



Congreso de la Asociación Uruguaya de Producción Animal

14-15 de Diciembre de 2021

Congreso virtual

Cambio Climático y Producción Sostenible

Resúmenes cortos

The final winter sward height of a native grassland pasture affects the quantity of the green biomass in spring

Cazzuli, F.^{1*}, Jaurena, M.¹, Durante, M.¹, Cardozo, G.², Ruggia, A.³, Bremm, C.⁴, Lagomarsino, X.⁵, Cuadro, R.¹, Rovira, P.², Poppi, D.P.⁶, Lattanzi, F. A.⁷.

¹INIA Tacuarembó, Ruta 5 km 386, Tacuarembó, Uruguay; ²INIA Treinta y Tres, Ruta 8, km 282, Treinta y Tres, Uruguay; ³INIA Las Brujas, Ruta 48, km 10, Canelones, Uruguay; ⁴UFRGS, RS 91540-000, Porto Alegre, Brasil; ⁵UDE, Av. Dr. Luis Alberto de Herrera 2890, Montevideo, Uruguay; ⁶University of Queensland, Gatton, Queensland 4343, Australia; ⁷INIA La Estanzuela, Ruta 50 km 11, Colonia, Uruguay.

*fcazzuli@inia.org.uy

The management of native grasslands during winter could have effects on both quantity and characteristics of spring grown forage. We hypothesised that the higher the sward height (SH) at the end of the winter, the lower the green dry matter (DM) accumulated during spring. An experiment was carried out on native grasslands (C₄ species predominating and some C₃) on medium basaltic soils. At the end of the winter (7 September) homogeneous plots were selected (0.2 x 0.5 m) in a complete random block design experiment with five initial SH (treatments) of 2, 4, 6, 8 and 10 cm, repeated in 6 blocks. The initial green DM biomass was greater with increasing SH: 273, 376, 496, 579 and 722 kg/ha (± 44 , $p < 0.01$) and green DM proportion was 28, 30, 33, 35, 37 % (± 2 , $p < 0.05$), for 2, 4, 6, 8 and 10 cm treatments, respectively. At the end of the experiment (93 days, 9 December), both final height and green DM biomass were greater with greater initial SH: 7.2, 9.3, 9.5, 11.9, 13.6 cm (± 0.5 , $p < 0.01$); and 336, 711, 714, 808, 860 kg/ha (± 51 , $p < 0.01$), respectively. On the other hand, the accumulated green DM proportion presented an opposite response: 74, 64, 59, 53, 49 % (± 3 , $p < 0.01$) for 2, 4, 6, 8 and 10 cm, respectively. A non-linear regression was found ($p < 0.01$) between the accumulated green DM and initial SH (Green DM = $807/[1 + \exp(-SH)]$) in which green DM accumulation stabilises after 6 cm of SH. The SH at the end of the winter was positively associated with an increase in accumulated green DM by the end of the spring, reaching a plateau effectively above 6 cm.

Key words: native grasslands, late winter sward height, green biomass production

Expresión génica hepática de la vía del receptor alfa activado por proliferador de peroxisomas A (PPARA) en dos genotipos Holstein

García-Roche M.^{1,2*}, Talmón D.¹, Cañibe G.¹, Mendoza A.³, C. Quijano C.², Cassina A.² y M. Carriquiry M.^{1,2}

¹Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Uruguay. ²Centro de Investigaciones Biomédicas, Facultad de Medicina, Universidad de la República, Uruguay. ³Programa de Producción de Leche, INIA "La Estanzuela" Uruguay

*mercedesg@fagro.edu.uy

Se utilizaron vacas Holstein multíparas de Nueva Zelanda (NZH, n = 10) y norteamericanas (NAH, n = 20) (512 ± 19 vs. 563 ± 29 kg de peso vivo, $3,1 \pm 0,1$ condición corporal y parto en otoño) con el objetivo de evaluar la vía PPARA – un regulador del metabolismo de los ácidos grasos. Las vacas NZH y diez vacas NAH pastorearon *Medicago sativa* y *Dactylis glomerata* ($15,4 \pm 1,0$ kg MS/d y $6,9 \pm 0,5$ kg MS/d de concentrado) (PMAX). Diez vacas NAH fueron asignadas a una sesión de pastoreo ($8,3 \pm 0,8$ kgMS/d; *Medicago sativa* y *Dactylis glomerata*) y se les ofreció una dieta total mezclada ($14,0 \pm 1,3$ kgMS/d (50:50 forraje-concentrado base seca)) (P30). Se estudió la abundancia de ARNm de PPARA y genes clave en biopsias de hígado recolectadas a los 180 ± 17 días post-parto: carnitina palmitoiltransferasa 1A (*CPT1A*), 3-hidroxi-3-metilglutaril-CoA sintasa 2 (*HMGCS2*), la acil-CoA deshidrogenasa específica de cadena muy larga (*ACADVL*) y la acetil-CoA acetiltransferasa 1 (*ACAT1*) mediante PCR en tiempo real. Los datos se analizaron utilizando un modelo mixto con genotipo y genotipo dentro del tratamiento como efectos fijos. La leche corregida por sólidos fue 0,6 y 1,6 kg/d mayor para NZH-PMAX que NAH-P30 y NAH-PMAX, respectivamente. La expresión génica de *CPT1A* tendió a ser menor para NAH-P30 que NAH-PMAX (0,6 vs. $1,0 \pm 0,4$, $P = 0,09$) mientras que la expresión de *ACADVL*, *ACAT1*, *HMGCS2* y *PPARA* fue mayor o tendió a ser mayor para NZH-PMAX que para NAH-PMAX ($2,9$ vs. $1,2 \pm 0,5$; $1,5$ vs. $1,0 \pm 0,2$; $P \leq 0,05$; $1,7$ vs. $0,9 \pm 0,3$; $P = 0,09$ y $2,1$ vs. $1,3 \pm 0,3$, $P = 0,09$). Nuestros datos indican que la vía PPARA se vio más activada en las vacas NZH que las vacas NAH.

Palabras claves: metabolismo hepático, ácidos grasos, Holstein-Friesian.