

## PARÁMETROS GENÉTICOS DE LA EMISIÓN DE METANO: UNA PRIMERA APROXIMACIÓN EN LA OVEJA LATXA

Pineda-Quiroga<sup>1\*</sup>, C., Granado-Tajada<sup>1</sup>, I., Goiriv, I., García-Rodríguez<sup>1</sup>, A., Ugarte<sup>1</sup>, E<sup>1</sup>.  
<sup>1</sup>Departamento de Producción Animal, Neiker, Campus Agroalimentario de Arkaute, 01080.

[\\*cpineda@neiker.eus](mailto:cpineda@neiker.eus)

### INTRODUCCIÓN

Dentro de las estrategias para mitigar las emisiones de metano de origen entérico producido por los rumiantes, la mejora genética es una herramienta promisoriosa, ya que permite identificar y seleccionar genéticamente los animales con menor capacidad de emisión. Además, los resultados de la selección son acumulativos, se pasan de generación a generación y son duraderos en el tiempo (Pickering *et al.*, 2015). De este modo, este estudio tiene como objetivo estimar, por primera vez, los parámetros genéticos de los fenotipos producción de metano e intensidad de metano en la oveja Latxa, utilizando un set de datos experimental, junto con información de genotipado.

### MATERIAL Y MÉTODOS

Sobre un total de 103 ovejas de la raza Latxa Cara Negra de Euskadi, se realizaron entre 2 y 3 mediciones de la emisión de metano (CH<sub>4</sub>) en el aire exhalado (295 mediciones totales), mediante el uso de un detector portátil de metano (Guardian NG infrared gas monitor; Edinburgh Instruments Ltd., Livingston, UK). Para ello, se colocó un tubo de plástico, conectado a un analizador de gas, en las fosas nasales de las ovejas, y se registró la concentración de metano de manera continua a intervalos de 1 segundo durante 10 minutos, para calcular posteriormente tanto la producción (MeP, g/día), como la intensidad de metano (MeI, g/l de leche). Con estos datos se realizó un análisis exploratorio mediante un modelo lineal general, para identificar algunos efectos que afectan de manera significativa ( $p \leq 0.5$ ) y relevante la variabilidad de los fenotipos. Dichos factores, junto con la información genómica de cada oveja, fueron utilizados para la estimación de componentes de varianza, usando el programa AIREMLf90, de la familia de programas blupf90 (Misztal *et al.*, 2002).

### RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Se pudo determinar que tanto MeI y MeP aumentan en función del peso vivo (~22% superior para entre 64 a 95 kg vs. 45 a 55 kg). Esto es coherente, pues es bien sabido que animales de mayor tamaño tienen más capacidad ruminal, y por ende ingieren más alimento. Del mismo modo, se observó que la suplementación del pienso con posos de café incrementó las emisiones en comparación con un pienso control (~31% para ambos fenotipos), mientras que la suplementación con aceite o torta de linaza, torta de colza y torta de girasol redujeron las emisiones (~8% para MeI y ~12% para MeP). Este hecho viene mediado por el efecto que ejerce la composición de la dieta en las comunidades microbianas ruminales y en los productos de fermentación y metabolitos intermediarios que éstas generan (Goiri *et al.*, 2020). Con respecto a los parámetros genéticos, MeI presentó valores ligeramente superiores de heredabilidad en comparación con MeP ( $h^2$ ,  $0.11 \pm 0.13$  vs  $0.07 \pm 0.10$ ) y repetibilidad ( $r$ ,  $0.16 \pm 0.07$  vs  $0.07 \pm 0.06$ ). Sin embargo, estos valores son bajos y similares a otros reportados en ovino (MeP  $0.10 \pm 0.06$ , Paganoni *et al.*, 2017), y dan cuenta de que existe un escaso control genético de los fenotipos medidos.

### CONCLUSIÓN

Existe variabilidad en los fenotipos MeI y MeP, aunque ambos están bajo escaso control genético aditivo. Además, la baja repetibilidad indica que los factores externos son los que más influyen en su expresión. Sin embargo, cabe resaltar que es necesario realizar más estudios que involucren más animales fenotipados y genotipados para tener conclusiones más sólidas.

### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

• Goiri *et al.*, Microorganisms 8(12): 1961-1976 • Misztal *et al.*, 2002. Proc of the 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Montpellier, France. • Paganoni *et al.*, 2017. J Anim Sci 95:3839-3950 • Pickering *et al.*, 2015. Animal 9(9): 1431-1440

**Agradecimientos:** A la Confederación de Asociaciones de Criadores de Ovino de Razas Latxa y Carranzana – CONFELAC – por proporcionar los datos y la información genómica.