



Congreso de la Asociación Uruguaya de Producción Animal

14-15 de Diciembre de 2021

Congreso virtual

Una Sola Salud

Resúmenes cortos



Composición de tejido hepático de vacas Holstein durante lactancia temprana y media, en tres sistemas de producción.

Cañibe G.^{1*}, Garcia-Roche M.¹, Casal A.², Jasinsky A.², Carriquiry M.¹

¹Departamento de Producción Animal y Pasturas, Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Av. Eugenio Garzón 780. Montevideo,

Uruguay.²Departamento de Producción Animal y Pasturas, Facultad de Agronomía. Estación Experimental Dr. Mario Alberto Cassinoni, Universidad de la República, Ruta 3 km. 363, Paysandú, Uruguay.

*guillermo.canibe@gmail.com

El hígado juega un rol central en la adaptación metabólica de las vacas lecheras durante la lactancia. El objetivo de este trabajo fue estudiar los niveles de reservas energéticas hepáticas durante lactancia temprana y media en diferentes sistemas de producción. Se asignaron vacas Holstein multíparas (n=33), según peso vivo, número de lactancia y condición corporal, a tres sistemas de producción diseñados en un arreglo factorial incompleto de dos estrategias de alimentación: a) vacas estabuladas alimentadas 100% con una dieta totalmente mezclada (DTM) (*ad libitum*; 29.4 kgMS/d, 40:60 forraje:concentrado), o b) sistema de pastoreo intensivo (asignación de pasturas mixtas: 19.3 kgMS/d suplementadas con 14.7 kgMS/d de la DTM); en dos niveles de control ambiental: a) PAS-CTRL: encierro en establo techado o b) PAS: encierro a cielo abierto. Se realizaron biopsias (n=33), a los 34 ± 13 y 171 ± 19 días postparto (DPP) y se midió glucosa libre, glucógeno y triglicéridos. datos se analizaron utilizando un modelo mixto con DPP, tratamiento y su interacción como efectos fijos. La concentración de glucosa libre en hígado fue afectada únicamente por DPP, siendo más alta durante lactancia temprana que lactancia media (0.04 vs. 0.02 mmol de unidades glucosilo/mg de tejido, $p=0.01$). Los niveles de glucógeno tendieron a ser afectados por la interacción ($p = 0.10$), ya que el grupo DTM tendió a tener menores niveles de glucógeno durante lactancia temprana (1.04 vs 1.50 vs 1.48 % m/m, para DTM, PAS-CTRL y PAS, respectivamente). El porcentaje de triglicéridos en hígado fue afectado por DPP, y su valor fue menor durante lactancia temprana que lactancia media (1.79% vs. 3.14%, $p < 0.01$). Nuestros resultados indican que las reservas hepáticas se ven disminuidas en

lactancia temprana, esto sugiere que existen cambios relacionados al momento de mayor exigencia energética debido a la alta demanda de la lactogénesis.

Palabras claves: metabolismo; hígado; lactancia.

Estudio de asociación de genoma completo para resistencia genética a nematodos gastrointestinales en ovinos Corriedale

Carracelas B.*, Navajas E.A., Vera B., Ciappesoni G.

Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria, Ruta 48 Km 10, Las Brujas, Uruguay.

bcarracelas@inia.org.uy

La selección de animales genéticamente resistentes a los nematodos gastrointestinales (NGI) es una de las alternativas para el control de las parasitosis en ovinos. El objetivo de este trabajo fue identificar regiones genómicas asociadas a la resistencia a NGI en ovinos Corriedale a través del estudio de asociación genómica en un solo paso (ssGWAS) del recuento de huevos por gramo en heces (HPG) utilizando 2 paneles de baja densidad y un panel comercial de mediana densidad. El análisis incluyó 19.547 corderos con dato de HPG, de los cuales 454, 711 y 383 contaban con información molecular de paneles de 170, 507 y 50K SNP, respectivamente. Los valores de cría genómicos (GEBV) se obtuvieron por análisis BLUP en un solo paso, utilizando un modelo animal que incluyó grupo contemporáneo, tipo de nacimiento y edad de la madre y edad al registro (covariable) como efectos fijos. Se estimaron los efectos de los SNP a partir de los GEBV y se calcularon los p-valores con el programa POSTGSF90. El nivel de significancia fue definido por la Tasa de Descubrimiento Falso a un $\alpha=0,05$. Se identificaron regiones significativas en los cromosomas 1, 3, 12 y 19 cuando se utilizó el panel de 170 SNP; en los cromosomas 7, 12 y 24 con el panel de 507 SNP y en el cromosoma 7 con el panel de 50K SNP. Los genes candidatos localizados en estas regiones, utilizando como referencia el genoma ovino Oar_v4.0 son: TIMP3, TLR5, LEPR y TLR9 (panel de 170 SNP), SYNDIG1L y MGRN1 (panel de 507 SNP) e INO80, TLN2, TSHR y EIF2AK4 (panel de 50K SNP). Estos resultados preliminares validan regiones genómicas asociadas a HPG previamente identificadas en Corriedale y otras razas, y reportan regiones nuevas a ser investigadas.

Palabras claves: HPG; ssGWAS; genes candidatos