

BASE GENÉTICA DE LA RESPUESTA AL COMPLEJO RESPIRATORIO PORCINO

Laghoudaouta*, H., Fraile, L. y Pena, R.N.

Departament de Ciència Animal, Universitat de Lleida – AGROTECNIO-CERCA Center, Lleida

*houda.laghoudaouta@udl.cat

INTRODUCCIÓN

El complejo respiratorio porcino es la consecuencia de una infección polimicrobiana, usualmente causada por una combinación de virus y bacterias (Assavacheep y Thanawongnuwech, 2022), de muy difícil control en la práctica. En nuestro entorno, una coinfección muy común es la del virus del síndrome respiratorio y reproductivo porcino (PRRSv) acompañada de *Streptococcus suis* (*S.suis*) o *Actinobacillus pleuropneumoniae* (*APP*). Los animales criados bajo las mismas condiciones presentan diferentes respuestas a la infección, sugiriendo una posible componente genética de la respuesta del huésped, y por consecuencia, la posibilidad de su mejora mediante selección. Por lo tanto, el objetivo de este trabajo fue investigar la base genética de la respuesta al complejo respiratorio en cerdos.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se usaron 160 cerdos de tres lotes de una granja de cerdas comercial con una infección diagnosticada de PRRSv x (*S.suis* o *APP*) en su pirámide de producción. Los cerdos que murieron durante los brotes clínicos o que permanecieron en enfermerías durante la cría y no llegaron a su objetivo de crecimiento fueron considerados casos ($N = 80$). Los cerdos que obtuvieron un crecimiento óptimo (5% superior) fueron considerados controles ($N = 80$). Se secuenciaron los casos y controles con lecturas pareadas mediante NovaSeq 6000 (Illumina, San Diego, CA) a una cobertura media de 4,8X (SD 3,7X). Tras realizar un control de calidad de los genotipos con el software PLINK (Chang *et al.*, 2015), se llevó a cabo un análisis de asociación genómico entre la clasificación (caso/control) y las variantes (7,8 M), ajustando por la matriz de parentesco genómico y el efecto lote (3 niveles) con el software GEMMA (Zhou y Stephens, 2012). Variantes con un p -valor $\leq 1E-6$ se consideraron asociadas. Se anotaron los genes situados a 0,5 Mb de la variante más significativa de cada región mediante Biomart, y se realizó un análisis funcional de los genes usando la base de datos DAVID y una búsqueda bibliográfica.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El análisis de asociación genómico para la respuesta al complejo respiratorio identificó 37 variantes en 11 regiones genómicas en los cromosomas (SSC) 2, 3, 4, 7, 8, 10, y 14. Se detectaron genes candidatos involucrados en la respuesta a infecciones previamente descritos para el PRRSv (*DDX24*, *IFI27*, *UCLH5*, *BECN2*, *MAP1LC3C*, y *RO60*). Se identificaron, también, genes de familias con funciones importantes para la respuesta inmune, por ejemplo, DEAD-Box Helicase (*DDX*) y los reguladores de la señalización de proteína G (*RGS*). Además, las regiones genómicas en SSC8 (128,7-129,7 Mb), SSC7 (115,3-116,3 Mb) y SSC10 (15,0-16,2 Mb) han sido previamente asociadas con la resiliencia general en otras poblaciones de cerdos (Laghoudaouta *et al.*, 2024; Mancin *et al.*, 2024). Los resultados sugieren la presencia de una componente genética poligénica en la respuesta de los cerdos al complejo respiratorio, principalmente regulada por genes relacionados con la respuesta inmune.

CONCLUSIÓN

El estudio de asociación genómica permitió mostrar la componente poligénica de la respuesta al complejo respiratorio porcino. Las regiones detectadas solapan con regiones que fueron asociadas anteriormente con la resiliencia en cerdos, corroborando sus efectos en la respuesta inmune y la resiliencia. Por otra parte, se detectaron genes candidatos relevantes cuya caracterización y validación en otras poblaciones está prevista para confirmar los efectos encontrados.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Assavacheep, P. y Thanawongnuwech, R. 2022. Front. Vet. Sci. 9: 1048861
- Chang, C.C., *et al.* 2015. Gigascience 4: 7
- Laghoudaouta *et al.* 2024. J. Anim. Breed. Genet. 142: 79-91
- Mancin, E., *et al.* 2024. BMC Genomics 25: 1128
- Zhou, X. y Stephens, M. 2012. Nat. Genet. 44: 821-824.

Agradecimientos: Proyecto financiado por el Ministerio de Ciencia, Innovación y Universidades y Fondos FEDER ("ERDF A way of making Europe"; grant PID2021-124149OB-I00).