HERDABILIDADE DO MICROBIOMA RUMINAL E SUA RELAÇÃO COM EMISSÃO DE METANO ENTÉRICO EM BOVINOS

Rhayssa Bitarães de Barros, Mayara Morena Del Cambre Amaral Weller

Universidade Federal do Espírito Santo, Alto Universitário, s/n, Bairro Guararema 29500-000 - AlegreES, Brasil, 1barros.rhayssa@gmail.com, mayara.weller@ufes.br.

Resumo
A emissão de metano (CH_4) por ruminantes está relacionada à atividade do microbioma ruminal e representa, além de impacto ambiental, perda de energia da dieta. Esta revisão analisou evidências sobre a herdabilidade do microbioma ruminal e sua relação com a emissão de CH_4 em bovinos, considerando a metanogênese, fatores ambientais, a contribuição genética do hospedeiro e o potencial de aplicação no melhoramento genético, por meio de revisão de literatura descritiva e analítica. Os estudos indicaram que diferenças na composição microbiana estão associadas à variação individual na emissão de CH_4 e que componentes microbianos apresentam influência genética do hospedeiro em diferentes níveis, incluindo gêneros, genomas não cultivados e genes funcionais, com potencial para complementar estratégias de seleção. Dieta, estágio fisiológico, ambiente e população podem modificar essas relações, exigindo validação futura. Conclui-se que a integração entre genética do hospedeiro, microbioma ruminal e metanogênese representa estratégia promissora para mitigação das emissões de CH_4.
Palavras-chave: Microbioma ruminal. Metanogênese. Herdabilidade. Melhoramento genético. Metano entérico.

Área do Conhecimento: Ciências Agrárias – Zootecnia.

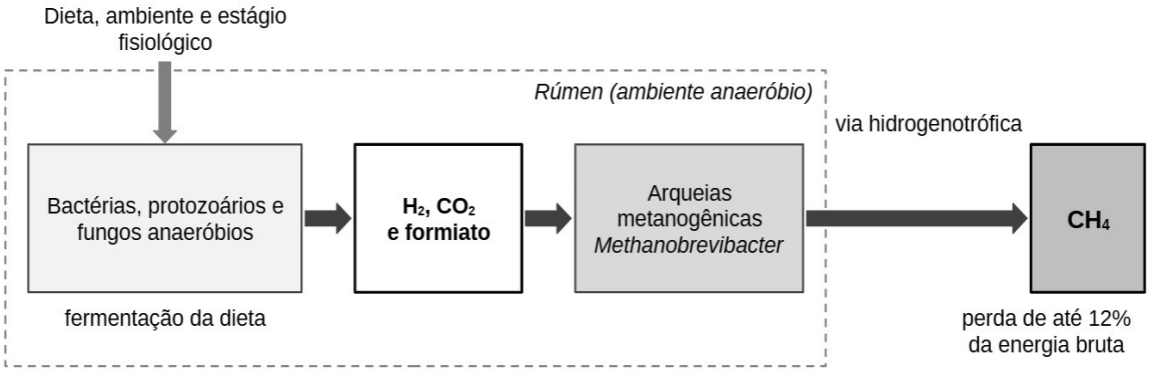
Introdução

A produção de ruminantes desempenha papel fundamental na segurança alimentar, e sua capacidade de utilizar alimentos fibrosos depende da atividade do microbioma ruminal, responsável pela degradação dos componentes da dieta e pela produção de metabólitos aproveitados pelo hospedeiro. A fermentação ruminal também resulta na produção de metano (CH_4), gás de efeito estufa cuja formação pode representar uma perda de até 12% da energia bruta ingerida (Johnson; Johnson, 1995). A redução dessas emissões está associada tanto à sustentabilidade dos sistemas de produção quanto à eficiência de utilização dos nutrientes (Marcos et al., 2024).

O rúmen constitui um ecossistema microbiano complexo, no qual bactérias, arqueias, protozoários e fungos anaeróbios atuam de forma integrada durante a fermentação. Diferentes grupos participam da formação de H_2 e CO_2, substratos utilizados pelas arqueias metanogênicas para a produção de CH_4 pela via hidrogenotrófica (Figura 1), destacando-se o gênero *Methanobrevibacter* (Morgavi et al., 2010; Tapio et al., 2017). A composição dessa comunidade varia entre animais em função de fatores como dieta, ambiente e estágio fisiológico, que também podem influenciar a emissão de CH_4 (Tapio et al., 2017; Marcos et al., 2024).

Além dos fatores ambientais, a emissão de CH_4 apresenta componente genético e está relacionada à interação entre hospedeiro, microbioma e ambiente. Li et al. (2019) e Wallace et al. (2019) identificaram características herdáveis da microbiota ruminal, enquanto Martínez-Álvaro et al. (2022) demonstraram influência genética do hospedeiro sobre características do microbioma associadas à emissão de CH_4. Esses achados indicam que informações sobre o microbioma podem complementar estratégias de seleção voltadas à redução das emissões.

Figura 1 - Esquema simplificado do ecossistema ruminal e da formação de CH_4 pela via hidrogenotrófica.



Fonte: elaborado pelos autores com base em Morgavi et al. (2010) e Tapio et al. (2017).

Diante desse contexto, o presente estudo teve como objetivo revisar as evidências científicas sobre a herdabilidade do microbioma ruminal e sua relação com a emissão de metano entérico em bovinos, considerando a participação dos grupos microbianos na metanogênese, os fatores associados à variação da comunidade ruminal, a influência genética do hospedeiro sobre características taxonômicas e funcionais do microbioma e as perspectivas de aplicação dessas informações em estratégias de melhoramento genético.

Metodologia

Foi realizada uma revisão de literatura de caráter narrativo, descritivo e analítico, sobre a relação entre o microbioma ruminal, a metanogênese, a genética do hospedeiro e a emissão de metano entérico em bovinos. A busca bibliográfica foi realizada entre junho e julho de 2026, nas bases PubMed, Web of Science e Google Scholar, utilizando combinações dos termos "rumen microbiome", "rumen microbiota", "methane emission", "enteric methane", "host genetics", "heritability", "microbiability", "methanogenesis" e "genomic selection". Os termos foram combinados por meio dos operadores booleanos AND e OR, utilizando estratégias de busca como: ("rumen microbiome" OR "rumen microbiota") AND ("enteric methane" OR "methane emission") AND ("heritability" OR "microbiability" OR "host genetics"). Foram priorizados trabalhos publicados entre 2010 e 2025, sendo mantidas referências anteriores quando necessárias à fundamentação de conceitos consolidados.

Na busca inicial, foram identificados 59 registros, sendo 13 no PubMed, 22 na Web of Science e 24 no Google Scholar. Após a identificação dos registros, foi realizada a verificação de duplicidades e a triagem dos estudos quanto à sua pertinência ao objetivo da revisão, inicialmente por título e resumo e, quando necessário, mediante avaliação do texto completo. Ao final desse processo, 11 estudos foram selecionados para compor a síntese principal da revisão.

Foram incluídos estudos que abordassem a participação do microbioma ruminal na metanogênese; diferenças na composição microbiana entre animais com diferentes níveis de emissão de CH_4; influência de fatores ambientais, nutricionais ou fisiológicos sobre essa relação; influência genética do hospedeiro sobre características microbianas; estimativas de herdabilidade ou microbiabilidade; associação entre características microbianas e emissão de CH_4; e utilização dessas informações em estratégias de seleção genética. Foram priorizados estudos envolvendo bovinos, enquanto trabalhos com outros ruminantes foram considerados quando apresentaram informações relevantes para a fundamentação de mecanismos gerais relacionados à fermentação ruminal e à metanogênese. Foram considerados estudos primários e artigos de revisão, sendo estes últimos utilizados principalmente para a fundamentação conceitual do tema. Foram excluídos trabalhos sem relação direta com o objetivo da revisão — incluindo estudos que não apresentassem informações pertinentes ao microbioma ruminal, à produção de CH_4, à genética do hospedeiro ou ao melhoramento genético — além de publicações duplicadas.

A análise dos estudos foi organizada de forma temática, considerando a fermentação ruminal e a metanogênese, a variação da comunidade microbiana, a influência genética do hospedeiro, a relação entre microbioma e emissão de CH_4 e as possibilidades de aplicação no melhoramento genético. Foram comparadas diferentes abordagens de caracterização microbiana e genética, incluindo sequenciamento

16S rRNA, metagenômica shotgun, análises genômicas e transcriptômicas. A síntese priorizou informações sobre composição microbiana, herdabilidade, microbiabilidade, associação genômica e potencial de redução das emissões, buscando identificar convergências e divergências entre os estudos, limitações metodológicas e lacunas que possam orientar pesquisas futuras.

Resultados

O rúmen constitui um ecossistema microbiano complexo, no qual diferentes grupos de microrganismos participam da fermentação dos alimentos. Bactérias, protozoários ciliados e fungos anaeróbios atuam na degradação dos componentes da dieta e produzem metabólitos utilizados por outros integrantes da comunidade, enquanto as arqueias metanogênicas participam da formação de CH_4. Durante a fermentação anaeróbia, H_2, CO_2 e formiato são produzidos por diferentes microrganismos e podem participar das vias de metanogênese, destacando-se a via hidrogenotrófica e o gênero *Methanobrevibacter* (Morgavi et al., 2010; Tapio et al., 2017).

Tapio et al. (2017) observaram associação fraca entre a abundância total de arqueias e a emissão individual de CH_4. Foram identificadas diferenças na composição da comunidade microbiana entre animais de maior e menor emissão, com maior abundância relativa do clado *Methanobrevibacter gottschalkii* nos animais de maior emissão, além de diferenças em grupos bacterianos como *Ruminococcus*, Ruminococcaceae, Lachnospiraceae e Succinivibrionaceae. Marcos et al. (2024), avaliando 349 vacas primíparas da raça Holandesa, também identificaram diferenças na composição microbiana entre animais de baixa e alta intensidade de emissão, principalmente no início da lactação.

Martínez-Álvaro et al. (2022) avaliaram 1.107 gêneros microbianos, 225 RUGs e 1.141 genes microbianos, identificando efeitos genômicos significativos para 194 gêneros, 14 RUGs e 337 genes, com herdabilidade entre 0,13 e 0,61. Entre os gêneros avaliados, 20 apresentaram $h^2 > 0,40$. Entre as arqueias, Difford et al. (2018) identificaram herdabilidade significativa para o gênero *Methanobrevibacter* ($h^2 = 0,22 \pm 0,09$) por sequenciamento 16S rRNA. Martínez-Álvaro et al. (2022), utilizando metagenômica shotgun, estimaram $h^2 = 0,24$ para o mesmo gênero e identificaram cinco RUGs de *Methanobrevibacter* com herdabilidade entre 0,39 e 0,48.

A influência genética também foi observada em características funcionais do microbioma. Entre os 34 genes envolvidos na via metabólica do CH_4, 13 apresentaram herdabilidade entre 0,22 e 0,29, incluindo *mcrA*, *mcrB*, *mtrD*, *mtrE* e *cofG*. Foram identificados ainda 29 gêneros, 22 RUGs e 115 genes com forte correlação genômica com as emissões de CH_4 ($|0,59|$ a $|0,93|$), sendo *cofG* o único diretamente envolvido na metanogênese (Martínez-Álvaro et al., 2022).

Difford et al. (2018) avaliaram conjuntamente os componentes genético e microbiano. A herdabilidade individual da emissão foi estimada em $0,19 \pm 0,09$ e a microbiabilidade em $0,15 \pm 0,08$, correspondendo a aproximadamente 21% e 13% no modelo conjunto, respectivamente. Foi observada correlação de 0,32 entre os componentes e de 0,87 entre o valor genético estimado e o índice combinado.

A aplicação dessas informações em estratégias de seleção genética foi investigada por MartínezÁlvaro et al. (2022). A seleção baseada nos 30 genes microbianos mais informativos apresentou potencial estimado de mitigação de 17% das emissões médias por geração, enquanto a seleção direta baseada em câmaras de respiração apresentou potencial estimado de 13%.

Li et al. (2019), avaliando 709 bovinos de corte, identificaram influência genética sobre características da microbiota ruminal. Wallace et al. (2019) identificaram um subconjunto herdável do microbioma central em cerca de 1.000 vacas de quatro países europeus. Wang et al. (2024) integraram dados genômicos, transcriptômicos e de microbioma em bovinos Holandeses, enquanto Sepulveda et al. (2025) avaliaram o metagenoma ruminal como alvo de seleção genômica em populações de diferentes países, considerando a predição da emissão entre populações e métodos de mensuração.

Discussão

Os resultados indicam que a relação entre o microbioma ruminal e a emissão de CH_4 não depende exclusivamente da abundância total de arqueias metanogênicas, mas também da composição e das interações estabelecidas entre os diferentes grupos microbianos. O H_2 constitui um importante ponto de interação entre esses microrganismos, pois sua produção durante a fermentação influencia a disponibilidade de substratos para as arqueias. Dessa forma, alterações na composição da comunidade

podem modificar os fluxos metabólicos associados à metanogênese (Morgavi et al., 2010; Tapio et al., 2017).

A associação fraca entre a abundância total de arqueias e a emissão observada por Tapio et al. (2017) reforça essa interpretação. A maior abundância relativa de *Methanobrevibacter gottschalkii* nos animais de maior emissão sugere que a composição dos grupos metanogênicos pode apresentar maior relação com a emissão do que sua abundância total. Da mesma forma, a associação de grupos bacterianos, como Succinivibrionaceae, com perfis de menor emissão deve ser interpretada no contexto da comunidade microbiana, não sendo suficiente, isoladamente, para estabelecer causalidade. A emissão resulta, portanto, da interação entre diferentes grupos microbianos e do fluxo de seus metabólitos.

A influência genética identificada sobre o microbioma acrescenta outra dimensão a essa relação. Difford et al. (2018) identificaram $h^2 = 0,22 \pm 0,09$ para *Methanobrevibacter* utilizando 16S rRNA, enquanto Martínez-Álvaro et al. (2022) estimaram $h^2 = 0,24$ para o mesmo gênero utilizando metagenômica shotgun. Embora os valores não sejam diretamente equivalentes, por terem sido obtidos em populações e por metodologias diferentes, sua proximidade sugere consistência entre os estudos quanto à presença de influência genética sobre esse componente do microbioma. Além disso, os cinco RUGs de *Methanobrevibacter* identificados por Martínez-Álvaro et al. (2022), com h^2 entre 0,39 e 0,48, indicam que a avaliação em maior resolução pode identificar características com maior herdabilidade.

A evidência de influência genética também foi observada em diferentes grupos de bovinos. Li et al. (2019), trabalhando com bovinos de corte, identificaram influência genética sobre características da microbiota ruminal, enquanto Wallace et al. (2019) demonstraram a existência de um subconjunto herdável do microbioma central em vacas de diferentes países europeus. Esses achados ampliam a consistência da hipótese de influência genética sobre o microbioma, embora permaneça necessária maior representação de animais *Bos indicus* e seus cruzamentos, especialmente em sistemas tropicais.

As diferenças metodológicas entre os estudos também devem ser consideradas. Difford et al. (2018) utilizaram caracterização baseada em 16S rRNA, Martínez-Álvaro et al. (2022) empregaram metagenômica shotgun e Wang et al. (2024) integraram informações genômicas, transcriptômicas e do microbioma. Essa diversidade de abordagens permite investigar a relação entre hospedeiro e microbioma em diferentes níveis de resolução, mas limita comparações diretas entre estimativas obtidas por métodos distintos. A convergência observada entre alguns resultados, entretanto, reforça a possibilidade de participação do genoma do hospedeiro na estruturação de parte da comunidade microbiana.

A existência de características microbianas herdáveis não significa que a emissão de CH_4 seja determinada exclusivamente por meio do microbioma. Difford et al. (2018) demonstraram que os componentes genético e microbiano contribuem de maneira distinta para a variação da emissão. Assim, a microbiabilidade deve ser compreendida como a contribuição da variação microbiana para o fenótipo, não sendo equivalente à herdabilidade da emissão mediada pelo microbioma.

Nesse contexto, as características microbianas apresentam potencial para complementar estratégias de seleção voltadas à redução das emissões. A mitigação potencial de 17% estimada por Martínez-Álvaro et al. (2022) indica que informações provenientes do microbioma podem contribuir para a seleção, enquanto estudos posteriores, como Sepulveda et al. (2025), ampliam a avaliação do metagenoma ruminal como alvo de seleção genômica em diferentes populações. Esses resultados indicam avanço na utilização de informações microbianas para predição da emissão, embora ainda sejam necessárias validações em diferentes populações e condições de produção.

A estabilidade das características microbianas constitui outro fator relevante para sua utilização na seleção. Marcos et al. (2024) observaram que as diferenças entre animais de baixa e alta intensidade de emissão foram mais evidentes no início da lactação e diminuíram nos períodos posteriores. Esse resultado indica que uma característica associada à emissão em determinado momento fisiológico pode não apresentar a mesma relação em outros períodos. Portanto, além da herdabilidade, a estabilidade temporal das características deve ser considerada na avaliação de candidatos à seleção.

A generalização dos resultados também exige cautela. Dieta, ambiente, estágio fisiológico e população podem modificar tanto a composição do microbioma quanto sua relação com a emissão. Embora estudos em bovinos leiteiros e de corte indiquem influência genética sobre características microbianas, ainda são necessários estudos envolvendo maior diversidade genética, especialmente *Bos indicus* e animais mestiços. Essa ampliação é importante para verificar se características candidatas à seleção mantêm comportamento semelhante em diferentes condições produtivas.

Por fim, a identificação de um microrganismo ou gene associado à emissão não demonstra, isoladamente, causalidade. Limitações na caracterização de organismos ruminais e na disponibilidade de bancos de dados ainda dificultam a interpretação funcional dos resultados (Tapio et al., 2017; Marcos et al., 2024). A integração entre informações genômicas, metagenômicas, transcriptômicas e fenotípicas pode contribuir para identificar características funcionalmente relevantes e aumentar a capacidade de previsão da emissão.

Em conjunto, os estudos analisados indicam que a emissão de CH_4 resulta da interação entre microbioma, genoma do hospedeiro e fatores ambientais e fisiológicos. A identificação de características microbianas herdáveis e os avanços na avaliação de diferentes populações fortalecem o potencial do microbioma como fonte complementar de informação para o melhoramento. Entretanto, sua aplicação depende da identificação de características simultaneamente herdáveis, estáveis, funcionalmente relevantes e consistentes entre populações e condições de produção.

Conclusão

A literatura analisada indica que a emissão de CH_4 em bovinos está relacionada à interação entre a organização do microbioma ruminal, o genoma do hospedeiro e fatores ambientais e fisiológicos.

Características microbianas herdáveis foram identificadas em diferentes populações e níveis de resolução, incluindo gêneros, RUGs e genes funcionais, indicando potencial para utilização dessas informações como complemento às estratégias de seleção.

Entretanto, a aplicação do microbioma em programas de melhoramento ainda depende da validação da estabilidade e da capacidade preditiva dessas características em diferentes populações e condições de produção. Estudos com bovinos de corte, avaliações multipopulacionais e a integração de dados genômicos, transcriptômicos e metagenômicos ampliam as perspectivas de utilização dessas informações.

Assim, a integração entre genética do hospedeiro, microbioma ruminal e metanogênese apresenta potencial para contribuir simultaneamente para a mitigação das emissões de CH_4 e a eficiência produtiva. São necessários estudos longitudinais, maior representação de populações *Bos indicus* e validação das características candidatas em diferentes sistemas de produção.

Referências

DIFFORD, G. F.; PLICHTA, D. R.; LØVENDAHL, P.; LASSEN, J.; NOEL, S. J.; HØJBERG, O. et al. Host genetics and the rumen microbiome jointly associate with methane emissions in dairy cows. *PLoS Genetics*, v. 14, n. 10, e1007580, 2018.

JOHNSON, K. A.; JOHNSON, D. E. Methane emissions from cattle. *Journal of Animal Science*, v. 73, n. 8, p. 2483-2492, 1995.

LI, F.; LI, C.; CHEN, Y.; LIU, J.; ZHANG, C.; IRVING, B.; FITZSIMMONS, C.; PLASTOW, G.; GUAN, L. L. Host genetics influence the rumen microbiota and heritable rumen microbial features associate with feed efficiency in cattle. *Microbiome*, v. 7, art. 92, 2019.

MARCOS, C. N.; CARRO, M. D.; GUTIÉRREZ-RIVAS, M.; ATXAERANDIO, R.; GOIRI, I.; GARCÍARODRÍGUEZ, A.; GONZÁLEZ-RECIO, O. Ruminal microbiome changes across lactation in primiparous Holstein cows with varying methane intensity: heritability assessment. *Journal of Dairy Science*, v. 107, n. 9, p. 7064-7078, 2024.

MARTÍNEZ-ÁLVARO, M.; AUFFRET, M. D.; DUTHIE, C.-A.; DEWHURST, R. J.; CLEVELAND, M. A.; WATSON, M.; ROEHE, R. Bovine host genome acts on rumen microbiome function linked to methane emissions. *Communications Biology*, v. 5, art. 350, 2022.

MORGAVI, D. P.; FORANO, E.; MARTIN, C.; NEWBOLD, C. J. Microbial ecosystem and methanogenesis in ruminants. *Animal*, v. 4, n. 7, p. 1024-1036, 2010.

SEPULVEDA, B. J.; GONZÁLEZ-RECIO, O.; CHAMBERLAIN, A. J.; KHANSEFID, M.; COCKS, B. G.; WANG, J. et al. Rumen metagenome as a genomic selection target to reduce enteric methane emissions. *Journal of Dairy Science*, v. 108, n. 8, p. 8619-8636, 2025.

TAPIO, I.; SNELLING, T. J.; STROZZI, F.; WALLACE, R. J. The ruminal microbiome associated with methane emissions from ruminant livestock. *Journal of Animal Science and Biotechnology*, v. 8, art. 7, 2017.

WALLACE, R. J.; SASSON, G.; GARNSWORTHY, P. C.; TAPIO, I.; GREGSON, E.; BANI, P. et al. A heritable subset of the core rumen microbiome dictates dairy cow productivity and emissions. *Science Advances*, v. 5, n. 7, eaav8391, 2019.

WANG, W.; WEI, Z.; LI, Z.; REN, J.; SONG, Y.; XU, J. et al. Integrating genome- and transcriptomewide association studies to uncover the host-microbiome interactions in bovine rumen methanogenesis. *iMeta*, v. 3, n. 5, e234, 2024.