



دامستیک

انجمن علمی - دانشجویی گروه مهندسی علوم دامی دانشگاه تهران؛ بهار ۱۴۰۰

https://domesticsj.ut.ac.ir/article_81107.html

مقاله علمی - ترویجی

راهکارهای ژنتیکی جهت کاهش گازهای گلخانه‌ای به ویژه متان در صنعت گاوهای شیری

وحید دهقانیان ریحان^۱، مصطفی صادقی^{۲*} و فرزاد غفوری^۳

^۱ دانشجوی کارشناسی ارشد ژنتیک و اصلاح نژاد دام و طیور، گروه مهندسی علوم دامی پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران، کرج، ایران
^۲ دانشیار ژنتیک و اصلاح نژاد دام و طیور، گروه مهندسی علوم دامی، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران، کرج، ایران
^۳ دانشجوی دکتری تخصصی ژنتیک و اصلاح نژاد دام و طیور، گروه مهندسی علوم دامی، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران، کرج، ایران

<https://doi.org/10.22059/domesticsj.2021.320185.1059> doi

چکیده

افزایش دمای کره زمین به دلیل انتشار گازهای گلخانه‌ای نقش بسیار مهمی در تغییرات آب و هوایی دارد. حدود ۱۸ درصد از گازهای گلخانه‌ای جهان مربوط به بخش دامپروری، از جمله گاوهای شیری است که ۳۵ درصد از این مقدار به دلیل تولید متان نشخوارکنندگان است. مطالعات اخیر در مورد گاوهای شیری وجود تنوع ژنتیکی در تولید متان را نشان می‌دهند که طراحی استراتژی‌های کاهش تولید متان مبتنی بر اصلاح نژاد را امکان‌پذیر می‌کنند. راهکارهای اصلاح نژادی برای کاهش انتشار متان شامل انتخاب مستقیم برای کاهش متان دفعی از راه آروغ و روده و همچنین انتخاب غیرمستقیم از طریق صفات شاخصی مانند میزان خوراک مصرفی و داده‌های حاصل از طیف سنجی مادون قرمز شیر است. ثبت و اندازه‌گیری بسیاری از این صفات هزینه‌بر و یا دشوار است؛ اما با ورود ژنتیک مولکولی و مطرح شدن انتخاب ژنومیک، تعریف کاهش انتشار متان به عنوان صفت هدف در استراتژی‌های اصلاح نژادی، حتی با تعداد محدود افراد کاندید، عملی است. براساس مطالعات کل ژنوم (GWAS) مبتنی بر اندازه‌گیری مستقیم روزانه متان پنج ژن *NTHL1*، *PPP1R16B*، *CYP51A1*، *PKD1* و *TSC2* در گاوهای شیری شناسایی شده‌اند که به عنوان ژن‌های کاندیدا و مؤثر برای تولید متان معرفی شده‌اند. در واقع هدف از این مطالعه، مروری بر مطالعات و گزارشات صورت گرفته در زمینه ژنتیک و اصلاح نژاد دام در رابطه با کاهش تولید متان و همچنین معرفی صفاتی برای اندازه‌گیری فنوتیپی متان است. در نتیجه، امید است که با توسعه فناوری‌های ژنتیک مولکولی و ادغام داده‌های ژنومی با داده‌های فنوتیپی دام‌ها، استراتژی‌های اصلاح نژادی را برای شناسایی بیشتر جایگاه‌های ژنومی کنترل‌کننده و همچنین مسیرهای بیولوژیکی مؤثر بر تولید متان طراحی کرد؛ تا شاهد اصلاح نژاد و بهبود ژنتیکی دام‌ها در رابطه با کاهش تولید متان باشیم.

کلمات کلیدی: انتخاب ژنومیک، انتشار متان، راهکارهای ژنتیکی، گازهای گلخانه‌ای، گاو شیری

*نویسنده مسئول: sadeghimos@ut.ac.ir

تاریخ دریافت: ۱۳۹۹/۱۲/۱۶ تاریخ بازنگری: ۱۴۰۰/۰۱/۱۶ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۰/۰۲/۱۵ تاریخ انتشار آنلاین: ۱۴۰۰/۰۳/۲۰

رفرنس‌دهی: دهقانیان ریحان، و.، صادقی، م.، غفوری، ف. راهکارهای ژنتیکی جهت کاهش گازهای گلخانه‌ای به ویژه متان در صنعت گاوهای شیری. علمی-ترویجی (حرفه‌ای) دامستیک، ۱۴۰۰، ۲۱(۱): ۲۲-۱۴.



AnimSSAUT

مقدمه

تغییرات آب و هوایی یک نگرانی بین‌المللی رو به افزایش است و به خوبی ثابت شده است که انتشار گازهای گلخانه‌ای (GHG: Greenhouse Gas) یک عامل مؤثر در این زمینه است (Gerber *et al.*, 2010). صنعت دامپروری در جهان، به ویژه نشخوارکنندگان، حدود ۱۸ درصد از کل انتشارات گازهای گلخانه‌ای را به خود اختصاص داده است (de Hass *et al.*, 2016). از میان گازهای گلخانه‌ای تولید شده توسط نشخوارکنندگان، متان (CH₄) مهمترین عامل مؤثر در رابطه با گرم شدن جو زمین است که اثر آن تقریباً ۲۵ برابر دی‌اکسیدکربن (CO₂) می‌باشد.

شکمه محل اصلی تولید متان در نشخوارکنندگان است که گروهی از میکروارگانیسم‌های بی‌هوازی شکمه به نام آرکئی‌ها هیدروژن و دی‌اکسیدکربن را به عنوان یک محصول جانبی طبیعی طی تنفس بی‌هوازی، به متان تبدیل می‌کنند (حدود ۹۰ درصد) و تا حدودی در روده بزرگ نیز تولید می‌شود (حدود ۱۰ درصد) (Ellis *et al.*, 2008; de Haas *et al.*, 2016; Aguirre-Villegas, 2017). بیشترین و کمترین پتانسیل جهت کاهش انتشار متان مربوط به انتخاب ژنتیکی و تغییر دهنده‌های محیط شکمه می‌باشند، به گونه‌ای که با تلفیق راهکارهایی همچون خوراک‌دهی و تغذیه، انتخاب ژنتیکی، تغییر دهنده‌های محیط شکمه و بهبود مدیریت گله با استفاده از تکنولوژی‌های نوین جهت افزایش تولید شیر می‌توان باعث کاهش حدود ۳۰ درصد از متان تولیدی شد (Knapp, 2014). کیفیت خوراک و ترکیبات آن از طریق تغییرات شرایط محیطی شکمه همچون کاهش pH بر میزان متان تولید شده تأثیر دارد؛ به گونه‌ای که بهبود ضریب تبدیل غذایی باعث افزایش تولید شیر و کاهش تولید متان به ازای یک واحد شیر تولیدی می‌گردد. به طور میانگین حدود ۳/۸ درصد متان تولیدی به ازای هر یک درصد افزایش خوراک مصرفی در جیره غذایی غنی از چربی کاهش می‌یابد (Martin *et al.*, 2010). روش‌های دستکاری جیره و فلور میکروبی شکمه برای کاهش انتشار متان به طور گسترده مورد تحقیق قرار گرفته‌اند و تحقیقات در این زمینه هم‌اکنون نیز ادامه دارند (Cottle *et al.*, 2011). کارهای اصلاح‌نژادی برای کاهش انتشار متان به دلیل عدم وجود ارزش اقتصادی مستقیم برای انتشار متان قابل توجه نبوده و در مقیاس‌های کوچک و عمدتاً با بودجه‌های دولتی صورت گرفته است؛ بنابراین نتایج قابل توجهی در این خصوص منتشر نشده است. استراتژی‌های موفقیت‌آمیز اصلاح دام برای اندازه‌گیری و ثبت رکورد نیاز به جمعیت بزرگ

دارند. اخیراً با ادغام موفقیت‌آمیز اطلاعات ژنومی با اطلاعات فنوتیپی در انتخاب ژنومیک، دیگر نیازی به جمعیت‌های بزرگ نیست؛ در نتیجه هزینه‌های اصلاح‌نژادی کاهش یافته و بازده آن نیز بیشتر شده است. با این وجود، برای تخمین دقیق سهم هر ناحیه ژنومی در بیان فنوتیپ مورد بررسی، هنوز به یک جمعیت مرجع بزرگ برای تعیین فنوتیپ نیاز است (Hayes and Goddard, 2010). اندازه حقیقی جمعیت مرجع برای بهبود انتشار متان به صحت مورد نظر بستگی دارد و می‌تواند با استفاده از معادلات پیش‌بینی دات‌وایر و همکاران (۲۰۰۸) یا گودارد (۲۰۰۹) محاسبه شود. اندازه‌گیری یک صفت روی چندین هزار حیوان، این ویژگی را می‌طلبد که به راحتی قابل ثبت باشد و بتوان از صفات مستقیم یا غیرمستقیم در برنامه انتخاب استفاده کرد. به طور کلی، هر راهبرد باید یک مدل‌سازی کامل از سیستم مزرعه و ارزیابی مشخص از چرخه تولید و مصرف داشته باشد، تا اطمینان حاصل شود که هدف کاهش انتشار گازهای گلخانه‌ای در استراتژی تعریف شده حاصل می‌شود. بنابراین هدف اصلی این مطالعه، در ابتدا مروری بر کارها و تحقیقات صورت گرفته در زمینه ژنتیک و اصلاح نژاد دام و همچنین معرفی صفاتی است که برای اندازه‌گیری فنوتیپی متان پیشنهاد شده‌اند.

صفات پیشنهاد شده برای اندازه‌گیری مستقیم متان

برای انجام ارزیابی‌های ژنتیکی مناسب، به رکوردهای فنوتیپی دقیق و به ویژه ارزان قیمت نیاز است. در مورد انتشار متان برای اندازه‌گیری فنوتیپی، صفات مختلفی پیشنهاد شده است (de Hass *et al.*, 2016) (جدول ۱). اولین صفت، تولید متان (Methane Production) است که به صورت لیتر یا گرم متان تولید شده در روز تعریف شده است. ویژگی نامطلوب در انتخاب برای این صفت، همبستگی بالای آن با مصرف خوراک و صفت تولیدی (مثلاً تولید شیر) است؛ بنابراین می‌توان از صفات دیگر همچون غلظت متان (Methane Intensity) و عملکرد تولید متان (Methane Yield) استفاده کرد که همبستگی پایین‌تری با صفات اقتصادی مهم دارند و از مطلوبیت بیشتری برای استفاده در مزارع برخوردار هستند. ولی از آنجا که این صفات به صورت نسبی هستند (همان طور که از تعریف آن‌ها در جدول ۱ برمی‌آید)، انتخاب برای این صفات کمی دشوار است. تولید متان باقی‌مانده (Residual Methane Production) (عبارت است از اختلاف تولید متان پیش‌بینی شده و مشاهده شده) صفت دیگری است که برای اندازه‌گیری فنوتیپی انتشار متان پیشنهاد شده است. این صفت

صفات انتخاب صورت گیرد و در واقع باید از اطلاعات همبستگی متان با سایر صفات اطمینان حاصل کرد تا در هنگام انتخاب برای یکی از صفات ذکر شده از کاهش در صفات اقتصادی مهم جلوگیری کرد.

برای بسیاری از صفاتی که بر تولید متان اثر دارند، تصحیح و از کیفیت آماری بسیار خوبی برخوردار است. با این حال به دلیل پیچیدگی زیادی که دارد توضیح رویکرد آن برای کسانی که از این روش استفاده می‌کنند، دشوار می‌باشد (Manzanilla Pech et al., 2016). لزوماً مشخص نیست که برای کدام یک از این

جدول ۱- صفات پیشنهاد شده برای اندازه‌گیری فنوتیپی مستقیم متان همراه با تعریف، نقاط قوت و ضعف آن‌ها (de Haas, et al., 2016).

صفت	تعریف صفت	نقطه قوت	نقطه ضعف
تولید متان	تولید متان در روز (g/d یا L/d)	ساده و مشخص بودن صفت مورد نظر برای بهبود ژنتیکی	همبستگی بالا با مصرف خوراک و صفات اقتصادی همچون تولید شیر یا تولید گوشت
شدت متان	تولید متان به ازای میزان محصول تولیدی (مثلاً کیلوگرم شیر، وزن زنده و یا گوشت)	مطلوبیت در نزد کسانی که از این صفت برای بهبود ژنتیکی استفاده می‌کنند، به دلیل عدم همبستگی بالا در عین ساده و واضح بودن با صفات اقتصادی مهم	صفتی نسبی است؛ بنابراین انتخاب برای چند صفت را سخت می‌کند.
عملکرد متان	تولید متان به ازای میزان مصرف خوراک (مثلاً کیلوگرم ماده خشک مصرفی)	مطلوبیت در نزد کسانی که از این صفت برای بهبود ژنتیکی استفاده می‌کنند به دلیل عدم همبستگی بالا در عین ساده و واضح بودن با صفات اقتصادی مهم	صفتی نسبی است؛ بنابراین انتخاب برای چند صفت را سخت می‌کند.
تولید متان باقی‌مانده	اختلاف تولید متان مشاهده شده و تولید متان مورد انتظار	کیفیت آماری مناسب، برای فاکتورهای مؤثر بر تولید متان تصحیح می‌شود.	توضیح آن برای استفاده‌کنندگان ممکن است سخت باشد.

صفات شاخص برای اندازه‌گیری غیر مستقیم متان

مصرف خوراک

تولید و دفع متان از شکمبه مربوط به الگوها و رفتارهای تغذیه‌ای است. با مصرف بیشتر خوراک، متان بیشتری تولید می‌شود، ولی بخشی از متان در هر کیلوگرم DMI کاهش می‌یابد (Jentsch et al., 2007). علاوه بر DMI، ترکیب جیره تأثیر مهمی در انتشار متان دارد (Hegarty, 2009)؛ به گونه‌ای که مقدار، کیفیت و نسبت کربوهیدرات‌ها نیز بر تولید متان تأثیر می‌گذارد. به عنوان مثال، میزان بیشتری از نشاسته به دلیل تولید پروپیونات بیشتر در شکمبه باعث کاهش تولید متان می‌شود و فیبر به علت تولید استات و بوتیرات بیشتر باعث افزایش تولید متان می‌گردد. پروپیونات به علت مسیر یک رقابتی برای استفاده از الکترون در شکمبه باعث کاهش کلی تولید متان می‌شود (de Haas et al., 2016).

فلور میکروبی شکمبه

کارایی هضم شکمبه هر گاو، به فلور میکروبی شکمبه آن بستگی دارد (Hungate, 1984). ترکیب فلور شکمبه یا به عبارتی میکروفلور وابستگی شدیدی به میزبان دارد (Weimer et al., 2010). مشخص شده است که ژنوم میزبان بر ساختار و ترکیب باکتری‌های شکمبه تأثیر می‌گذارد که نشان دهنده ارتباط بین

ساختار و تنوع باکتری‌های شکمبه و کارایی تولیدی گاو است (Guan et al., 2008). طی چند سال اخیر روش‌های جدیدی برای توصیف میکروفلور شکمبه (به عنوان مثال، روش متاژنومیک) تکامل یافته‌اند که داده‌های زیادی را می‌توانند به صورت همزمان آنالیز و حجم زیادی از اطلاعات را تولید کنند (Qin et al., 2010). ابزارهای زیادی برای کار کردن با چنین داده‌هایی (به عنوان مثال، بیوانفورماتیک) همزمان توسعه داده شدند (Ross et al., 2012). آن‌ها فرصت‌های بهتری را برای بررسی فعل و انفعالات بین میکروفلور و میزبان (Benson et al., 2010) و اثرات مشترک آن‌ها بر انتشار متان ارائه دادند. شواهد گسترده‌ای وجود دارد که ارتباط بین میکروبیوم و تأثیر آن بر بهره‌وری حیوانات میزبان و محیط را نشان می‌دهد؛ به گونه‌ای که این مطالعات، میکروبیوم شکمبه را به عنوان یکی از مهم‌ترین موضوعات در زمینه علوم کشاورزی و محیط زیست به ویژه در خصوص انتشار گازهای گلخانه‌ای قرار داده است (Mizrahi and Jami, 2018). مکمل‌های مناسب پروبیوتیک به عنوان یک افزودنی خوراکی با ارزش می‌توانند ضمن کاهش تولید متان شکمبه، باعث بهبود سلامت و بهره‌وری نشخوارکنندگان نیز شوند (Mamuad et al., 2019). همچنین در مطالعه‌ای تجزیه و تحلیل شبکه تعاملی نشان داد که باکتری‌ها، آرکئی‌ها و پروتوزواها به طور معنی‌داری با تولید

شده برای کاهش انتشار گازهای گلخانه‌ای در مهندسی علوم دامی در گاوهای هلشتاین صورت گرفته است؛ اما مطالعات در مورد گاوهای آیرشایر فنلاندی و گاوهای چرسی نیز تنوع حیوانی معنی‌داری را نشان داده است (de Haas *et al.*, 2016).

برآورد وراثت‌پذیری برای صفات شاخص

باقی‌مانده خوراک مصرف‌شده (RFI)، به نمرات شاخصی از بازده خوراک گفته می‌شود که عبارت است از تفاوت بین مقدار واقعی خوراک مصرف شده با مقدار مورد انتظار آن در هر دام (ایزدنیا و همکاران، ۱۳۹۷) که ممکن است بر روی پروتئین قابل متابولیسم تأثیر بگذارد. گوساله‌هایی که دارای RFI پایینی هستند در مقایسه با وزن زنده و سرعت رشد خود کمتر از حد انتظار غذا می‌خورند؛ به عبارتی آن‌ها از منابع ارائه شده به طور مؤثرتری استفاده و محصولات جانبی کمتری تولید می‌کنند. در مطالعه نکروما و همکاران (۲۰۰۶) ارتباط بین انتشار متان و RFI بررسی شد که در آن تولید متان در حیوانات با RFI زیر ۲۸ درصد کمتر از حیوانات با RFI بالا بود. در مطالعه هگارتی و همکاران (۲۰۰۷) تولید کمتر متان توسط پربازده‌ترین حیوانات (RFI پایین) تأیید شد (Hegarty *et al.*, 2007). همبستگی مثبت ژنتیکی بین انتشار متان پیش‌بینی شده و RFI (با همبستگی فنوتیپی ۰/۷۲ و همبستگی ژنتیکی ۰/۳۲) حاکی از آن است که انتخاب روی RFI می‌تواند یک استراتژی برای کاهش انتشار متان در نشخوارکنندگان باشد (de Haas *et al.*, 2016).

به لطف روش طیف سنجی MIR شیر، یک پایگاه داده بزرگ مربوط به متان دفعی توسط گاوهای شیری ایجاد شده است. این مجموعه داده‌ها امکان مطالعه تنوع فنوتیپی و ژنتیکی تولید متان و غلظت متان را فراهم کرده‌اند. در مطالعه کندل و همکاران (۲۰۱۳) مقادیر وراثت‌پذیری محاسبه شده برای تولید متان و غلظت متان به ترتیب تقریباً ۰/۱۰ و ۰/۱۵ بود. همبستگی ژنتیکی بین غلظت متان و میزان شیر (۰/۶۷-)، میزان چربی شیر (۰/۱۳-)، میزان پروتئین شیر (۰/۴۶-)، طول عمر (۰/۰۷-) و میانگین صفات سازگاری (۰/۲۷-) منفی و با باروری (۰/۳۱) و نمره وضعیت بدن (۰/۲۷) مثبت بود (Kandel *et al.*, 2014).

ارزش‌گذاری اقتصادی صفات مرتبط با انتشار متان

اولین تلاش قابل توجه برای انجام تجزیه و تحلیل اقتصادی طرح‌های اصلاحی برای کاهش اثرات زیست محیطی تولید شیر توسط هانسن‌آکسلسون و همکاران (۲۰۱۵) در ادامه مطالعات بوچ و همکاران (۲۰۱۲) انجام شد که طی آن اهداف اصلاحی

متان و تولید اسیدهای چرب فرار (VFA: Volatile Fatty Acids) ارتباط دارند (Yu *et al.*, 2020).

ترکیبات شیر

ترکیب اسیدهای چرب شیر به علت مسیر بیوشیمیایی مشترک بین متان، استات و بوتیرات در شکمبه به عنوان یک پارامتر برای تخمین مقدار خروجی متان روده در گاوهای شیری پیشنهاد شده است. یک رابطه استوکومیتری بین متان و استات، پروپیونات و بوتیرات شکمبه توسط دمیر و ون‌نول (۱۹۷۵) ارائه شده است. اخیراً، تعیین ترکیب و مقدار اسیدهای چرب شیر گاو با استفاده از طیف سنجی فروسرخ میانی (Mid-Infrared Spectrometry (MIRS) توسعه پیدا کرده است (Soyeurt *et al.*, 2011; Rutten *et al.*, 2009). تکنیک MIRS امکان ایجاد یک پایگاه داده بسیار گسترده از نژادها، گاوها، گله‌ها، کشورها و سیستم‌های مدیریتی مختلف را فراهم کرده است.

برآورد پارامترهای ژنتیکی برای صفات متان و صفات شاخص

برآورد وراثت‌پذیری برای صفات متان

آگاهی از وراثت‌پذیری صفات متان که به آن‌ها اشاره شد و همچنین همبستگی آن‌ها با سایر صفاتی که دارای اهمیت اقتصادی هستند، برای گنجاندن کاهش انتشار متان در اهداف اصلاح نژادی ضروری است. این کار با شناسایی مناطق ژنومی مؤثر بر انتشار متان در مطالعات کل ژنوم سریع‌تر و بهتر انجام می‌شود (Yu *et al.*, 2006). پیکرینگ و همکاران (۲۰۱۵) جهت توجیه سرمایه‌گذاری مالی و انسانی در تهیه پروتکل‌هایی برای اندازه‌گیری میزان انتشار متان برای اصلاح ژنتیکی این صفت خلاصه‌ای از شواهد موجود در حمایت از این استراتژی اصلاح‌نژادی را ارائه دادند. تحقیقات اخیر در مورد گاو گوشتی و گوسفند که صفات متان (تولید متان، عملکرد و غلظت متان) در این گونه‌ها انجام شده است، نشان دادند که انتشار متان صفتی قابل توارث بوده و می‌توان با انتخاب مستقیم، آن را اصلاح کرد (de Haas *et al.*, 2016). برآورد وراثت‌پذیری برای تولید متان، غلظت متان یا عملکرد متان در گاوهای شیری به ندرت انجام شده است. به تازگی، اولین برآورد وراثت‌پذیری (h²=0.21) برای تولید متان منتشر شده است (Lassen and Lovendahl, 2016).

برای صفت غلظت متان وراثت‌پذیری برآورد شده از طریق چربی شیر ۰/۴۴-۰/۱۲ و برای صفت عملکرد تولید متان وراثت‌پذیری برآورد شده از طریق مصرف خوراک و انرژی نگهداری ۰/۴۴-۰/۳۵ بود (Van Engelen *et al.*, 2015). بیشتر مطالعات انجام

براساس آنالیز مادون قرمز نمونه‌های تنفس بوده و اندازه‌گیری آن به راحتی در هنگام دوشش یا تغذیه صورت می‌گیرد (Lassen *et al.*, 2012). انجام چنین اندازه‌گیری‌هایی، امکان جمع‌آوری حجم زیادی از داده‌ها را فراهم می‌سازد که پیش‌نیاز آنالیزهای ژنتیکی است. طبق آنالیز کل ژنوم مبتنی بر اندازه‌گیری مستقیم تولید روزانه متان در گاوهای شیری که توسط زولا و همکاران (۲۰۱۸) برای شناسایی مناطق ژنومی کنترل‌کننده تولید متان انجام شد. در این مطالعه پنج ژن کاندیدا به عنوان ژن‌های مؤثر برای تولید متان در گاوهای شیری شناسایی شدند که شامل، *CYP51A1* در کروموزوم اتوزومی شماره چهار، *PPP1R16B* در کروموزوم اتوزومی شماره ۱۳، *NTHL1*، *TSC2* و *PKD1* در کروموزوم اتوزومی شماره ۲۵ گاو (جدول ۲) هستند. بنابراین افزایش پژوهش‌های مرتبط در خصوص درک معماری ژنومی تولید متان به ویژه در گاوهای شیری هلشتاین با استفاده از مطالعات کل ژنوم (GWAS) ممکن است به پرورش‌دهندگان و اصلاح‌گران دام کمک کند تا میزان انتشار متان توسط دام‌ها را کنترل و کاهش دهند (Sarghale, *et al.*, 2020).

نتیجه‌گیری کلی

بیشتر مطالعات صورت گرفته در صنعت گاوهای شیری، وجود تنوع وراثتی در تولید متان را گزارش می‌دهند که طراحی استراتژی‌های اصلاح‌نژادی برای بهبود ژنتیکی دام‌ها همگام با شرایط زیست-محیطی را امکان‌پذیر می‌کند. با توجه به اینکه در انتخاب ژنومیک فاصله نسلی به طور چشم‌گیری در مقایسه با سایر آزمون‌ها مانند آزمون نتاج، کاهش می‌یابد و همچنین در کنار آن با عدم نیاز به جمعیت‌های بزرگ برای تهیه رکوردهای فنوتیپی، به دلیل ادغام اطلاعات ژنوتیپی و فنوتیپی دام‌ها در انتخاب ژنومیک، می‌توان استراتژی‌های اصلاح‌نژادی را با سرعت بیشتر و هزینه کمتر انجام داد. انتظار بر این است تا در آینده نزدیک با انجام مطالعات بیشتر در زمینه شناسایی جایگاه‌های ژنومی کنترل‌کننده تولید متان، بتوان مسیرهای بیولوژیکی (متابولیک و سیگنالینگ) مؤثر بر تولید متان را شناسایی کرده و به مکانیسم کلی تولید متان در بدن دام‌ها پی برد. همچنین امید است تا با تهیه و توسعه پروتکل‌هایی برای ادغام اطلاعات فنوتیپی دام‌ها از کشورهای مختلف، در مورد انتشار گازهای گلخانه‌ای از سیستم‌های کشاورزی، بتوان در مقیاس وسیع‌تری برای بهبود ژنتیکی دام‌ها در رابطه با کاهش انتشار متان اقدام نمود.

شامل سه صفت تولید شیر، صفات تیپ و تأثیرات زیست محیطی بود که به ترتیب ۸۳، ۸۲ و ۸۳ یورو ارزش اقتصادی داشتند. در نهایت ارزش اقتصادی ثابت برای اندازه‌گیری میزان انتشار متان از طریق آروغ، ۲۹ یورو برای هر رکورد در جمعیت مرجع محاسبه شد.

معرفی شاخص‌های جدید ژنتیکی

اخیراً صنایع دامی نیاز به در نظر گرفتن دیدگاه‌های اجتماعی سیستم‌های کشاورزی از جمله مواردی مانند رفاه، تنوع زیستی، امنیت غذایی، خواص بهداشتی و محیط زیست را نیز در شاخص انتخاب دارند (de Hass *et al.*, 2016). شاخص‌های غیرتجاری انتخاب و شاخص‌های زیست محیطی دو نوع شاخصی هستند که در این زمینه توسعه یافته‌اند. در روش اول که توسط نیلزن و آمر (۲۰۰۷) و وون‌روهر (۱۹۹۹) پیشنهاد شده است، از یک چارچوب شاخص اقتصادی اما با استفاده از روش جدید برای محاسبه ضرایب اقتصادی برای صفاتی که ارزش بازاری مشخص و واضحی ندارند، استفاده می‌شود. بدین صورت که ضرایب اقتصادی با استفاده از رویکردهای تحقیق در بازار محاسبه می‌شوند؛ مثلاً در مورد فروش یک محصول از مصرف‌کنندگان خواسته می‌شود تا اولویت‌های مربوط به ویژگی‌های مختلف محصول را تعیین کنند. بنابراین، در مورد جنبه زیست محیطی محصولات لبنی ادراک عمومی نیز در هنگام ایجاد ضرایب اقتصادی با هدف کاهش انتشار گازهای گلخانه‌ای از سیستم‌های کشاورزی لحاظ می‌شود.

در روش دوم برای صفاتی که به طور معمول در شاخص‌های انتخاب قرار می‌گیرند، یک اثر غیرمستقیم محیطی در نظر گرفته می‌شود. بنابراین، تأثیر تغییر در این صفات را می‌توان در یک واحد اثر محیطی مانند پتانسیل گرم شدن کره زمین یا معادل دی‌اکسیدکربن منتشر شده در جو بیان کرد. بنابراین، برای اثرات این صفات ضرایب نسبی محیطی تحت عنوان ضرایب زیست محیطی محاسبه می‌شود (de Hass *et al.*, 2016).

مطالعات کل ژنوم (Genome Wide Association Studies (GWAS))

اخیراً فناوری اندازه‌گیری تولید متان در مقیاس وسیع در دسترس است. از جمله، تکنیک‌های اندازه‌گیری پُربرونداد که تقریباً بر اساس آنالیز تنفس انجام می‌شود. این تکنیک‌ها،

جدول ۲- ژن‌های کاندیدای مؤثر بر تولید متان در گاو شیری (Pszczola et al., 2018).

منابع	عملکرد	نوع فعالیت	موقعیت	BTA	ژن
Smith et al., 1997; Gene Ontology Consortium – Term Genie 2017	فرآیند متابولیسم لیپیدها فرآیند متابولیسم استروئیدها	فرآیند بیولوژیکی	9306414-9323252	4	CYP51A1
You et al., 2013; Gene Ontology Consortium – Term Genie 2017; Gene Ontology Consortium – Amigo, 2017	ایجاد یک غشای درونی (مثال: روده، تشکیل میسل) خودتنظیمی مثبت سلولهای اندوتلیال رگهای خونی	فرآیند بیولوژیکی	68258627-68366080	13	PPP1R16B
Smith et al., 1997; Gene Ontology Consortium – Amigo, 2017	فرآیند متابولیکی (سنتز و بلوغ پروتئین)	فرآیند بیولوژیکی	1590252-1595934	25	NTHL1
Smith et al., 1997; Gene Ontology Consortium – Amigo, 2017	لیزوزوم (فرآیندهای هضم و تخریب)	جزء سلولی	1596730-1626967	25	TSC2
Smith et al., 1997; Gene Ontology Consortium – Amigo, 2017; You et al., 2013; Smith et al., 2000	رشد و توسعه رگ‌های خونی فرآیند متابولیک ترکیب نیتروژن رشد و توسعه دستگاه گوارش	فرآیند بیولوژیکی	1627978-1666088	25	PKD1

منابع

- Buch, L.H., Sorensen, M.K., Berg, P., Pedersen, L.D. and Sorensen, A.C. (2012). "Genomic selection strategies in dairy cattle: Strong positive interaction between use of genotypic information and intensive use of young bulls on genetic gain." *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 129:138-151.
- Cottle, D.J., Nolan, J.V. and Wiedemann, S.G. (2011). "Ruminant enteric methane mitigation: A review." *Animal Production Science*, 51:491-514.
- Daetwyler, H.D., Villanueva, B. and Woolliams, J.A. (2008). "Accuracy of predicting the genetic risk of disease using a genome-wide approach." *PLoS One*, 3:e3395.
- de Haas, Y., Pszczola, M., Soyeurt, H., Wall, E. and Lassen J. (2016). "Invited review: Phenotypes to genetically reduce greenhouse gas emissions in dairying" *Journal of Dairy Science*, 100:855-870.
- ایزدنیا، ح.ر.، طهمورث پور، م.، بختیاری زاده، م.ر.، نصیری، م.ر. و اسماعیل‌خانیان، س. (۱۳۹۷). "تجزیه و تحلیل پروفایل بیان ایزوفرم‌های ژن‌های مرتبط با باقیمانده خوراک مصرف شده در کبد مرغ بومی اصفهان و مرغ سویه راس با استفاده از داده‌های RNA-Seq" *نشریه پژوهش‌های علوم دامی ایران*، ۱۰(۴)، ۵۴۱-۵۵۲.
- Aguirre-Villegas, H. (2017). *Mitigation of Enteric Methane Emissions from Dairy Cows*. University of Wisconsin--Extension, Cooperative Extension. 1-5.
- Benson, A.K., Kelly, S.A., Legge, R., Ma, F.R., Low, S. J. and et al. (2010). "Individuality in gut microbiota composition is a complex polygenic trait shaped by multiple environmental and host genetic factors." *Proceedings of National Academy of Sciences, USA*, 107:18933-18938.

- "Consequences of selection for environmental impact traits in dairy cows." Proceeding of 10th World Conference on Genetic Applied to Livestock Production, Vancouver, Canada, August, 17–22.
- Kandel, P.B., Vanrobays, M.L., Vanlierde, A., Dehareng, F., Froidmont, E. and et al. (2013). "Genetic parameters for methane emissions predicted from milk mid-infrared spectra in dairy cows." Proceedings of the 5th Greenhouse Gases and Animal Agriculture Conference, 4:279.
- Knapp, J.R., Laur, G.L., Vadas, P.A., Weiss, W.P. and Tricarico, J.M., (2014). Invited review: Enteric methane in dairy cattle production: Quantifying the opportunities and impact of reducing emissions. *Journal of Dairy Science*, 97(6), pp.3231-3261.
- Lassen, J. and Lovendahl, P. (2016). "Heritability estimates for enteric methane emissions from Holstein cattle measured using noninvasive methods." *Journal of Dairy Science*, 99:1959–1967.
- Lassen, J., Lovendahl, P. and Madsen, J. (2012). "Accuracy of noninvasive breath methane measurements using Fourier transform infrared methods on individual cows." *Journal of Dairy Science*, 95:890–898.
- Mamuad, L.L., Kim, S.H., Biswas, A.A., Yu, Z., Cho, K.K., Kim, S.B., Lee, K. and Lee, S.S., (2019). Rumen fermentation and microbial community composition influenced by live Enterococcus faecium supplementation. *Amb Express*, 9(1), pp.1-12.
- Manzanilla Pech, C.I.V., De Haas, Y., Hayes, B.J., Veerkamp, R.F., Khansefid, M. and et al. (2016). "Genome-wide association study of methane emissions in Angus beef cattle with validation in dairy cattle." *Journal of Animal Science*, 94, 4151–4166.
- Martin, C., Morgavi, D.P. and Doreau, M., (2010). Methane mitigation in ruminants: from microbe to the farm scale. *Animal*, 4(3), pp.351-365.
- Mizrahi, I. and Jami, E., (2018). The compositional variation of the rumen microbiome and its effect on host performance and methane emission. *Animal*, 12(s2), pp.s220-s232.
- Nielsen, H. M., and Amer. P. R. (2007). "An approach to derive economic weights in breeding objectives using partial profile choice experiments." *Animal*, 1:1254–1262.
- Ellis, J.L., Dijkstra, J., Kebreab, E., Bannink, A., Odongo, N.E. and et al. (2008). "Aspects of rumen microbiology central to mechanistic modelling of methane production in cattle." *Journal of Agricultural Science*, 146:213–233.
- Gene Ontology Consortium - Amigo (2017).
- Gene Ontology Consortium – Term Genie (2017). Available Online at: <http://geneontology.org/page/termgenie>
- Gerber, P., Key, N., Portet, F. and Steinfeld. H. (2010). "Policy options in addressing livestock's contribution to climate change." *Animal*, 4:393–406.
- Goddard, M. (2009). "Genomic selection: Prediction of accuracy and maximisation of long term response." *Genetica*, 136:245–257.
- Guan, L.L., Nkrumah, J.D., Basarab, J.A. and Moore. S.S. (2008). "Linkage of microbial ecology to phenotype: Correlation of rumen microbial ecology to cattle's feed efficiency." *FEMS Microbiology Letters*, 288:85–91.
- Hansen Axelsson, H., Thomasen, J.R., Sørensen, A.C., Rydhmer, L., Kargo, M. and et al. (2015). "Breakeven prices for recording of indicator traits to reduce the environmental impact of milk production." *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 132:30–41.
- Hayes, B., and Goddard. M. (2010). "Genome-wide association and genomic selection in animal breeding." *Genome*, 53:876–883.
- Hegarty, R.S. (2009). "Current and emerging technologies for decreasing enteric methane emission from individual ruminants." *Recent Advances in Animal Nutrition*, 17:81–88.
- Hegarty, R.S., Goopy, J.P., Herd, R.M. and McCorkell. B. (2007). "Cattle selected for lower residual feed intake have reduced daily methane production." *Journal of Animal Science*, 85:1479–1486.
- Hungate, R.E. (1984). "Symposium on 'Nutritional implications of microbial action in the nonruminant alimentary tract'. Microbes of nutritional importance in the alimentary tract." *Proceedings of the Nutrition Society*, 43:1–11.
- Jentsch, W., Schweigel, M., Weissbach, F., Scholze, H., Pitroff, W. and et al. (2007). "Methane production in cattle calculated by the nutrient composition of the diet." *Archives of Animal Nutrition*, 61:10–19.
- Kandel, P.B., Vanderick, S., Vanrobays, M.L., Vanlierde, A., Dehareng, F. and et al.. (2014).

- Van Engelen, S., Bovenhuis, H., Dijkstra, J., van Arendonk, J.A.M. and Visker, M. (2015). "Short communication: Genetic study of methane production predicted from milk fat composition in dairy cows." *Journal of Dairy Science*, 98:8223–8226.
- Von Rohr, P., Hofer, A. and Kunzi, N. (1999). "Economic values for meat quality traits in pigs." *Journal of Animal Science*, 77:2633–2640.
- Weimer, P.J., Stevenson, D.M., Mantovani, H.C., and Man, S.L.C. (2010). "Host specificity of the ruminal bacterial community in the dairy cow following near-total exchange of ruminal contents." *Journal of Dairy Science*, 93:5902–5912.
- You, C. and et al. (2013). "Loss of CCM3 impairs DLL4-Notch signalling: implication in endothelial angiogenesis and in inherited cerebral cavernous malformations." *Journal of Cellular and Molecular Medicine*, 17, 407–418.
- Yu, J., Cai, L., Zhang, J., Yang, A., Wang, Y., Zhang, L., Guan, L.L. and Qi, D., (2020). Effects of Thymol Supplementation on Goat Rumen Fermentation and Rumen Microbiota In Vitro. *Microorganisms*, 8(8), p.1160.
- Yu, J., Pressoir, G., Briggs, W. H. Bi, I. V. Yamasaki, M. and et al. (2006). "A unified mixed-model method for association mapping that accounts for multiple levels of relatedness." *Nature Genetics*, 38:203–208.
- Nkrumah, J.D., Okine, E.K., Mathison, G.W., Schmid, K., Li, C. and et al. (2006). "Relationships of feedlot feed efficiency, performance, and feeding behavior with metabolic rate, methane production, and energy partitioning in beef cattle." *Journal of Animal Science*, 84:145–153.
- Pickering, N.K., Oddy, V.H., Basarab, J.A., Cammack, K., Hayes, B.J. and et al. (2015). "Invited review: Genetic possibilities to reduce enteric methane emissions from ruminants." *Animal*, 9:1431–1440.
- Pszczola, M., Strabel, T., Mucha, s. and Sell-Kubiak, E. (2018). "Genome-wide association identifies methane production level relation to genetic control of digestive tract development in dairy cows" *Nature*, 8(15164): 1-11.
- Qin, J., Li, R. Raes, J., Arumugam, M., Burgdorf, K.S. and et al. (2010). "A human gut microbial gene catalogue established by metagenomic sequencing." *Nature*, 464: 59–65.
- Ross, E.M., Moate, P. J. Bath, C. R. Davidson, S. E. Sawbridge, T. I. and et al. (2012). "High throughput whole rumen metagenome profiling using untargeted massively parallel sequencing." *BMC Genetics*, 13:53.
- Rutten, M.J.M., Bovenhuis, H., Hettinga, K.A., van Valenberg, H.J.F. and van Arendonk, J.A.M. (2009). "Predicting bovine milk fat composition using infrared spectroscopy based on milk samples collected in winter and summer." *Journal of Dairy Science*, 92:6202–6209.
- Sarghale, A.J., Shahrehabak, M.M., Shahrehabak, H.M., Javaremi, A.N., Saatchi, M., Khansefid, M. and Miar, Y., (2020). Genome-wide association studies for methane emission and ruminal volatile fatty acids using Holstein cattle sequence data. *BMC Genetics*, 21(1), pp.1-14.
- Smith, A.D., Datta, S.P. and Smith, G.H. (1997). "Oxford Dictionary of Biochemistry and Molecular Biology".
- Smith, A.D., Datta, S.P. and Smith, G.H. (2000). "Oxford Dictionary of Biochemistry and Molecular Biology".
- Soyeurt, H., Dehareng, F., Gengler, N., McParland, S., Wall, E. and et al. (2011). "Mid-infrared prediction of bovine milk fatty acids across multiple breeds, production systems, and countries." *Journal of Dairy Science*, 94:1657–1667.

Publisher Note

Animal Science Students Scientific Association, Campus of Agriculture and Natural Resources at the University of Tehran

Submit Your Manuscript:

https://domesticjsj.ut.ac.ir/contacts?_action=loginForm



Scientific-Extensional Article

Genetic solutions to reduce greenhouse gases, especially methane in the dairy cattle industry

Vahid Dehghanian Reyhan¹, Mostafa Sadeghi^{2*} and Farzad Ghafouri³

¹ M.Sc. Student of Animal and Poultry Breeding & Genetics, Department of Animal Science, College of Agriculture and Natural Resources, University of Tehran, Karaj, Iran

² Associate Professor of Animal and Poultry Breeding & Genetics, Department of Animal Science, College of Agriculture and Natural Resources, University of Tehran, Karaj, Iran

³ Ph.D. Student of Animal and Poultry Breeding & Genetics, Department of Animal Science, College of Agriculture and Natural Resources, University of Tehran, Karaj, Iran

doi <https://doi.org/10.22059/domesticj.2021.320185.1059>

Abstract

An increase in global temperatures due to greenhouse gas emissions plays a very important role in climate change. About 18 percent of the world's greenhouse gases come from livestock, including dairy cows, 35 percent of which are due to ruminant methane production. Recent studies in dairy cows have shown that there is a genetic variation in methane production that makes it possible to design reduce methane strategies based on breeding. Breeding strategies to reduce methane emissions include direct selection to reduce methane released through the burping and intestines and also indirect selection through indicator traits such as feed intake and milk infrared spectroscopy data. Many of these traits are costly or difficult to record and measure; however, with the advent of molecular genetics and the introduction of genomic selection, it is practical to defining methane emission reduction as a target trait in breeding strategies, even with a limited number of candidates. Five genes of *CYP51A1*, *PPP1R16B*, *NTHL1*, *TSC2*, and *PKD1* have been identified in dairy cows based on genome-wide association studies (GWAS) based on direct daily methane measurements, which have been identified as candidate and effective genes for methane production. In fact, the purpose of this study is to review the studies and reports in the field of genetics and breeding of livestock in relation to the reduction of methane production and also to introduce traits for methane phenotypic measurement. As a result, it is hoped that with the development of molecular genetic technologies and the integration of genomic data with animal phenotypic data, breeding strategies were developed to further identify controlling genomic loci as well as biological pathways affecting methane production; to witness breeding and genetic improvement of livestock in relation to reduced methane production.

Keyword(s): Genomic selection, Methane emissions, Genetic solutions, Greenhouse gases, Dairy cows

*Corresponding Author E-mail: sadeghimos@ut.ac.ir

Received: 06 Mar 2021

Revised: 05 Apr 2021

Accepted: 05 May 2021

Published online: 10 Jun 2021



AnimSSAUT

Citation: Dehghanian Reyhan, V., Sadeghi, M., Ghafouri, F. Genetic solutions to reduce greenhouse gases, especially methane in the dairy cattle industry. *Professional Journal of Domestic*, 2021; 21(1): 14-22.