

## Ruminosignatures associated with methane emissions and feed efficiency in cattle: A multi-breed and a cross-country analysis

Ioanna-Theoni Vourlaki<sup>1</sup>, Ori Furman<sup>2</sup>, Ilma Tapio<sup>3</sup>, Le Luo Guan<sup>4</sup>, Sinéad M. Waters<sup>5</sup>, David Kenny<sup>6</sup>, Paul Smith<sup>6</sup>, Stuart F. Kirwan<sup>7</sup>, David Kelly<sup>8</sup>, Ross Evans<sup>8</sup>, Raquel Quintanilla<sup>1</sup>, Antonio Reverter<sup>9</sup>, Pâmela A. Alexandre<sup>9</sup>, Fuyong Li<sup>10</sup>, Philip C. Garnsworthy<sup>11</sup>, Paolo Bani<sup>12</sup>, Phillip B. Pope<sup>13,14</sup>, Diego P. Morgavi<sup>15</sup>, Itzhak Mizrahi<sup>2</sup>, Yuliaxis Ramayo-Caldas<sup>1</sup>

<sup>1</sup> IRTA, Animal Breeding and Genetics, Torre Marimon, 08140 Caldes de Montbui, Spain

<sup>2</sup> Ben-Gurion University of the Negev, Beer-Sheva 8410501, Israel

<sup>3</sup> Natural Resources Institute Finland (Luke), Jokioinen 31600, Finland

<sup>4</sup> The University of British Columbia, Faculty of Land and Food Systems, Vancouver, BC V6T 1Z4, Canada

<sup>5</sup> School of Biological and Chemical Sciences and Ryan Institute, University of Galway, Galway H91 TK33, Ireland

<sup>6</sup> Animal and Bioscience Department, Teagasc Grange, Dunsany, Co. Meath C15 PW93, Ireland

<sup>7</sup> Department of Animal Science, University of California, Davis, CA 95616, USA

<sup>8</sup> Irish Cattle Breeding Federation, Ireland

<sup>9</sup> CSIRO Agriculture and Food, St Lucia, Brisbane, QLD 4067, Australia

<sup>10</sup> Department of Agricultural, Food and Nutritional Science, University of Alberta, Edmonton, AB T6G 2P5, Canada

<sup>11</sup> University of Nottingham, School of Biosciences, Sutton Bonington Campus, Loughborough LE12 5RD, UK

<sup>12</sup> Università Cattolica del Sacro Cuore, Department of Animal Science, Food and Nutrition, 29122 Piacenza, Italy

<sup>13</sup> Centre for Microbiome Research, School of Biomedical Sciences, Queensland University of Technology (QUT), Translational Research Institute, Woolloongabba, QLD 4102, Australia

<sup>14</sup> Faculty of Chemistry, Biotechnology and Food Science, Norwegian University of Life Sciences, 1432 Ås, Norway

<sup>15</sup> Université Clermont Auvergne, INRAE, VetAgro Sup, UMR Herbivores, 63122 Saint-Genès-Champanelle, France

\* ioanna.vourlaki@irta.cat

### Resumen

La microbiota ruminal del ganado bovino constituye un ecosistema complejo y dinámico, cuya estructura y relación con los fenotipos del hospedador tienen implicaciones críticas para la seguridad alimentaria y la sostenibilidad ambiental. En este estudio, caracterizamos la microbiota ruminal de 2.496 bovinos pertenecientes a cinco razas (lecheras, híbridas y productoras de carne), sistemas de producción y países distintos, identificando grupos microbianos coabundantes que denominamos como Ruminosignatures. Se identificaron doce Ruminosignatures distintas, dos de las cuales se observaron de forma consistente en todas las poblaciones y estaban dominadas por los géneros *Prevotella* y *UBA2810*. Las Ruminosignatures restantes mostraron patrones específicos según la raza y la dieta, y en conjunto explicaron entre el 96 % y el 99 % de la variación en la composición microbiana ruminal.

Las abundancias relativas de varias Ruminosignatures se asociaron con las emisiones de metano y la eficiencia alimentaria, y estuvieron parcialmente determinadas por la genética del hospedador, con estimaciones de heredabilidad de entre 0,09 y 0,51. Cabe destacar que la Ruminosignature dominada por *UBA2810* se asoció negativamente con las emisiones de metano en todos los conjuntos de datos, y positivamente con la eficiencia alimentaria en bovinos Holstein de Italia y animales cruzados de Irlanda. Asimismo, el sistema de producción influyó tanto en la presencia de las Ruminosignatures como en su relación con los fenotipos del

hospedador, lo que pone de manifiesto la necesidad de enfoques específicos al contexto a la hora de intervenir sobre el microbioma ruminal.

En conjunto, estos resultados aportan nueva información sobre el ensamblaje de las comunidades microbianas ruminales y sugieren el potencial de las Ruminosignatures como herramienta para la ganadería de precisión y el desarrollo de estrategias de mejora genética basadas en el microbioma, orientadas a mejorar la eficiencia alimentaria y reducir la huella ambiental de la producción bovina.

*Keywords: agriculture, breeding, cattle, feed efficiency, heritability, methane, rumen microbiota, Ruminosignatures*

**Agradecimientos:** This work was supported by HoloRuminant (doi:10.3030/101000213).