

## Innovations in veterinary medicine and animal science: the era of molecular biology and genomic data analysis

The generation and analysis of genomic data in veterinary medicine and animal science are of great importance due to their ability to provide a deep understanding of molecular processes, thereby enhancing animal treatment and production. This analysis includes preprocessing, filtering, descriptive analysis, statistical analysis, and gene network construction. It offers a comprehensive view of the molecular landscape at the cellular level.

Interest in genomic data for animals began with the sequencing of model organism genomes and the use of genetic sequence variations (particularly single nucleotide polymorphisms) to explain and select traits of productive or heritable resistance interest. This process started about 20 years ago, but in the past decade there has been a significant increase in interest in the generation and analysis of genomic data, especially transcriptomic data (messenger RNA quantification). These data provide a broader perspective than purely genetic data by including epigenetic and environmental factors that also shape molecular processes.

In Colombia, interest in genomic data has developed almost simultaneously. In 2020, for the first time, students from the Faculty of Veterinary Medicine and Animal Science took the Genomic Statistics course I offer in the Department of Statistics at the Universidad Nacional de Colombia (Bogotá Campus). Since then, several students have participated in the course using their own data generated at the University or through collaborative projects, gaining expertise in data analysis. Recently, there has been a growing focus on using genomic data analysis to find solutions for extracting information from single-cell data using molecular biology techniques that have been developed since around 2010. Currently, most of this data is generated for human studies, but similar data is now also available for animals.

The global and Colombian research communities in veterinary medicine and animal science have recognized the power of genomic data analysis and its potential to enhance understanding of biological processes for: 1. improving animal health by facilitating more precise diagnostics and treatments; 2. selecting animals with desirable traits such as disease resistance, higher meat or milk quality, and greater productive efficiency; 3. understanding responses to environmental stressors; 4. innovating in animal nutrition to design more effective feeding plans; 5. conserving species; and 6. supporting biotechnological development.

Single-cell data analysis can further support research in these areas by providing a deeper understanding of molecular biology and animal immunology. In veterinary medicine, it can also: 1. support early disease detection for more effective intervention; 2. contribute to the development of personalized therapies in the future; and 3. enhance reproductive and developmental studies by allowing investigation into cellular differentiation and development processes in embryos and reproductive tissues.

A significant advantage of having veterinarians and animal scientists at our University who possess the knowledge and skills for genomic data analysis is that it enables us

to remain competitive internationally with the most current data analysis techniques. Additionally, numerous freely available genomic datasets in repositories such as NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) can expand our knowledge and contribute to the development of veterinary medicine and animal science in all of the aforementioned areas. This access allows for the formulation of biological hypotheses before generating our own data, thus making research in Colombia more efficient.

Liliana López Kleine

Full Professor

Department of Statistics

Faculty of Sciences

Universidad Nacional de Colombia (Bogotá Campus)

Bioinformatics and Systems Biology Research Group

Biostatistics Methods Research Group

## **Innovaciones en veterinaria y zootecnia: la era de la biología molecular y el análisis de datos genómicos**

La generación y el análisis de datos genómicos en veterinaria y zootecnia es de gran importancia debido a su capacidad para ofrecer una comprensión profunda de los procesos moleculares y, con ello, mejorar el tratamiento y la producción animal. Su análisis abarca el preprocesamiento, el filtro, la descripción, el análisis estadístico y la construcción de redes génicas. Esto da un panorama completo del paisaje molecular a nivel celular.

El interés por este tipo de datos en animales inició con la secuenciación de los genomas de animales modelo y el uso de las variaciones a nivel de la secuencia genética (especialmente polimorfismos de nucleótido simple) para explicar y seleccionar rasgos de interés productivo o de resistencia heredables. Este proceso comenzó hace unos veinte años, pero, en la última década, el interés en la generación y el análisis de los datos genómicos, sobre todo transcriptómicos (cuantificación del ARN mensajero), ha aumentado de manera considerable. Estos ofrecen una visión más amplia que la puramente genética por incluir aspectos epigenéticos y ambientales que también moldean los procesos moleculares.

En Colombia, el interés ha sido casi simultáneo. En 2020, por primera vez, estudiantes de la Facultad de Medicina Veterinaria y Zootécnica tomaron el curso Estadística Genómica, que ofreció en el Departamento de Estadística de la Universidad Nacional de Colombia (Sede Bogotá). Desde ese momento, varios estudiantes han participado en el curso con datos propios generados en la Universidad o proyectos colaborativos y se han formado en el análisis de estos datos. Recientemente, el interés del análisis de datos genómicos se ha volcado en encontrar soluciones para extraer información de los datos de célula única con técnicas de biología molecular que se generaron alrededor de 2010. En la actualidad, la mayoría de estos datos se generan para humanos, pero ya existen también en animales.

La comunidad de investigadores en veterinaria y zootecnia a nivel mundial y en Colombia ha comprendido el poder del análisis de los datos genómicos y cómo este puede aumentar la comprensión de los procesos biológicos para 1. la mejora de la salud animal, al facilitar diagnósticos y tratamientos más precisos; 2. seleccionar animales con características deseables como resistencia a enfermedades, mejor calidad de carne o leche, mayor eficiencias productiva, entre otras; 3. comprender respuesta a estresores ambientales; 4. innovar en nutrición animal para el diseño de planes de alimentación más efectivos; 5. conservar especies y 6. apoyar el desarrollo para biotecnología.

El análisis de datos a nivel de célula única puede apoyar la investigación en los mismos sentidos con una comprensión aún más profunda de la biología molecular y la inmunología animal. En medicina veterinaria puede, además, 1. apoyar la detección temprana de enfermedades para una intervención más efectiva, 2. contribuir al desarrollo de terapias personalizadas en el futuro y 3. mejorar la reproducción y el desarrollo al permitir investigar los procesos de diferenciación y desarrollo celular en embriones y tejidos reproductivos.

En nuestra Universidad, la gran ventaja de contar en la actualidad con médicos veterinarios y zootecnistas con los conocimientos y las competencias para el análisis de datos genómicos es que, además de ser competitivos a nivel internacional en las técnicas más actuales del análisis de datos, en los bancos de datos genómicos como el NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) hay numerosos conjuntos de datos libres para ampliar el conocimiento y aportar al desarrollo de la medicina veterinaria y la zootecnia en todos los aspectos mencionados arriba, lo que permite emitir hipótesis biológicas antes de generar datos propios y hacer más eficiente la investigación en Colombia.

Liliana López Kleine

Profesora titular

Departamento de Estadística

Facultad de Ciencias

Universidad Nacional de Colombia (Sede Bogotá)

Grupo de Investigación en Bioinformática y Biología de Sistemas

Grupo de investigación en Métodos en Bioestadística