

ESTRATEGIAS DE CLASIFICACIÓN MICROBIANA BASADAS EN MODELOS RECURSIVOS PARA MEJORAR LA EFICIENCIA ALIMENTARIA EN CERDOS IBÉRICOS

Núñez^{1*}, P., Martínez-Boggio², G., Casellas³, J., Varona⁴, L., Peñagaricano², F. e Ibáñez-Escriche¹, N.

¹Universitat Politècnica de Valencia, 46022 España; ²Universidad de Wisconsin-Madison,

53706 Estados Unidos; ³Universitat Autònoma de Barcelona, 08193 España;

⁴Universidad de Zaragoza, 50013 España

*pnuez@posgrado.upv.es

INTRODUCCIÓN

El perfil microbiano intestinal juega un papel importante en la salud porcina y estudios recientes han demostrado que su composición contribuye a explicar parte de la variación observada en el crecimiento, inmunidad y la calidad de carne (Calle-García *et al.*, 2023; Sebastià *et al.*, 2023; Aliakbari *et al.*, 2021). El objetivo general de este trabajo fue proponer un método basado en modelos recursivos para la clasificación de bacterias según su potencial aplicación en estrategias genéticas o nutricionales.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se utilizaron datos procedentes de cerdos Ibéricos alimentados con comederos automáticos en un núcleo de selección (IngaFood S.A, Extremadura, España). Se dispuso de información del índice de conversión (IC) y el consumo residual (RFI) de 587 machos enteros hasta los 180 días de edad. Adicionalmente, a los 140 días de vida se recolectaron muestras de heces de 151 animales para analizar la composición microbiana (16S ARNr). El análisis estadístico se realizó mediante modelos animales bivariantes entre cada fenotipo de eficiencia y cada uno de los “*amplicon sequence variant*” (ASV) del microbiota para estimar los componentes de varianza. Posteriormente, estos estimadores fueron reparametrizados al modelo recursivo (Varona *et al.*, 2024), para estimar el efecto causal $\lambda_{p \leftarrow m}$ de cada ASV en el fenotipo de interés, y separar el efecto genético directo de los genes sobre el fenotipo ($G \rightarrow P$) de los efectos indirectos mediados a través del microbioma ($G \rightarrow M \rightarrow P$). Finalmente, los ASV con un efecto causal relevante fueron clasificados en diferentes grupos según su heredabilidad (h^2), con el objetivo de evaluar su potencial uso diferencial.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

De un total de 375 ASV analizados, se identificaron 14 ASV con efectos relevantes en IC y 16 ASV con efectos relevantes en RFI. El rango de h^2 microbianas estuvo entre 0,09 y 0,85, con una media de 0,44. Todos los ASV con efectos relevantes tuvieron una $h^2 > 0,25$. En general, las covarianzas genéticas mostraron un sentido opuesto al parámetro de recursividad $\lambda_{p \leftarrow m}$, lo que podría deberse al reducido número de observaciones empleado en este estudio. Por este motivo, este estudio no propone ASV específicos para su selección, sino más bien una metodología para clasificarlos, basada en modelos recursivos. Según el criterio propuesto, los ASV relevantes con baja h^2 podrían manipularse a través de la dieta o prácticas de manejo, mientras que los ASV con alta h^2 podrían potencialmente utilizarse en mejora genética.

CONCLUSIÓN

La reparametrización a modelos recursivos es una valiosa herramienta para entender las relaciones entre el genoma del huésped, el microbioma, y los fenotipos de eficiencia. Esto permite clasificar bacterias y determinar posibles prácticas de manejo. Sin embargo, son necesarios estudios con un mayor número de observaciones para aumentar la precisión de las estimaciones.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

• Aliakbari *et al.* 2021. JABG 138(4): 491-507. • Calle-García *et al.* 2023. GSE 55(1): 29. • Sebastià *et al.* 2023. mSystems 9(1): e01049-23. • Varona *et al.* 2024. GSE 56(1): 33.

Agradecimientos: A IngaFood S.A. por los animales, personal e instalaciones utilizadas en este estudio. Este estudio se realizó en el marco del proyecto PID2020-114705RB-I00 y la beca predoctoral FPI PRE 2021-097003 de Pedro Núñez, financiada por el Ministerio de Ciencia e Innovación.