Veinte años de una innovación institucional para el beneficio de la cadena textil-lanera del Uruguay

Montossi F.[1], De Barbieri I.[1], Ramos Z.[12], Mederos A.[1], Pérez Jones J.[2], Donagaray F.[2], Fros O.[2], Dutra F.[3], Fros A.[3], Grattarola M.[4], Gimeno D.[4] y Ciappesoni G.[1]*

[1] Estación Experimental INIA Tacuarembó, Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria, Ruta 5 km 386, Tacuarembó, Uruguay.
[2] Consorcio Regional de Innovación en Lanas Ultrafinas (CRILU), Ruta 5 km 386, Tacuarembó, Uruguay.
[3] Sociedad de Criadores de Merino Australiano del Uruguay, Avenida Uruguay 864, Montevideo, Uruguay.
[4] Secretariado Uruguayo de la Lana, Servando Gómez 2408, Montevideo, Uruguay.
*fmontossi@inia.org.uy

Las tendencias del mercado internacional a favor de las lanas más finas, la importante presencia de la raza Merino en la región norte de Uruguay, la articulación pública y privada de I+D+i, y la necesidad de mejorar la competitividad de los productores, fueron la base para la evaluación de una nueva alternativa tecnológica para la cadena textil-lanera del país. Esta alternativa se evalúo mediante dos innovaciones institucionales: Proyecto Merino Fino del Uruguay (Fases I y II; 1998-2009) y CRILU (2010-2020). El mejoramiento genético ha tenido un rol estratégico, particularmente a través del Núcleo Genético (NG) en la Unidad Experimental "Glencoe" de INIA para la evaluación y producción tecnológica de lanas finas, superfinas y ultrafinas. Los objetivos de selección acordados entre productores y técnicos permitieron a este NG alcanzar progresos genéticos (valores de cría de las progenies) favorables en diámetro de la fibra (-0,14 µ/año; -0,9 %/año), peso de vellón limpio (0,019 kg/año; 0,8 %/año), y peso del cuerpo (0,20 kg/año; 0,6 %/año). Estas tendencias fueron acompañadas por cambios genéticos deseables en largo de la fibra, coeficiente de variación del diámetro y resistencia a parásitos gastrointestinales. Paralelamente, todas estas variables también han tenido progresos genéticos favorables en la población Merino evaluada. En 2017, las ovejas del NG produjeron en promedio 3,9±0,6 kg de lana vellón de 15,6±1,1 µ de diámetro y con un peso vivo a la esquila de 49,2±5,9 kg. Los carneros de la última progenie entregada a los productores del CRILU produjeron 4,2±0,4 kg de peso de vellón de 15,3±0,84 µ de diámetro pesando 66,1±5,3 kg a la esquila. Después de casi 20 años de trabajo conjunto, la alternativa tecnológica propuesta fue favorablemente transferida a los productores, apoyando el desarrollo de un nuevo agronegocio generado beneficios socioeconómicos para el sector ganadero, particularmente en los sistemas de producción ubicados en regiones ganaderas más extensivas.

Palabras claves: lana superfina, co-innovación, genética, ganadería extensiva.

Utilización de técnicas moleculares para el diagnóstico de BLAD en terneros lecheros de Uruguay

Federici, M.T.[1]; Branda Sica, A.[1]; Castro; L.A.[2]; Caffarena, D.[3]; Schild, C.[3]; Casaux, L.[3]; Briano, C.[4]; Llambí, S.[5]; Dutra, F.[4]*

[1] Unidad de Biotecnología, INIA Las Brujas, Canelones, Uruguay. [2] Facultad de Ciencias Veterinarias. Universidad Nacional de Asunción, Paraguay. [3] Plataforma de Investigación en Salud Animal, INIA La Estanzuela, Colonia, Uruguay. [4] DILAVE "Miguel C. Rubino", Laboratorio Regional Este, Treinta y Tres, Uruguay.
[5] Área Genética, Facultad de Veterinaria, UdelaR, Uruguay.
* mfederici@inia.org.uy

La deficiencia en la adhesión leucocitaria bovina (BLAD, OMIA 000595-9913) es una enfermedad hereditaria, autosómica recesiva, causada por una mutación puntual que cambia la base nucleotídica A por G en el exón 4 de la subunidad beta-2 integrina del gen CD18, lo cual provoca la sustitución de ácido aspártico por glicina en un receptor proteico de la membrana de los leucocitos. Esto genera una inmunosupresión que aumenta la susceptibilidad de los terneros neonatos a enfermedades infecciosas. Dado que la sintomatología es inespecífica, el diagnóstico sólo puede confirmarse por técnicas moleculares. Para ajustar metodologías de diagnóstico de BLAD se analizó una muestra poblacional no probabilística de conveniencia de terneros de 1-30 días mediante HRM (*High Resolution Melting*), utilizando PCR en tiempo real (Rotor Gene Q, *Corbett Research*) con el intercalante fluorescente *EvaGreen* (kit Type-it® HRM-PCR, QIAGEN). De un total de 134 terneros analizados se determinaron 120 terneros libres de BLAD, de los cuales 21 fueron confirmados por secuenciación de los productos de PCR. La presencia de esta mutación fue evaluada en los electroferogramas de las respectivas secuencias utilizando los *softwares BioEdit* (*BioEdit_sequence Alignment Editor*) y *MEGA* (*Molecular Evolutionary Genetic Analysis* 7.0.26). Dada la alta sensibilidad de la técnica HRM con respecto a la calidad del ADN, se sugiere confirmar mediante secuenciación cuando se comparan muestras de extracciones de ADN diferentes. Actualmente, se está generando un relevamiento en mayor escala utilizando paneles de la empresa *GeneSeek* (Lincoln, NE, USA) para el diagnóstico de BLAD y de otras enfermedades hereditarias letales de bovinos de leche. Se recomienda la implementación de una estrategia de monitoreo de enfermedades hereditarias letales mediante técnicas moleculares para evitar la diseminación de alelos mutantes en los rodeos lecheros de Uruguay.

Palabras clave: deficiencia de adhesión leucocitaria bovina, HRM, diagnóstico, bovinos de leche.