

COMPONENTES PRINCIPALES DEL METAGENOMA, UN “FENOTIPO” HEREDABLE Y GENÉTICAMENTE CORRELACIONADO CON LAS EMISIONES DE METANO

Saborío-Montero¹, A., López-García¹, A., Gutiérrez-Rivas¹, M., Atxaerandio², R., Goiri², I., García-Rodríguez², A., Jiménez-Montero³, J.A., González¹, C., Tamames⁴, J., Puente-Sánchez⁴, F., Varona⁵, L., Serrano¹, M., Óvilo¹, C. y González-Recio¹, O.

¹Departamento de mejora genética animal. Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria. Crta. de la Coruña km 7.5, 28040 Madrid, España. ²Departamento de Producción Animal, NEIKER-BRTA, Campus Agroalimentario de Arkaute s/n, 01192 Arkaute, España. ³Confederación de Asociaciones de Frisona Española (CONAFE). Ctra. de Andalucía km 23600 Valdemoro, 28340 Madrid, España. ⁴Departamento de Biología de Sistemas, Centro Nacional de Biotecnología (CNB), CSIC, Madrid, España. ⁵Facultad de Veterinaria, Universidad de Zaragoza, 50013, Zaragoza, España; gonzalez.oscar@inia.es

INTRODUCCIÓN

La mitigación de las emisiones de metano entérico de los rumiantes es relevante para reducir su impacto ambiental e incrementar la rentabilidad de los sistemas de producción a través de la mejora de la eficiencia alimentaria. El objetivo de este estudio fue analizar datos hologenómicos para proponer estrategias de análisis del metagenoma y estudiar su potencial aplicación en la cría selectiva para reducir las emisiones de metano.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se analizaron lecturas largas de secuenciación por nanoporos del metagenoma del rumen de 437 vacas Holstein genotipadas con el chip EuroG LD 12K de EuroGenomics Cooperative. La composicionalidad de la microbiota se controló mediante transformación logarítmica centrada de ratios (CLR) y los datos transformados se combinaron mediante análisis de componentes principales (PCA) con el objetivo de explicar la variabilidad conjunta mediante un número reducido de variables. Las coordenadas de los 5 primeros componentes (PCs) se utilizaron como fenotipo dentro de modelos animales bivariados junto con las emisiones de metano registradas durante el ordeño de cada animal mediante un detector de metano infrarrojo (The Guardian NG, Edinburgh Sensors, Escocia).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La clasificación taxonómica del metagenoma identificó 1240 géneros, 503 familias, 277 órdenes, 158 clases y 86 filos. Se identificaron conglomerados según la clasificación taxonómica a nivel de superreino, que separaron a los microorganismos eucariotas (en valores positivos del PC1) de las bacterias y arqueas (en valores negativos del PC1) a todos los niveles taxonómicos. La proporción de la varianza explicada por los PCs 1 a 5 a nivel de filo fue 31,0%, 2,7%, 2,7%, 1,8% y 1,8%, respectivamente. La heredabilidad estimada para las emisiones de metano fue de 0.16 con un intervalo de mayor densidad posterior (HPD95%) de 0.02 a 0.35 y la del PC1 fue de 0.30 (HPD95%=0.12 a 0.50) a nivel de filo. La correlación genética entre las emisiones de metano y el PC1 a nivel de filo fue 0.74 (HPD95%=0.055 a 0.998). Las estimaciones de parámetros genéticos fueron similares en otros niveles taxonómicos para PC1 y marginales para PC2 a PC5.

CONCLUSIÓN

Los resultados de este estudio confirman la importancia de los microorganismos eucariotas en la metanogénesis. La reducción de la dimensionalidad del metagenoma mediante PCA nos permitió desarrollar variables sintéticas combinando la totalidad del metagenoma en pocas variables (PCs). Este abordaje simplifica la complejidad del metagenoma y permite utilizar estas variables como fenotipo. Las altas heredabilidades estimadas, así como la correlación genética positiva con las emisiones de metano evidencian el potencial de estas variables combinadas como criterios de selección en la cría selectiva. Los resultados de este estudio ofrecen nuevas oportunidades para mitigar las emisiones de metano de los rumiantes a través de la modulación de la microbiota mediante programas de mejora genética.

Agradecimientos: Esta investigación se financió con el proyecto RTA2015-00022-C03-02 (METALGEN) del plan nacional de investigación, desarrollo e innovación 2013-2020 y el departamento de Economía, Desarrollo y Competitividad (Madrid, España). Agradecemos a las Asociaciones Holstein regionales y a los ganaderos que han colaborado en este proyecto. Se agradece el apoyo computacional del Centro de Supercomputación de Galicia y a la Universidad de Costa Rica por la beca doctoral para A.S.M.