032618-I), financiada por MCIN/AEI/10.13039/501100011033 y la Unión Europea NextGenerationEU/PRTR. Este proyecto ha sido financiado por el Gobierno de

Escocia, el Department for Environment, Food & Rural Affairs (Defra), el programa UKRI Transforming Food Production Challenges (Innovate UK, nº 10045515) y Genus plc. La investigación se basa en datos de experimentos financiados por el Gobierno de Escocia, el Agriculture and Horticulture Development Board (AHDB) Beef & Lamb, Quality Meat Scotland (QMS) y Defra. Los datos metagenómicos se generaron con el apoyo del Biotechnology and Biological Sciences Research Council (BBSRC) mediante las ayudas BB/N01720X/1 y BB/S006567/1. Santiago N. Saez-Torillo agradece la financiación PAID-01-2023 de la Universitat Politècnica de València.