



## Efecto de la selección genética en contra de las emisiones de metano sobre los componentes de la leche



---

Rene Calderón-Chagoya <sup>a,c,f</sup>

Juan Heberth Hernández-Medrano <sup>a,b,f</sup>

Felipe de Jesús Ruiz-López <sup>c,f</sup>

Adriana García-Ruiz <sup>c,f</sup>

Vicente Eliezer Vega-Murillo <sup>d,f</sup>

Enoc Israel Mejía-Melchor <sup>a,f</sup>

Phil Garnsworthy <sup>b</sup>

Sergio Iván Román-Ponce <sup>e,f\*</sup>

<sup>a</sup> Universidad Nacional Autónoma de México. Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia. Av. Universidad 300, 04510, Ciudad de México. México.

<sup>b</sup> The University of Nottingham. School of Biosciences, Sutton Bonington Campus. Loughborough LE 12 5RD, UK.

<sup>c</sup> Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP). Centro Nacional de Investigación Disciplinaria en Fisiología y Mejoramiento Animal. Querétaro, México.

<sup>d</sup> INIFAP. Centro de Investigación Regional Golfo-Centro. Campo Experimental La Posta. Veracruz, México.

<sup>e</sup> INIFAP. Centro de Investigación Regional Norte-Centro. CE La Campana. Chihuahua, México.

<sup>f</sup> Red de Investigación e Innovación Tecnológica para la Ganadería Bovina Tropical (REDGATRO).

\* Autor de correspondencia: roman.sergio@inifap.gob.mx

### **Resumen:**

El objetivo de este trabajo fue estimar la respuesta a la selección a través de diferentes índices de selección entre producción de metano y producción y componentes de la leche en los sistemas de lechería tropical especializada, doble propósito y lechería familiar. El muestreo de las emisiones de metano se realizó durante la ordeña mediante el equipo Guardian-NG. Se tomaron muestras de leche de manera individual durante el muestreo de metano. La extracción de ADN se realizó de folículos pilosos de todos los animales incluidos en el estudio. La estimación de los componentes de varianza y covarianza se realizó mediante la metodología de modelos mixtos. Se utilizaron los marcadores moleculares para construir la matriz de relaciones genómicas (Matriz G), debido a que no se contaba con información genealógica completa. La heredabilidad estimada para las emisiones de metano durante la ordeña fue de 0.18 y 0.32 para los análisis univariados y bivariados, respectivamente. Los resultados de las correlaciones genéticas entre porcentaje de grasa y proteína en leche con las emisiones de metano durante la ordeña fueron negativas, -0.09 y -0.18 respectivamente. La respuesta a la selección estimada mediante los índices de selección demostró que es factible obtener reducciones de hasta 0.021 mg/l de emisiones de metano durante la ordeña en cinco generaciones; lo anterior sin detrimento en los componentes de la leche.

**Palabras clave:** Metano, Leche, Heredabilidad, Correlación genética.

Recibido: 21/04/2019

Aceptado: 26/08/2020

## **Introducción**

En los últimos años el Grupo Intergubernamental de Expertos sobre el Cambio Climático (IPCC)<sup>(1)</sup>, La Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y Agricultura (FAO)<sup>(2)</sup>, han señalado que el sector agropecuario es la principal fuente de gases de efecto invernadero (GEI) de vida corta, metano (CH<sub>4</sub>) y óxido nitroso (N<sub>2</sub>O).

Algunas estrategias para la mitigación de metano proveniente del ganado lechero incluyen la reducción del hato bovino, el cambio de alimentación, el uso de suplementos, la

inmunización contra las arqueas metanogénicas y la selección de animales con menor producción de CH<sub>4</sub><sup>(3)</sup>.

Para crear estrategias de selección de animales con menor producción de metano es necesario el conocimiento de las correlaciones genéticas entre la producción de CH<sub>4</sub> y otras características de importancia productiva y económica<sup>(4)</sup>.

El índice de selección es una metodología para maximizar la mejora genética en un objetivo específico<sup>(5)</sup>. Los índices de selección se han aplicado extensivamente en la estimación del valor de reproducción del ganado lechero para rasgos individuales, así como para combinaciones de rasgos para propósitos de selección<sup>(6)</sup>.

En bovinos y ovinos, se han demostrado la existencia variación de las emisiones de CH<sub>4</sub> entre los individuos alimentados con la misma dieta<sup>(7)</sup>. De Haas *et al*<sup>(8)</sup> mencionan que existe la posibilidad de seleccionar vacas con baja emisión de CH<sub>4</sub>, ya que la variación genética sugiere que las reducciones serían de 11 a 26 % en 10 años, y podrían ser aún mayores en un programa de selección genómica. Sin embargo, en la actualidad, la información disponible sobre las oportunidades para mitigar el CH<sub>4</sub> entérico a través del mejoramiento genético es escasa, pero se podría pensar que la selección genética en contra de las emisiones de metano podría tener repercusiones en características productivas de interés económico. El objetivo de este trabajo fue estimar la respuesta a la selección a través de diferentes índices de selección entre producción de metano y la producción de leche y sus componentes en tres sistemas de producción de leche en México.

## Material y métodos

El presente estudio se realizó en tres unidades de producción (UP) del sistema de doble propósito (DP), dos de lechería tropical especializada (LTE) y cuatro de sistema familiar (SF) (Cuadro 1). Se midió los componentes de la leche y emisiones de metano a un total de 274 vacas (98, 74 y 102 en los sistemas de DP, LTE y SF respectivamente).

**Cuadro 1:** Sistemas de producción muestreados

Rancho	Sistema	n	Localización	Razas
La Posta	DP	33	Veracruz	HOC y SPC
El Zapato	DP	16	Veracruz	HOC
La Doña	DP	49	Puebla	HOC, SPC y SMC
Santa Elena	LTE	37	Puebla	HO, SP y HOSP
Aguacatal	LTE	37	Puebla	HO, SP y HOSP
Rancho 5	SF	16	Jalisco	HO
Rancho 6	SF	32	Jalisco	HO
Rancho 7	SF	24	Jalisco	HO
Rancho 8	SF	30	Jalisco	HO

DP= doble propósito; LTE= lechería tropical especializada; SF= familiar.

HOC= Holstein x Cebú, SPC= Suizo Pardo x Cebú, SMC= Simmental x Cebú, HO= Holstein, SP= Suizo Pardo, HOSP= Holstein x Suizo Pardo.

Dos de las tres UP de DP se encuentran ubicadas en el municipio Medellín de Bravo, Veracruz, con un clima tropical subhúmedo cálido Aw(o) y una altitud de 12 msnm<sup>(9)</sup>. La temperatura media anual es de 25 °C, así como la precipitación pluvial media anual es de 1,460 mm<sup>(9)</sup>. La tercera UP de DP, al igual que las UP de LTE, se encuentra en el municipio de Hueytamalco, Puebla; con una altitud de 240 msnm. El clima es subtropical húmedo Af(c) con temperatura media anual de 23 °C y precipitación pluvial media que varía de 2,200 a 2,500 mm<sup>(9)</sup>.

Las cuatro UP del SF se encuentran en el municipio de Tepatitlán, Jalisco con un clima templado subhúmedo cálido (A)C(w1) (e)g a una altitud de 1,927 msnm., con temperatura media anual de 18 °C y precipitación pluvial media anual de 715 mm<sup>(9)</sup>.

En el sistema de DP se utilizan principalmente ganado cruzado *Bos taurus taurus* y *Bos taurus indicus*. En el caso de las razas *Bos taurus indicus* las más utilizadas son Brahman, Gyr y Sardo Negro; mientras que para las razas *Bos taurus taurus* se encuentran principalmente Holstein, Suizo Pardo y Simmental<sup>(10)</sup>.

Una de las variantes de los sistemas tropicales de producción de leche bovina es la LTE. Este sistema se caracteriza por la utilización de razas puras tales como Holstein y Suizo Pardo. El manejo general de la LTE es muy similar al manejo del sistema de DP; salvo en la crianza de becerros, que se realiza de manera artificial, y en la ordeña que se realiza sin el apoyo del becerro<sup>(10)</sup>.

Los SF se caracterizan por pequeñas unidades de producción que fluctúan entre 3 y 30 vacas. Las unidades de producción están condicionadas a pequeñas superficies de terreno, alledañas

a las viviendas, por lo que se le llama también de "traspatio". Pueden ser de tipo estabulado o semiestabulado, de acuerdo con las condiciones del campo de cultivo. Los animales son en su mayoría de la raza Holstein. El nivel tecnológico se puede considerar escaso; ya que los productores no realizan prácticas adecuadas de alimentación, manejo reproductivo, medicina preventiva o mejoramiento genético. En este sistema se carece de registros de producción y las instalaciones son rudimentarias, principalmente se realiza el ordeño manual. La alimentación es basada en el pastoreo o en el suministro de forrajes y esquilmos provenientes de los cultivos del productor<sup>(11)</sup>.

### **Muestreo de metano**

Para el muestreo de CH<sub>4</sub> se utilizó la metodología desarrollada por Garnsworthy *et al*<sup>(12)</sup>, mediante un análisis continuo de concentraciones de gas, a través de un sistema de doble longitud de onda no disperso, el cual recupera la información segundo a segundo de la concentración de gases en el ambiente, esto por medio de los Guardian NG- Infrared Gas Monitor (Edinburgh Instruments, Escocia, Reino Unido).

Los equipos se instalaron en los comederos donde se les ofrecía alimento a las vacas durante la ordeña. Se realizaron adaptaciones a los diferentes tipos de comederos, de tal manera que se creara una atmosfera cerrada, para evitar que las corrientes de aire sesgaran las concentraciones de CH<sub>4</sub>. Lo anterior con el objetivo de generar el menor disturbio en la rutina de ordeño. Lo que permitiría tomar una muestra de la atmósfera del comedero mientras el animal se alimenta normalmente.

Se realizó un periodo de adaptación de una semana a la presencia de los nuevos comederos. El periodo de medición consistió en dos semanas de muestreo de CH<sub>4</sub> durante la ordeña; con el objetivo de contar con un mínimo de 10 días efectivos de medición en cada UP.

### **Muestreo de leche**

Se obtuvo una muestra de leche de manera individual durante el ordeño; cada muestra consistió en un mínimo de 50 ml de leche obtenida directamente de los pesadores al inicio de las mediciones. Las muestras se conservaron con bronopol y se identificaron mediante el número de la UP y el número de identificación del animal. El análisis de la leche se realizó en el laboratorio de calidad de leche de la Asociación Holstein de México A.C. mediante la técnica de infrarrojo medio para medir el porcentaje de grasa y porcentaje de proteína.

## Muestreo y extracción de ADN

Se obtuvieron muestras de pelos con folículos pilosos directamente de la cola de todos los animales involucrados en el experimento. Las muestras de pelo fueron identificadas y enviadas al laboratorio GENESEEK (Lincoln, Nebraska). En este laboratorio se extrajo el ADN y se obtuvieron los genotipos mediante microarreglos de alta densidad. Para los animales provenientes del SF, se utilizó el arreglo GGP BOVINE LD V4, mismo que permite obtener 30,125 SNP. En el caso de los animales cruzados del LTE y DP se optó por el arreglo de GGDP BOVINE 150K que hace posible la identificación de 138,962 SNP por animal; lo anterior obedeció a que los animales cruzados requieren un mayor número de marcadores para que la información sea útil. En este estudio solo se incluyeron los SNP ubicados en los 29 cromosomas autosómicos. El control de calidad de los genotipos se realizó a través del software PLINK 1.7<sup>(13)</sup>, y consistió en: 1) remover los individuos con menos del 90 % de la información genotípica, 2) remover los animales con un valor menor a 5 % en la frecuencia del alelo menor, y 3) remover los animales con una proporción menor de 90 % de marcadores útiles. Al final del control de calidad y manteniendo los marcadores en común en ambas plataformas el número de marcadores disponibles fue de 20,776 SNP para cada animal.

## Análisis estadístico

### Estimación de relaciones genéticas genómicas

La estimación de componentes de varianza se realizó mediante la metodología de modelos mixtos. Debido a que no se contó con información genealógica completa para la construcción de la matriz de relaciones aditivas (Matriz A), se utilizaron los marcadores moleculares para construir la matriz de relaciones genómicas entre todos los animales (G). La matriz G se basó en el método propuesto por VanRaden<sup>(14)</sup>, que consiste en construir la matriz M a través de las dimensiones número de individuos (n) por el número de marcadores (m). Los elementos de la matriz se codificaron como -1 (homocigótico para un alelo), 0 (heterocigotos) y 1 para (homocigótico para el otro alelo). A la matriz M se le substraen la matriz  $P_{(n \times m)}$  que contiene columnas con todos los elementos  $2(p_i - 0.5)$ , donde  $p_i$  es la frecuencia del segundo alelo en el locus  $i$  y se genera la matriz Z ( $Z = M - P$ ). Finalmente, la matriz G se calculó como:

$$G = \frac{ZZ'}{2\sum p_i(1 - p_i)}$$

### Estimación de componentes de varianza

La estimación de componentes de varianza para las emisiones de CH<sub>4</sub> durante el ordeño y los componentes de la leche (porcentaje de grasa y proteína), se implementaron mediante el programa ASReml-R<sup>(15)</sup>.

La selección del modelo se realizó con los efectos de producción diaria de leche durante las mediciones, días en lactancia, periodo de lactancia, número de lactancia, sistema de producción, número de hato y raza dentro del sistema, para las variables respuesta producción de metano durante la ordeña, porcentaje de grasa, porcentaje de proteína. Se probaron todas las combinaciones lógicas dentro de los efectos fijos y aleatorios que lograran converger con las variables respuesta, de donde se obtuvo el presente modelo. El modelo univariado se representa de la siguiente manera:

$$y = \mu + Xb + Z_1a + W_1n + e$$

Donde,

**y** es el vector de las variables respuesta (producción de CH<sub>4</sub> durante la ordeña, porcentaje de grasa o proteína);

**$\mu$**  es la media general a la variable respuesta;

**X** es la matriz de incidencia para los efectos fijos de producción diaria de leche durante las mediciones y número de lactación;

**b** es el vector de soluciones para los efectos fijos de producción diaria de leche durante las mediciones y número de lactación; **Z** es la matriz de incidencia de los efectos aleatorios del animal;

**a** es el vector de soluciones de los efectos aleatorios del animal  $\sim N(0, G\sigma_a^2)$ ;

**W** es la matriz de incidencia para el efecto aleatorio del sistema de producción;

**n** es el vector de soluciones para el efecto aleatorio del sistema de producción;

**e** es el vector de los efectos aleatorios de los residuales  $\sim N(0, I\sigma_e^2)$ .

### Estimación de componentes de covarianza

La estimación de componentes de covarianza entre las emisiones de CH<sub>4</sub> durante el ordeño y los componentes de la leche, se calcularon mediante el programa ASReml-R<sup>(15)</sup>. Se utilizaron las varianzas estimadas mediante los modelos univariados como valores iniciales para la estimación de las covarianzas.

El modelo bivariado se representa en términos matriciales de la siguiente manera:

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} W_1 & 0 \\ 0 & W_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} n_1 \\ n_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix}$$

Donde,  $y_1$  y  $y_2$  son los vectores de las variables respuesta (producción de CH<sub>4</sub> durante la ordeña, porcentaje de grasa o proteína);  $X_1$  y  $X_2$  son las matrices de incidencia para los efectos fijos de producción diaria de leche durante las mediciones y número de lactación;  $b_1$  y  $b_2$  son los vectores de soluciones para los efectos fijos de producción diaria de leche durante las mediciones y número de lactación;  $Z_1$  y  $Z_2$  son las matrices de incidencia de los efectos aleatorios del animal;  $a$  y  $a_2$  son los vectores de soluciones de los efectos aleatorios del animal  $\sim N(0, G\sigma_a^2)$ ;  $W_1$  y  $W_2$  son las matrices de incidencia para el efecto aleatorio del sistema de producción;  $n_1$  y  $n_2$  son los vectores de soluciones para el efecto aleatorio del sistema de producción;  $e_1$  y  $e_2$  son los vectores de los efectos aleatorios de los residuales  $\sim N(0, I\sigma_e^2)$ .

### Estimación de parámetros genéticos

Las  $h^2$  fueron obtenidas a partir de los componentes de varianza estimados con los modelos univariados. Las correlaciones genéticas ( $r_{xy}$ ) fueron estimadas a partir de los modelos bivariados. La  $h^2$  fue estimada dividiendo la varianza aditiva ( $\sigma_a^2$ ) entre la varianza fenotípica ( $\sigma_f^2$ ), como la siguiente ecuación<sup>(16)</sup>:

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_f^2}$$

Las  $r_{xy}$  fueron estimadas al dividir la covarianza genética ( $\sigma_{xy}$ ) de las variables x y y entre la raíz del producto de la varianza genética de la variable x y y, como la siguiente ecuación<sup>(16)</sup>:

$$r_{xy} = \frac{\sigma_{xy}}{\sqrt{\sigma_x^2 \sigma_y^2}}$$

### Índice de selección

La estimación de la respuesta a la selección se llevó a cabo mediante diferentes índices de selección entre producción de metano y la producción de leche y sus componentes. Se realizó un análisis de sensibilidad, en el cual se identificaron diferentes escenarios en los que se podía seleccionar emisiones de CH<sub>4</sub>, porcentaje de grasa y porcentaje de proteína, y de esta manera observar la dinámica entre la exactitud de los índices y su ganancia genética (Cuadro 2). Los índices de selección se realizaron a cinco generaciones. A las características que se incluyeron en los índices se les asignó un valor dependiendo la importancia e intensidad de selección, la suma de los valores en cantidades absolutas debe ser igual a 100. A las emisiones de CH<sub>4</sub> se le dieron valores que iban desde el 0 al -100 y al porcentaje de grasa y porcentaje de proteína valores que iban del 0 al 100.

**Cuadro 2:** Índices de selección e intensidad de selección de cada característica del modelo

Índice	CH <sub>4</sub>	Grasa	Proteína	Índice	CH <sub>4</sub>	Grasa	Proteína
INDEX1	-100	0	0	INDEX34	0	10	90
INDEX2	-90	0	10	INDEX35	-40	40	20
INDEX3	-90	10	0	INDEX36	-20	20	60
INDEX4	-80	0	20	INDEX37	-30	30	40
INDEX5	-80	10	10	INDEX38	-40	50	10
INDEX6	-80	20	0	INDEX39	-10	20	70
INDEX7	-70	0	30	INDEX40	0	20	80
INDEX8	-70	10	20	INDEX41	-40	60	0
INDEX9	-60	0	40	INDEX42	-30	40	30
INDEX10	-70	20	10	INDEX43	-20	30	50
INDEX11	-70	30	0	INDEX44	-10	30	60
INDEX12	-60	10	30	INDEX45	-30	50	20
INDEX13	-50	0	50	INDEX46	-20	40	40
INDEX14	-60	20	20	INDEX47	0	30	70
INDEX15	-50	10	40	INDEX48	-30	60	10
INDEX16	-40	0	60	INDEX49	-10	40	50
INDEX17	-60	30	10	INDEX50	-30	70	0
INDEX18	-60	40	0	INDEX51	-20	50	30
INDEX19	-50	20	30	INDEX52	-20	60	20
INDEX20	-30	0	70	INDEX53	-10	50	40
INDEX21	-40	10	50	INDEX54	-20	70	10
INDEX22	-50	30	20	INDEX55	0	50	50
INDEX23	-20	0	80	INDEX56	0	40	60
INDEX24	-40	20	40	INDEX57	-20	80	0
INDEX25	-10	0	90	INDEX58	-10	60	30
INDEX26	-30	10	60	INDEX59	0	60	40
INDEX27	-50	40	10	INDEX60	-10	70	20
INDEX28	0	0	100	INDEX61	-10	80	10
INDEX29	-50	50	0	INDEX62	0	70	30
INDEX30	-20	10	70	INDEX63	-10	90	0
INDEX31	-40	30	30	INDEX64	0	80	20
INDEX32	-30	20	50	INDEX65	0	90	10
INDEX33	-10	10	80	INDEX66	0	100	0

Los componentes de varianza y covarianza utilizados fueron los obtenidos mediante los modelos previamente descritos para los componentes de la leche (porcentaje de grasa y porcentaje de proteína) y producción de CH<sub>4</sub> durante la ordeña.

La especificación original del índice de selección prevé el uso de una variable correlacionada (I) basada en el rendimiento fenotípico de cada animal para varias características<sup>(5)</sup>. Por lo tanto, se define como:

$$I = b p$$

Donde  $p$  es un vector de valores fenotípicos para el conjunto de criterios de selección y  $b$  son los factores de ponderación utilizados en la toma de decisiones de selección. Con el fin de maximizar la correlación de I con la contribución de cualquier candidato para la selección como posible padre, la información se combina como:

$$Ga = Pb$$

Donde  $G$  es una matriz  $n \times m$  de variancias genéticas y covarianzas entre todos los rasgos  $m$ ,  $a$  es un vector  $m \times 1$  de valores relativos a la intensidad de selección para todos los rasgos.  $P$  es una matriz  $n \times n$  de variancias fenotípicas y covarianzas entre los  $n$  rasgos medidos y disponibles como criterios de selección y  $b$  es un vector  $n \times 1$  de factores de ponderación que se aplicará a los rasgos utilizados en la toma de decisiones de selección. La ecuación precedente se resuelve entonces como:

$$P^{-1} Ga = b$$

Para obtener los factores de ponderación contenidos en  $b$  y los candidatos para la selección se clasifican en base al índice (I).

La precisión del índice ( $r_{HI}$ ) puede describirse como la correlación entre el índice en el que se basa la selección y el valor genético, esta se calcula de la siguiente manera:

$$r_{HI} = \frac{b P b}{a Q a}$$

Donde,  $b$  es un vector de factores de ponderación que se aplicará a las características utilizadas en la toma de decisiones de selección;  $P$  es una matriz de variancias fenotípicas y covarianzas entre las características medidas y disponibles como criterios de selección;  $a$  es un vector de valores relativos para todas las características;  $Q$  es una matriz de variancias genéticas y covarianzas entre todas las características consideradas parte del sistema.

Se estimó la ganancia genética ( $\Delta g$ ) para cada característica, la cual nos indica el aumento en el rendimiento que se logra a través de programas de mejoramiento genético, de la siguiente manera:

$$E(\Delta g) = \frac{iG^*b}{\sigma_I}$$

Donde,  $i$  es la intensidad de la selección;  $G$  es la matriz de la varianza-covarianza genética de las características;  $b$  es un vector de factores de ponderación que se aplicará a las características utilizadas en la toma de decisiones de selección.;  $\sigma_I$  es la desviación estándar del índice.

La desviación estándar del índice se calculó de la siguiente manera:

$$\sigma_I = \sqrt{b'Pb}$$

Donde,  $b$  es un vector de factores de ponderación que se aplicará a las características utilizadas en la toma de decisiones de selección;  $P$  es una matriz de variancias fenotípicas y covarianzas entre las características medidas y disponibles como criterios de selección.

## Resultados

Las emisiones de  $CH_4$  en el sistema de LTE fueron de 0.08 mg de  $CH_4$ / L, y en SF y DP en ambos casos fue de 0.06 mg de  $CH_4$ / L (Cuadro 3). El promedio general para los tres sistemas fue de 0.065 mg de  $CH_4$ / L. En el caso de los componentes de la leche, el promedio del porcentaje de grasa en los tres sistemas fue de 4.82 %, y para cada uno de los sistemas fue 3.69 % (LTE), 3.72 % (SF) y 6.84 % (DP). En el caso del porcentaje de proteína en el sistema de LTE, SF y DP fue de 3.20 %, 3.29 % y 3.21 %, respectivamente. Siendo 3.23 % el promedio combinado para los tres sistemas.

**Cuadro 3:** Estadísticas descriptivas de la producción de metano y los componentes de la leche en tres sistemas de producción en México

Sistema	Metano (mg/L)		% de grasa		% de proteína	
	Media	DE	Media	DE	Media	DE
DP (n=98)	0.06	0.039	6.84	4.938	3.21	0.405
SF (n=102)	0.06	0.014	3.72	0.632	3.29	0.315
LTE (n=74)	0.08	0.016	3.69	0.492	3.20	0.417
Promedio	0.065	0.028	4.828	3.344	3.234	0.380

DP= sistema de doble propósito, SF= lechería Familiar, LTE= lechería tropical especializada, n= número de observaciones, DE= desviación estándar.

La  $h^2$  estimada para emisiones de  $CH_4$  durante la ordeña con el modelo univariado fue de 0.19, de la misma manera porcentaje de grasa presento una  $h^2$  de 0.39 y porcentaje de proteína de 0.18.

En contraste, las  $h^2$  estimadas mediante los modelos bivariados para las emisiones de  $CH_4$  durante la ordeña fue de  $0.32 \pm 0.245$  y el porcentaje de grasa fue de  $0.46 \pm 0.278$ ,

respectivamente. En cambio, la  $h^2$  para porcentaje de proteína no mostro cambios con respecto al modelo univariado, sin embargo, la  $h^2$  de  $CH_4$  es similar a la encontrada en el análisis bivariado con porcentaje de grasa (0.35). Las correlaciones genéticas entre el porcentaje de grasa y proteína con las emisiones de  $CH_4$  durante la ordeña fueron de  $-0.090 \pm 0.080$  y  $-0.18 \pm 0.575$ , respectivamente.

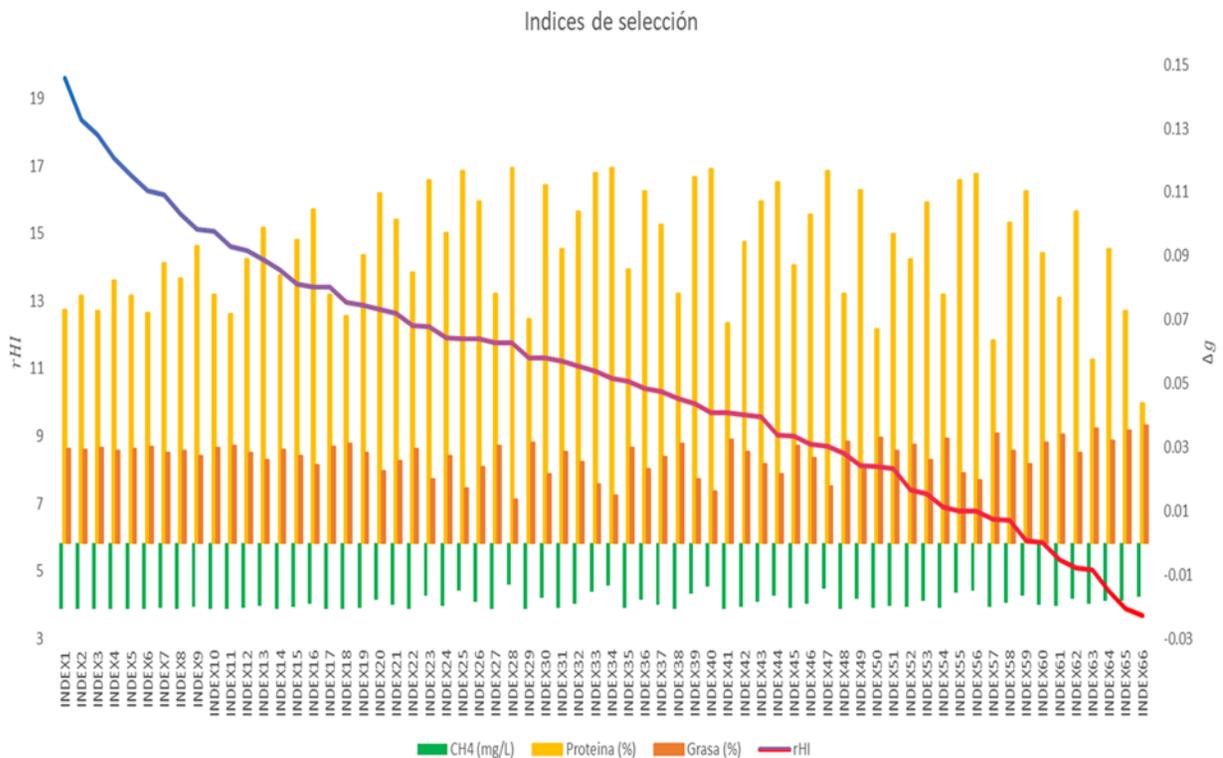
La exactitud de los índices de selección ( $r_{HI}$ ) y la ganancia genética ( $\Delta g$ ) se presentan en el Cuadro 4 y Figura 1. Se puede observar que en todos los índices de selección al disminuir las emisiones de  $CH_4$  durante la ordeña no afecta negativamente a los componentes de la leche. Por otro lado, la  $r_{HI}$  de los índices más exactos son aquellos donde se selecciona para las emisiones de  $CH_4$  durante la ordeña.

Cuadro 4. Índices de selección y ganancia genética para  $CH_4$  y los componentes de la leche

Índice	$r_{HI}$	$CH_4$ (mg/L)	Grasa (%)	Proteína (%)	Índice	$r_{HI}$	$CH_4$ (mg/L)	Grasa (%)	Proteína (%)
INDEX1	19.58	-0.021	0.030	0.073	INDEX34	10.72	-0.013	0.015	0.117
INDEX2	18.38	-0.021	0.029	0.078	INDEX35	10.63	-0.021	0.030	0.086
INDEX3	17.92	-0.021	0.030	0.073	INDEX36	10.41	-0.018	0.023	0.110
INDEX4	17.23	-0.021	0.029	0.082	INDEX37	10.32	-0.020	0.027	0.100
INDEX5	16.72	-0.021	0.030	0.078	INDEX38	10.12	-0.021	0.031	0.078
INDEX6	16.26	-0.021	0.030	0.072	INDEX39	9.95	-0.016	0.020	0.115
INDEX7	16.14	-0.021	0.028	0.088	INDEX40	9.70	-0.014	0.016	0.117
INDEX8	15.57	-0.021	0.029	0.083	INDEX41	9.70	-0.021	0.032	0.069
INDEX9	15.13	-0.020	0.027	0.093	INDEX42	9.62	-0.020	0.029	0.094
INDEX10	15.06	-0.021	0.030	0.078	INDEX43	9.56	-0.018	0.025	0.107
INDEX11	14.61	-0.021	0.031	0.072	INDEX44	9.01	-0.017	0.022	0.113
INDEX12	14.49	-0.020	0.028	0.089	INDEX45	9.01	-0.020	0.030	0.087
INDEX13	14.21	-0.020	0.026	0.099	INDEX46	8.77	-0.019	0.027	0.103
INDEX14	13.92	-0.021	0.029	0.084	INDEX47	8.70	-0.014	0.018	0.117
INDEX15	13.50	-0.020	0.027	0.095	INDEX48	8.49	-0.021	0.032	0.078
INDEX16	13.41	-0.019	0.025	0.104	INDEX49	8.12	-0.017	0.024	0.111
INDEX17	13.40	-0.021	0.030	0.078	INDEX50	8.09	-0.020	0.033	0.067
INDEX18	12.96	-0.021	0.031	0.071	INDEX51	8.05	-0.020	0.029	0.097
INDEX19	12.86	-0.020	0.028	0.090	INDEX52	7.41	-0.020	0.031	0.089
INDEX20	12.74	-0.018	0.023	0.110	INDEX53	7.28	-0.018	0.026	0.107
INDEX21	12.63	-0.019	0.026	0.101	INDEX54	6.90	-0.020	0.033	0.078
INDEX22	12.27	-0.021	0.030	0.085	INDEX55	6.78	-0.016	0.022	0.114
INDEX23	12.23	-0.017	0.020	0.114	INDEX56	6.78	-0.015	0.020	0.116
INDEX24	11.90	-0.020	0.027	0.097	INDEX57	6.52	-0.020	0.034	0.064
INDEX25	11.89	-0.015	0.017	0.117	INDEX58	6.52	-0.019	0.029	0.100

INDEX26	11.89	-0.018	0.024	0.107	INDEX59	5.89	-0.017	0.025	0.110
INDEX27	11.76	-0.021	0.031	0.078	INDEX60	5.86	-0.020	0.032	0.091
INDEX28	11.75	-0.013	0.014	0.118	INDEX61	5.35	-0.020	0.034	0.077
INDEX29	11.32	-0.021	0.032	0.070	INDEX62	5.08	-0.017	0.028	0.104
INDEX30	11.30	-0.017	0.021	0.112	INDEX63	5.02	-0.019	0.036	0.057
INDEX31	11.23	-0.020	0.029	0.092	INDEX64	4.40	-0.018	0.032	0.092
INDEX32	11.08	-0.019	0.025	0.104	INDEX65	3.90	-0.018	0.035	0.073
INDEX33	10.91	-0.015	0.018	0.116	INDEX66	3.67	-0.017	0.037	0.044

**Figura 1:** Precisión de los índices de selección y ganancia genética para CH<sub>4</sub> y los componentes de la leche



En los índices con mayor  $r_{HI}$ , índices del 1 al 10, éste varía de 15.06 a 19.58 en cinco generaciones. Lo que significaría reducciones de entre 0.021 a 0.020 mg/L de emisiones de CH<sub>4</sub> durante la ordeña, e incrementos que van de 0.027 a 0.030 para porcentaje de grasa y de 0.072 a 0.093 para el porcentaje de proteína, lo que significaría a su vez que está disminuyendo la producción de leche a cambio de disminuir las emisiones de CH<sub>4</sub>. Para el resto de los índices los valores el comportamiento en emisiones de CH<sub>4</sub> durante la ordeña, el porcentaje de grasa y el porcentaje de proteína no cambian mucho, sin embargo la  $r_{HI}$  es menor.

## Discusión

Las emisiones de CH<sub>4</sub> durante la ordeña estimadas en el presente estudio son menores a los publicados por Bell *et al*<sup>(17)</sup>, posiblemente debido a la heterogeneidad de las dietas en el presente estudio. Las explotaciones medidas en este trabajo tienen los animales en pastoreo y en los sistemas especializados tienen dietas a base de concentrados. Las h<sup>2</sup> aquí estimadas para la producción de CH<sub>4</sub> durante la ordeña son similares a los publicados por otros autores, los cuales midieron en cámaras metabólicas<sup>(18,19)</sup> o incluso con las obtenidas mediante ecuaciones de predicción<sup>(8)</sup>. Estos resultados concuerdan con los estimadores obtenidos mediante metodologías similares para la medición de CH<sub>4</sub> publicado por otros autores<sup>(20)</sup>. Lo anterior, sugiere que la medición de CH<sub>4</sub> durante la ordeña es una característica que puede ser utilizada en programas de mejoramiento genético, debido a que puede ser incorporada fácilmente a programas de control de producción, y su medición utiliza equipos poco sofisticados en comparación con las cámaras respiratorias; además de que puede ser movilizado a lugares de difícil acceso. Las h<sup>2</sup> estimadas para el porcentaje de grasa en este trabajo son mayores a la observada en otros estudios<sup>(21-22)</sup>. La h<sup>2</sup> estimada para el porcentaje de proteína es menor a la publicada por Othmane *et al*<sup>(23)</sup> con una h<sup>2</sup> de 0.23, lo cual puede ser reflejo de la heterogeneidad propia de las unidades de producción de leche en función de la alimentación y la composición racial de los hatos.

Las correlaciones genéticas obtenidas entre emisiones de CH<sub>4</sub> y los componentes de la leche sugieren un antagonismo genético; sin embargo, los estimadores de este trabajo no fueron diferentes de cero. En comparación a los presentados por Pszczola *et al*<sup>(4)</sup> cuyo valor para la correlación entre CH<sub>4</sub> y gramos de grasa en leche fue de mayor magnitud (0.21), y Lassen *et al*<sup>(24)</sup> para los resultados de correlación de CH<sub>4</sub> y gramos de proteína en leche fue de la misma magnitud (0.39); en ambos casos el signo contrario; cabe mencionar que esta diferencia se debe a las unidades de medida, ya que la producción de leche y los porcentajes de los componentes de la leche tienen una correlación negativa, mientras que la producción de leche con el contenido de los componentes de la leche tiene una correlación positiva<sup>(25)</sup>.

En la actualidad, se ha propuesto la factibilidad de reducir las emisiones de CH<sub>4</sub> a través de la selección genética, misma que puede disminuir en 10 años las emisiones de CH<sub>4</sub> entre un 11 y 26 % en el ganado lechero<sup>(8)</sup> y un 5 % para el ganado de carne<sup>(26)</sup>.

Los índices de selección elaborados por Kandel *et al*<sup>(27)</sup> incluyen producción de grasa y proteína, los cuales obtuvieron correlaciones positivas con la producción de CH<sub>4</sub>, si se toma en cuenta las unidades de medida, el resultado es similar al obtenido en este trabajo, ya que como se mencionó la producción de leche y los porcentajes de los componentes de la leche tienen una correlación negativa, mientras que la producción de leche con el contenido de los componentes de la leche tiene una correlación positiva<sup>(27)</sup>.

## Conclusiones e implicaciones

Las correlaciones genéticas aquí estimadas entre las emisiones de CH<sub>4</sub> con los componentes de la leche (porcentaje de grasa y porcentaje de proteína) sugieren la factibilidad de proponer un programa de mejoramiento genético para disminuir las emisiones de CH<sub>4</sub>, y simultáneamente aumentar los porcentajes de los componentes de la leche. En otras palabras, los resultados aquí presentados hacen posible el seleccionar genéticamente para disminuir las emisiones de CH<sub>4</sub> y sin afectar de manera negativa la composición de la leche. Lo anterior se confirma mediante las ganancias genéticas predichas por generación a partir de los índices de selección. Lo anterior, con reducciones de entre 0.013 a 0.021 mg/L de emisiones de CH<sub>4</sub> durante la ordeña en cinco generaciones, sin decremento de los porcentajes de grasa y proteína en la leche.

### Agradecimientos

Los autores agradecen al Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias y al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología.

### Conflictos de interés

Los autores declaran no tener conflicto de intereses.

### Literatura citada:

1. IPCC. Climate Change 2007: Impacts, adaptation and vulnerability. 1a ed. Cambridge University Press, 2007. doi:10.2134/jeq2008.0015br.
2. FAO. Greenhouse gas Emissions from the Dairy Sector. Roma, Italy, 2010. doi:10.1016/S0301-4215(01)00105-7.
3. Wall E, Simm G, Moran D. Developing breeding schemes to assist mitigation of greenhouse gas emissions. *Animal* 2010;4(03):366–376. doi:10.1017/S175173110999070X.
4. Pszczola M, Calus MPL, Strabel T. Short communication: Genetic correlations between methane and milk production, conformation, and functional traits. *J Dairy Sci* 2019;102:1–5. doi:10.3168/jds.2018-16066.
5. MacNeil MD, Nugent RA, Snelling WM. Breeding for profit: an introduction to selection index concepts. *Range Beef Cow Symposium*. 1997.
6. Philipson J, Banos G, Arnason T. Present and future uses of selection index methodology in dairy cattle. *J Dairy Sci* 1994;77:3252–3261. doi:10.3168/jds.s0022-

0302(94)77266-0.

7. Grainger C, Clarke T, McGinn SM, Auldish MJ, Beauchemin KA, Hannah MC, *et al* Methane emissions from dairy cows measured using the sulfur hexafluoride (SF<sub>6</sub>) tracer and chamber techniques. *J Dairy Sci* 2007;90:2755–2766. doi:10.3168/jds.2006-697.
8. De Haas Y, Windig JJ, Calus MPL, Dijkstra J, Haan M De, Bannink A, Veerkamp RF. Genetic parameters for predicted methane production and potential for reducing enteric emissions through genomic selection. *J Dairy Sci* 2011;94:6122–6134. doi:10.3168/jds.2011-4439.
9. García E. Modificaciones al sistema de clasificación Köppen. Quinta ed. México; Instituto de Geografía-UNAM; 2014.
10. Román PH, Ortega RL, Ruiz LFJ, Medina CM, Vera AHR, Núñez HG, *et al*. Producción de leche de bovino en el sistema de doble propósito. Libro técnico. INIFAP-CIRGOC. Veracruz, Ver. 2009.
11. Vera A, Hernández A, Espinoza G, Díaz A, Román P, Núñez H, Al E. Producción de leche de bovino en el sistema familiar. Libro técnico. INIFAP-CIRGOC. Veracruz, Ver. 2009.
12. Garnsworthy PC, Craigon J, Hernandez-Medrano JH, Saunders N. Variation among individual dairy cows in methane measurements made on farm during milking. *J Dairy Sci* 2012;95:3181–3189. doi:10.3168/jds.2011-4606.
13. Purcell S, Neale B, Todd-Brown K, Thomas L, Ferreira M, Bender D, *et al*. PLINK (1.07). PLINK: a toolset for whole-genome association and population-based linkage analysis. *Am J Human Genet* 2007;81:1–293. doi:http://pngu.mgh.harvard.edu/purcell/plink/.
14. VanRaden PM. Efficient methods to compute genomic predictions. *J Dairy Sci* 2008;91:4414–23. doi:10.3168/jds.2007-0980.
15. Butler DG, Cullis BR, Gilmour AR, Gogel BJ. Analysis of mixed models for S language environments: ASReML-R reference manual. 2009:145. doi:citeulike-article-id:10128936.
16. Cameron N. Selection indices and prediction of genetic merit in animal breeding. CAB international, 1997.
17. Bell M, Saunders N, Wilcox R, Homer E, Goodman J, Craigon J, Garnsworthy P. Methane emissions among individual dairy cows during milking quantified by eructation peaks or ratio with carbon dioxide. *J Dairy Sci* 2014;97:6536–6546. doi:10.3168/jds.2013-7889.

18. Pinares-Patiño CS, Hickey SM, Young EA, Dodds KG, MacLean S, Molano G, *et al.* Heritability estimates of methane emissions from sheep. *Animal* 2013;7(2):316–321. doi:10.1017/S1751731113000864.
19. Pickering NK, Chagunda MGG, Banos G, Mrode R, Mcewan JC, Wall E. Genetic parameters for predicted methane production and laser methane detector measurements. *Am Soc Anim Sci* 2015;92(1):11–20. DOI:10.2527/jas2014-8302.
20. Lassen J, Lovendahl P, Madsen J. Accuracy of noninvasive breath methane measurements using Fourier transform infrared methods on individual cows. *J Dairy Sci* 2012;95:890–898. doi:10.3168/jds.2011-4544.
21. Miglior F, Sewalem A, Jamrozik J, Bohmanova J, Lefebvre DM, Moore RK. Genetic analysis of milk urea nitrogen and lactose and their relationships with other production traits in Canadian Holstein Cattle. *J Dairy Sci* 2007;90(5):2468–2479. doi:10.3168/jds.2006-487.
22. González-Peña D, Guerra D, Evora JC, Portales A, Ortiz J, González S, Ramírez R. Heredabilidad y tendencia genética de la producción de leche y grasa en vacas Siboney de Cuba. *Ciencia y Tecnología Ganadera* 2009;3(1):27–32.
23. Othmane MH, De La Fuente LF, Carriedo JA, San Primitivo F. Heritability and genetic correlations of test day milk yield and composition, individual laboratory cheese yield, and somatic cell count for dairy ewes. *J Dairy Sci* 2002;85(10):2692–2698. doi:10.3168/jds.S0022-0302(02)74355-5.
24. Lassen J, Poulsen NA, Larsen MK, Buitenhuis AJ. Genetic and genomic relationship between methane production measured in breath and fatty acid content in milk samples from Danish Holsteins. *Anim Prod Sci* 2016;56(3):298–303. doi:10.1071/AN15489.
25. Schutz MM, Hansen LB, Steuernagel GR, Reneau JK, Kuck AL. Genetic parameters for somatic cells, protein, and fat in milk of Holsteins. *J Dairy Sci* 1990;73:494–502. doi:10.3168/jds.S0022-0302(90)78697-3
26. Hayes BJ, Donoghue KA, Reich CM, Mason BA, Bird-Gardiner T, Herd RM, Arthur PF. Genomic heritabilities and genomic estimated breeding values for methane traits in Angus cattle. *J Anim Sci* 2016;94:902–908. doi:10.2527/jas.2015-0078.
27. Kandel P, Vanderick S, Vanrobays ML, Soyeurt H, Gengler N. Consequences of genetic selection for environmental impact traits on economically important traits in dairy cows. *Anim Prod Sci* 2018;58(1966):1779–1787. doi:10.1071/AN1659.2