COMPONENTES DE VARIANZA DE LA PRODUCCIÓN DE METANO EN VACUNO DE LECHE EN ESPAÑA

López-Paredes[1], J., Rey[2], J., Atxaerandio[2], R., Garcia-Rodriguez[2], A., Goiri[2], I., Ugarte[2], E. Ruiz[2], R, Jiménez-Montero, J.A[3], Alenda[4], R. y González-Recio, O.[4,5]
[1]Federación Española de Criadores de Limusín. [2]NEIKER-Tecnalia. [3]Confederación de Asociaciones de Frisona Española. [4]Escuela Técnica Superior De Ingeniería Agronómica, Alimentaria y de Biosistemas-UPM. [5]Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria.
javierlopez@razalimusin.org

INTRODUCCIÓN

La Unión Europea se ha comprometido a reducir sus emisiones de gases de efecto invernadero (GEI) en un 40% para el año 2040 en relación con los niveles de 1990. El sector ganadero, particularmente los rumiantes, contribuye aproximadamente con el 12-15% del total de las emisiones antropogénicas de GEI (Havlík et al., 2014). En la UE, el sector ganadero representa aproximadamente el 10-13% de las emisiones totales de GEI (Leip et al., 2010). De los diversos gases de efecto invernadero producidos por los rumiantes, el metano (CH_4) entérico es el más importante, y además supone una pérdida de eficiencia del animal, ya que supone que la energía de la dieta consumida no se transforma en energía útil. La producción de CH_4 es un carácter heredable, pero se requieren mediciones precisas y repetibles de la emisión de CH_4 para evaluar la eficacia de las posibles estrategias de selección para unas menores emisiones de CH_4 (Hammond et al., 2016). El peso relativo de las emisiones de CH_4 se ha estimado entre el 4 y el 12% en los índices de selección. El objetivo de este trabajo es estimar los componentes de varianza del carácter emisiones de CH_4 y su relación con otros caracteres de interés económico para poder establecer estrategias de selección con un peso adecuado sobre las emisiones de metano.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se registraron los datos correspondientes a las eructaciones de CH_4 procedentes de 701 vacas en 8 rebaños con robot de ordeño. Las mediciones de metano fueron realizadas utilizando un sensor de infrarrojos no dispersivo (NDIR; Guardian NG Edinburgh Instruments Ltd., Livinstong, UK) colocado en el comedero del robot de ordeño, en periodos de 14-21 días. El carácter producción de metano (CH_4) se definió como la concentración media de los picos de eructación por minuto (ppm/min) de cada semana, de manera que se registró un dato de producción de metano por semana para cada animal. Se utilizaron los datos de kg leche (KGL), grasa (KGG) y proteína (KGP) procedentes del control lechero más cercano dentro del periodo de muestreo en estas granjas (Tabla 1). Un total de 204 vacas se genotiparon con el chip Illumina EuroG10K, y 481 machos en genealogía se genotiparon con el chip BovineSNP50 de Illumina. Los genotipos de las vacas fueron imputados a 50K utilizando la población de referencia española usando Beagle (Browning y Browning, 2009).

Tabla 1. Número de datos, media y desviación estándar de producción de metano, y del control lechero para producción de leche, producción de grasa y proteína.

Carácter	n	Media (desviación estándar)
Metano (CH_4), ppm/min	2.097	3308 (3294)
Leche (KGL), kg/d	701	35,00 (8,82)
Proteína (KGP), kg/d	701	1,15 (0,24)
Grasa (KGG), kg/d	701	1,25 (0.39)

La estimación de componentes de varianza de los caracteres se realizó utilizando diferentes procedimientos: 1) BLUP - evaluación BLUP tradicional utilizando el software BLUPF90 (Misztal et al., 2009). 2) ssGBLUP - evaluación con el método single-step combinando la información genómica y las relaciones de pedigrí. Los modelos incluyeron los efectos ambientales de rebaño-semana-robot, número de lactación y los días en lactación como covariable. Además se incluyeron los efectos aleatorios permanente y aditivo.

Las correlaciones genéticas se estimaron mediante modelos bicarácter utilizando estadística bayesiana. Además, se calcularon las correlaciones entre los EBVs de CH4 y el resto de los caracteres del ICO utilizando las valoraciones genéticas oficiales de CONAFE (2018) para los toros con hijas con fenotipo de CH4.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La Tabla 2 muestra la heredabilidad (h^2), repetibilidad (c^2), varianza genética aditiva (σ^2_a), varianza permanente (σ^2_p), y varianza residual (σ^2_e) de CH_4 obtenidas en los análisis. La estima de la h^2 para CH_4 fue de 0,23 con el modelo BLUP. Se obtuvo una estima ligeramente superior con el modelo ssGBLUP: 0,28. La repetibilidad del CH_4 fue alta con ambos modelos (0,67-0,68), lo que sugiere que una gran proporción de varianza fenotípica puede ser explicada por factores relacionados con la dieta, el estado de lactación y el animal, incluida la genética, pero también factores de comportamiento o jerarquías dentro del rebaño que afecten al consumo y la eficiencia individual de los animales. Estos resultados fueron similares a los estimados por Pszczola et al. (2017), quien obtuvo una h^2 para los g/d de CH_4 de 0,27 (0,09) y una c^2 del carácter entre 0,17 y 0,40. Negussie et al. (2017) estimaron una c^2 entre 0,40 y 0,46 para el carácter expresado en l/d, mientras que de Haas et al. (2011) estimaron una h^2 de 0,35 para las emisiones de CH_4 predichas a partir del consumo. Lassen y Løvendahl (2016) estimaron una h^2 de 0,21 (0,06) para los g/d de CH_4.

***Tabla 2**. Heredabilidad (h^2), repetibilidad (c^2), varianza genética aditiva (σ^2_a), varianza permanente (σ^2_p), y varianza residual (σ^2_e) de emisiones de CH_4 para la valoración genética tradicional (BLUP) y mediante la valoración single step (ssGBLUP).*

Modelo	h^2	c^2	σ^2_a	σ^2_p	σ^2_e
BLUP	0,23	0,67	470 (229)	889 (207)	648 (25)
ssGBLUP	0,28	0,68	561 (240)	817 (209)	648 (25)

La Tabla 3 muestra la medias y desviaciones estándar de las distribuciones posteriores de los componentes de varianza estimados en los modelos bicarácter. La h^2 fue superior a la estimada en BLUP y en ssGBLUP. Se estimó una correlación negativa con KGL (-0,13). Esta correlación fue contraria a la estimada por Lassen y Løvendahl (2016) con la producción de leche corregida por contenido de grasa y proteína (0,43). También se estimó una correlación negativa con KGG (-0,21), pero positiva con KGP (0,06). Estas estimas fueron similares a las de Kandel et al. (2017) para KGL (entre -0,24 y -0,19) y KGP (entre -0,05 y -0,04), pero de signo contrario para KGG (entre 0,11 y 0,12), pero también bajas y cercanas a cero. En todos los casos las distribuciones posteriores tienen una amplia desviación estándar y contienen a cero. Así, estas correlaciones pueden definirse como bajas o nulas.

***Tabla 3**. Heredabilidad (h^2), repetibilidad (c^2), varianza genética aditiva (σ^2_a), varianza permanente(σ^2_p) y varianza residual (σ^2_e), covarianza y correlación genética con las emisiones de CH_4 en el modelo bicarácter de producción de leche (KGL), producción de proteína (KGP) y producción de grasa (KGG) expresadas en kg/d y CH_4 expresado en ppm/min.*

	h^2	c^2	σ^2_a	σ^2_p	σ^2_e	$r_{CH4,xi}$
CH_4	0,34(0,12)	0,68(0,25)	694 (345)	727(292)	651 (248)	-
KGL	0,31(0,08)	0,97(0,20)	18,53(5,22)	39,94(5,54)	1,16(0,04)	-0,13(0,39)
KGP	0,33(0,10)	0,96(0,10)	0,02(0,01)	0,03(0,01)	0,00(0,00)	0,06(0,39)
KGG	0,15(0,09)	0,90(0,20)	0,02(0,01)	0,08(0,01)	0,02(0,00)	-0,21(0,46)

La Tabla 4 muestra las correlaciones entre los valores genéticos de los padres de las hijas con fenotipo de CH_4, siendo bajas pero positivas con KGG y KGP, y negativas con KGL. Se obtuvieron correlaciones más fuertes del CH_4 con la estatura (0,12-0,15) y la fertilidad (0,25-0,27) expresada en días abiertos, asociando una mayor producción de CH_4 a aquellos animales con un mayor tamaño y una mejor fertilidad. Hay pocos trabajos en la literatura que relacionen el carácter emisión de CH_4 con otros caracteres de interés productivo, encontrándose correlaciones ligeramente favorables entre el peso vivo y CH_4 (Lassen y Løvendahl, 2016).

Tabla 4. *Correlaciones estimadas entre el valor genético de metano de los modelos BLUP y ssGBLUP con los valores genéticos estimados en las evaluaciones genéticas oficiales de CONAFE (2018) (n=208 toros con hijas en los datos) para producción de leche (KGL), producción de grasa (KGG), producción de proteína (KGP), estatura (EST), ICO, recuento de células somáticas (RCS), días abiertos (DA). (En negrita se muestran aquellos con P<0.01).*

	KGL	KGG	KGP	EST	ICO	RCS	IPP	ICU	ICAP	BCS	LONG	DA
BLUP	-0,02	0,07	0,01	0,12	0,04	-0,05	0,03	-0,09	0,01	0,05	0,05	**0,25**
ssGBLUP	-0,03	0,07	0,00	**0,15**	0,05	-0,05	0,06	-0,06	0,05	0,06	0,07	**0,27**

Los resultados obtenidos en este estudio muestran que la producción de CH_4 tiene una componente genética relevante que explica alrededor de una cuarta parte de la varianza fenotípica. Además, las correlaciones genéticas con los principales caracteres del objetivo de selección son cercanas a cero, y por tanto hay un parece que habría margen de mejora del carácter sin perjudicar la productividad de la población. Sin embargo, es importante tener en cuenta la correlación desfavorable con la fertilidad en este estudio y debería en tal caso ponderarse correctamente en los índices de selección.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

● Browning, B.L. & Browning, S.R. 2009. The American Journal of Human Genetics 84:210-223. ● de Haas, Y. et al. 2011. Journal of Dairy Science 94(12): 6122–6134. ● Garnsworthy, P.C., et al. 2012. Journal of Dairy Science 95(6): 3166-3180. ● Hammond, K.J. et al. 2016. Animal Feed Science and Technology 219: 13-30. ● Havlík, P. et al. 2014. PNAS 111 (10): 3709-3714. ●Kandel, P.B. et al. 2017. Journal of Dairy Science 100(7): 5578-5591. ● Lassen, J. & Løvendahl, P. 2016. Journal of Dairy Science 99(3): 1959-1967. ● Leip, A. et al. 2010. Evaluation of the livestock sector's contribution to the EU greenhouse gas emissions (GGELS). ● Misztal, I. et al. 2002. In Proceedings of the 7th world congress on genetics applied to livestock production 33: 743-744. ● Negussie, E. et al. 2017. Animal 11(5): 890-899. ● Pszczola, M. et al. 2017. Journal of Animal Science 95(11): 4813-4819.

Agradecimientos: Los autores agradecen la colaboración de los ganaderos participantes, y de la Federación Frisona de Euskadi (EFRIFE).

VARIANCE COMPONENT OF METHANE EMISSION IN SPANISH HOLSTEIN POPULATION

ABSTRACT: Data from 701 cows of methane production were analyzed through three proceedings: traditional BLUP, single step GBLUP (ssGBLUP) and multiple trait BLUP using Bayesian theory. Heritability for methane was 0.23, 0.28, and 0.34 in BLUP, ssGBLUP, and multiple trait analyses, respectively. Genetic correlations of methane with milk yield, protein and fat production were -0.30, 0.06, and -0.20, respectively. The correlations between EBVs for methane and EBVs from other traits in the ICO were computed, resulting in low to moderate correlations between methane and size or fertility.

Keywords*:* methane, dairy, single-step GBLUP, genomic selection, heritability.