CORRELACIÓN GENÉTICA ENTRE CARACTERES DE METANO OBTENIDAS EN DIFERENTES PAÍSES CON DIFERENTES METODOLOGÍAS

Teran[1*], E., Stephansen[2], R.B., Almasi[3], F., Milkevych[3], V., Miglior[4,5], F., Baes[5,6], C.F., Lassen[2,7], J., Pryce[3], J.E. y Gonzalez-Recio[1], O.

[1]INIA-CSIC, Crta. de la Coruña km 7,5, 28040 Madrid; [2]Center for Quantitative Genetics and Genomics, Aarhus University, C. F. Møllers Allé 3, 8000 Aarhus, Denmark; [3]Agriculture Victoria Research, Agribio, 5 Ring Rd, Bundoora 3083 Vic, Australia; [4]Lactanet Canada, Guelph, ON, Canada, N1K 1E5; [5]Centre for Genetic Improvement of Livestock, University of Guelph, Guelph, ON, N1G 2W1, Canada; [6]Vetsuisse Faculty, Institute of Genetics, University of Bern, 3012 Bern, Switzerland. [7]Viking Genetics, Ebeltoftvej 16, Assentoft, 8960 Randers, Denmark
*ester.teran@inia.csic.es

INTRODUCCIÓN

La medición de producción de metano en el ganado vacuno ha cobrado más importancia, con varios países sumándose progresivamente a esta práctica, destacando España como unos de los pioneros en realizar valoraciones directas de metano obtenidas con *sniffers.* La utilización de *sniffers*, ha permitido la obtención de un elevado número de registros. Sin embargo, esta tecnología tiene algunas limitaciones, como por ejemplo una alta variabilidad y la necesidad de utilizar fórmulas para obtener medidas de producción. Mediante convenios y proyectos de colaboración entre países, es posible comparar las mediciones obtenidas por ellos y validar las estimas obtenidas localmente. El objetivo de este trabajo fue comparar las estimas de metano obtenidas con *sniffers* de España, con otras metodologías implementadas en otros países y evaluar la fiabilidad de las estimaciones de valores genéticos, mediante el uso de modelos multi-carácter.

MATERIAL Y MÉTODOS

La base de datos fue obtenida del proyecto *The Efficient Dairy Genome Project,* en el que colaboran diferentes países, incluyendo España (ESP), Canadá (CDN), Suiza (CHE), Australia (AUS) y Dinamarca (DNK). Se obtuvieron datos emisiones de metano, pedigrí y genotipos. Se analizaron 28.775 datos de 4.731 vacas lecheras. Las metodologías de medición de metano fueron: *sniffers* (SN; ESP y DNK), GreenFeed (GF; CDN y CHE), cámara de respiración (CR; CHE) y SF6 *tracer* (SF6; AUS). Se evaluaron las correlaciones genéticas de las medias semanales entre los países, utilizando un modelo lineal mixto; con el estado de lactación, el número de parto y el mes de parto como efectos fijos y el rebaño-semana-año, como efecto aleatorio. Luego se utilizó un modelo multi-carácter entre los países que presentaban correlaciones positivas con España y entre sí, para evaluar las fiabilidades.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Las correlaciones genéticas oscilaron entre –0,22 y 0,71. La correlación más baja fue entre CDN *vs*. CHE (0,04 ± 0,33), la cual mostró además una alta desviación en la distribución posterior. La correlación entre ESP y el resto de los países mostró valores negativos en DNK (–0,22 ± 0,33), a pesar de ser datos provenientes de *sniffers*, y, positivos con CDN (SN|GF) y CHE (SN|GF&CR) donde, además, fue alta para este último (0,12 ± 0,26 y 0,71 ± 0,16, respectivamente), indicando una posible correspondencia entre datos de SN y GF&CR. Además, el número de padres compartidos entre ESP y CDN fue elevado (14% en CDN y 7% en ESP), seguido por CHE. En un estudio anterior, van Breukelen *et al*. (2023), también encontraron correlaciones genéticas positivas, entre SN y GF (0,76 ± 0,15), aunque, comparando mediciones de animales de la misma granja. En cuanto a la correlación con AUS (SF6), no se obtuvieron resultados debido a incompatibilidades entre pedigrí y genotipos.

CONCLUSIÓN

El análisis de caracteres de metano obtenidos con diferentes metodologías y provenientes de diferentes regiones, es una herramienta útil para evaluar la capacidad predictiva de las metodologías utilizadas. Además, el uso de enfoques multi-carácter permitirá mejorar las fiabilidades de las predicciones obtenidas con *sniffers*.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

• van Breukelen, A.E *et al*. 2023. Heritability and genetic correlations between enteric methane production and concentration recorded by GreenFeed and sniffers on dairy cows. J. Dairy Sci. 106: 4121-4132.