

GENES DE HONGOS Y CILIADOS SON LOS PRINCIPALES RESPONSABLES DE LA PRODUCCIÓN DE METANO EN VACUNO LECHERO

López-García¹, A., Saborío-Montero^{1,2}, A., Gutiérrez-Rivas¹, M., Atxaerandio³, R., Goiri³, I., García-Rodríguez³, A., Jiménez-Montero⁴, J.A., González¹, C., Tamames⁵, J., Puente-Sánchez⁵, F., Varona⁶, L., Serrano¹, M., Óvilo¹, C. y González-Recio^{1,7}, O.

¹INIA, Crta. de la Coruña km 7.5, 28040 Madrid, España. ²U. de Costa Rica, 11501 San José, Costa Rica.

³NEIKER-Tecnalia, Campus Agroalimentario de Arkaute s/n, 01192 Arkaute, Vitoria-Gasteiz, España.

⁴CONAFE, Ctra. de Andalucía km 23600 Valdemoro, 28340 Madrid, España. ⁵CNB-CSIC, c/Darwin, 3, UAM, 28049 Madrid, España. ⁶Facultad de Veterinaria, UNIZAR, 50013, Zaragoza, España. ⁷ETSIAAB, UPM, Ciudad Universitaria s/n, 28040 Madrid, España; gonzalez.oscar@inia.es

INTRODUCCIÓN

El rumen es un sistema microbiano complejo de gran importancia en términos de emisiones de gases de efecto invernadero. La mitigación del efecto del sector ganadero sobre el cambio climático puede abordarse mediante el desarrollo de estrategias eficientes para caracterizar y modificar la composición del microbioma ruminal. En este estudio se analiza la microbiota ruminal en vacuno lechero, utilizando datos de metagenoma completo y considerando su naturaleza composicional, con el objetivo de desentrañar el papel de los microbios del rumen en las emisiones de metano.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se analizaron secuencias largas obtenidas con la técnica de Nanoporos (Oxford Nanopore Technologies) de la microbiota ruminal de 437 vacas Holstein. El procesamiento de las lecturas se realizó usando el pipeline SqueezeMeta (variante longreads) (Tamames y Puente-Sánchez, 2019). Después de un filtrado de prevalencia, los datos fueron tratados siguiendo un protocolo de análisis composicional (transformación CLR). La asociación del metagenoma ruminal con las emisiones de metano (CH₄), tanto a nivel taxonómico como de funciones de genes (KEGGs), se estudió mediante PERMANOVA (Anderson, 2001) y análisis de abundancia diferencial (DA) mediante limma (Ritchie *et al.*, 2015). Las asociaciones individuales se representaron en redes microbianas.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El análisis PERMANOVA reveló que las distancias entre muestras del mismo grupo de emisiones de CH₄ eran significativamente menores que las distancias entre grupos ($P < 0.05$), lo que se interpreta como una asociación significativa entre la composición global de la microbiota y el nivel de emisiones, aunque con bajo porcentaje de varianza explicada (2%). Los análisis de DA detectaron 36 géneros asociados a CH₄, de forma que mayores abundancias de eucariotas ciliados se correspondieron con mayores niveles de emisiones y mayores abundancias de bacterias, principalmente dentro de los filos *Bacteroidetes*, *Firmicutes* o *Proteobacteria*, se asociaron a menores emisiones. A nivel funcional se detectaron 297 genes DA, siendo genes de eucariotas los asociados a altas emisiones y genes de bacterias los asociados a bajas emisiones. Ninguno de ellos tiene un papel directo en la ruta de la metanogénesis, lo que puede deberse a que los KEGGs de metanogénesis actúan en diferentes rutas metabólicas en bacterias, eucariotas o arqueas, no detectándose diferencias en su abundancia.

CONCLUSIÓN

En este trabajo se ha utilizado un análisis composicional con transformación CLR como método estadístico más apropiado para el estudio de datos metagenómicos. Esta aproximación ha revelado la existencia de una asociación entre composición de microbiota ruminal y emisiones de metano, así como la especial implicación de los eucariotas (mayoritariamente ciliados) en la metanogénesis. El papel de las arqueas metanogénicas libres es incierto, pues su abundancia podría estar infrarrepresentada a causa de las limitaciones de las técnicas de extracción de ADN. Sería interesante realizar análisis metatranscriptómicos para esclarecer los patrones de expresión diferencial de los genes de la microbiota y ayudar en la comprensión de su implicación funcional en las emisiones de metano.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Tamames, J. & Puente-Sánchez, F. 2019. *Front. Microb.* 9: 1–10.
- Anderson, M.J. 2001. *Austral Ecology* 26(1): 32–46
- Ritchie, M.E., Phipson, B., Wu, D., *et al.* 2015. *Nucl. Ac. Res.* 43(7): e47.

Agradecimientos: Esta investigación se financió con el proyecto RTA2015-00022-C03-02 (METALGEN). La financiación de A.L.G. proviene de una beca FPI-INIA (ref. FPI-SGIT2016-06). A las Asociaciones de Frisera regionales y a las ganaderías colaboradoras en este proyecto, así como al Centro de Supercomputación de Galicia por el apoyo computacional.