



**UNIVERSIDAD NACIONAL AUTONOMA DE MEXICO  
MAESTRIA EN CIENCIAS DE LA SALUD Y PRODUCCIÓN ANIMAL**

**TESIS  
CORRELACIONES GENÉTICAS ENTRE LA EMISIÓN DE METANO Y  
CARACTERÍSTICAS PRODUCTIVAS EN GANADO LECHERO**

**QUE PARA OPTAR POR EL GRADO DE:  
MAESTRO EN CIENCIAS DE LA SALUD Y PRODUCCIÓN ANIMAL**

**PRESENTA:  
MVZ RENÉ CALDERÓN CHAGOYA**

**TUTOR:  
DR. SERGIO IVÁN ROMÁN PONCE  
INIFAP-FMVZ**

**COMITÉ TUTOR:  
DR. FELIPE DE JESÚS RUÍZ LÓPEZ  
INIFAP-FMVZ  
DR. VICENTE ELIEZER VEGA MURILLO  
INIFAP-FMVZ**



Universidad Nacional  
Autónoma de México

Dirección General de Bibliotecas de la UNAM

**Biblioteca Central**



**UNAM – Dirección General de Bibliotecas**  
**Tesis Digitales**  
**Restricciones de uso**

**DERECHOS RESERVADOS ©**  
**PROHIBIDA SU REPRODUCCIÓN TOTAL O PARCIAL**

Todo el material contenido en esta tesis esta protegido por la Ley Federal del Derecho de Autor (LFDA) de los Estados Unidos Mexicanos (México).

El uso de imágenes, fragmentos de videos, y demás material que sea objeto de protección de los derechos de autor, será exclusivamente para fines educativos e informativos y deberá citar la fuente donde la obtuvo mencionando el autor o autores. Cualquier uso distinto como el lucro, reproducción, edición o modificación, será perseguido y sancionado por el respectivo titular de los Derechos de Autor.

## DEDICATORIAS

Para **Karen M. Reyes Briones** y a mi hijo **René Calderón Reyes**:

*Muchas gracias, los adoro por todo su apoyo, ya que tuvieron la paciencia de esperar durante todo el trascurso de mis estudios y darme ánimos para seguir adelante.*

*Por todo eso siempre estaré muy agradecido.*

## **AGRADECIMIENTOS**

A MIS PADRES Y HERMANO: por brindarme tanto apoyo a lo largo de la maestría y gracias a lo cual he logrado concluir como maestro en ciencias de la salud y producción animal.

A MI TUTOR: Dr. Sergio Iván Román Ponce, por su apoyo y paciencia para la elaboración de esta tesis y las enseñanzas que tuve de la misma.

A MI COMITÉ TUTORAL: Dr. Felipe de Jesús Ruiz López y Dr. Vicente E. Vega Murillo, por su supervisión y apoyo para concluir la elaboración de tesis.

Al Dr. Juan Hebert Hernández Medrano quien sin su conocimiento y apoyo no hubiera sido posible esto.

AL JURADO: Dr. Juan Hebert Hernández Medrano, Dr. Moisés Montaña Bermúdez, Dr. José Romano Muñoz y Dr. Carlos Gustavo Vásquez Peláez por su rápida y efectiva revisión de la presente tesis.

Al S.E. Las Margaritas, C.E Los Altos de Jalisco y al CENID FyMA y a los que conforman estos, muchas gracias por tantos años dejándome realizar prácticas en sus instalaciones, ya que me han dejado con experiencias tanto personales como laborales.

A la FMVZ-UNAM por prepararme con nuevos conocimientos.

A CONACYT por darme el apoyo en la realización del grado de maestría.

## RESUMEN

El objetivo de este trabajo fue estimar la correlación genética entre los componentes de la leche y la producción de metano en los sistemas de lechería tropical especializada, doble propósito y lechería familiar. Para el muestreo de metano se utilizó el equipo Guardian-NG el cual provee de un análisis continuo de concentraciones de gas. Se tomaron muestras de leche de manera individual durante el muestreo de metano. Se obtuvieron muestras biológicas (folículos pilosos), de todos los animales incluidos en el experimento para la extracción de DNA. Lo anterior para la obtención de genotipos de alta densidad. Se utilizaron dos plataformas biotecnológicas, la GGP-BOVINE-LD-V4 para los animales del sistema de lechería familiar y la GGDP-BOVINE-150K para los animales de los sistemas tropicales. La estimación de los componentes de varianza para los modelos univariados y bivariados se realizó mediante la metodología de modelos mixtos. Debido a que no se contaba con información genealógica completa a través de los sistemas de producción, se utilizaron los marcadores moleculares para construir la matriz de relaciones genómicas (Matriz G). Los efectos fijos incluidos fueron producción diaria de leche y número de lactación. Como efecto aleatorio se incluyó el sistema de producción. Las heredabilidades fueron obtenidas a partir de los componentes de varianza estimados con los modelos univariados. Las correlaciones genéticas fueron estimadas como resultado de los modelos bivariados. Se realizó un análisis de sensibilidad con diferentes índices de selección, donde se estimó la ganancia genética esperada en cinco generaciones. La heredabilidad estimada para las emisiones de metano durante la ordeña varió entre 0.25 y 0.37. Los resultados de las correlaciones genéticas entre grasa y proteína con las emisiones de metano durante la ordeña fueron negativas, 0.38 y 0.37 respectivamente. Los índices de selección mostraron reducciones de hasta 0.196 mg/min de emisiones de metano durante la ordeña, sin reducir los componentes de la leche.

**Palabras clave:** metano, leche, heredabilidad, índice de selección, correlación genética

## ABSTRACT

The objective of this work was to estimate the genetic correlation between milk components and methane production in specialized tropical dairy systems, dual purpose and family dairy systems. For the sampling of methane the Guardian-NG equipment was used, which provides a continuous analysis of gas concentrations. Milk samples were taken individually during methane sampling. Biological samples (hair follicles) were obtained from all animals included in the experiment for DNA extraction. The above for obtaining high density genotypes. Two biotechnological platforms, GGP-BOVINE-LD-V4, were used for the animals of the family dairy system and the GGDP-BOVINE-150K for the animals of the tropical systems. The estimation of variance components for the univariate and bivariate models was performed using the mixed model methodology. Because complete genealogical information was not available through the production systems, molecular markers were used to construct the matrix of genomic relationships (Matrix G). Fixed effects included daily milk production and lactation number. The production system was included as a random effect. Heritabilities were obtained from the components of variance estimated with the univariate models. Genetic correlations were estimated as a result of bivariate models. A sensitivity analysis was performed implementing different selection indices, where the expected genetic gain was estimated in five generations. The estimated heritability for methane emissions during milking ranged from 0.25 to 0.37. The results of genetic correlations between fat and protein with methane emissions during milking were negative, 0.38 and 0.37 respectively. The selection indices showed reductions of up to 0.196 mg / min of methane emissions during milking, without reducing the components of the milk.

**Key words:** methane, milk, heritability, selection index, genetic correlation

## ÍNDICE GENERAL

ÍNDICE DE CUADROS.....	VII
ÍNDICE DE FIGURAS.....	VIII
INTRODUCCIÓN.....	1
HIPÓTESIS.....	3
OBJETIVOS.....	4
OBJETIVO GENERAL.....	4
OBJETIVOS ESPECÍFICOS.....	4
REVISIÓN DE LITERATURA.....	5
SISTEMAS DE PRODUCCIÓN DE LECHE EN MÉXICO.....	6
SISTEMA DE LECHERÍA FAMILIAR.....	6
SISTEMAS DE PRODUCCIÓN TROPICAL.....	7
CAMBIO CLIMÁTICO.....	9
ESTIMACIÓN DE PRODUCCIÓN DE METANO EN GANADO BOVINO.....	13
SELECCIÓN GENÓMICA COMO UNA HERRAMIENTA PARA LA MITIGACIÓN DE METANO.....	16
JUSTIFICACIÓN.....	18
MATERIAL Y MÉTODOS.....	20
LOCALIZACIÓN.....	20
MANEJO DE LAS UNIDADES DE PRODUCCIÓN.....	21
SISTEMA DE DOBLE PROPÓSITO.....	21
SISTEMA DE LECHERÍA TROPICAL ESPECIALIZADA.....	21
SISTEMA DE LECHERÍA FAMILIAR.....	22
MUESTREO DE METANO.....	22
MUESTREO DE LECHE.....	26
MUESTREO DE ADN.....	27
ANÁLISIS ESTADÍSTICO.....	28
ESTADÍSTICAS DESCRIPTIVAS Y CORRELACIONES FENOTÍPICAS.....	28
ESTIMACIÓN DE COMPONENTES DE VARIANZA.....	28

ESTIMACIÓN DE COMPONENTES DE (CO)VARIANZA .....	30
ESTIMACIÓN DE PARÁMETROS GENÉTICOS .....	31
ÍNDICE DE SELECCIÓN .....	32
RESULTADOS Y DISCUSIÓN .....	35
ESTADÍSTICAS DESCRIPTIVAS Y CORRELACIONES FENOTÍPICAS .....	35
MODELOS UNIVARIADOS .....	38
MODELOS BIVARIADOS .....	39
ÍNDICE DE SELECCIÓN .....	41
CONCLUSIÓN .....	43
BIBLIOGRAFÍA .....	44
ANEXOS .....	57



## ÍNDICE DE CUADROS

Cuadro 1. Sistemas de producción muestreados .....	20
Cuadro 2. Estadísticas descriptivas de la producción diaria de leche y su composición en tres sistemas de producción en México. ....	35
Cuadro 3. Estadísticas descriptivas de las emisiones de metano durante la ordeña entre diferentes componentes de la leche en tres sistemas de producción en México. ....	36
Cuadro 4. Correlaciones de los componentes de la leche con las emisiones de metano durante la ordeña en tres diferentes sistemas de producción. ....	37
Cuadro 5. Componentes de varianza para la producción de metano durante la ordeña y los componentes de la leche. ....	38
Cuadro 6. Heredabilidades para la producción de metano durante la ordeña y componentes de la leche. ....	39
Cuadro 7. Correlaciones genéticas y heredabilidades para la producción de metano durante la ordeña y componentes de la leche. ....	40
Cuadro 8. Correlaciones genéticas y heredabilidades para componentes de la leche con las emisiones de metano durante la ordeña. ....	40
Anexo 1. Ecuaciones para la predicción de metano .....	57
Anexo 2. Índices de selección e intensidad de selección de cada característica del modelo. ....	59
Anexo 3. Índices de selección y ganancia genética para CH <sub>4</sub> y los componentes de la leche. ....	60

## ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1. Instalaciones para el muestreo de metano en ordeñas en Tepatitlán de Morelos, Jalisco. Guardian NG- Infrared Gas. ....	23
Figura 2. Instalaciones para el muestreo de metano en ordeñas en Tepatitlán de Morelos, Jalisco. Pasillo de ordeña.....	24
Figura 3. Instalaciones para el muestreo de metano en ordeñas en Tepatitlán de Morelos, Jalisco. Comederos adaptados a la ordeña. ....	25
Figura 4. Instalaciones para el muestreo de metano en ordeñas en Tepatitlán de Morelos, Jalisco. Manguera recolectora de CH <sub>4</sub> . ....	25
Figura 5. Índices de selección y ganancia genética para CH <sub>4</sub> y los componentes de la leche. ....	42

## INTRODUCCIÓN

El aumento en la concentración de los gases de efecto invernadero (GEI) en años recientes, ha provocado un incremento en la temperatura global promedio (Moss *et al.*, 2000) de aproximadamente 0.61 °C (IPCC, 2014). El nivel de bióxido de carbono (CO<sub>2</sub>) en la atmósfera paso de 180 ppm al principio de la revolución industrial (segunda mitad del siglo XVIII) a 380 ppm en 2006; México en el 2002 generó 643 millones de toneladas de GEI (Sánchez *et al.*, 2011).

El protocolo de Kyoto (Naciones Unidas, 1998) propone la disminución global de los GEI, entre los sectores que se propone se encuentra el agropecuario; las principales fuentes de emisión de GEI son la fermentación entérica, el aprovechamiento del estiércol, el cultivo del arroz, el uso de suelos agrícolas, la quema prescrita de sabanas, la quema en el campo, entre otros. A consecuencia de este acuerdo las emisiones de metano (CH<sub>4</sub>) en los rumiantes se ha convertido en un área importante de investigación, ya que fue de los gases que varios países se comprometieron a disminuir, entre ellos México. La Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y Agricultura (FAO) menciona que el sector lácteo contribuye en un 4% a la producción de CH<sub>4</sub> biogénico (FAO, 2010).

El CH<sub>4</sub> es un gas incoloro e inodoro. En los rumiantes este se produce predominantemente en el rumen, mismo que es liberado por medio de eructos (87%); así como una pequeña parte en el intestino grueso (13%) (Murray *et al.*, 1976). La producción de metano representa una pérdida de energía para los rumiantes la cual va del 2 a 12% de la energía bruta de la ingesta (Johnson y Johnson, 1995). La conversión del alimento a CH<sub>4</sub> en el rumen se produce cuando existe un exceso de hidrógeno, lo que implica la actividad de diversas especies microbianas, con la intervención final de las arqueas metanogénicas (McAllister *et al.*, 1996).

Se han propuesto algunas estrategias para la mitigación de CH<sub>4</sub> proveniente del ganado lechero. Estas estrategias incluyen la reducción del hato bovino, el cambio de alimentación, el uso de suplementos, la inmunización contra las arqueas metanogénicas y la selección dentro de un programa de mejoramiento genético (Wall *et al.*, 2010).

Con los avances biotecnológicos es posible realizar selección genómica (Meuwissen *et al.* 2001). La cual consiste en predecir los valores genéticos de los animales a través de la estimación del efecto de miles de marcadores de un solo polimorfismo (SNP). La aplicación de estas herramientas tecnológicas ha mostrado un gran impacto en el progreso genético de bovinos lecheros, ya que ha duplicado las tasas de ganancia genética de múltiples características, como aquellas con baja heredabilidad ( $h^2$ ; García-Ruiz *et al.*, 2016).

Así como se espera que las  $h^2$  cambien tras aplicar la selección a través del tiempo, efecto Bulmer, de la misma manera lo harán las correlaciones genéticas (Bulmer, 1971).

## **HIPÓTESIS**

Existe correlación genética entre al menos un componente de la leche con la producción de metano en bovinos.

## **OBJETIVOS**

### **OBJETIVO GENERAL**

Estimar las correlaciones genéticas entre las características de la leche y la producción de CH<sub>4</sub> en los sistemas de lechería tropical especializada, doble propósito y lechería familiar.

### **OBJETIVOS ESPECÍFICOS**

1. Estimar las correlaciones genéticas de la producción de CH<sub>4</sub> medida durante la ordeña entre los componentes de la leche dentro de los sistemas de lechería tropical especializada, doble propósito y familiar.
2. Comparar las estimaciones de las correlaciones genéticas de la producción de CH<sub>4</sub> medida durante la ordeña entre los componentes de la leche dentro de los sistemas de lechería tropical especializada, doble propósito y familiar.
3. Evaluar el impacto de las correlaciones, en caso de existir, sobre la respuesta esperada a la selección.

## REVISIÓN DE LITERATURA

En México, la producción de leche de bovino desde el punto de vista tecnológico, agroecológico y socioeconómico es muy heterogénea. Según cifras del Servicio de Información Estadística Agroalimentaria y Pesquera (SIAP) de la Secretaría de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación (SAGARPA), durante el período 2003-2011 la producción nacional de leche de bovino tuvo una tasa media de crecimiento de 1.3%, produciéndose en el 2015 un total de 11,394,663 miles de litros de leche bovina y con un consumo per cápita de 114 litros anuales (SIAP, 2016).

En respuesta al aumento en la demanda de productos de origen animal, particularmente de carne y leche, se han mejorado los sistemas productivos para hacerlos más eficientes y al mismo tiempo amigables con el ambiente, lo que se espera tenga como resultado la disminución de la huella de carbono de la actividad (OECD-FAO, 2016).

A continuación, se realizará una breve descripción de los diferentes sistemas de producción de leche incluidos en este estudio.

## **SISTEMAS DE PRODUCCIÓN DE LECHE EN MÉXICO**

En México, la ganadería emplea aproximadamente 110 millones de ha. En 2013, existía una población bovina de 32,402,461 de cabezas, de las cuales, 2,410,289 son vacas especializadas en la producción de leche (SIAP, 2014). Los animales utilizados en el presente estudio están distribuidos en los sistemas de producción: Sistema de lechería familiar (SF) y sistemas tropicales, que incluye sistema de doble propósito (DP) y lechería tropical especializada (LTE).

### **SISTEMA DE LECHERÍA FAMILIAR**

Se caracteriza por pequeñas unidades de producción que fluctúan entre 3 y 30 vacas (Román Ponce *et al.*, 2009). Las unidades de producción están condicionadas a pequeñas superficies de terreno, principalmente en 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, en menor proporción Suizo Americano y cruza de otras razas. 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. La leche se destina al autoconsumo y en ocasiones es vendida directamente al público o a intermediarios.

Este sistema predomina en los estados de Jalisco, México, Michoacán, Hidalgo, Sonora y en menor grado en Aguascalientes, Baja California, Coahuila, Chihuahua, Distrito Federal, Durango y Nuevo León (SAGARPA, 2000).



## **SISTEMAS DE PRODUCCIÓN TROPICAL**

### **Sistemas de doble propósito**

El principal sistema que se encuentra en las zonas tropicales es la ganadería de DP, la cual cuenta con 2.4 millones de vacas que representan cerca del 60% de las que se dedican a la producción de leche en esta región (Román-Ponce *et al.*, 2013). En este sistema 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* encontramos principalmente Holstein, Suizo Pardo y Simmental.

La leche constituye la principal fuente de ingresos para mantener los gastos de operación, las inversiones se realizan a través de la venta de los animales de desecho y becerros al destete. En la actualidad se han conformado unidades de producción más enfocadas a la producción de leche. La leche se destina a la venta directa al consumidor y a empresas locales para la elaboración de productos lácteos. La ganadería de DP principalmente se desarrolla en las zonas tropicales, pero también se puede encontrar en entidades con clima árido, semiárido y templado (Román-Ponce *et al.*, 2013).

El manejo de los animales se efectúa en forma extensiva, con el mínimo de suplementación alimenticia, y en el empleo ocasional de subproductos agrícolas. El sistema cuenta con instalaciones adaptadas construidas con materiales de la región. La ordeña se realiza en forma manual, con el apoyo del becerro y en ausencia de buenas prácticas de ordeño. El nivel tecnológico en este sistema es bajo, debido al manejo deficiente en reproducción, medicina preventiva, mejoramiento genético y manejo de recursos forrajeros (Hernández *et al.*, 2007).

El ganado de Doble Propósito representa el 28.4% de la población bovina (2,466,477 cabezas) (INEGI, 2007), los estados que cuentan con el mayor número

de vientres en producción bajo este sistema son: Veracruz, Chiapas, Jalisco, Guerrero, Guanajuato, Tabasco, Zacatecas, Nayarit, San Luis Potosí y Tamaulipas. Este sistema también se puede observar en Sinaloa, Coahuila, Oaxaca, Campeche, Puebla, Durango, Colima, Yucatán, Hidalgo, Quintana Roo, Morelos, Nuevo León, Querétaro y Baja California Sur (SAGARPA, 2000).

### **Sistemas de lechería tropical especializada**

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 (Calderón *et al.*, 2016).

## CAMBIO CLIMÁTICO

Los GEI se pueden clasificar para su estudio en dos grupos los GEI de vida larga y corta (IPCC, 2014). Entre los primeros se encuentran el  $\text{CO}_2$ ,  $\text{CH}_4$  y  $\text{N}_2\text{O}$ , los cuales son químicamente estables y persisten en la atmósfera durante décadas, siglos o más, de modo que sus emisiones ejercen su influencia en el clima a largo plazo. Los GEI de vida corta como los gases de dióxido de azufre y el monóxido de carbono, se caracterizan por ser químicamente reactivos y se eliminan por lo general mediante procesos naturales de oxidación en la superficie de la atmósfera o por las precipitaciones, debido a lo anterior sus concentraciones son muy variables. Un caso particular es el  $\text{CO}_2$ , el cual no tiene un período específico de vida ya que está en un ciclo continuo en la atmósfera, los océanos y la biosfera terrestre. Su eliminación neta de la atmósfera involucra una gama de procesos con escalas de tiempo diferentes (IPCC, 2014).

El vapor de agua y los GEI reflejan la radiación de onda larga emitida desde la superficie (Mitchell, 1989). Alrededor del 70% de esta radiación está en la banda de longitud de onda entre 7 y 13  $\mu\text{m}$ , la cual pasa de nuevo a través de la atmósfera al espacio, la radiación restante se absorbe, esencialmente por el vapor de agua y  $\text{CO}_2$ . Como resultado de lo anterior, existe un calentamiento de la troposfera, la cual está en contacto con la superficie de la tierra y se extiende hasta una altitud de unos 10 km, donde se desarrollan todos los procesos meteorológicos y climáticos (Gribbin, 1988).

La temperatura superficial media global es sustancialmente más caliente que la temperatura de radiación efectiva debido al efecto invernadero (Mitchell, 1989). El efecto invernadero es el responsable del aumento en el nivel medio global del mar de entre 17 a 26 cm, con un rango completo de 5 a 44 cm, debido principalmente a la expansión térmica de los océanos y el aumento de descongelamiento del Ártico y el Antártico. El umbral de concentración de los GEI en que se minimice su

efecto no se conoce, pero se acepta que no se debe permitir que aumente (Moss *et al.*, 2000).

Como resultado de todo lo anterior, diversas organizaciones internacionales (v. gr. IPCC) han pedido a los gobiernos de los países desarrollados elaborar los inventarios de gases de efecto invernadero producidos; así como el desarrollo de investigación que busque mecanismos para la mitigación de las emisiones.

Los informes del Grupo Intergubernamental de Expertos sobre el Cambio Climático (IPCC) mencionan que las emisiones anuales de GEI antropogénicas han aumentado en 10 GtCO<sub>2</sub>eq (Giga toneladas métricas de CO<sub>2</sub> equivalente) entre 2000 y 2010. Sin embargo, las emisiones de no-CO<sub>2</sub> (gases de efecto invernadero diferentes de CO<sub>2</sub>) agropecuarias crecieron un 0.9% por año, pese a que después del 2005 las tasas de crecimiento se mantuvieron estables (Tubiello *et al.*, 2013; IPCC, 2014).

En 2010, se emitieron en el mundo 49.2 ( $\pm$  4.5) GtCO<sub>2</sub>eq, el 35% (17 GtCO<sub>2</sub>eq) por el sector de suministro de energía, el 24% (12 GtCO<sub>2</sub>eq) por la agricultura, silvicultura y otros usos del suelo, el 21% (10 GtCO<sub>2</sub>eq) por la industria, el 14% (7 GtCO<sub>2</sub>eq) por el transporte, y finalmente el 6% (3.2 GtCO<sub>2</sub>eq) en las construcciones. En lo que respecta a las emisiones provenientes de la agricultura, silvicultura y otros usos del suelo, esta se puede dividir en: 70% de las emisiones provienen de la fermentación entérica y los suelos agrícolas, entre el 9 y 11 % del cultivo de arroz con cáscara, 6 al 12% de la quema de biomasa y un 7-8% de la gestión del estiércol (Tubiello *et al.*, 2013).

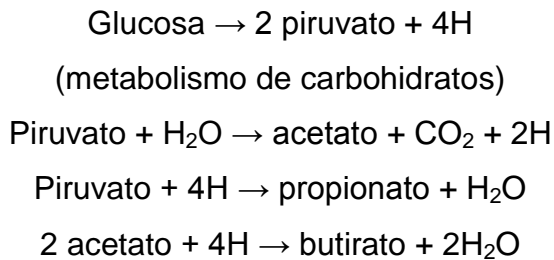
En el sector agropecuario, los GEI de vida larga son los de mayor impacto, y son producidos a través de procesos bacterianos. Sólo fuentes agropecuarias de no-CO<sub>2</sub> se consideran como emisiones de GEI antropogénicas, ya que el CO<sub>2</sub> emitido

por el sector se considera neutral, asociado a los ciclos anuales de fijación de carbono y la oxidación a través de la fotosíntesis.

El presente estudio se enfocó a producción de CH<sub>4</sub> entérico en el ganado bovino productor de leche. El CH<sub>4</sub> es producido en el ecosistema ruminal mediante la metanogénesis, la cual se lleva a cabo en un ambiente anaeróbico. Este proceso es la última etapa de la descomposición de la materia vegetal

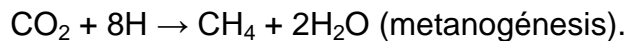
Los microorganismos metanogénicos pertenecen en gran proporción al dominio Archaea, la mayoría identificadas en el rumen asociadas a especies del genero Methanobrevibacter, los cuales representan cerca de dos terceras partes de las arqueas en el rumen. El tercio restante se compone de partes más o menos iguales por filotipos pertenecientes a Methanomicrobium y el cluster rumen C (Janssen y Kirs, 2008). A la fecha, han sido identificados 6 variedades de microorganismos metanogénicos pertenecientes al dominio Archaea, aunque es probable que existan más (Wright *et al.*, 2006; Janssen y Kirs, 2008; Liu y Whitman, 2008; Kong *et al.*, 2013; Poulsen *et al.*, 2013). Sólo ocho especies de microorganismos metanogénicos se han cultivado (Kong *et al.*, 2013) y el número total de especies de arqueas en el rumen es desconocido (Janssen y Kirs, 2008).

La metanogénesis es una vía metabólica única, en la cual el paso principal en el aporte de energía se asocia a la reducción del grupo metilo a CH<sub>4</sub>, la mayoría sintetizado a partir de H<sub>2</sub> y CO<sub>2</sub>; otros sustratos son el formato, metilaminas y metanol de la desmetilación de polímeros de plantas (Sosa *et al.*, 2007). En el retículo-rumen y el intestino grueso, los carbohidratos simples y complejos son hidrolizados por actividad de las enzimas microbianas, los azúcares son fermentados en forma de ácidos grasos volátiles (AGV) a través de vías de varios pasos que producen equivalentes reductores (es decir, el hidrógeno metabólico), que se pueden resumir en las siguientes ecuaciones:



Fuente: (Hungate, 1966; Czerkawski, 1986; Moss *et al.*, 2000)

La metanogénesis es la única manera de que las arqueas metanogénicas pueden obtener energía para su crecimiento (Thaue, 1998). El hidrógeno metabólico se convierte en H<sub>2</sub> por especies bacterianas que expresan hidrogenasa, y el H<sub>2</sub> se convierte en CH<sub>4</sub> por arqueas en la reacción combinada:



Fuente: (Thaue, 1998)

El H<sub>2</sub> disuelto inhibe las vías de fermentación ruminal a través de mecanismos de retroalimentación negativa, y si no se elimina por los microorganismos metanogénicos, se reducirá la degradación de los hidratos de carbono, la tasa de crecimiento microbiano, y la síntesis de proteína (Wolin, 1974; McAllister *et al.*, 2008). Actualmente se descubren nuevos microorganismos metanogénicos como los del orden *Thermoplasmatales* que utilizan grupos metilo en lugar de H<sub>2</sub> (Poulsen *et al.*, 2013), lo anterior puede ayudar a explicar la falta de precisión en los efectos de las diversas manipulaciones del ecosistema ruminal (Knapp *et al.*, 2014).

Como se mencionó con anterioridad, la complejidad en la producción de CH<sub>4</sub> hace necesario implementar diferentes técnicas que nos permitan estimar o medir este gas directamente en los sistemas de producción.

## **ESTIMACIÓN DE PRODUCCIÓN DE METANO EN GANADO BOVINO**

En la actualidad existen varias técnicas para la estimación de la producción de CH<sub>4</sub> que se pueden clasificar en técnicas cerradas, con trazadores (Johnson y Johnson, 1995) y predicciones a través de ecuaciones. Mismas que a continuación se describen.

### **Técnicas con trazadores**

La técnica más utilizada en animales en pastoreo para calcular las emisiones de CH<sub>4</sub> es el hexafluoruro de azufre (SF<sub>6</sub>) (Bonilla y Lemus, 2012), tiene la ventaja que no limita al animal en su comportamiento. Respecto a esta técnica, Mccaughey *et al.* (1999) y DeRamus *et al.*, (2003) señalan que puede determinar del 93-98% del total de CH<sub>4</sub> producido, comparado con las cámaras de respiración. Esta técnica captura continuamente muestras de gas eructado a través de un tubo capilar, conectado a un colector localizado en el cuello del animal. Luego de la recolección de las muestras el colector es presurizado con nitrógeno (N<sub>2</sub>) y con cromatografía de gases se determinan el CH<sub>4</sub> y el SF<sub>6</sub> (Bonilla y Lemus, 2012).

### **Técnicas cerradas**

Las técnicas calorimétricas de respiración tales como las cámaras cerradas, cajas en la cabeza o capuchas ventiladas y máscaras faciales han sido usadas con efectividad para la determinación de las emisiones de CH<sub>4</sub>. Las emisiones son determinadas por la medición del flujo total de aire por el sistema y la diferencia en la concentración entre el aire inspirado y espirado (Garnsworthy *et al.*, 2012a).

En las cámaras respiratorias, la mayor ventaja radica en las mediciones de CH<sub>4</sub> tanto proveniente de la fermentación ruminal como de la fermentación del tracto posterior; las desventajas de esta técnica son: los costos de construcción y de

mantenimiento, la restricción de movimiento de los animales y la alta mano de obra (Garnsworthy *et al.*, 2012b).

Adicionalmente, se han desarrollado equipos que mediante sensores infrarrojos y sistemas de doble longitud de onda no disperso toman parcialmente el aire en el ambiente y estiman las emisiones de CH<sub>4</sub>, tal es el caso de los descritos por Garnsworthy *et al.* (2012a) y Lassen *et al.* (2012). Por medio de estas técnicas se puede obtener mediciones confiables de la producción de CH<sub>4</sub>, lo que hace posible buscar y comprobar técnicas para la mitigación de este gas.

### **Predicción a través de ecuaciones**

Para la estimación de las emisiones de CH<sub>4</sub> en el ganado bovino se han desarrollado ecuaciones de regresión, las cuales toman en cuenta la relación de la composición química de la dieta, el peso vivo, el estado fisiológico del animal y la producción de leche con las emisiones de CH<sub>4</sub> (Mohammed *et al.*, 2011). Lo anterior se basa en la correlación del consumo de materia seca y consumo de alimento residual con la producción de CH<sub>4</sub>, ya que se han encontrado correlaciones mayores a 0.72, de modo que a mayor producción de leche existe un mayor consumo de materia seca y por ende una mayor producción de CH<sub>4</sub> (De Haas *et al.*, 2011).

Si bien estas ecuaciones nos brindan una estimación de las emisiones de CH<sub>4</sub> del animal, éstas se utilizan de forma independiente de otros aspectos en el manejo del ganado lo que puede provocar una baja precisión en las predicciones (Appuhamy *et al.*, 2016).

En el Anexo 1, se presentan los diferentes modelos desarrollados para la estimación de CH<sub>4</sub>. En términos generales, se puede observar la similitud existente entre las distintas ecuaciones. Sin embargo, no existe un modelo único y



definitivo, esto se debe principalmente a la variabilidad entre los sistemas de cada región, entre otros.

Ellis *et al.* (2010) y Appuhamy *et al.* (2016), analizaron diferentes ecuaciones y concluyeron que las estimaciones de las emisiones de CH<sub>4</sub> en vacas lecheras tienen baja sensibilidad a los cambios en la dieta, además de ser diseñadas para ciertas regiones y la extrapolación de estas afectan el resultado.

## SELECCIÓN GENÓMICA COMO UNA HERRAMIENTA PARA LA MITIGACIÓN DE METANO

Diferentes técnicas han sido propuestas para disminuir la producción de CH<sub>4</sub> en los sistemas de producción animal, como el mejoramiento de la productividad y la eficiencia de animales, el incremento de la vida productiva, el cambio en el tipo de alimentación, el uso de suplementos, la inmunización contra las arqueas metanogénicas y la selección de características relacionadas directa o indirectamente con la producción de CH<sub>4</sub> a través de mejoramiento genético. Este último es una tecnología particularmente rentable, con cambios permanentes y acumulativos en el rendimiento (Wall *et al.*, 2010).

La selección genómica fue propuesta por Meuwissen *et al.* (2001), en la que se estiman los efectos de cada SNP sobre el mérito genético de una característica; las sumas de los efectos de cada SNP se utilizan para predecir el mérito genético de los animales. Los mayores beneficios se obtienen en aquellas características con bajas  $h^2$  o que son difíciles de medir.

Debido a las correlaciones genéticas entre los caracteres, la selección, aunque funcione directamente sólo en un solo carácter, afecta también a muchos otros. Por esta razón, la estimación de la correlación genética es de considerable importancia, tanto para la aplicación de la teoría genética cuantitativa en la selección artificial como para la comprensión de los procesos evolutivos en las poblaciones naturales (Roff y Preziosi, 1994).

Como resultado de las mediciones de la producción de CH<sub>4</sub> en cámaras de respiración en el ganado bovino y ovino, se han mostrado evidencias sobre una variabilidad entre los individuos alimentados con la misma dieta (Grainger *et al.*, 2007; Garnsworthy *et al.*, 2012b). Lo anterior sugiere que la morfología y la fisiología ruminal pueden variar entre animales de un mismo hato (Hofmann,

1989), por lo tanto, existe la propuesta para alterar parámetros del rumen a través de la selección.

Los paneles de marcadores moleculares de alta densidad contienen SNP seleccionados a través de todo el genoma. Por medio del desequilibrio de ligamiento se puede identificar en estos los loci de caracteres cuantitativos (QTL). Los QTL son regiones dentro del cromosoma asociadas a uno o más genes que tienen influencia sobre alguna característica cuantitativa (Meuwissen *et al.*, 2001). El ligamiento es la asociación no aleatoria de marcadores en el loci, de manera que la frecuencia es mayor o menor de la asociación que se espera (Slatkin, 2008).

Los genotipos obtenidos por paneles de SNP se han utilizado para estudiar características complejas, investigar patrones de desequilibrio de ligamiento, mapear QTL, aplicar la selección genómica y calcular la ganancia genética (Kijas *et al.*, 2009).

En el caso de características poligénicas el valor genético es producto de la interacción de muchos genes, por lo que es necesario un amplio número de observaciones. Sin embargo, la selección genómica tiene el potencial de reducir el número de observaciones requeridas, acortar los intervalos de generación y aumentar la precisión del valor genético estimado de baja emisión de CH<sub>4</sub>. De Haas *et al.* (2011) proponen que la precisión de la predicción del fenotipo sería casi el doble con la selección genómica en comparación del valor genético predicho con la información genealógica. Las diferencias en la confiabilidad fueron aproximadamente tres veces mayores para la predicción de valores genómicos en comparación con el valor genético predicho; lo que implica que la variación genética explicada por los SNP es tres veces mayor en comparación con la predicha por el pedigrí.

## JUSTIFICACIÓN

En los últimos años la FAO (2010), IPCC (2007) y diferentes universidades en el mundo han señalado que el sector agropecuario es la principal fuente de GEI de vida corta ( $\text{CH}_4$  y  $\text{N}_2\text{O}$ ). Lo anterior ha estimulado a instituciones públicas y privadas a poner en marcha diferentes proyectos con la finalidad de desarrollar técnicas que hagan posible la mitigación de los GEI. Tal es el caso de este estudio en el que se analiza la producción de  $\text{CH}_4$  en diferentes sistemas de producción de leche en México.

Los resultados recientes en estudios realizados en bovinos y ovinos, han mostrado una considerable variabilidad en las emisiones de  $\text{CH}_4$  entre los individuos alimentados con la misma dieta (Grainger *et al.*, 2007).

De Haas *et al.* (2011) mencionan que existe la posibilidad de seleccionar vacas con baja emisión de  $\text{CH}_4$ , 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, hay poca información disponible sobre las oportunidades para mitigar el  $\text{CH}_4$  entérico a través del mejoramiento genético.

Para que la selección se lleve a cabo en un entorno comercial es necesario contar con mediciones de  $\text{CH}_4$ , que se pueden obtener a partir de predictores fenotípicos o el desarrollo de nuevas tecnologías para medir emisiones de  $\text{CH}_4$ , como los medidores de  $\text{CH}_4$  portátiles (Garnsworthy *et al.*, 2012b; Lassen *et al.*, 2012).

Un modo de selección indirecta utiliza características de fácil medición que se encuentran relacionadas con la producción de  $\text{CH}_4$ , como son los casos de consumo de alimento residual y ácidos grasos en leche (Fitzsimons *et al.*, 2013; Pickering *et al.*, 2013), entre otros. En el caso de ácidos grasos de la leche,

estudios de la estequiometría entre el CH<sub>4</sub> y AGV (Demeyer y Nevel, 1975), han demostrado que los ácidos grasos de cadena corta del rumen son los precursores de los ácidos grasos de la leche en el tejido mamario (Mohammed *et al.*, 2011), debido a lo cual se ha propuesto una relación entre el CH<sub>4</sub> y la composición de la leche (Miettinen y Huhtanen, 1996).

La incorporación de información genómica a los programas de mejoramiento de características con pocas mediciones, como es el caso de la emisión de CH<sub>4</sub>, es de alto impacto al lograr un progreso genético mayor al que se obtendría con solo el fenotipo y la información de pedigrí (Calus *et al.*, 2012). La selección genómica es una tecnología particularmente rentable, produce cambios permanentes y acumulativos en el rendimiento y resulta en mayores beneficios en las características que son difíciles de medir y de moderada a baja h<sup>2</sup>, como es el caso del CH<sub>4</sub>.

## MATERIAL Y MÉTODOS

### LOCALIZACIÓN

El presente estudio se realizó en tres unidades de producción (UP) del sistema de DP, dos de LTE y cuatro de SF (Cuadro 1).

Cuadro 1. Sistemas de producción muestreados

Rancho	Sistema	n	Localización	Clima	Razas
La Posta	DP	33	Veracruz	Aw(o)	HOC y SPC
El Zapato	DP	16	Veracruz	Aw(o)	HOC
La Doña	DP	55	Puebla	Af(c)	HOC, SPC y SMC
Santa Elena	LTE	38	Puebla	Af(c)	HO, SP y HOSP
Aguacatal	LTE	38	Puebla	Af(c)	HO, SP y HOSP
Rancho 5	SF	16	Jalisco	(A)C(w1) (e)g	HO
Rancho 6	SF	32	Jalisco	(A)C(w1) (e)g	HO
Rancho 7	SF	25	Jalisco	(A)C(w1) (e)g	HO
Rancho 8	SF	31	Jalisco	(A)C(w1) (e)g	HO

DP: Doble Propósito; LTE: Lechería Tropical Especializada; SF; Familiar. Aw(o): Tropical subhúmedo cálido; Af(c): Subtropical húmedo; (A)C(w1) (e)g: Templado subhúmedo cálido (García, 2004). 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 metros sobre el nivel del mar (msnm) (García, 2004). La temperatura media anual es de 25 °C, así como la precipitación pluvial media anual es de 1,460 mm (García, 2004). 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 una precipitación pluvial media que varía de 2,200 a 2,500 mm (García, 2004).

Las cuatro UP del SF se encuentran en el municipio de Tepatlán, Jalisco con un clima templado subhúmedo cálido (A)C(w1) (e)g a una altitud de 1927 msnm.,

con temperatura media anual de 18 °C y precipitación pluvial media anual de 715 mm (García, 2004).

## **MANEJO DE LAS UNIDADES DE PRODUCCIÓN**

### **SISTEMA DE DOBLE PROPÓSITO**

En todas las UP incluidas en el estudio se maneja el pastoreo rotacional intensivo. En el caso de la UP en Puebla en la época crítica (abril-mayo), a cada hembra se le proporcionó diariamente de 15 a 20 kilogramos de caña japonesa fresca y picada. A las vacas en producción se les suministraron 2 kilogramos de concentrado (16% PC y 70% TND) durante cada ordeño. Todas las hembras reciben una mezcla de minerales y agua a libertad.

El ordeño es de forma mecánica con apoyo del becerro. Sólo se ordeñaron tres tetas, se dejó una teta para la cría hasta que ésta pesó 100 kilogramos. La cría se utilizó para estimular la eyección de leche hasta que cumplió 11.5 meses de edad, momento en que se destetó. El ordeño se efectúa dos veces al día, en forma mecánica, con un equipo de dos o tres plazas con motor eléctrico y(o) de gasolina.

El mejoramiento genético de los animales se realizó de acuerdo con los lineamientos del “Proyecto Nacional de Mejoramiento Genético del Ganado Bovino de Doble Propósito en el Trópico” que desarrolló el INIFAP y la empresa Nestlé México, S.A. de C.V. En este proyecto, el objetivo fue producir genotipos 3/4 y 5/8 Holstein x Cebú, 3/4 y 5/8 Simmental x Cebú y 3/4 y 5/8 Suizo Pardo x Cebú.

### **SISTEMA DE LECHERÍA TROPICAL ESPECIALIZADA**

En cada UP se maneja el pastoreo rotacional intensivo. En la época crítica (abril-mayo), a cada hembra se le proporcionó diariamente de 15 a 20 kilogramos de

caña japonesa fresca y picada. A las vacas en producción se les suministraron 2 kilogramos de concentrado (16% PC y 70% TND) durante cada ordeño. Todas las hembras reciben una mezcla de minerales y agua a libertad.

El ordeño es de forma mecánica, dos veces al día, con un equipo de tres plazas con motor eléctrico y(o) de gasolina.

Los animales se manejaron genéticamente con razas puras y cruzadas de Holstein y Suizo Pardo.

### **SISTEMA DE LECHERÍA FAMILIAR**

En este sistema se maneja el pastoreo extensivo. A las vacas en producción se les suministraron concentrados con rastrojo de maíz con grano durante cada ordeño. Todas las hembras reciben una mezcla de minerales y agua a libertad.

El ordeño es de forma mecánica, dos veces al día, con un equipo de varias plazas con motor eléctrico y(o) de gasolina.

Los animales se manejaron genéticamente con razas puras Holstein en todas las unidades.

### **MUESTREO DE METANO**

Para el muestreo de CH<sub>4</sub> se utilizó la metodología desarrollada por Garnsworthy *et al.* (2012b), 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).



El equipo consta de dos tipos de unidades:

- 1) Unidades principales. Estas están compuestas por un sensor de medición de metano (Guardian NG) y sensores de temperatura ambiental, presión atmosférica y humedad relativa. Estos sensores están conectados a una unidad de logger que registra la información de todos los sensores por segundo. El logger es visible desde el exterior y esto permite el registro del tiempo de entrada y salida de los animales (Figura 1).
- 2) Unidades auxiliares. Estas unidades cuentan solo con un sensor de medición de metano Guardian NG, el cual está conectado al logger de la unidad principal a través de un cable de datos para el registro de la información por segundo.



Figura 1. Instalaciones para el muestreo de metano en ordeñas en Tepatitlán de Morelos, Jalisco. Guardian NG- Infrared Gas.

5) Unidad principal; 5A, 5B y 6A) Unidades auxiliares.

Todos los equipos que se utilizaron fueron previamente calibrados conforme a las indicaciones del proveedor. Para ello se utilizó gas CH<sub>4</sub> en concentraciones del 0.25%,.0.50%, 0.75% y 1.00%. Estas unidades se identificaron y colocaron en un mismo orden dentro de cada UP, para evitar confusión en las bases de datos. Para esto se utilizaron estructuras firmes que mantuvieran en posición vertical las

unidades y fuera de la zona de trabajo de los ordeñadores (Figura 2). Cada unidad fue conectada mediante una manguera de poliuretano de 8x5 mm, la cual a través de una bomba de vacío se muestreaba el aire contenido dentro de los comederos (Figura 4). Los equipos se protegieron de las partículas contenidas en los comederos mediante filtros de agua y polvo.



Figura 2. Instalaciones para el muestreo de metano en ordeñas en Tepatitlán de Morelos, Jalisco. Pasillo de ordeña.

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  $\text{CH}_4$ . 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 (Figura 3).



Figura 3. Instalaciones para el muestreo de metano en ordeñas en Tepatitlán de Morelos, Jalisco. Comederos adaptados a la ordeña.

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  $\text{CH}_4$ ; con el objetivo de contar con un mínimo de 10 días efectivos de medición en cada UP.



Figura 4. Instalaciones para el muestreo de metano en ordeñas en Tepatitlán de Morelos, Jalisco. Manguera recolectora de  $\text{CH}_4$ .

Se elaboró una primera base de datos con la información de la hora de entrada y salida del ordeño de cada animal durante el periodo de medición. Una segunda base de información obtenida directamente de los equipos fue generada por el software Loggy Soft 1.9.0 (SIMEX Sp. z o.o., Gdansk, Poland). Ambas bases de datos fueron analizadas mediante un programa de análisis de picos desarrollado por Garnsworthy *et al.* (2012a)

Se efectuó una prueba para conocer la dilución de CH<sub>4</sub> en los comederos de cada UP. Esta prueba es importante ya que al ser cámaras abiertas existe ingreso de aire del exterior.

La prueba de dilución consiste en la liberación de un volumen fijo de CH<sub>4</sub> a una concentración conocida en el comedero, por ejemplo, dos litros de CH<sub>4</sub> al 1.0%. Los sitios de liberación fueron la base y el centro del comedero. La liberación de CH<sub>4</sub> se repitió tres veces en cada UP. El factor de dilución se calculó como la relación media de las concentraciones de CH<sub>4</sub> en los gases liberados y muestreados.

## **MUESTREO DE LECHE**

Las muestras de leche se obtuvieron de manera individual durante el ordeño, cada muestra consistió en un mínimo de 50 ml de leche obtenida directamente de los pesadores. Las muestras fueron conservadas 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, porcentaje de proteína y porcentaje de lactosa.

## MUESTREO DE ADN

Se obtuvieron muestras de pelos con folículos pilosos directamente de la cola, estas muestras fueron tomadas de todos los animales involucrados en el experimento.

La muestra se tomó de una porción que se encontrara lo más limpia y seca posible, en cantidad suficiente (mínimo 100 pelos) para tener respaldos en caso de ser necesarios, con su correspondiente identificación (número de la UP y el número de identificación del animal).

Las muestras de pelo fueron enviadas al laboratorio GENESEEK (Lincoln, Nebraska). En este laboratorio se extrajo el ADN y se obtuvieron los genotipos mediante microarreglos de alta densidad. En el caso de los animales provenientes del SF, se utilizó el arreglo GGP BOVINE LD V4. Mismo que permite obtener 30,125 SNP para cada animal. En el caso de los animales del trópico 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 en el trópico son en su mayoría ganado cruzado y se requiere 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 (Purcell, 2010), y consistió en las siguientes pruebas:

- 1.- MIND (Missingness per individual). Esta prueba calcula los marcadores perdidos y se removieron individuos con menos del 90% de la información genotípica.
- 2.- MAF (Minor allele frequency). La cual consiste en calcular la frecuencia del alelo menos común en un determinado locus dentro de la población y fueron

eliminados los animales con un valor menor a 5% de la información con los marcadores.

3.- GENO (Missingness per marker) que es el conteo de animales que se remueven por marcadores con una proporción menor de 90% de marcadores útiles.

Al final del control de calidad y la identificación de marcadores en ambas plataformas el número de marcadores disponibles fue de 20,776 SNP para cada animal.

## **ANÁLISIS ESTADÍSTICO**

### **ESTADÍSTICAS DESCRIPTIVAS Y CORRELACIONES FENOTÍPICAS**

Las estadísticas descriptivas de los componentes de la leche, emisiones de CH<sub>4</sub> durante la ordeña y la relación entre la producción de CH<sub>4</sub> se obtuvieron con el procedimiento MEANS del software SAS 9.3 (SAS, 2013).

Las correlaciones de Pearson entre los componentes de la leche, la relación de CH<sub>4</sub> con diferentes componentes de la leche y las mediciones de emisiones de CH<sub>4</sub>; fueron obtenidas con el procedimiento CORR del programa SAS 9.3 (SAS, 2013).

### **ESTIMACIÓN DE COMPONENTES DE VARIANZA**

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 (2008), 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 subtrae la matriz P (nxm) 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:

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

La estimación de componentes de varianza de las emisiones de CH<sub>4</sub> durante el ordeño y los componentes de la leche se realizó mediante el programa ASReml-R (Butler *et al.*, 2009).

La selección del modelo se realizó con los efectos de producción diaria de leche, 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 y porcentaje de lactosa. 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. La representación matricial del modelo animal se describe como (VanRaden 2008):

$$y = 1\mu + Xb + Z_1a + W_1n + e \quad (2)$$

a) En el modelo:

$y$  = Vector de las variables respuesta (producción de CH<sub>4</sub> durante la ordeña, porcentaje de grasa, proteína o lactosa).

$\mu$  = Media general a la variable respuesta

$X$  = Matriz de incidencia para los efectos fijos de producción diaria de leche y número de lactación.

$b$  = Vector de soluciones para los efectos fijos.

$Z_1$  = Matriz de incidencia de los efectos aleatorios del animal.

$a$  = Vector de soluciones para el efecto aleatorio del animal  $\sim N(0, G\sigma^2_\alpha)$ .

$W_1$  = Matriz de incidencia para el efecto aleatorio del sistema de producción.

$n$  = Vector de soluciones del efecto aleatorio del sistema de producción.

$e$  = Vector de los efectos aleatorios de los residuales  $\sim N(0, I\sigma^2_e)$ .

### ESTIMACIÓN DE COMPONENTES DE (CO)VARIANZA

La estimación de componentes de covarianza entre las emisiones de CH<sub>4</sub> durante el ordeño y los componentes de la leche, así como las correlaciones genéticas se implementaron mediante el programa ASReml-R (Butler *et al.*, 2009).

El modelo de efectos fijos utilizados en los modelos bivariados fueron los mismos de los modelos univariados seleccionados anteriormente. El modelo bivariado se representa en términos matriciales como sigue (VanRaden 2008):

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & 0 \\ 0 & X_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & 0 \\ 0 & Z_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} W_1 & 0 \\ 0 & W_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} n_1 \\ n_2 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \end{bmatrix} \quad (3)$$

a) En el modelo:

$y_1$  y  $y_2$  = Vector de las variables respuesta (producción de CH<sub>4</sub> durante la ordeña, porcentaje de grasa, proteína o lactosa).

$X_1$  y  $X_2$  = Matrices de incidencia para los efectos fijos de producción diaria de leche y número de lactación.

$b_1$  y  $b_2$  = Vector de soluciones para los efectos fijos.

$Z_1$  y  $Z_2$  = Matrices de incidencia de los efectos aleatorios del animal.



$a_1$  y  $a_2$  = Vector de soluciones para el efecto aleatorio del animal  
 $\sim N(0, G\sigma^2_\alpha)$ .

$W_1$  y  $W_2$  = Matrices de incidencia para el efecto aleatorio del sistema de producción.

$n_1$  y  $n_2$  = Vector de soluciones del efecto aleatorio del sistema de producción.

$e_1$  y  $e_2$  = Vector de los efectos aleatorios de los residuales  $\sim N(0, I\sigma^2_e)$ .

## ESTIMACIÓN DE PARÁMETROS GENÉTICOS

Las  $h^2$  fueron obtenidas a partir de los componentes de varianza estimados con los modelos univariados. Las correlaciones genéticas fueron estimadas a partir de los modelos bivariados. La  $h^2$  fue estimada mediante la siguiente ecuación (Cameron, 1997):

$$h^2 = \frac{\sigma^2_a}{\sigma^2_f} \quad (4)$$

Dónde:

$h^2$  = heredabilidad

$\sigma^2_a$  = varianza aditiva

$\sigma^2_f$  = varianza fenotípica

Las correlaciones genéticas fueron estimadas mediante la siguiente ecuación (Cameron, 1997):

$$r_{xy} = \frac{\sigma_{xy}}{\sqrt{\sigma^2_x \sigma^2_y}} \quad (5)$$

Donde:

$r_{xy}$  = correlación genética entre las variables x y y

$\sigma_{xy}$  = covarianza genética de las variables x y y

$\sigma^2_x$  = varianza genética de la variable x

$\sigma^2_y$  = varianza genética de la variable y

## ÍNDICE DE SELECCIÓN

El índice de selección es una tecnología para maximizar la mejora genética en un objetivo específico (MacNeil *et al.*, 1997).

Para el presente trabajo se realizó un análisis de sensibilidad con diferentes índices de selección, para observar la dinámica entre la exactitud de los índices y su ganancia genética (Anexo 2). A 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.

Se utilizaron los componentes de varianza y covarianza 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.

El valor de H es referido como el valor genético, sin embargo, los valores genéticos verdaderos no pueden ser conocidos sin el error y por lo tanto la selección debe ser practicada en los predictores (MacNeil *et al.*, 1997).

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. Por lo tanto, se define como:

$$I = b p \quad (6)$$

Donde:

$p$  = es un vector de valores fenotípicos para el conjunto de criterios de selección

$b$  = son los factores de ponderación utilizados en la toma de decisiones de selección

Con el fin de maximizar la correlación de H e I, la información se combina como:

$$Ga = Pb \quad (7)$$

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

$b$  = 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:

$$P^{-1} Ga = b \quad (8)$$

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 verdadero, esta se calcula de la siguiente manera:

$$r_{HI} = \frac{b Pb}{a Qa} \quad (9)$$

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 varianzas 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:

$$E(\Delta g) = \frac{iG'b}{\sigma_I} \quad (10)$$

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:

$$\sigma_I = \sqrt{b'Pb} \quad (11)$$

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 Y DISCUSIÓN

### ESTADÍSTICAS DESCRIPTIVAS Y CORRELACIONES FENOTÍPICAS

Las estadísticas descriptivas de la producción diaria de leche y su composición en los tres sistemas de producción en México que se incluyeron en el presente trabajo se muestran en el Cuadro 2. Se observa que la producción de leche en el sistema de DP presenta valores acordes a la literatura (Simón y López, 2009; Simón *et al.*, 2010; Calderón, 2014), entre 6.3 y 9.0 kg de leche diarios; en cambio, la LTE presenta valores inferiores en producción de leche por día (García *et al.*, 2001).

Cuadro 2. Estadísticas descriptivas de la producción diaria de leche y su composición en tres sistemas de producción en México.

VARIABLE	SISTEMA	N	PESO			PORCENTAJE		
			MEDIA	DE	CV	MEDIA	DE	CV
LECHE	DP	100	6.77	3.749	0.55			
	LTE	76	11.81	6.773	0.57			
	SF	104	15.94	6.102	0.38			
	PROMEDIO		11.55	6.816	0.59			
GRASA	DP	100	0.24	0.133	0.56	3.58	0.824	0.23
	LTE	76	0.42	0.223	0.53	3.68	0.524	0.14
	SF	104	0.58	0.242	0.42	3.69	0.674	0.18
	PROMEDIO		0.41	0.250	0.60	3.65	0.696	0.19
PROTEÍNA	DP	100	0.30	0.169	0.56	3.21	0.408	0.13
	LTE	76	0.53	0.315	0.60	3.19	0.441	0.14
	SF	104	0.74	0.295	0.40	3.27	0.360	0.11
	PROMEDIO		0.53	0.322	0.61	3.23	0.400	0.12
LACTOSA	DP	100	0.21	0.015	0.07	4.51	0.440	0.10
	LTE	76	0.36	0.029	0.08	4.37	0.383	0.09
	SF	104	0.52	0.021	0.04	4.63	0.388	0.08
	PROMEDIO		0.37	0.027	0.07	4.51	0.418	0.09

DP= Sistema de doble propósito, SF= Lechería Familiar, LTE= Lechería tropical especializada, N= Número de observaciones, DE= Desviación estándar, CV= Coeficiente de variación.

La producción de leche en el DP tiende a ser la menor de los tres sistemas, mientras que en el SF se observó la mayor producción. Adicionalmente, se observó que los porcentajes de los componentes de la leche no cambian a través

de sistemas, pero los kilogramos de cada componente de la leche si lo hacen (Agudelo-Gómez y Bedoya-Mejía, 2005). El sistema de DP en los promedios de producción diaria de grasa, lactosa y proteína tendió a ser más baja; en cambio el SF presentó las mayores producciones diarias de grasa, lactosa y proteína.

Las emisiones de CH<sub>4</sub> promedio durante la ordeña y la producción de CH<sub>4</sub> entre diferentes componentes de la leche en los tres sistemas de producción se muestran en el Cuadro 3.

Cuadro 3. Estadísticas descriptivas de las emisiones de metano durante la ordeña entre diferentes componentes de la leche en tres sistemas de producción en México.

<b>VARIABLE</b>	<b>SISTEMA</b>	<b>N</b>	<b>MEDIA</b>	<b>DE</b>	<b>CV</b>
<b>Emisiones de metano durante la ordeña (mg/min)</b>	<b>DP</b>	100	0.65	0.575	0.89
	<b>LTE</b>	76	0.84	0.178	0.21
	<b>SF</b>	104	0.84	0.384	0.46
	<b>PROMEDIO</b>		0.77	0.435	0.56
<b>Metano (mg/min) / Producción de leche (kg)</b>	<b>DP</b>	100	0.15	0.187	1.27
	<b>LTE</b>	76	0.11	0.084	0.79
	<b>SF</b>	104	0.06	0.040	0.65
	<b>PROMEDIO</b>		0.11	0.127	1.22
<b>Metano (mg/min) / Grasa (kg)</b>	<b>DP</b>	100	4.34	6.065	1.40
	<b>LTE</b>	76	2.92	2.455	0.84
	<b>SF</b>	104	1.74	1.190	0.68
	<b>PROMEDIO</b>		2.99	4.054	1.36
<b>Metano (mg/min) / Proteína (kg)</b>	<b>DP</b>	100	4.59	5.883	1.28
	<b>LTE</b>	76	3.33	2.744	0.82
	<b>SF</b>	104	1.93	1.243	0.65
	<b>PROMEDIO</b>		3.26	4.021	1.24

DP= Sistema de doble propósito, SF= Lechería Familiar, LTE= Lechería tropical especializada, N= Número de observaciones, DE= Desviación estándar, CV= coeficiente de variación.

Las emisiones de CH<sub>4</sub> en el sistema de DP fueron de 0.65 mg/min, y en SF y LTE el promedio en ambos fue de 0.84 mg/min; la variabilidad en el sistema de DP fue mayor que la presentada en los otros sistemas de producción. Estos resultados de las emisiones de CH<sub>4</sub> durante la ordeña son menores a los

publicados por Garnsworthy *et al.* (2012), esto puede deberse a sus sistemas productivos más eficientes, donde tienen animales con producciones de leche más altos, por ende, tienen un mayor consumo de alimento, lo que lleva a tener una mayor producción de CH<sub>4</sub>.

Las emisiones de CH<sub>4</sub> durante la ordeña con respecto a los componentes de la leche se encuentran en el Cuadro 3. Estas variables representan una referencia a la proporción de las emisiones de CH<sub>4</sub> con respecto a los componentes de la leche. Las emisiones de CH<sub>4</sub> durante la ordeña entre grasa en el sistema de DP fueron de 4.34, en el SF de 1.74 y el sistema LTE de 2.92. Las emisiones de CH<sub>4</sub> durante la ordeña entre proteína en el sistema de DP son de 4.59, en el SF de 3.19 y el sistema LTE de 3.33.

Las correlaciones fenotípicas entre los componentes de la leche con las emisiones de CH<sub>4</sub> durante la ordeña se encuentran en el Cuadro 4. Los resultados aquí obtenidos muestran que, para los porcentajes y pesos de los componentes de la leche, únicamente el porcentaje de grasa en el SF tiene una correlación fenotípica negativa significativa ( $p < 0.05$ ); este resultado concuerda con lo descrito por Grainger *et al.* (2010), quien determinó que la reducción promedio de las emisiones de CH<sub>4</sub> incrementa el porcentaje de grasa.

Cuadro 4. Correlaciones de los componentes de la leche con las emisiones de metano durante la ordeña en tres diferentes sistemas de producción.

<b>Variables</b>	<b>DP</b>	<b>LTE</b>	<b>SF</b>	<b>TOTAL</b>
<b>Promedio de producción de leche</b>	-0.116	-0.057	-0.038	0.075
<b>Porcentaje de grasa</b>	0.138	0.003	*-0.193	0.031
<b>Kilogramos de grasa</b>	-0.023	-0.059	-0.156	0.051
<b>Porcentaje de proteína</b>	0.099	0.132	-0.067	0.050
<b>Kilogramos de proteína</b>	-0.087	-0.031	-0.040	0.086
<b>Porcentaje de lactosa</b>	0.069	0.011	0.085	0.070
<b>Kilogramos de lactosa</b>	-0.103	-0.058	-0.022	0.082

\*=  $p < .05$ . DP= Sistema de doble propósito, SF= Lechería Familiar, LTE= Lechería tropical especializada.

## MODELOS UNIVARIADOS

Los componentes de varianza genética aditiva para la producción de CH<sub>4</sub> y los componentes de la leche se presentan en el Cuadro 5. En el caso de los componentes de la leche, el porcentaje de grasa y lactosa, podemos observar que la variación genética es menor a la variación del sistema y a la residual.

Cuadro 5. Componentes de varianza para la producción de metano durante la ordeña y los componentes de la leche.

<b>Variables</b>	<b>Componente</b>	<b>S<sup>2</sup></b>	<b>EE</b>
<b>Producción de metano durante la ordeña</b>	Sistema	0.019	0.025
	Genética	0.039	0.020
	Residual	0.099	0.039
<b>Porcentaje de Grasa</b>	Sistema	0.029	0.036
	Genética	0.007	0.036
	Residual	0.416	0.083
<b>Porcentaje de Proteína</b>	Sistema	0.022	0.027
	Genética	0.021	0.017
	Residual	0.095	0.034
<b>Porcentaje de Lactosa</b>	Sistema	0.017	0.019
	Genética	0.010	0.012
	Residual	0.105	0.025

S<sup>2</sup>= Varianza, EE= Error estándar

En el Cuadro 6 se muestran las h<sup>2</sup> para la producción de CH<sub>4</sub> durante la ordeña y componentes de la leche. La h<sup>2</sup> estimada para emisiones de CH<sub>4</sub> durante la ordeña fue de 0.25 (± 0.166); este valor es similar a los publicados por otros autores, los cuales midieron en cámaras metabólicas (Pinares-Patiño *et al.* 2013; Pickering *et al.*, 2015) o incluso con las obtenidas mediante ecuaciones de predicción (De Haas *et al.*, 2011). Lo anterior, nos sugiere que la medición de CH<sub>4</sub> durante la ordeña es una buena referencia para estimar parámetros genéticos. Estos resultados concuerdan con los estimadores obtenidos mediante procedimientos teóricamente equivalentes de medición de CH<sub>4</sub> (Lassen *et al.*, 2012).



Cuadro 6. Heredabilidades para la producción de metano durante la ordeña y componentes de la leche.

<b>Característica</b>	<b>h<sup>2</sup></b>	<b>EE</b>
<b>Producción de metano durante la ordeña</b>	0.25	0.166
<b>Porcentaje de Grasa</b>	0.02	0.083
<b>Porcentaje de Proteína</b>	0.15	0.146
<b>Porcentaje de Lactosa</b>	0.07	0.095

h<sup>2</sup>= heredabilidad, EE= Error estándar

En el caso de los componentes de la leche, porcentaje de grasa y porcentaje de lactosa, las h<sup>2</sup> estimadas en este trabajo es menor a la observada en otros estudios (Othmane *et al.*, 2002; Miglior *et al.*, 2007; González-Peña *et al.*, 2009). De igual manera, la h<sup>2</sup> estimada para el porcentaje de proteína es menor a la publicada por Othmane *et al.* (2002) con una h<sup>2</sup> de 0.23 (Cuadro 6). Esta baja h<sup>2</sup> puede ser a consecuencia de una gran variabilidad en nuestra base de datos, ya que se tiene información de animales de diferentes sistemas, en diferentes regiones y con diferentes razas.

### **MODELOS BIVARIADOS**

Las h<sup>2</sup> estimadas mediante los modelos bivariados se incrementaron ligeramente (Cuadro 8); estos valores se aproximen a los observados por otros autores (Othmane *et al.*, 2002; Miglior *et al.*, 2007; González-Peña *et al.*, 2009). En el caso de las h<sup>2</sup> estimadas para las emisiones de CH<sub>4</sub> durante la ordeña variaron entre 0.28 y 0.29; lo anterior es ligeramente superior a los resultados del modelo univariado.

Las correlaciones genéticas entre emisiones de CH<sub>4</sub> durante la ordeña se presentan en el Cuadro 7. Los resultados obtenidos proponen un antagonismo genético entre el porcentaje de grasa y proteína con las emisiones de CH<sub>4</sub> durante la ordeña, -0.38 y -0.37, respectivamente. En contraste, el porcentaje de lactosa se correlacionó positivamente (0.76) con las emisiones de CH<sub>4</sub> durante la ordeña. En comparación a los presentados por Lassen *et al.* (2016) cuyos valores para la

correlación entre CH<sub>4</sub> y gramos de grasa en leche fue de menor magnitud (-0.15) y los resultados de correlación de CH<sub>4</sub> y gramos de proteína en leche fue de la misma magnitud, pero de signo contrario (0.39). Cabe mencionar que esta diferencia puede deberse 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 (Schutz *et al.*, 1990).

Cuadro 7. Correlaciones genéticas y heredabilidades para la producción de metano durante la ordeña y componentes de la leche.

	Porcentaje de Grasa		Porcentaje de Proteína		Porcentaje de Lactosa	
	Valor	EE	Valor	EE	Valor	EE
<b>Correlación genética</b>	-0.38	0.870	-0.37	0.470	0.76	0.527
<b>h<sup>2</sup> metano</b>	0.29	0.177	0.28	0.175	0.29	0.179
<b>h<sup>2</sup> componente</b>	0.05	0.111	0.17	0.164	0.09	0.105

h<sup>2</sup>= heredabilidad, EE= Error estándar

Los resultados obtenidos indican que la h<sup>2</sup> de la relación del porcentaje de grasa con las emisiones de CH<sub>4</sub> durante la ordeña es de 0.34 y la h<sup>2</sup> de la relación del porcentaje de proteína con las emisiones de CH<sub>4</sub> durante la ordeña es de 0.41 (Cuadro 8).

Cuadro 8. Correlaciones genéticas y heredabilidades para componentes de la leche con las emisiones de metano durante la ordeña.

	Metano(mg/min) / Grasa(kg)		Metano(mg/min) / Proteína(kg)	
	Valor	EE	Valor	EE
<b>Correlación genética</b>	0.99	0.040	0.99	0.017
<b>h<sup>2</sup> metano</b>	0.37	0.216	0.35	0.204
<b>h<sup>2</sup> componente</b>	0.34	0.208	0.41	0.235

h<sup>2</sup>= heredabilidad, EE= Error estándar

Las h<sup>2</sup> estimadas para las emisiones de CH<sub>4</sub> durante la ordeña estuvieron en el rango de 0.35 y 0.37; estos valores son superiores a los resultados del modelo

univariado, sin embargo, son similares a los encontrados por otros autores (De Haas *et al.*, 2011; Pinares-Patiño *et al.*, 2013; Pickering *et al.*, 2015). Las correlaciones genéticas entre las emisiones de CH<sub>4</sub> durante la ordeña y el porcentaje de grasa y porcentaje de proteína con esta misma fueron de 0.99; esto puede ser resultado de la multicolinealidad existente entre ambos grupos de variables (Blalock, 1963).

### **ÍNDICE DE SELECCIÓN**

La exactitud de los índices de selección ( $r_{HI}$ ) y la ganancia genética ( $\Delta g$ ) se presentan en el Anexo 3 y Figura 5. Se puede observar que en todos los índices de selección al disminuir las emisiones de CH<sub>4</sub> durante la ordeña no afecta a los componentes de la leche. Por otro lado, al revisar la  $r_{HI}$  los más exactos son aquellos donde se selecciona principalmente para las emisiones de CH<sub>4</sub> durante la ordeña, lo que tiene como resultado que al disminuir las emisiones de CH<sub>4</sub> durante la ordeña se aumenta la concentración de los componentes de la leche.

En el mejor de los casos (Índice 1 al 10) la  $r_{HI}$  varía de 15.06 a 19.58 en una generación. Lo que significaría reducciones de entre 0.190 a 0.196 mg/min 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. Como se mencionó anteriormente existe una correlación negativa entre ambas características lo que provoca este efecto en la selección.

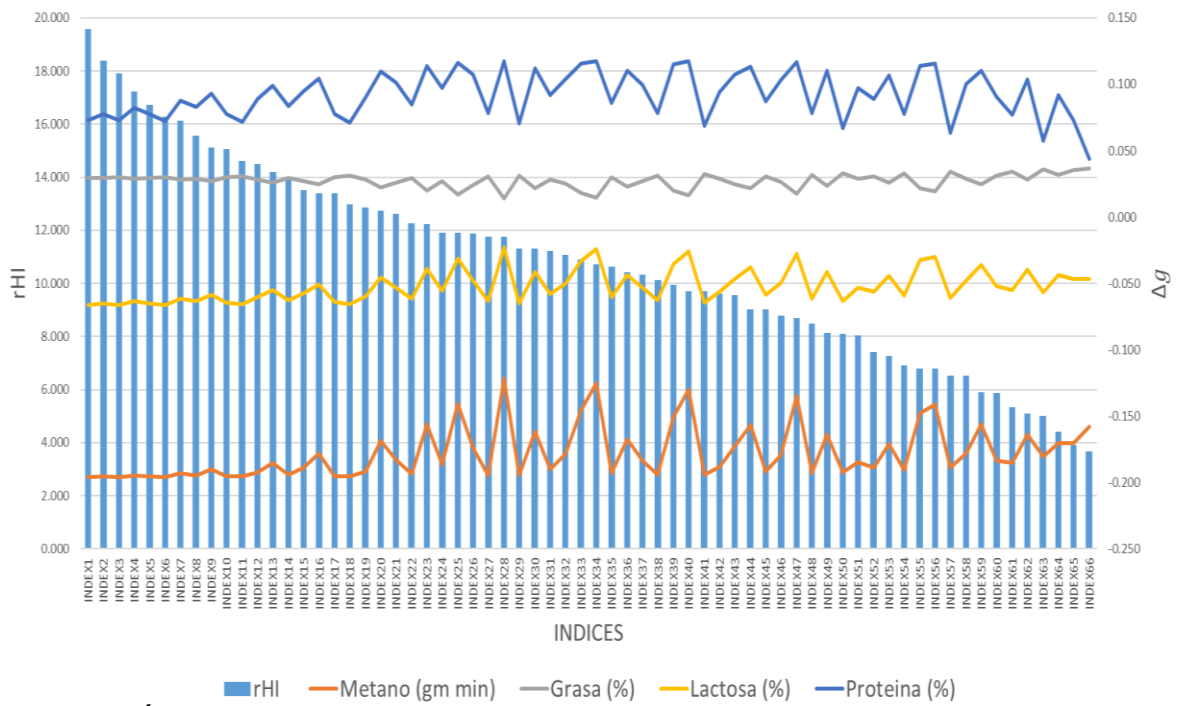


Figura 5. Índices de selección y ganancia genética para CH<sub>4</sub> y los componentes de la leche.

## CONCLUSIÓN

Los resultados de las correlaciones genéticas entre las emisiones de CH<sub>4</sub> durante la ordeña con los componentes de la leche (porcentaje de grasa y porcentaje de proteína) sugieren una relación de beneficio, es decir al disminuir las emisiones de CH<sub>4</sub> durante la ordeña aumentan los porcentajes de los componentes de la leche. Esto hace posible el seleccionar CH<sub>4</sub> indirectamente y sin afectar de manera negativa las unidades de producción.

Las ganancias genéticas por generación obtenidas a partir de los índices de selección hacen posible proponer la inclusión de emisiones de CH<sub>4</sub> durante la ordeña, dentro de un programa de mejoramiento genético, donde se incluya como objetivo la mitigación de CH<sub>4</sub> en la producción de leche bovina. Lo anterior, con reducciones de entre 0.190 a 0.196 mg/min de emisiones de CH<sub>4</sub> durante la ordeña en cinco generaciones, sin decremento de los componentes de la leche.

## BIBLIOGRAFÍA

- Agudelo-Gómez, D. A. y Bedoya-Mejía, O. (2005) 'Composición nutricional de la leche de ganado vacuno', *Revista LASALLISTA de investigación*, 2(1), pp. 38-42.
- Appuhamy, J., James France y Ermias Kebreab (2016) 'Models for predicting enteric methane emissions from dairy cows in North America, Europe, y Australia and New Zealand', *Global Change Biology*, 22, pp. 3039–3056. doi: 10.1111/gcb.13339.
- Blalock, H. M. (1963) 'Correlated Independent Variables: The Problem of Multicollinearity', *Social Forces*. Oxford University Press, 42(2), pp. 233–237. doi: 10.1093/sf/42.2.233.
- Bonilla, C. y Lemus, C. (2012) 'Emisión de metano entérico por rumiantes y su contribución al calentamiento global y al cambio climático'. *Revista Mexicana De Ciencias Pecuarias*, 3(2), pp. 215–246.
- Bulmer, M. G. (1971) 'The Effect of Selection on Genetic Variability', *The American Naturalist*. University of Chicago Press , 105(943), pp. 201–211. doi: 10.1086/282718.
- Butler, D. G., Cullis, B. R., Gilmour, A. R. y Gogel, B. J. (2009) *ASReml-R reference manual. ASReml estimates variance components under a general linear mixed model by residual maximum likelihood (REML)*. Available at: <https://www.vsni.co.uk/downloads/asreml/release3/asreml-R.pdf> (Accessed: 26 July 2017).
- Calderón, R. C. R., Hernández, J. O. V., Olazarán, S. J., Ramírez, J. de J. M. G., Rosete, J. V. F., Utrera, Á. R., Galavíz, J. R. R., Vega, V. E. M., Castañeda, O. G. M., Aguilar, U. B. y Lagunes, J. L. (2016) *Manual ilustrado Lechería tropical. segunda*. Mexico: Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias.
- Calderón Chagoya, R. (2014) 'Análisis productivo y reproductivo del ganado en un módulo de validación de tecnología de Doble Propósito en clima subtropical

- húmedo Af(c)', Universidad Veracruzana, 1(Análisis productivo y reproductivo del ganado en un módulo de validación de tecnología de Doble Propósito en clima subtropical húmedo Af(c)), p. 56.
- Calus, M. P. L., de Haas, Y., Pszczola, M. y Veerkamp, R. F. (2012) 'Predicted accuracy of and response to genomic selection for new traits in dairy cattle.', *Animal: an international journal of animal bioscience*, 7(2), pp. 183–91. doi: 10.1017/S1751731112001450.
- Cameron, N. (1997) Selection indices and prediction of genetic merit in animal breeding. CAB international.
- Charmley, E., Williams, S. y Moate, P. (2016) 'A universal equation to predict methane production of forage-fed cattle in Australia', *Animal Production Science*, 56, pp. 169–180.
- Corre, W. (2002) 'Agricultural land use and emissions of methane and nitrous oxide in Europe', *Plant Research International*, (40).
- Czerkawski, J. W. (1986) An introduction to rumen studies. 1st ed. Oxford [Oxfordshire]; Pergamon Press. Available at: <https://searchworks.stanford.edu/view/11604157> (Accessed: 25 July 2017).
- Demeyer, D. I. y Nevel, C. J. Van (1975) 'Methanogenesis, an integrated part of carbohydrate fermentation and its control', in *Digestion and Metabolism in the Ruminant I*. University. Armidale, Australia, pp. 366–382.
- DeRamus, H. A., Clement, T. C., Giampola, D. D. y Dickison, P. C. (2003) 'Methane emissions of beef cattle on forages: efficiency of grazing management systems.', *Journal of environmental quality*, 32(1), pp. 269–77. Available at: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/12549566> (Accessed: 25 July 2017).
- Ellis, J. L., Bannink, A., France, J., Kebreab, E. y Dijkstra, J. (2010) 'Evaluation of enteric methane prediction equations for dairy cows used in whole farm models', *Global Change Biology*, 16(12), pp. 3246–3256. doi: 10.1111/j.1365-2486.2010.02188.x.
- Falconer, D. (1981) *Introduction to Quantitative Genetics*. Longman, London.

- FAO (2010) 'Greenhouse Gas Emissions from the Dairy Sector', [www.FAO.com](http://www.FAO.com), p. 98. doi: 10.1016/S0301-4215(01)00105-7.
- Fitzsimons, C., Kenny, D. A., Deighton, M. H., Fahey, A. G. y McGee, M. (2013) 'Methane emissions, body composition, and rumen fermentation traits of beef heifers differing in residual feed intake', *Journal of Animal Science*, 91(12), pp. 5789–5800. doi: 10.2527/jas2013-6956.
- García, E. (2004) Modificaciones al sistema de clasificación climática de Köppen. Quinta. Edited by Instituto de Geografía-UNAM. Available at: [http://www.igeograf.unam.mx/sigg/utilidades/docs/pdfs/publicaciones/geo\\_si glo21/serie\\_lib/modific\\_al\\_sis.pdf](http://www.igeograf.unam.mx/sigg/utilidades/docs/pdfs/publicaciones/geo_si glo21/serie_lib/modific_al_sis.pdf) (Accessed: 25 July 2017).
- García, R., González, R. y Ponce, P. (2001) *Revista cubana de ciencia agrícola.*, *Revista Cubana de Ciencia Agrícola*. Instituto de Ciencia Animal. 35 (2), pp. 121-127. Available at: <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=193018220005> (Accessed: 27 July 2017).
- García-Ruiz, A., Cole, J. B., VanRaden, P. M., Wiggans, G. R., Ruiz-López, F. J. y Tassell, C. P. Van (2016) 'Changes in genetic selection differentials and generation intervals in US Holstein dairy cattle as a result of genomic selection', *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 113(33), p. 201519061. doi: 10.1073/PNAS.1519061113.
- Garnsworthy, P. C., Craigon, J., Hernandez-Medrano, J. H. y Saunders, N. (2012a) 'On-farm methane measurements during milking correlate with total methane production by individual dairy cows.', *Journal of dairy science*. Elsevier, 95(6), pp. 3166–80. doi: 10.3168/jds.2011-4605.
- Garnsworthy, P. C., Craigon, J., Hernandez-Medrano, J. H. y Saunders, N. (2012b) 'Variation among individual dairy cows in methane measurements made on farm during milking.', *Journal of dairy science*. Elsevier, 95(6), pp. 3181–9. doi: 10.3168/jds.2011-4606.



- Giger-Reverdin, S., Morand-Fehr, P. y Tran, G. (2003) 'Literature survey of the influence of dietary fat composition on methane production in dairy cattle', *Livestock Production Science*, 83, pp. 73–79.
- González-Peña, D., Guerra, D., Evora, J. C., Portales, A., Ortiz, J., González, S. y Ramírez, R. (2009) 'heredabilidad y tendencia genética de la producción de leche y grasa en vacas siboney de cuba', *Ciencia y Tecnología Ganadera*, 3(1), pp. 27–32.
- Grainger, C., Clarke, T., McGinn, S. M., Auldist, M. J., Beauchemin, K. A., Hannah, M. C., Waghorn, G. C., Clark, H. y Eckard, R. J. (2007) 'Methane emissions from dairy cows measured using the sulfur hexafluoride (SF<sub>6</sub>) tracer and chamber techniques', *Journal of Dairy Science. Elsevier*, 90(6), pp. 2755–2766. doi: 10.3168/jds.2006-697.
- Grainger, C., Williams, R., Clarke, T., Wright, A. D. G. y Eckard, R. J. (2010) 'Supplementation with whole cottonseed causes long-term reduction of methane emissions from lactating dairy cows offered a forage and cereal grain diet', *J Dairy Sci*, 93(6), pp. 2612–2619. doi: DOI 10.3168/jds.2009-2888.
- Gribbin, J. (1988) 'The greenhouse effect', *New Scientist*. Available at: <https://www.newscientist.com/article/mg12016350-100-the-greenhouse-effect/> (Accessed: 25 July 2017).
- De Haas, Y., Windig, J. J., Calus, M. P. L., Dijkstra, J., Haan, M. De, Bannink, A. y Veerkamp, R. F. (2011) 'Genetic parameters for predicted methane production and potential for reducing enteric emissions through genomic selection.', *Journal of dairy science*, 94(12), pp. 6122–34. doi: 10.3168/jds.2011-4439.
- Hernández, V. J. O., Olazarán, J. S., Galavíz, R. J. R., Ríos, U. Á., Lagunes, L. J., Rosete, F. J. V., Vega, M. V. E., Aguilar, B. U., Ramírez, G. M., Castañeda, M. O. y Calderón, R. R. C. (2007) *Manual ilustrado para el manejo de la lechería tropical especializada con bovinos*.

- Hofmann, R. R. (1989) 'Evolutionary steps of ecophysiological adaptation and diversification of ruminants: a comparative view of their digestive system', *Oecologia*, 78(4), pp. 443–457. doi: 10.1007/BF00378733.
- Hristov, A. N., Oh, J., Firkins, J. L., Dijkstra, J., Kebreab, E., Waghorn, G., Makkar, H. P. S., Adesogan, A. T., Yang, W., Lee, C., Gerber, P. J., Henderson, B. y Tricarico, J. M. (2013) 'SPECIAL TOPICS-Mitigation of methane and nitrous oxide emissions from animal operations: I. A review of enteric methane mitigation options', *Journal of Animal Science*, 91(11), pp. 5045–5069. doi: 10.2527/jas2013-6583.
- Hungate, R. E. (1966) *The rumen and its microbes*. New York London: Academic Press. Available at:  
<http://www.worldcat.org/title/rumen-and-its-microbes/oclc/526601>  
(Accessed: 25 July 2017).
- INEGI (2007) *Censo Agrícola, Ganadero y Forestal 2007. Tabulado VIII Apartado 48. 'Existencias de porcinos según calidad de Ganado por entidad federativa'*.
- IPCC (1997) *IPCC Guidelines for National Greenhouse Gas Inventories*. Edited by IPCC/OECD/IEA. Bracknell, UK: Intergovernmental Panel on Climate Change.
- IPCC (2006) *IPCC (2006) 2006 IPCC Guidelines for National Greenhouse Gas Inventories*. Intergovernmental Panel on Climate Change.
- IPCC (2007) *Estabilización de los gases atmosféricos de efecto invernadero: implicaciones físicas, biológicas y socioeconómicas*.
- IPCC (2014) *Climate Change 2014: Mitigation of Climate Change, Working Group III Contribution to the Fifth Assessment Report of the Intergovernmental Panel on Climate Change*. Cambridge University Press. doi: 10.1017/CBO9781107415416.
- Janssen, P. H. y Kirs, M. (2008) 'Structure of the archaeal community of the rumen', *Applied and Environmental Microbiology*, 74(12), pp. 3619–3625. doi: 10.1128/AEM.02812-07.

- Johnson, K. a y Johnson, D. E. (1995) 'Methane emissions from cattle Methane Emissions from Cattle', pp. 2483–2492.
- Kijas, J. W., Townley, D., Dalrymple, B. P., Heaton, M. P., Maddox, J. F., McGrath, A., Wilson, P., Ingersoll, R. G., McCulloch, R., McWilliam, S., Tang, D., McEwan, J., Cockett, N., Oddy, V. H., Nicholas, F. W., Raadsma, H., Barris, W., Bishop, S. C., Coltman, D., Crawford, A., Eggen, A., Erhardt, G., Forage, R., Hanotte, O., Hunt, P., Jianlin, H., Li, K., Marsan, P. A., Miller, J. E., Pemberton, J. y Schibler, L. (2009) 'A genome wide survey of SNP variation reveals the genetic structure of sheep breeds', PLoS ONE, 4(3). doi: 10.1371/journal.pone.0004668.
- Kirchgeßner, M., Windisch, W. y Muller, H. (1995) 'Nutritional factors affecting methane production by ruminants', Ruminant Physiology, Digestion, Metabolism, Growth and Reproduction. Ferdinand Enke Verlag, Stuttgart., pp. 333–343.
- Knapp, J. R., Laur, G. L., Vadas, P. a, Weiss, W. P. y Tricarico, J. M. (2014) 'Invited review: Enteric methane in dairy cattle production: quantifying the opportunities and impact of reducing emissions.', Journal of dairy science. Elsevier, 97(6), pp. 3231–61. doi: 10.3168/jds.2013-7234.
- Kong, Y., Xia, Y., Seviour, R., Forster, R., McAllister, T. A., DA, S., KE, P., T, G., SD, M. y AD, W. (2013) 'Biodiversity and composition of methanogenic populations in the rumen of cows fed alfalfa hay or triticale straw', FEMS Microbiology Ecology. John Wiley & Sons Ltd, Chichester, UK, 84(2), pp. 302–315. doi: 10.1111/1574-6941.12062.
- Lassen, J., Lovendahl, P. y Madsen, J. (2012) 'Accuracy of noninvasive breath methane measurements using Fourier transform infrared methods on individual cows', Journal of Dairy Science. Elsevier, 95(2), pp. 890–898. doi: 10.3168/jds.2011-4544.
- Liu, Y. y Whitman, W. B. (2008) 'Metabolic, Phylogenetic, and Ecological Diversity of the Methanogenic Archaea', Annals of the New York Academy of

- Sciences. Blackwell Publishing Inc, 1125(1), pp. 171–189. doi: 10.1196/annals.1419.019.
- MacNeil, M. D., Nugent, R. A. y Snelling, W. M. (1997) 'Breeding for profit: an introduction to selection index concepts', Range beef cow symposium XV, p. 142. Available at:  
<http://digitalcommons.unl.edu/cgi/viewcontent.cgi?article=1141&context=rangebeefcowsymp>.
- McAllister, T. a., Cheng, K.-J., Okine, E. K. y Mathison, G. W. (1996) 'Dietary, environmental and microbiological aspects of methane production in ruminants', Canadian Journal of Animal Science, 76(2), pp. 231–243. doi: 10.4141/cjas96-035.
- McAllister, T. A., Newbold, C. J., Lynn, D., Toovey, A., Popovski, S., Rea, S., Pimm, C., Klein, L. y Takahashi, J. (2008) 'Redirecting rumen fermentation to reduce methanogenesis', Australian Journal of Experimental Agriculture. CSIRO PUBLISHING, 48(2), p. 7. doi: 10.1071/EA07218.
- Mccaughey, W. P., Wittenberg, K. y Corrigan, D. (1999) 'Impact of pasture type on methane production by lactating beef cows', canadian journal of animal science. Available at:  
[http://www1.agric.gov.ab.ca/\\$foragebeef/frgebeef.nsf/all/ccf759/\\$FILE/GHGpasturetype.pdf](http://www1.agric.gov.ab.ca/$foragebeef/frgebeef.nsf/all/ccf759/$FILE/GHGpasturetype.pdf) (Accessed: 25 July 2017).
- Meuwissen, T. H. E., Hayes, B. J. y Goddard, M. E. (2001) 'Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps', Genetics, 157(4), pp. 1819–1829. doi: 11290733.
- Miettinen, H. y Huhtanen, P. (1996) 'Effects of the Ratio of Ruminal Propionate to Butyrate on Milk Yield and Blood Metabolites in Dairy Cows', Journal of Dairy Science, 79(5), pp. 851–861. doi: 10.3168/jds.S0022-0302(96)76434-2.
- Miglior, F., Sewalem, A., Jamrozik, J., Bohmanova, J., Lefebvre, D. M. and Moore, R. K. (2007) 'Genetic Analysis of Milk Urea Nitrogen and Lactose and Their

- Relationships with Other Production Traits in Canadian Holstein Cattle', *Journal of Dairy Science*, 90(5), pp. 2468–2479. doi: 10.3168/jds.2006-487.
- Mills, J., Kebreab, E. y Yates, C. (2003) 'Alternative approaches to predicting methane emissions from dairy cows', *Journal of Animal Science*, 81, pp. 3141–3150.
- Mitchell, J. F. B. (1989) 'The "Greenhouse" effect y climate change', *Reviews of Geophysics*, 27(1), p. 115. doi: 10.1029/RG027i001p00115.
- Moate, P., Williams, S., Grainger, C., Hannah, M., Ponnampalam, E. y Eckard, R. (2011) 'Influence of cold-pressed canola, brewers grains and hominy meal as dietary supplements suitable for reducing enteric methane emissions from lactating dairy cows', *Animal Feed Science and Technology*, pp. 254–264.
- Moe, P. y Tyrrell, H. (1979) 'Methane production in dairy cows', *Journal of dairy science*, 62, pp. 1583–1856.
- Mohammed, R., McGinn, S. M. y Beauchemin, K. A. (2011) 'Prediction of enteric methane output from milk fatty acid concentrations and rumen fermentation parameters in dairy cows fed sunflower, flax, or canola seeds', *Journal of Dairy Science*, 94(12), pp. 6057–6068. doi: 10.3168/jds.2011-4369.
- Moraes, L., Strathe, A., Fadel, J., Casper, D. y Kebreab, E. (2014) 'Prediction of enteric methane emissions from cattle', *Global Change Biology*, 20, pp. 2140–2148.
- Moss, A. R., Jouany, J. y Newbold, J. (2000) 'Methane production by ruminants : its contribution to global warming (Review article)', *Ann. Zootech*, 49, pp. 231–253. doi: 10.1051/animres:2000119.
- Murray, R. M., Bryant, a M. y Leng, R. a (1976) 'Rates of production of methane in the rumen and large intestine of sheep.', *The British journal of nutrition*, 36(1), pp. 1–14. doi: 10.1079/BJN19760053.
- Naciones Unidas (1998) Protocolo de kyoto de la convención marco de las naciones unidas sobre el cambio climático, Protocolo de Kyoto. Available at: <http://unfccc.int/resource/docs/convkp/kpspan.pdf>.

- Nielsen, N., Volden, H., Akerlind, M., Brask, M., Hellwing, A., Storlein, T. y Bertilsson, J. (2013) 'A prediction equation for enteric methane emission from dairy cows for use in NorFor', *Acta Agriculturae Scandinavica, Section A - Animal Science*, 63, pp. 126–130.
- OECD-FAO (2016) *OECD- FAO Agricultural Outlook 2016- 2025 special focus: Sub- saharan africa*. OECD Publishing. Paris. Available at: <http://www.oecd-ilibrary.org/docserver/download/5116021e.pdf?expires=1491489954&id=id&accname=guest&checksum=040E76E06119E8931A962227E35EFBE1> (Accessed: 6 April 2017).
- Othmane, M. H., De La Fuente, L. F., Carriedo, J. A. y San Primitivo, F. (2002) 'Heritability and Genetic Correlations of Test Day Milk Yield and Composition, Individual Laboratory Cheese Yield, and Somatic Cell Count for Dairy Ewes', *Journal of Dairy Science*, 85(10), pp. 2692–2698. doi: 10.3168/jds.S0022-0302(02)74355-5.
- Pickering, A. N. K., Haas, Y. De, Basarab, J., Cammack, K., Hayes, B., Hegarty, R. S., Lassen, J., McEwan, J. C., Miller, S., Pinares-Patino, S., Shackell, G., Vercoe, P. y Oddy, V. H. (2013) 'Consensus methods for breeding low methane emitting animals', *Animal Selection, Genetics & Genomics Network White Paper*, (December), pp. 1–57.
- Pickering, N. K., Chagunda, M. G. G., Banos, G., Mrode, R., McEwan, J. C. y Wall, E. (2015) 'Genetic parameters for predicted methane production and laser methane detector measurements', *Journal of Animal Science*, 93(1), pp. 11–20. doi: 10.2527/jas2014-8302.
- Pinares-Patiño, C. S., Hickey, S. M., Young, E. a, Dodds, K. G., MacLean, S., Molano, G., Sandoval, E., Kjestrup, H., Harland, R., Hunt, C., Pickering, N. K. y McEwan, J. C. (2013) 'Heritability estimates of methane emissions from sheep.', *Animal: an international journal of animal bioscience*, 7 Suppl 2, pp. 316–321. doi: 10.1017/S1751731113000864.
- Poulsen, M., Schwab, C., Borg Jensen, B., Engberg, R. M., Spang, A., Canibe, N., Højberg, O., Milinovich, G., Fragner, L., Schleper, C., Weckwerth, W., Lund,

- P., Schramm, A. y Urich, T. (2013) 'ARTICLE Methylothermophilic methanogenic Thermoplasmata implicated in reduced methane emissions from bovine rumen', NATURE COMMUNICATIONS. doi: 10.1038/ncomms2432.
- Purcell, S. (2010) 'PLINK (1.07) Documentation'. Available at:  
<http://zzz.bwh.harvard.edu/plink/dist/plink-doc-1.07.pdf> (Accessed: 25 July 2017).
- Ramin, M. y Huhtanen, P. (2013) 'Development of equations for predicting methane emissions from ruminants', Journal of dairy science, 96, pp. 2476–2493.
- Roff, D. A. y Preziosi, R. (1994) 'The estimation of the genetic correlation: the use of the jackknife', Heredity , pp. 544–548. Available at:  
[https://www.researchgate.net/profile/Derek\\_Roff/publication/32046015\\_The\\_estimation\\_of\\_the\\_genetic\\_correlation\\_The\\_use\\_of\\_the\\_jackknife/links/57e1667808ae9e25307d38bc.pdf](https://www.researchgate.net/profile/Derek_Roff/publication/32046015_The_estimation_of_the_genetic_correlation_The_use_of_the_jackknife/links/57e1667808ae9e25307d38bc.pdf) (Accessed: 8 August 2017).
- Román Ponce, H., Ortega Reyes, L., Ruiz López, F. de J., Medina Cruz, M., Vera Avila, H. R., Núñez Hernández, G., Espinosa García, J. A., Díaz Aparicio, E. y Hernández Andrade, L. (2009) 'Producción de leche de bovino en el sistema de doble propósito', Libro técnico. Available at:  
<http://biblioteca.inifap.gob.mx:8080/jspui/handle/123456789/1567>  
(Accessed: 25 July 2017).
- Román-Ponce, S. I., Ruiz-López, F. de J., Montaldo, H. H., Rizzi, R. y Román-Ponce, H. (2013) 'Efectos de cruzamiento para producción de leche y características de crecimiento en bovinos de doble propósito en el trópico húmedo Effects of crossbreeding on milk production and growth characteristics in dual-purpose cattle in the humid tropics', Revista Mexicana De Ciencias Pecuarias, 4(4), pp. 405–416.
- SAGARPA (2000) 'Situación Actual y Perspectiva de la Producción de Leche de Ganado Bovino en México'. Available at:

- [http://www.sagarpa.gob.mx/ganaderia/Publicaciones/Lists/Estudios de situacin actual y perspectiva/Attachments/20/sitlech99.pdf](http://www.sagarpa.gob.mx/ganaderia/Publicaciones/Lists/Estudios%20de%20situacion%20actual%20y%20perspectiva/Attachments/20/sitlech99.pdf) (Accessed: 25 July 2017).
- Sánchez, I. C., Díaz, G. P., Cavazos, M. T. P., Granados, G. R. R. y Gómez, E. R. (2011) Elementos para entender el cambio climatico. Primera. Mexico: Editorial Porrúa. Available at:  
[http://biblioteca.diputados.gob.mx/janium/bv/ce/scpd/LXI/elem\\_enten\\_camcli .pdf](http://biblioteca.diputados.gob.mx/janium/bv/ce/scpd/LXI/elem_enten_camcli.pdf) (Accessed: 11 July 2017).
- SAS (2013) 'SAS 9.4 Software'. Available at:  
[https://www.sas.com/en\\_us/software/sas9.html](https://www.sas.com/en_us/software/sas9.html) (Accessed: 25 July 2017).
- Schutz, M. M., Hansen, L. B., Steuernagel, G. R., Reneau, J. K. y Kuck, A. L. (1990) 'Genetic Parameters for Somatic Cells, Protein, and Fat in Milk of Holsteins', *Journal of Dairy Science*. Elsevier, 73(2), pp. 494–502. doi: 10.3168/jds.S0022-0302(90)78697-3.
- SIAP (2014) 'Resumen nacional. Poblacion ganadera, avícola y apícola', pp. 1–4.
- SIAP (2016) 'Boletín de Leche abril-junio de 2016', SAGARPA. Available at:  
[http://infosiap.siap.gob.mx/opt/boletlech/B\\_de\\_Leche\\_abril-junio\\_2016 .pdf](http://infosiap.siap.gob.mx/opt/boletlech/B_de_Leche_abril-junio_2016.pdf) (Accessed: 2 July 2017).
- Simón, L. y López, O. (2009) 'Comportamiento lechero de genotipos Holstein x Cebú en silvopastoreo Dairy performance of Holstein x Zebu genotypes under silvopastoral system conditions', *Pastos y Forrajes*, 32(3), pp. 1–10.
- Simón, L., López, O. y Álvarez, D. (2010) 'Evaluación de vacas de doble propósito de genotipos Holstein x Cebú en sistemas de pastoreo arborizado. I. Primíparas Evaluation of double-purpose Holstein x Zebu cows in grazing systems with trees. I. Primiparous', *Pastos y Forrajes*, 33(1).
- Slatkin, M. (2008) 'Linkage disequilibrium — understanding the evolutionary past and mapping the medical future', *Nature Reviews Genetics*, 9(6), pp. 477–485. doi: 10.1038/nrg2361.



- Sosa, A., Galindo, J. y Bocourt, R. (2007) 'Metanogénesis ruminal: aspectos generales y manipulación para su control', *Revista Cubana de Ciencia Agrícola*, 41, pp. 105–114.
- Storlein, T., Volden, H., Almoy, T., Beauchemin, K., Mcallister, T. y Harstad, O. (2014) 'Prediction of enteric methane production from dairy cows', *Acta Agriculturae Scandinavica, Section A - Animal Science*, (64), pp. 98–109.
- Thaue, R. (1998) 'Biochemistry of methanogenesis: a tribute to Stephenson Prize Lecture', *Microbiology*, 144(144), pp. 2377–2406. Available at: <http://www.microbiologyresearch.org/docserver/fulltext/micro/144/9/mic-144-9-2377.pdf?expires=1501005982&id=id&accname=guest&checksum=2C9C738CAA079725CB3774EB611AB2BD> (Accessed: 25 July 2017).
- Tubiello, F. N., Salvatore, M., Rossi, S., Ferrara, A., Fitton, N. y Smith, P. (2013) 'The FAOSTAT database of greenhouse gas emissions from agriculture', *Environmental Research Letters*. IOP Publishing, 8(1), p. 15009. doi: 10.1088/1748-9326/8/1/015009.
- VanRaden, P. M. (2008) 'Efficient methods to compute genomic predictions.', *Journal of dairy science*. Elsevier, 91(11), pp. 4414–23. doi: 10.3168/jds.2007-0980.
- Wall, E., Simm, G. y Moran, D. (2010) 'Developing breeding schemes to assist mitigation of greenhouse gas emissions', *Animal*, 4(3), p. 366. doi: 10.1017/S175173110999070X.
- Wolin, M. J. (1974) 'Metabolic interactions among intestinal microorganisms.', *The American journal of clinical nutrition*. American Society for Nutrition, 27(11), pp. 1320–8. Available at: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed/4217102> (Accessed: 25 July 2017).
- Wright, A.-D. G., Toovey, A. F. y Pimm, C. L. (2006) 'Molecular identification of methanogenic archaea from sheep in Queensland, Australia reveal more uncultured novel archaea', *Anaerobe*, 12(3), pp. 134–139. doi: 10.1016/j.anaerobe.2006.02.002.

Yan, T., Agnew, R., Gordon, F. y Porter, M. (2000) 'Prediction of methane energy output in dairy and beef cattle offered grass silage-based diets', *Livestock Production Science*, 64, pp. 253–263.

## ANEXOS

### Anexo 1. Ecuaciones para la predicción de metano

Fuente	Modelos para predecir emisiones de CH <sub>4</sub> (g por día) <sup>a</sup>
Moe y Tyrrell (1979)	= [3.41 + 0.511 x NSC + 1.74 x HC + 2.65 x CEL]/0.05565
Kirchgeßner <i>et al.</i> (1995)	= 10.0 + 4.9 x Milk + 1.5 x BW <sup>0.75</sup>
IPCC (1997) Tier II	= [0.060 x GEI]/0.05565
IPCC (2006) Tier II	= [0.065 x GEI]/0.05565
Yan <i>et al.</i> (2000)	= [3.23 + 0.055 x GEI]/0.05565 = [3.32 + 0.071 x DEI]/0.05565
Corre (2002)	= [50.0 + 0.01 x Milk x 365]/365 x 1000
Giger-Reverdin <i>et al.</i> (2003)	= [44.9 - 0.022 x DMIBW <sup>2</sup> ] x DMI x (16/22.4) = [47.3 - 0.021 x DMI <sup>2</sup> - 0.68 x EE] x DMIBW x (16/22.4)
Mills <i>et al.</i> (2003)	= [5.93 + 0.92 x DMI]/0.05565 = [1.06 + 0.87 x DMI + 10.27 x dietary forage proportion]/0.05565 = [56.27 - (56.27 + 0) x e <sup>[-0.028 x DMI]</sup> ]/0.05565 = [8.25 + 0.07 x MEI]/0.05565 = [45.89 - (45.89 + 0) x e <sup>[-0.003 x MEI]</sup> ]/0.05565
Ellis <i>et al.</i> (2007)	= [3.23 + 0.809 x DMI]/0.05565 = [3.14 + 2.11 x NDFI]/0.05565 = [2.16 + 0.493 x DMI - 1.36 x ADFI + 1.97 x NDFI]/0.05565 = [4.08 + 0.068 x MEI]/0.05565 = [1.21 + 0.059 x MEI + 0.093 x Forage]/0.05565 = [1.64 + 0.040 x MEI + 1.45 x NDFI]/0.05565 = [8.56 + 0.139 x Forage]/0.05565 = [5.87 + 2.43 x ADFI]/0.05565
Moate <i>et al.</i> (2011)	= [24.51 + 0.788 x EE] x DMI = [e <sup>(3.15-0.035 x EE)</sup> x DMI]
Hristov <i>et al.</i> (2013)	= 2.54 + 19.14 x DMI
Nielsen <i>et al.</i> (2013)	= [1.36 x DMI - 1.25 x FA - 0.20 x CP + 0.170 x NDF]/0.05565 = [1.23 x DMI - 1.45 x FA + 0.120 x NDF]/0.05565 = [1.23 x DMI - 1.45 x FA + 0.171 x dNDF]/0.05565 = [1.39 x DMI - 0.91 x FA]/0.05565 = [1.26 x DMI]/0.05565 = [0.738 x DMIBW - 1.45 x FA + 0.130 x NDF]/0.05565
Ramin y Huhtanen (2013)	= [62 + 25 x DMI] x 16.0/22.4 = [20 + 35.8 x DMI - 0.5 x DMI <sup>2</sup> ] x 16.0/22.4
Storlein <i>et al.</i> (2014)	= [-1.47 + 1.28 x DMI]/0.05565 = [-2.76 + 3.74 x NDFI]/0.05565

---

Moraes <i>et al.</i> (2014)	= [3.25 + 0.043 x GEI]/0.05565
	= [0.225 + 0.042 x GEI + 0.125 x NDF - 0.329 x EE]/0.05565
	= [-9.311 + 0.042 x GEI + 0.094 x NDF - 0.381 x EE + 0.008 x BW + 1.621 x mFat]/0.05565
Charmley <i>et al.</i> (2016)	= 38.0 + 19.22 x DMI
	= [2.14 + 0.058 x GEI]/0.05565

---

<sup>a</sup>NSC= ingesta de carbohidratos no estructurales (kg día<sup>-1</sup>), HC= consumo de hemicelulosa (kg día<sup>-1</sup>), energía bruta (MJ día<sup>-1</sup>), DEI= energía digestible (MJ día<sup>-1</sup>), DMIBW= consumo de materia seca conforme al BW (g kg<sup>-1</sup>), DMI = consumo de materia seca (kg día<sup>-1</sup>), MEI = energía metabolizable (MJ día<sup>-1</sup>), NDFI = consumo de fibra neutro detergente (NDF) (kg día<sup>-1</sup>), Forage= forraje en la dieta (% de DM), ADFI= consumo de fibra ácido detergente (kg día<sup>-1</sup>), Ym= Tasa de conversión de metano (% de GEI), CP= contenido de proteína cruda (% de DM), NDF= contenido de NDF (% de DM), dNDF= contenido de NDF digestible total aparente en la dieta (% de DM), EE= contenido de extracto de éter en la dieta (% de DM), FA= ácidos grasos (% de DM), mFat= porcentaje de grasa de leche, CEL= consumo de celulosa (kg día<sup>-1</sup>), Milk= producción de leche (kg día<sup>-1</sup>), BW= peso vivo (kg).  
Fuente: (Appuhamy *et al.*, 2016).

Anexo 2. Índices de selección e intensidad de selección de cada característica del modelo.

INDEX	CH <sub>4</sub>	Grasa	Proteína	INDEX	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

Anexo 3. Índices de selección y ganancia genética para CH<sub>4</sub> y los componentes de la leche.

INDEX	$r_{HI}$	CH <sub>4</sub>	$\Delta g$		INDEX	$r_{HI}$	CH <sub>4</sub>	$\Delta g^*$	
			FAT	PROT				FAT	PROT
INDEX1	19.58	-0.196	0.030	0.073	INDEX34	10.72	-0.125	0.015	0.117
INDEX2	18.38	-0.196	0.029	0.078	INDEX35	10.63	-0.193	0.030	0.086
INDEX3	17.92	-0.196	0.030	0.073	INDEX36	10.41	-0.167	0.023	0.110
INDEX4	17.23	-0.195	0.029	0.082	INDEX37	10.32	-0.184	0.027	0.100
INDEX5	16.72	-0.196	0.030	0.078	INDEX38	10.12	-0.194	0.031	0.078
INDEX6	16.26	-0.196	0.030	0.072	INDEX39	9.95	-0.151	0.020	0.115
INDEX7	16.14	-0.193	0.028	0.088	INDEX40	9.70	-0.130	0.016	0.117
INDEX8	15.57	-0.195	0.029	0.083	INDEX41	9.70	-0.194	0.032	0.069
INDEX9	15.13	-0.190	0.027	0.093	INDEX42	9.62	-0.188	0.029	0.094
INDEX10	15.06	-0.195	0.030	0.078	INDEX43	9.56	-0.173	0.025	0.107
INDEX11	14.61	-0.196	0.031	0.072	INDEX44	9.01	-0.157	0.022	0.113
INDEX12	14.49	-0.192	0.028	0.089	INDEX45	9.01	-0.192	0.030	0.087
INDEX13	14.21	-0.185	0.026	0.099	INDEX46	8.77	-0.179	0.027	0.103
INDEX14	13.92	-0.194	0.029	0.084	INDEX47	8.70	-0.135	0.018	0.117
INDEX15	13.50	-0.189	0.027	0.095	INDEX48	8.49	-0.193	0.032	0.078
INDEX16	13.41	-0.178	0.025	0.104	INDEX49	8.12	-0.164	0.024	0.111
INDEX17	13.40	-0.195	0.030	0.078	INDEX50	8.09	-0.192	0.033	0.067
INDEX18	12.96	-0.195	0.031	0.071	INDEX51	8.05	-0.185	0.029	0.097
INDEX19	12.86	-0.192	0.028	0.090	INDEX52	7.41	-0.189	0.031	0.089
INDEX20	12.74	-0.169	0.023	0.110	INDEX53	7.28	-0.171	0.026	0.107
INDEX21	12.63	-0.183	0.026	0.101	INDEX54	6.90	-0.191	0.033	0.078
INDEX22	12.27	-0.194	0.030	0.085	INDEX55	6.78	-0.148	0.022	0.114
INDEX23	12.23	-0.156	0.020	0.114	INDEX56	6.78	-0.141	0.020	0.116
INDEX24	11.90	-0.187	0.027	0.097	INDEX57	6.52	-0.189	0.034	0.064
INDEX25	11.89	-0.140	0.017	0.117	INDEX58	6.52	-0.178	0.029	0.100
INDEX26	11.89	-0.174	0.024	0.107	INDEX59	5.89	-0.156	0.025	0.110
INDEX27	11.76	-0.195	0.031	0.078	INDEX60	5.86	-0.183	0.032	0.091
INDEX28	11.75	-0.122	0.014	0.118	INDEX61	5.35	-0.185	0.034	0.077
INDEX29	11.32	-0.195	0.032	0.070	INDEX62	5.08	-0.164	0.028	0.104
INDEX30	11.30	-0.161	0.021	0.112	INDEX63	5.02	-0.180	0.036	0.057
INDEX31	11.23	-0.190	0.029	0.092	INDEX64	4.40	-0.170	0.032	0.092
INDEX32	11.08	-0.179	0.025	0.104	INDEX65	3.90	-0.170	0.035	0.073
INDEX33	10.91	-0.145	0.018	0.116	INDEX66	3.67	-0.158	0.037	0.044

$\Delta g$ = ganancia genética,  $r_{HI}$ = exactitud del índice de selección, FAT= grasa, PROT= proteína.