

HACIA LAS EVALUACIONES POST-GENÓMICAS: USO DE INFORMACIÓN EPIGENÉTICA EN PROGRAMAS DE MEJORA

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

¹Departamento de Mejora Genética Animal, INIA-CSIC, Crta. de la Coruña km 7,5; 28040, Madrid, España; ²Universidad Politécnica de Madrid, Ciudad Universitaria s/n, 28040, Madrid, España;

³CSIRO Agriculture & Food, 306 Carmody Road, St. Lucia, Brisbane, Queensland 4067, Australia

*alopez.catalina@inia.csic.es

INTRODUCCIÓN

La disponibilidad de datos multi-ómicos, a costes cada vez más asequibles, abre nuevas oportunidades para optimizar los programas de selección. En particular, las marcas de metilación del ADN reflejan la interacción del genoma con el ambiente, regulando la expresión génica y contribuyendo a la adaptabilidad de los individuos. Un ejemplo del impacto de la epigenética es el desarrollo embrionario, durante el cual el feto realiza una reprogramación genética que puede influir en su vida adulta. El balance energético negativo al que están sometidas las vacas lecheras puede afectar a la reprogramación del feto gestante. Sin embargo, su integración en los modelos de evaluación genética requiere metodologías adecuadas para maximizar su utilidad en programas de selección. Este trabajo tiene dos objetivos: i) proponer un método de incorporación de la información epigenética en los métodos estadísticos de estimación de componentes de varianza y evaluaciones genéticas, ii) detectar marcas de metilación en terneras recién nacidas asociadas al estrés metabólico de las madres.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se secuenció el metiloma de seis vacas lecheras y se utilizó esta información para simular el perfil de metilación de 13.183 bovinos genotipados. Se adaptó el modelo multi-ómico recursivo (GOBLUP) para incorporar la información de metilación, y se utilizó el enfoque tradicional (BLUP) como método de referencia (López-Catalina *et al.*, 2025). Paralelamente, se empleó el chip de marcas epigenéticas del proyecto europeo RUMIGEN para realizar un epi-GWAS, integrando información genómica y epigenética para identificar regiones asociadas con la concurrencia o no de la lactación materna durante la gestación de la ternera. Se analizaron 480 muestras epi-genotipadas, con un total de 44.053 marcas de metilación, junto con datos de 63.388 SNPs.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El modelo GOBLUP estimó con precisión la heredabilidad de la susceptibilidad a la metilación en diferentes escenarios (baja, media y alta heredabilidad) y permitió distinguir los efectos epigenéticos de los aditivos en caracteres complejos. Se propuso un nuevo Valor Epigenético Estimado (EEV), que combina información genética y epigenética, mostrando una correlación más alta con el valor genético verdadero (TBV) que los valores genéticos estimados tradicionales (EBV). El epi-GWAS identificó 146 posiciones con P-valor < 0,05, de las cuales 26 fueron significativas tras ajuste FDR, con un 40% localizadas en regiones génicas. Los genes asociados a estas regiones, como *SPTSSB*, *EFHB*, *MGC134040*, *HJV* y *NEUROD6*, están involucrados en procesos clave del desarrollo embrionario, la respuesta inmune y la adaptación a estímulos ambientales. El desarrollo de tecnologías emergentes, como EpiGLOWS (González-Recio, 2023) y los chips de epi-genotipado, permite la obtención simultánea de datos genéticos y epigenéticos a un coste asequible.

CONCLUSIÓN

Este estudio demuestra la viabilidad de incluir información epigenética en programas de mejora genética, optimizando la precisión de la selección al separar los efectos genéticos y epigenéticos. La integración de datos de metilación a través de modelos multi-ómicos como GOBLUP permite incluir la influencia ambiental sobre la regulación genética. El desarrollo de tecnologías emergentes que permiten la obtención simultánea de información genética y epigenética contribuirá a la implementación de nuevas metodologías en la mejora animal, optimizando la selección en entornos productivos cambiantes.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

• López-Catalina, A. *et al.* 2025. J. Anim. Breed. Genet. <https://doi.org/10.1111/jbgs.12925> • González-Recio, O. *et al.* 2023. J. Anim. Sci. Biotechnol. 14: 98.