

Estrategias de reducción de la dimensionalidad de la composición de microbiota ruminal para su inclusión en los programas de mejora genética

J. López-Paredes¹, A. Saborío-Montero², M. Martínez-Álvaro³, R. Atxaerandio⁴, I. Goiri⁴, A. García-Rodríguez⁴, J.A. Jimenez-Montero¹ & O. González-Recio⁵

¹ CONAFE, 28340, Valdemoro, España, javier.lopez@conafe.com

² Universidad de Costa Rica, San Pedro de Montes de Oca, 11501, San José, Costa Rica

³ SRUC, Easter Bush, EH25 9RG, Edinburgh, United Kingdom

⁴ NEIKER, Address, Zip code, City, Country

⁵ INIA, Address, Zip code, City, Country

Summary

La crisis mundial de disponibilidad de materias primas usadas en alimentación animal que vivimos en la actualidad resalta la importancia de la eficiencia alimentaria, y la optimización de recursos naturales usados en producción animal. Esta nueva crisis se une a la ya existente emergencia climática en la que la ganadería tiene el objetivo de reducir sus emisiones de gases de efecto invernadero. En los rumiantes, la digestión de ese alimento se lleva a cabo en el rumen por una comunidad microbiana compleja, que junto con el animal son responsables de que la digestión de ese alimento se realice de una manera más o menos eficiente, determinando la cantidad de materia prima que son necesarias para producir una unidad de producto. La complejidad de dicho sistema y el gran número de microorganismos presentes en el rumen motivaron el estudio de estrategias de reducción de su dimensionalidad para poder simplificar el análisis de la microbiota y establecer estrategias que modulen las comunidades microbianas del rumen hacia una mayor eficiencia alimentaria con menores emisiones de metano. El objetivo de este trabajo fue evaluar diferentes estrategias de reducción de la dimensionalidad del microbioma ruminal para su posible inclusión en los programas de mejora de vacuno de leche. Se compararon los resultados obtenidos mediante dos técnicas de análisis multivariante: análisis de componentes principales (PCA) y regresión de mínimos cuadrados parciales (PLS). Se analizó la composición taxonómica (género) y funcional (genes) a partir de la información recogida en el Proyecto METALGEN procedente de 437 vacas Holstein. En el análisis de PCA se incluyeron todos los 1.240 géneros y 2.918 genes, en los análisis taxonómicos (T) y funcionales (F), respectivamente. Para el PLS se seleccionaron el número de componentes y el número de variables a incluir en el modelo final mediante un proceso de doble validación cruzada, incluyendo como carácter a predecir el metano expresado en g/d, el modelo final constó de 4 componentes y 99 géneros (T) y 6 componentes y 151 genes microbianos (F).

Con el propósito de discernir las posibles relaciones de la composición microbiana con otros caracteres de interés económico y ambiental se estimaron los componentes de varianza (h^2 y correlaciones genéticas) mediante un modelo bi-carácter SSTEP, combinando la información genómica con el pedigrí. Se estimaron las correlaciones genéticas (r_g) entre las dos primeras componentes de ambas técnicas (PC o PLS), a nivel composicional (PC_T, PLS_T), y funcional (PC_F, PLS_F) con las emisiones de metano (concentración, expresado en ppm y producción, en gramos/día), la ingesta de materia seca y otros caracteres de interés productivo y morfológico proporcionados por CONAFE.

Las heredabilidades estimadas en los análisis (T) para PC_{T1} y PC_{T2} fueron 0.26 (0.13) y 0.10(0.06), mientras que para los análisis de PLS fueron 0.29(0.13) y 0.21(0.14) para PLS_{T1} y PLS_{T2}. A nivel funcional (F) fueron 0.31(0.12) y 0.10(0.06) para PC_{F1} y PC_{F2} y 0.34(0.12) y 0.20(0.11) para PLS_{F1} y PLS_{F2}, respectivamente. Las r_g entre las primeras componentes en cualquiera de las metodologías fue próxima a 1, mientras que se observaron diferencias en la correlación genética entre las segundas componentes, con r_g entre 0.38 y 0.80.

Las variables obtenidas con PLS (T) presentaron mayores r_g PLS (0.79-0.90) con emisiones de metano (gramos/día y ppm), que las obtenidas con PCA (T) (0.42-0.70). También las variables PLS_F con una mayor magnitud para la correación (0.67-0.85). También se estimaron altas r_g entre ingesta diaria y PLS_{T1} (0.78 ± 0.23) y PC_{T2} (0.82 ± 0.13). Las correaciones genéticas entre las variables agregadas de la microbiota (PC_T, PLS_T, PLS_{F1} y PLS_{F2}) y los kg de leche y proteína fueron negativas (-0.13 a -0.38 y -0.45 a -0.10) y positivas con kg de grasa (0.07 a 0.54). En un último análisis se calcularon las correlaciones fenotípicas de todas las variables con el indicador de disbiosis o desequilibrio ruminal calculado como el ratio entre proteobacterias y firmicutes y bacteroidetes, con correlaciones moderadamente altas con las segundas componentes entre 0.37 y 0.66, y menores para las primeras componentes, entre 0.16 y 0.30.

Como conclusión, PLS_T se muestra como la mejor opción para desarrollar un carácter candidato a incluir en los programas de mejora. Se estimó una mayor h^2 y r_g con caracteres de interés, pudiendo ser incluido como variable agregada en un índice de selección. Esto permitiría mejorar la respuesta de otros caracteres, como las emisiones de metano o la ingesta de materia seca. Si bien, es necesario tener más información para mejorar las estimas y reducir los errores de estimación y una sistemática de recogida del fenotipo más accesible y replicable, pudiendo obtener una mayor cantidad de fenotipos.

Keywords: pls, metano, microbioma, metagenomica.