

**UNIVERSIDAD DE LA REPÚBLICA**

**FACULTAD DE AGRONOMÍA**

**ESTUDIO DE LA BASE HISTÓRICA DE REGISTROS GENEALÓGICOS DE  
LA ESTACIÓN EXPERIMENTAL BERNARDO ROSENGURTT**

**por**

**Alejandro Nicolás BAUER GUERRERO  
Nicolás MURÓ FERBER**

**TESIS presentada como uno de  
los requisitos para obtener el  
título de Ingeniero Agrónomo**

**MONTEVIDEO**

**URUGUAY**

**2020**

Tesis aprobada por:

Director: \_\_\_\_\_  
Ing. Agr. DSc. Ana Carolina Espasandin

\_\_\_\_\_  
Ing. Agr. MSc. Andrea Larracharte

\_\_\_\_\_  
Ing. Agr. Rodrigo López Correa

\_\_\_\_\_  
Ing. Agr. María Andre

\_\_\_\_\_  
Ing. Agr. Cristina Manzi

Fecha: 9 de diciembre de 2020

Autores: \_\_\_\_\_  
Alejandro Bauer Guerrero

\_\_\_\_\_  
Nicolás Muró Ferber

## AGRADECIMIENTOS

A Ana Carolina Espasandin, tutora del trabajo, por el constante apoyo y facilitación para la realización del trabajo científico.

A Andrea Larracharte, cotutora, por la ayuda constante.

A Sully Toledo, por las claras correcciones.

A nuestra familia, por el apoyo durante los 5 años de la carrera.

A profesores y compañeros de estudio que fueron parte de nuestro proceso de formación.

A aquellas personas que por fuera de la universidad también ayudaron a nuestra formación.

## TABLA DE CONTENIDO

	Página
PÁGINA DE APROBACIÓN.....	II
AGRADECIMIENTOS.....	III
LISTA DE CUADROS E ILUSTRACIONES.....	VI
1. <u>INTRODUCCIÓN</u> .....	1
1.1. OBJETIVOS .....	3
1.1.1. <u>Objetivos generales</u> .....	3
1.1.2. <u>Objetivos específicos</u> .....	3
2. <u>REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA</u> .....	4
2.1. IMPORTANCIA DEL USO DE REGISTROS.....	4
2.2. REGISTRO DE IDENTIFICACIÓN ANIMAL .....	4
2.3. SISTEMAS DE REGISTROS EN URUGUAY .....	5
2.3.1. <u>Sistema de registros de MGAP. DICOSE</u> .....	5
2.3.2. <u>Sistema de registros del MGAP. SNIG</u> .....	5
2.4. REGISTROS PRODUCTIVOS.....	5
2.5. REGISTROS GENEALÓGICOS .....	6
2.5.1. <u>Estructura del registro genealógico</u> .....	6
2.5.2. <u>Importancia del registro genealógico</u> .....	6
2.6. CONSANGUINIDAD Y DEPRESIÓN ENDOGÁMICA.....	7
2.6.1. <u>Definición de consanguinidad</u> .....	8
2.6.2. <u>Consanguinidad y heterocigosis</u> .....	8
2.6.3. <u>Consecuencias del aumento de la consanguinidad</u> ..	8

2.7. REGISTROS GENEALÓGICOS DE LA ARU .....	9
2.7.1. <u>Sistema de registros en Aberdeen Angus</u> .....	9
2.7.2. <u>Sistema de registros en Hereford</u> .....	10
3. <u>MATERIALES Y MÉTODOS</u> .....	11
4. <u>RESULTADOS Y DISCUSIÓN</u> .....	12
5. <u>CONCLUSIONES</u> .....	21
6. <u>RESUMEN</u> .....	23
7. <u>SUMMARY</u> .....	24
8. <u>BIBLIOGRAFÍA</u> .....	25

## LISTA DE CUADROS E ILUSTRACIONES

Cuadro No.	Página
1. Individuos registrados por cada genotipo	12
2. Número de padres utilizados por genotipo	13
3. Número de madres utilizadas por genotipo	13
4. Madres con mayor descendencia registrada	14
5. Frecuencia de individuos de cada genotipo por año	15

Figura No.	Página
1. Diagrama de parentesco de un individuo	7
2. Esquema de apareamientos y genotipos obtenidos en el año 1997	16
3. Esquema de apareamientos y genotipos obtenidos en el año 1998	16
4. Esquema de apareamientos y genotipos obtenidos en el año 2000	17
5. Esquema de apareamientos y genotipos obtenidos en el año 2010	18
6. Esquema de apareamientos y genotipos obtenidos en el año 2013	18
7. Evolución temporal y cantidad de partos	19
8. Diagrama de parentesco raza Angus	20
9. Diagrama de parentesco raza Hereford	20

## 1. INTRODUCCIÓN

La cría vacuna es un proceso determinante de los resultados económicos de las empresas agropecuarias. Dentro del proceso de producción de carne, el 52% de los establecimientos son criadores, a lo que se suma un 11% de los que hace ciclo completo e incluye la actividad de la cría (MGAP. DIEA, 2019). La eficiencia del proceso de producción de carne está directamente relacionada con la eficiencia reproductiva de los rodeos de cría.

En estos sistemas de producción las decisiones productivas juegan un rol muy importante en la rentabilidad del negocio. El registro de los animales es una herramienta muy útil para el productor a la hora de tomar decisiones en sus rodeos, ya que le proporciona información de valor, a nivel individual y poblacional. Son innumerables los beneficios de conocer su fecha de nacimiento, sexo, raza o cruce, índice de consanguinidad, información de padre y madre, peso al nacer, peso al destete para decidir en la producción y en la selección de vientres y progenitores.

Los programas de mejoramiento genético animal utilizan como insumo básico los registros productivos y genealógicos, a partir de los cuales son estimados los valores genéticos de los animales. Para que el proceso de selección sea eficiente es necesario contar con información genealógica certera de los individuos de la población. De existir errores en los registros de pedigree se producirán sesgos en las evaluaciones genéticas y en consecuencia en el proceso de selección de los progenitores. Harder et al. (2005) señalan a los errores en el pedigree y la falta de información en los registros, como los principales errores que pueden influir en la estimación de los valores de cría de los animales.

En las estaciones experimentales o en algunas cabañas es frecuente la toma de registros mediante el uso de planillas, mientras que en los establecimientos comerciales es menos frecuente la toma de registros. El trabajo y el tiempo que insume esta tarea, influyen en la frecuencia con que deberían ser tomados registros de este tipo. Con excepción del programa SRGen desarrollado por INIA (Lema et al., 2012), en donde el productor puede ingresar su información a una base de datos estandarizada, no existe en el mercado un software disponible para productores comerciales, que integre este tipo de información.

En Uruguay, la Asociación Rural del Uruguay (ARU) es la que se encarga de llevar los registros genealógicos de los animales de pedigree. Los primeros registros se remontan al siglo XIX, y en 1887 la ARU crea la oficina de Registro Genealógicos (RRGG) para empezar a registrar el ganado criollo que

había en Uruguay en sus primeras cruizas con las razas británicas introducidas. Fue en ese mismo año que se inscribieron los primeros ejemplares de la raza Hereford. Al año siguiente "Bard Naughton" se convirtió en el primer ejemplar Angus en ser inscripto.

El contar con registros genealógicos permite conocer los apareamientos entre animales emparentados y sus posibles consecuencias; conocer los reproductores más destacados por desempeño o problemas productivos; seleccionar los mejores reproductores; estimar longevidad, entre otras cosas.

Si bien la ARU posee un sistema de registros oficial, éste es para las poblaciones de pedigree, puro por crúza o controlado, u otros sistemas dentro de las razas puras. Además, es necesario abonar por cada animal que pertenezca a esta base.

Es importante que cada establecimiento genere su propio archivo de pedigree con el fin de controlar los sistemas de apareamientos en sus poblaciones y sus conexiones.

En base a la importancia de los antecedentes planteados, este trabajo propone como objetivo general caracterizar la base de registros genealógicos del rodeo de cría de la Estación Experimental Bernardo Rosengurt (EEBR), y posteriormente estimar de consanguinidad que puedan estar influyendo en los principales indicadores productivos y reproductivos.

## 1.1. OBJETIVOS

### 1.1.1. Objetivos generales

Crear el archivo de registros genealógicos de pedigree del rodeo de la Estación Experimental Bernardo Rosengurt (EEBR) para las razas Angus, Hereford y sus cruzas.

### 1.1.2. Objetivos específicos

Describir el archivo de pedigree histórico de la Estación Experimental Bernardo Rosengurt (EEBR) en términos de número de animales, razas, padres y madres generados.

Estimar el grado de consanguinidad en las poblaciones AA y HH del rodeo de la Estación Experimental Bernardo Rosengurt (EEBR).

## 2. REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA

### 2.1. IMPORTANCIA DEL USO DE REGISTROS EN LOS SISTEMAS DE PRODUCCIÓN ANIMAL

Los programas de mejoramiento genético de una raza tienen como objetivo identificar y promocionar aquellos animales que mejor se adapten a las condiciones de producción existentes y que al mismo tiempo conduzcan a un incremento del beneficio económico de las explotaciones. Para esto es necesario valerse de información objetiva y precisa sobre los reproductores, que permita tomar decisiones de selección y hacer un uso diferencial de los mismos. Esto es posible si se conoce cuáles son las características económicamente relevantes, si se dispone de un sistema de captura de registros eficiente, así como una evaluación genética que permita procesar dicha información (Ravagnolo et al., 2013).

La materia prima de las evaluaciones genéticas son los registros. El registro consiste en la información de identificación individual, genealógica y productiva de los animales. En esta etapa se define la calidad potencial de las evaluaciones genéticas, siendo necesario contar con información completa y precisa para obtener resultados confiables (Ravagnolo et al., 2013). Los registros productivos y genealógicos son de vital importancia en los programas de mejoramiento genético animal. Cada animal se diferencia de otro por el hecho de ser y va a tener sus propios antecedentes, lo que ayuda a la hora de tomar las decisiones productivas. Por ejemplo, vacas con historial de problemas al parto, vacas que no paren terneros todos los años. Esto puede ser una premisa cuando se selecciona y posterior refugo. También en un sistema de cruzamientos, donde se utilizan más de una raza, los registros se vuelven imprescindibles para llevar a cabo la planificación y ejecución de apareamientos.

### 2.2. REGISTRO DE IDENTIFICACIÓN ANIMAL

La identificación de cada individuo dentro del rodeo es la base para la creación de un sistema de registros consistente. Según Piñera et al. (2009) cada registro debe ser individual, ya que cada animal debe ser identificado. Debe ser irreplicable, es decir que ningún otro animal del rodeo posea o haya poseído un número de identificación igual. También debe ser intransferible porque el código de identificación no puede ser transferido de un animal a otro. Por último, señala que el registro tiene que ser numérico o alfanumérico y debe evitarse utilizar una combinación de ambos.

## 2.3. SISTEMAS DE REGISTROS EN URUGUAY

### 2.3.1. Sistema de registros de MGAP. DICOSE

Este sistema regulado por la División de Contralor de Semoviente fue creado en 1973 con el fin de tener un control de las existencias y movimientos de los animales, entre otros objetivos. Este registro, desde sus comienzos, implicaba una declaración jurada anual, control de flujo de haciendas, emisión de guías de propiedad y movimientos internos dentro del establecimiento. Fue un gran cambio para el productor, ya que significó un acostumbamiento por parte del mismo a algo nuevo: registrar.

### 2.3.2. Sistema de registros del MGAP. SNIG

El SNIG (Sistema Nacional de Información Ganadera) está dirigido a cualquier productor de ganado bovino que realiza cría o posee vientres bovinos. Es obligatorio identificar el ganado vacuno mediante el SNIG implementado por el Ministerio de Ganadería, Agricultura y Pesca a partir del año 2006. Tiene como objetivo asegurar la trazabilidad desde el establecimiento de origen del animal hasta el frigorífico, tanto de forma individual como grupal, reglamentado por el MGAP (Ministerio de Ganadería, Agricultura y Pesca). El mismo debe realizarse en el sitio de nacimiento del ternero y previo a cualquier movimiento y/o cambio de propiedad. De no darse la situación mencionada anteriormente, deben ser indefectiblemente identificados antes de los 6 meses de vida. En este sistema se obtiene por animal identificado el propietario, sexo, raza o cruce, fecha de nacimiento, movimientos y lugar de faena o muerte (MGAP. SNIG, 2004). A partir de este registro se obtuvo como beneficio importante la trazabilidad grupal, algo casi único en el mundo que lo potenció en el acceso a mercados exigentes.

## 2.4. REGISTROS PRODUCTIVOS

El objetivo de la mejora genética animal es modificar las poblaciones de modo de lograr un beneficio (económico) para el productor, en base al estudio de registros de grandes bases de datos, en donde los valores genéticos son estimados a partir de información que se registra en los animales debidamente identificados. A través de las evaluaciones genéticas se generan las estimaciones de los DEPs (Diferencia Esperada en la Progenie), permitiendo a los productores tomar decisiones de selección en base a información objetiva. El valor de cría de los candidatos a la selección, considerando en la estimación dos componentes: i) la observación (fenotípica) de la superioridad o inferioridad del animal con respecto a la media de su grupo contemporáneo (animales criados en las mismas condiciones ambientales que el animal candidato a la

selección); y b) un coeficiente de regresión que predice cuánto de la superioridad/inferioridad fenotípica observada será transmitida a la progenie del animal. El valor de dicho coeficiente de regresión depende de varios factores, entre ellos, el parentesco entre el candidato a la selección y la fuente de información.

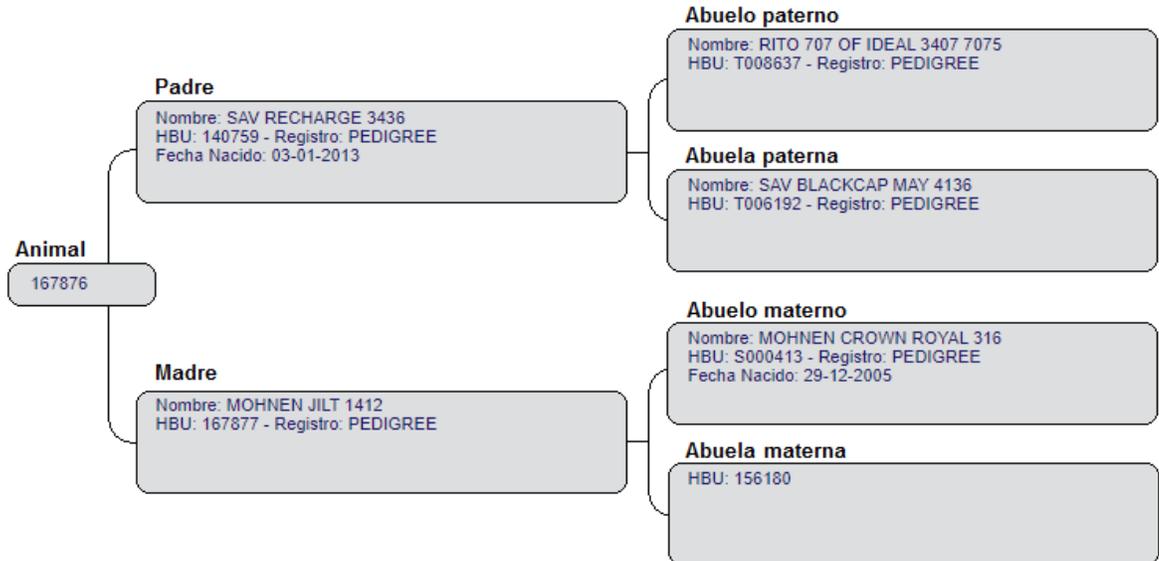
## 2.5. REGISTROS GENEALÓGICOS

La genealogía se define como el estudio y seguimiento de la ascendencia y descendencia de un individuo o familia. Por lo tanto, un registro genealógico es un instrumento técnico que permite garantizar la identidad de un individuo, la de su ascendencia y su descendencia (Piñeira et al., 2019). En sistemas productivos, a partir de la inclusión de inseminación artificial y otros tipos de técnicas reproductivas, la genealogía comenzó a tomar mayor importancia. En consecuencia, los registros genealógicos empezaron a ser claves en cualquier establecimiento que involucre planes de mejora genética.

### 2.5.1. Estructura del registro genealógico

Un sistema de registros posee una estructura “horizontal” muy sencilla, que debe contener toda la información necesaria para la gestión genética del rebaño (Piñeira et al., 2019). Se empieza con los individuos de la población base en la cual se debe identificar los animales y su sexo. De ser posible la raza. En la primera generación nacida en el predio se debe registrar padre, madre, raza, sexo, fecha de nacimiento. De esta forma sucesivamente en las nuevas generaciones hasta que cada individuo posea una genealogía ascendente de 2 generaciones. En la figura 1 se presenta un esquema de genealogía de un individuo donde por la parte superior se representa la información paterna y por la parte inferior la información materna.

Figura 1. Diagrama de parentesco de un individuo



Fuente: INIA (2020).

### 2.5.2. Importancia del registro genealógico

Un registro genealógico está definido como un procedimiento que registra ascendencia y descendencia de los animales, permitiendo la preservación y mejora de características raciales. En los últimos tiempos, han tomado fundamental importancia, que permiten descubrir y estimar valores genéticos de interés económico para mejorar la eficiencia del sistema tanto productiva, como pueden ser más kilos al destete, como económica, donde se venderá más kilos de carne. Otro beneficio es conocer el parentesco entre los animales, es decir sus genes en común. Esto permite evitar la depresión endogámica por el apareamiento de animales emparentados, sobre todo en poblaciones pequeñas ya que son más vulnerables a este problema. El nivel crítico de consanguinidad en un rodeo es de 12.5% (Guest, 2008) aunque autores afirman un valor aceptable rondando el 6,25% (Florio, 2005) por lo que saber padre y madre se vuelve indispensable a la hora de producir.

En un sistema criador, fase I en el complejo cárnico, es fundamental el registro. Según Urioste (2008) la principal debilidad detectada es que la vaca vacía no queda registrada en el sistema. Esa vaca vacía hace ineficiente al sistema ya que no va a destetar un ternero.

## 2.6. CONSANGUINIDAD Y DEPRESIÓN ENDOGÁMICA

El cruzamiento entre animales emparentados ha sido utilizado como intencionalmente en la cría animal para animales emparentados con aquellos que consideran de mayor valor, buscando el parecido entre padres e hijos, así como también en la formación de razas, con la intención de fijar o uniformizar características de la raza en cuestión. La cría consanguínea a través del proceso de diferenciación de líneas o familias a partir de la población original, ha sido utilizada para crear líneas dentro de razas buscando seleccionar entre líneas aprovechando las posibles diferencias en caracteres importantes que existan entre ellas (Wright, 1922). Sin embargo, dado los efectos negativos de la consanguinidad y su contraposición con los objetivos buscados a través de la selección, es un fenómeno que se debe mantener bajo control.

### 2.6.1. Definición de consanguinidad

La consanguinidad es el producto del apareamiento entre animales emparentados, es decir que un animal será consanguíneo sólo si sus padres están emparentados. En otras palabras, es la probabilidad que dos alelos elegidos al azar en un locus de un individuo sean idénticos por ascendencia (copias iguales de un alelo proveniente de un ancestro común, Wright, 1922).

### 2.6.2. Consanguinidad y heterocigosis

La heterocigosis la define Wright (1922) como la diferencia en producción entre el promedio de los animales cruza y el promedio de los animales puros contemporáneos. Al cruzar dos poblaciones que difieren en frecuencias génicas en una característica dada produce un aumento en la proporción de heterocigotos en relación al promedio de las poblaciones parentales. La consanguinidad aumenta la homocigosis.

### 2.6.3. Consecuencias del aumento de la consanguinidad en un rodeo

El aumento de la consanguinidad en un rodeo significa un aumento en la homocigosis, que tiene como consecuencia una reducción de los genotipos heterocigotos y disminuye la heterocigosis. Esto causa un aumento en la expresión de efectos deletéreos recesivos. Además, produce depresión endogámica, además de la disminución de la variabilidad genética. En general se produce mayor depresión endogámica en caracteres de baja  $h^2$ , ya que en ellos la acción genética es en gran parte no aditiva, y serían entonces explicados por efectos de dominancia y epítasis.

## 2.7. REGISTROS GENEALÓGICOS DE LA ASOCIACIÓN RURAL DEL URUGUAY

La Asociación Rural del Uruguay (ARU) realiza otro tipo de sistema de registro de carácter opcional, pero es el único con información genealógica. En la actualidad se realiza ADN al 5% los terneros nacidos generando información de la genealogía ascendente del animal. Desde 1987 se inspeccionaron 2300000 terneros de diferentes razas (Zerbino, 2015). La oficina prioriza la preservación de diversas características genéticas que definen a las razas bovinas. Es por esto, que se está buscando abrir los libros de RRGG de la ARU a razas criollas de bovinos, con el fin de preservar genética que proviene de animales introducidos por Hernandarias. Es decir que cada registro, por más minoritario que pueda ser es muy importante, no solo al productor, sino que también a la raza y al ganado vacuno en el país.

Las evaluaciones genéticas a nivel nacional para las principales razas de carne, Hereford y Angus, tuvieron sus comienzos al final de la década del 80 con trabajos de preparación y levantamiento de registros, siendo publicados los primeros catálogos nacionales de reproductores a comienzos de la década del 90. En los años transcurridos desde la primera evaluación genética hasta el momento no solo se ha incrementado el número de cabañas y animales participantes, sino que además se ha realizado una acumulación importante de datos de genealogía, de comprensión por parte de los usuarios de los resultados y de utilización de estos resultados en la selección de los reproductores (Lema y Ravagnolo, 2008).

### 2.7.1. Sistema de registros en Aberdeen Angus

La Sociedad de Criadores de Aberdeen Angus del Uruguay (SCAAU) tiene diversas clases de registros genealógicos. El más básico es el Puro de Origen (PO) que clasifica aquel animal producto del cruzamiento con animales Puro Pedigree (PP), Puro Controlado (PC) o Selección Angus (SA) de 3ª. generación (SCAAU, 2020b). Aquellos animales PO que tengan características fenotípicas típicas del Angus, luego de inspeccionados pueden clasificar como SA. Los PC clasifican por apareamientos preestablecidos entre SA o un SA cruzado con un PP. Para verificar esto, el criador debe tener obligatoriamente varios registros como: libro de madres, libro de servicios y libro de nacimientos. Al 2018 hay una base de datos de 125000 animales provenientes de 209 criadores, con 78213 registros evaluados para peso al nacer y 81395 registros de peso al destete directo (SCAAU, 2018).

### 2.7.2. Sistema de registros en Hereford

En la Sociedad de Criadores de Hereford del Uruguay (SCHU) se identifican las madres H o HS con identificación única y permanente. Aquellas madres sin genealogía conocida se las identifica de forma distinta, con una “B” delante del número. Una vez que se logra madres con genealogía conocida se clasifican como madres H. Los toros que se utilizan serán de pedigree, por lo cual se identificarán con el HBU. Por otra parte, los animales aceptados por Mejoramiento Hereford se identifican como MH. Si se quiere lograr que un animal clasifique como puro registrado tiene que cumplir el requisito de ser hijo de una madre MH y padre HBU, para posteriormente ser evaluado genéticamente (SCHU, 2020a).

### 3. MATERIALES Y MÉTODOS

Se utilizó la base de datos de nacimientos de los rodeos de cría de la Estación Experimental Bernardo Rosengurtt correspondiente al período 1994 a 2018. El experimento dialélico completo entre las razas Hereford y Angus se desarrolló entre los años 1994 y 2006 con una población manejada en las mismas condiciones ambientales (incluye un total de 1365 datos (Pereyra et al., 2015)). A partir de 2006 y hasta la fecha las poblaciones puras y cruzas pasaron a evaluarse en 2 ofertas de forraje contrastantes (alta y baja). Una vez finalizado ese experimento, se continuó hasta la actualidad con la toma de registros productivos y reproductivos en el rodeo de cría. A partir de esta información se creó el archivo genealógico con las variables: genotipo del animal, genotipo de padre y madre, número RP o caravana de identificación del animal, padre y madre, así como también la fecha de nacimiento del animal. Luego se verificó a detalle inconsistencias que se pudieron encontrar en genotipos, edad de animales, productividad de las vacas, padres por fecha de nacimiento y largo de gestación. La información genealógica fue resumida en frecuencias y porcentajes de los diferentes genotipos generados durante el período señalado, utilizando el programa estadístico SAS (V 9.2). Luego se utilizó el programa Pedigree Viewer para seguir analizando posibles inconsistencias como animales con mismo número de identificación, animales que aparecen como machos y hembras a la vez. También se estimó el coeficiente de consanguinidad mediante el promedio del coeficiente individual de la población Angus y Hereford por separado.

En el transcurso de los demás capítulos se utilizarán abreviaturas para las diferentes razas, Hereford (HH), Angus (AA), cruzas F1 (AH, HA) o F2, y retrocruzas (Rt) entre AA y HH; y cruzas con las razas Bonsmara (BB) y Limousin (LL).

#### 4. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los registros genealógicos en los que se trabajó se remontan al año 1994. Los mismos surgen de apareamientos realizados el año anterior, ya sea entre ejemplares Hereford (HH), entre ejemplares Aberdeen Angus (AA) o cruzamientos entre Hereford y Angus. Desde la población base hasta 2018 nacieron 1056 individuos HH, 1052 AA y 951 F1, lo que demuestra que estas dos razas se mantuvieron y predominaron a lo largo de los años ya sea como cruce o puros. Un dato que remarcar es que a pesar de la inclusión de razas como Limousin en 2008 o Bonsmara en 2013, un 96% de los animales registrados son HH, AA o alguna cruce entre esas dos razas. A continuación, se presenta en el cuadro 1 la cantidad de animales nacidos por genotipo.

Cuadro 1. Individuos registrados por cada genotipo

Genotipo	Número animales nacidos
AA	1052
HH	1056
F1	951
Cruzas A-H	1613
Cruzas LL	110
Cruzas BB	70
Total	4852

AA= Aberdeen Angus; HH= Hereford; F1= cruce entre AA y HH; cruzas A-H= cruces Angus x Hereford; cruzas LL= cruces Limousin; Cruzas BB= Cruces Bonsmara.

En cuanto a padres se usaron alrededor de 130 padres distintos en los 24 años registrados. En este proceso es de destacar la gran variabilidad en el número de hijos por toro, encontrándose toros con menos de diez hijos registrados y otros con más de 150 como por ejemplo “José”, un toro AA usado entre 2010 y 2012, al que se le atribuyen 169 hijos. A continuación, se presenta en el cuadro 2 la cantidad de padres utilizados por cada genotipo.

Cuadro 2. Número de padres utilizados por genotipo

Genotipo	Número toros padre
AA	43
HH	48
F1	8
LL	5
BB	2
Total	103

AA= Aberdeen Angus; HH= Hereford; F1= cruce entre Angus y Hereford; cruces A-H=cruces Angus x Hereford; LL= Limousin; BB= Bonsmara.

Al analizar las madres utilizadas, se estimó una media de entre 2 y 3 hijos por vaca en los 24 años de registro. La 4119, una vaca F1, fue la que más hijos produjo, siendo la única con un total de 10 en un total de 15 años. Cabe destacar que las tres vacas de más hijos registrados del rodeo tuvieron años sin hijos. Eso quizás en un sistema más intensivo hubiera hecho que se descartaran y no llegaran a esa cantidad. A continuación, se presenta en el cuadro 3 la cantidad de madres por genotipo y el cuadro 4 las madres con mayor descendencia en el rodeo.

Cuadro 3. Número de madres utilizadas por genotipo

Genotipo	Número madres
AA	577
HH	600
F1	415
Cruzas A-H	155
BH	63
Total	1810

AA= Aberdeen Angus; HH= Hereford; F1= Angus x Hereford; cruces A-H= cruces Angus x Hereford; BH= Bonsmara x Hereford.

Cuadro 4. Madres con mayor descendencia registrada

RP	Genotipo	Edad	Número de hijos
4119	F1	15	10
4063	F1	12	9
1187	HH	10	8

HH= Hereford; F1= cruza entre AA y HH

En el cuadro 5 se puede ver la evolución temporal de la composición genotípica de los nacimientos por año del rodeo expresada en % del total de ese año.

Cuadro 5. Frecuencia de individuos de cada genotipo por año

AÑO	AA	F1	HH	RtAA	RtHH	F2	Cruzas A-H	Cruzas LL	Cruzas BB
1994	13	47	40	0	0	0	0	0	0
1995	22	46	32	0	0	0	0	0	0
1996	24	52	23	0	0	0	0	0	0
1997	20	47	26	3	3	0	0	0	0
1998	25	38	22	3	5	6	0	0	0
1999	14	32	16	16	16	7	0	0	0
2000	19	25	24	10	9	9	5	0	0
2001	10	28	7	20	21	8	5	0	0
2002	6	25	6	21	24	6	12	0	0
2003	6	18	46	12	9	4	6	0	0
2004	13	22	12	16	11	3	22	0	0
2005	22	14	21	15	16	0	13	0	0
2006	26	5	31	12	13	0	12	0	0
2007	24	27	26	11	5	0	7	0	0
2008	20	30	21	20	1	0	8	0	0
2009	17	24	20	8	7	0	1	23	0
2010	36	1	31	6	5	0	0	21	0
2011	23	18	35	17	4	0	3	0	0
2012	50	2	35	4	3	0	5	0	0
2013	33	0	24	16	15	0	1	0	10
2014	9	31	14	14	15	0	5	0	12
2015	33	17	22	9	6	0	4	0	9
2016	24	24	5	7	6	0	21	0	13
2017	26	25	0	10	9	0	21	0	9
2018	23	30	4	11	7	0	21	0	5

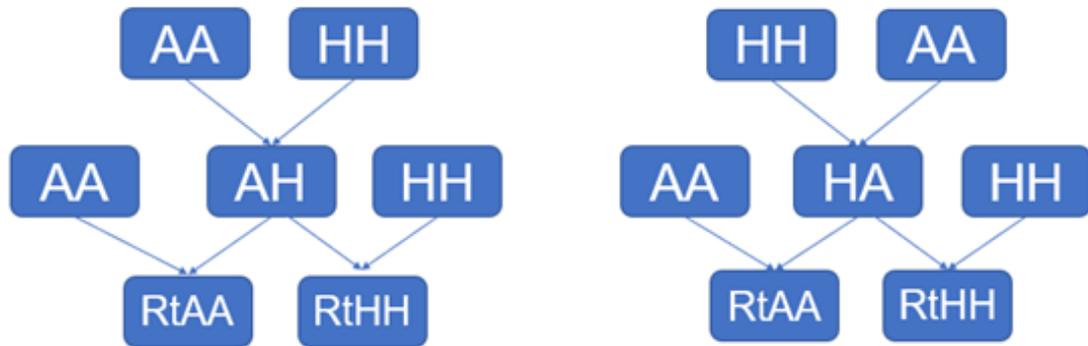
AA= Aberdeen Angus; HH= Hereford; F1= Angus x Hereford; RtAA= retrocruza Angus; RtHH= retrocruza Hereford; F2= F1 x F1; cruza A-H= cruza Angus x Hereford; cruza LL= cruza Limousin; cruza BB= cruza Bonsmara.

El experimento dialélico comenzó en 1994 con un rodeo de 17 hembras Angus (AA) y 45 hembras Hereford (HH). Como resultado de apareamientos con toros Angus y Hereford nacieron 26 terneras y 36 terneros. La parición fue 14% terneros AA, 50% terneros F1 (AH, HA) y 36% terneros HH. En 1995 la tendencia fue similar donde de los 129 terneros nacidos fueron 22% AA, 46%

F1, 32% HH. Lo mismo sucedió en 1996 que parieron 115 vacas, y su descendencia fue 24% AA, 52% F1, 23% HH.

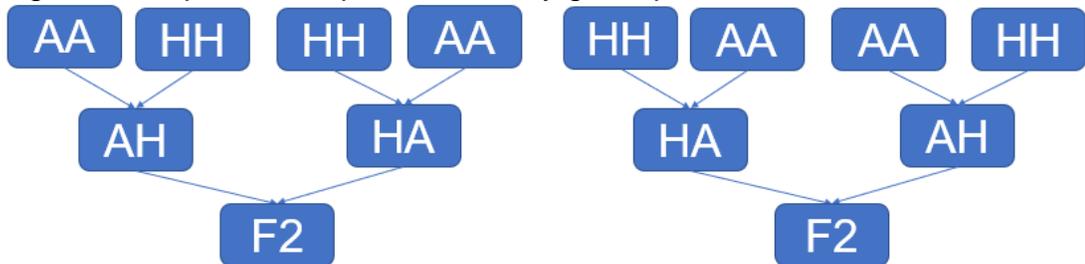
En el año 1997, donde terneras cruzas ya empezaron a ser parte de la reposición empiezan a aparecer retrocruzas (RtAA, RtHH) en los registros. Dicho año las pariciones fueron 117 terneros de los cuales 20% AA, 47% F1 y 26% HH. En la figura 2 se presenta la evolución de los genotipos obtenidos a lo largo de los años como producto de los diferentes apareamientos realizados entre las razas Hereford y Angus.

Figura 2. Esquema de apareamientos y genotipos obtenidos en el año 1997



En 1998, aparecen los primeros genotipos F2, resultado del apareamiento F1x F1. En este año hubo 204 partos de los cuales fueron 25% AA, 38% F1, 22% HH, 3% RtAA, 5% RtHH y 6% F2. En 1999 hubo 95 partos, 14% AA, 32% F1, 16% HH, 16% RtAA, 16% RtHH y 7% F2. En la figura 3 se representa la evolución de los genotipos con diferentes apareamientos.

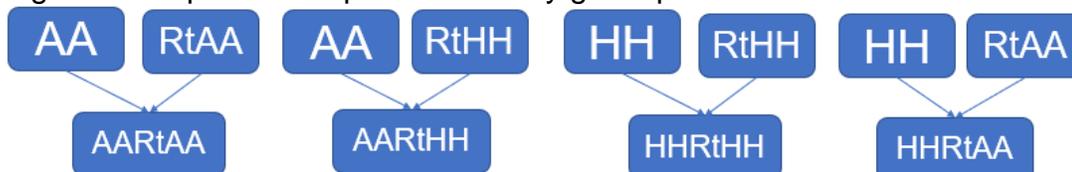
Figura 3. Esquema de apareamientos y genotipos obtenidos en el año 1998



En el 2000 aparecen genotipos nuevos, resultado del apareamiento con animales de distintas cruzas nacidos en años anteriores como por ejemplo AARtHH, HHRtAA, AARtAA, HHRtHH y más combinaciones que serán agrupadas dentro de la categoría cruza A-H.

En este año los animales nacidos fueron 19% AA, 25% F1, 24% HH, 10% RtAA, 19% RtHH 9% F2 y .5% cruza A-H. En la figura 4 se presenta la evolución de los genotipos con diferentes apareamientos.

Figura 4. Esquema de apareamientos y genotipos obtenidos en el año 2000



En el año 2001 se registraron 184 nacimientos de los cuales 10% fueron AA, 28% F1, 7% HH, 20% RtAA, 21% RtHH, 8% F2 y 5% cruza A-H.

En 2002 nacieron 197 terneros, 6% AA, 25% F1, 6% HH, 21% RtAA, 24% RtHH ,6% F2 y 12% cruza A-H.

103 vacas parieron en 2003 cuya descendencia fue 6% AA, 18% F1, 46% HH, 12% RtAA, 9% RtHH ,4% F2 y 6% cruza A-H.

En el año 2004 hubo 212 nacimientos; 13% AA, 22% F1, 12% HH, 16% RtAA, 11% RtHH, 3% F2 y 22% cruza A-H. Este fue el último año que se registraron genotipos F2.

En 2005 la descendencia fue 22% AA, 14% F1, 21% HH, 15% RtAA, 16% RtHH y 13% cruza A-H de los 192 terneros registrados.

2006 se caracterizó por tener 209 terneros registrados, 26% AA, 5% F1, 31% HH, 12% RtAA, 13% RtHH y 12% cruza A-H.

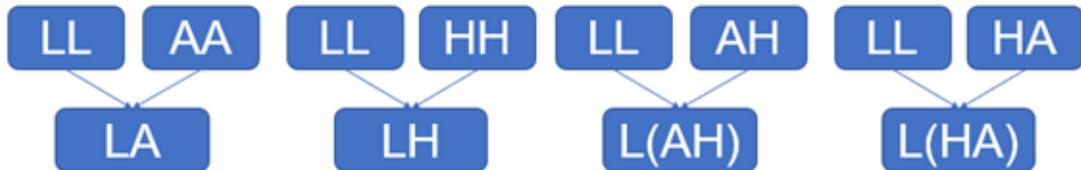
En 2007 se registraron 132 terneros nacidos, 24% AA, 27% F1, 26% HH, 11% RtAA, 5% RtHH y 7% cruza A-H.

En el año 2007 fueron 160 los terneros registrados, 20% AA, 30% F1, 21% HH, 20% RtAA, 1% RtHH y 8% cruza A-H.

En el año 2009 se introduce la raza Limousin (LL) generando genotipos LA, LH, pero principalmente triples cruza L(AH) y L(HA). En este año los terneros nacidos fueron 188, 17% AA, 24% F1, 20% HH, 8% RtAA, 7% RtHH, 1% cruza A-H y 23% cruza Limousin.

En 2010 se volvieron a usar toros LL, donde se registraron 116 nacimientos, 36% AA, 1% F1, 31% HH, 6% RtAA, 5% RtHH y 21% cruza Limousin. En la figura 5 se representa la evolución de los genotipos con diferentes apareamientos.

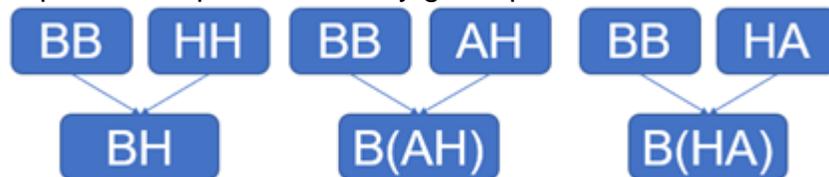
Figura 5. Esquema de apareamientos y genotipos obtenidos en el año 2010



En 2011, se deja de utilizar la raza LL, donde de los 159 partos, 23% fueron AA, 18% F1, 35% HH, 17% RtAA, 4% RtHH y 3% cruza A-H. En 2012 parieron 179 vacas, 50% terneros AA, 2% F1, 35% HH, 4% RtAA, 3% RtHH, 5% cruza A-H.

En 2013 se utilizaron toros Bonsmara (BB) con la misma finalidad que se utilizó la raza LL en 2009 y 2010. Este año los terneros nacidos fueron 33% AA, 24 %HH, 16% RtAA, 15% RtHH, 5% cruza A-H, 12% cruza Bonsmara de los 144 totales nacidos. En la figura 6 se representa la evolución de los genotipos con diferentes apareamientos.

Figura 6. Esquema de apareamientos y genotipos obtenidos en el año 2013



En 2014 nacieron 191 terneros; 9% AA, 31%HH, 14% RtAA, 14% RtHH, 15% cruza A-H, 12% cruza Bonsmara.

En 2015 fueron 93 los nacimientos registrados, 33% AA, 17%F1, 22%HH, 9% RtAA, 6% RtHH, 4% cruza A-H, 9% cruza Bonsmara.

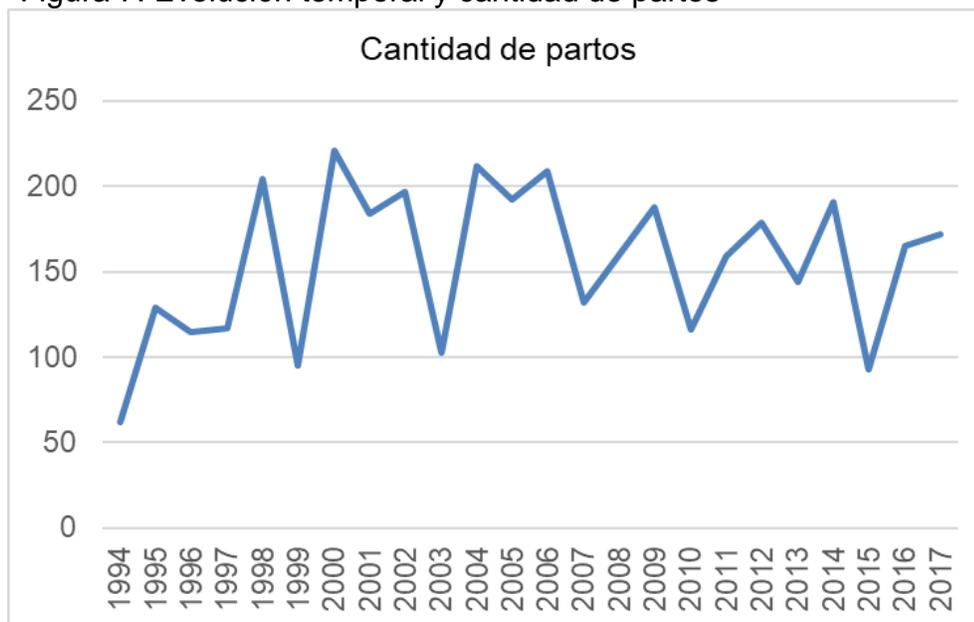
En el año 2016 se registraron 165 partos; % AA, % F1, %HH, % RtAA, % RtHH, % cruza A-H, % cruza Bonsmara.

En 2017 nacieron 172 terneros, 26% AA, 25% F1, 10 % RtAA, 9% RtHH, 21% cruza A-H, 9% cruza Bonsmara y por último en 2018 se

registraron 198 nacimientos, 23% AA, 30% F1, 4%HH, 11% RtAA, 7% RtHH, 21% cruza A-H, 5% cruza Bonsmara.

En la figura 7 se puede observar que el número de partos por año no es estable, o en su consecuencia, que los registros no son consistentes. El rango va entre 221 terneros en un año como máximo, y como mínimo 62 el año base. El promedio por año fue de 158 terneros nacidos.

Figura 7. Evolución temporal y cantidad de partos



En el programa Pedigree Viewer se constató que hay 66 animales AA repetidos y 7 animales que aparecen como macho y hembra. Por su parte, en la raza Hereford se encuentran 31 animales repetidos y no hay animales que aparecen como macho y hembra.

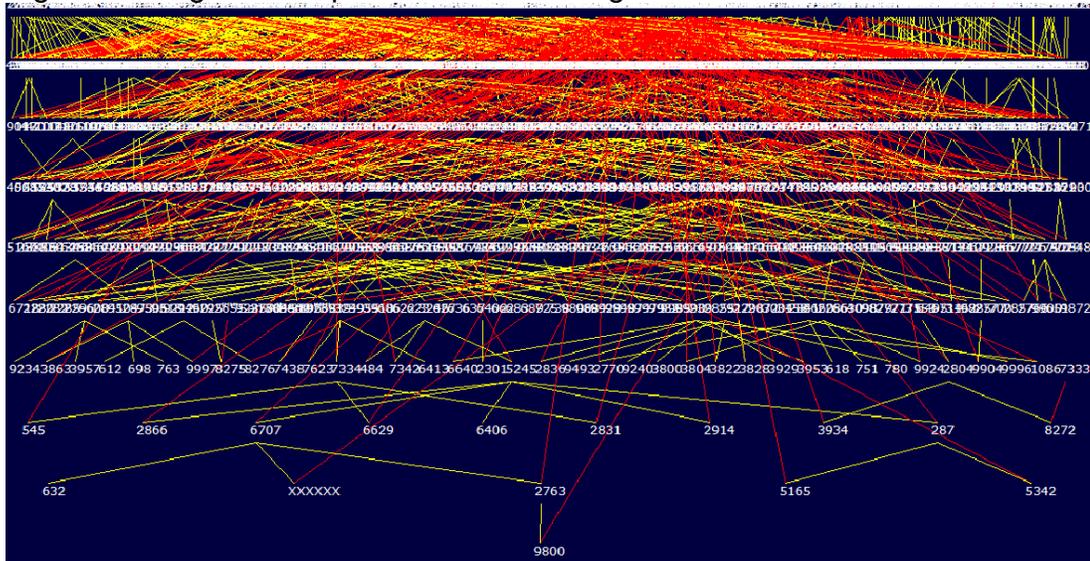
Sobre los animales repetidos, es importante aclarar que muchas veces moría un animal y se volvía a usar la caravana, lo que cambió fue desde 2006 con la identificación única.

El coeficiente de consanguinidad en la población AA fue de 0.00061, donde solo 7 individuos de 1238 presentaban coeficiente de consanguinidad mayor a 0. Los animales con mayor coeficiente tuvieron 0,125. Para la raza HH el coeficiente de consanguinidad se estimó en 0.018, aproximadamente 30 veces más grande que el del rodeo AA. En gran parte se explica por los 57 individuos de un total de 872 con coeficiente mayor a 0. Por otro lado, los que

presentan coeficiente mayor a 0 presentan un máximo de 0,375 y un mínimo de 0,25 lo que explicaría el aumento en el coeficiente poblacional.

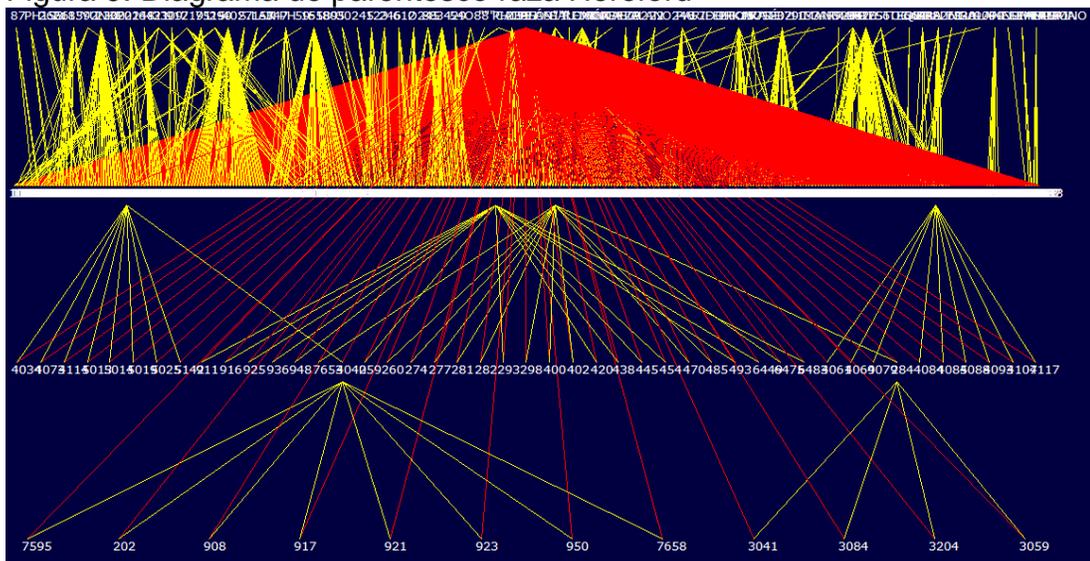
A continuación, en la figura 8 se presenta el diagrama de parentesco de la raza Angus

Figura 8. Diagrama de parentesco raza Angus



A continuación, en la figura 9, se presenta el diagrama de parentesco de la raza Hereford.

Figura 9. Diagrama de parentesco raza Hereford



## 5. CONCLUSIONES

A modo de resumen, se logró el objetivo principal que consistió en crear el archivo de registros genealógicos de pedigree del rodeo de la Estación Experimental Bernardo Rosengurtt (EEBR) para las razas Angus, Hereford y sus cruza, y en años particulares el uso de razas terminales como Limousin y Bonsmara. Además, se describió el mismo en términos de número de animales, razas, padres y madres generados. También se logró estudiar valores de interés comercial en el rodeo como el coeficiente de consanguinidad.

En la creación del archivo se encontraron varias inconsistencias de diferente tipo en los datos. La mayor inconsistencia, teniendo en cuenta la frecuencia de esta, fue la repetición de RP. Esto es consecuencia de la compra de animales fuera del establecimiento, que no se renumeraron, quedando con la misma numeración más de un animal diferente. Se encontró que se usaban RP de animales muertos en animales que entraban al sistema. Otro factor que influyó fue la inclusión de la trazabilidad en 2006, en el que el SNIG define el número de identidad del animal, lo que generó que la EEBR abandonara la utilización de RP en sustitución de este otro tipo de numeración.

Luego, se observaron animales registrados como machos o hembra con similar identificación, y viceversa. Este problema surge a la hora de registrar, ya sea a campo, o en el pasaje al registro electrónico. A este problema se le acumula la falta de control posterior a campo. Otro error en los registros fue la aparición de toros padres que fueron registrados con razas distintas.

También se encontró datos que llamaban la atención productivamente, como por ejemplo vacas que pasaban 10 años sin tener cría. Esto puede ser, ya sea una falta de registro, o un error en la numeración. Se puede atribuir a la enumeración ya que en distintas ocasiones el genotipo aparecía diferente.

Como aspecto positivo, no se detectan problemas de endogamia, una vez que existen muy pocos animales con mínimo grado de consanguinidad. Esto se explica en gran parte por el uso de cruzamientos, y la utilización de nuevas líneas de toros padres. No obstante, la falta de datos en varias ocasiones puede enmascarar algunos casos, pudiendo ocultar más casos de consanguinidad no identificados.

Por último, se detectó una falta de rumbo en cuanto al programa genético utilizado en la EEBR. La inclusión de razas como Limousin o Bonsmara en 2008 y 2013 respectivamente hace parecer que no se buscó una estrategia clara de continuidad en el sistema de cruzamientos de la Estación

Experimental. Se debería buscar balancear el rodeo base en cuanto a los genotipos, y definir una estrategia clara para organizar el tipo de cruzamiento a realizar.

Se recomienda realizar un sistema de registros claros, utilizando la tecnología como herramienta principal. Para cumplir con este objetivo se debería definir un sistema de registros, el cual sea simple para evitar inconsistencias nuevamente.

A campo se recomienda un sistema rotacional de dos razas, el cual es fácilmente alternable con un sistema de triple cruza en el caso de disponer de toros Limousin o Bonsmara, ya que los rodeos base serán F1 en ambos casos (AH y HA). Para lograr esto, se debería estabilizar el rodeo de hembras madres. Este sistema logrará facilidad en el manejo, ya que los cruzamientos estarán predeterminados, y no al azar como parece que se viene haciendo.

El vigor híbrido actúa mayormente en factores de baja heredabilidad como lo es los factores reproductivos y de fertilidad. En Uruguay la tasa de destete ronda el 63%, valor muy bajo teniendo en cuenta un 95% potencial de preñez. Los cruzamientos aparecen como una buena opción para mejorar dichos valores. En Uruguay, se ha comprobado menor incidencia de pérdidas desde el parto hasta el momento del destete y mayores porcentajes de preñez (Medina et al. 2010, Espasandin et al. 2012).

## 6. RESUMEN

La cría vacuna es de suma importancia para Uruguay. A lo largo de los años estos sistemas de producción han empezado a registrar de forma de tener mayor control y tomar mejores decisiones. Se han visto muchos beneficios que registrar trae como consecuencia. Tal es así que surgió en 2006 el SNIG en el cual es obligatorio tener registro individual de los animales. En adición a este, y de carácter no obligatorio surgen el de la ARU, SCAAU, SCHU. A su vez cada productor puede llevar su registro propio de identificación animal para facilitar el manejo. Ese fue el foco de estudio de esta investigación. En el mismo se ordenó y se estudió los registros genealógicos además de describir el archivo de pedigree histórico y estimar el grado de consanguinidad en las poblaciones Angus y Hereford. Se utilizó en programa estadístico SAS (V9.2) y el Pedigree Viewer. Luego se presentaron los resultados donde se cuantificó la frecuencia de cada genotipo en el rodeo y se presentó la evolución histórica de los mismos. Por último, se estimó el coeficiente de consanguinidad de los rodeos Hereford y Angus, y se esquematizó en un diagrama de parentesco. Se concluyó que el rodeo no presentaba problemas de endogamia, pero podría ser por falta de registros. A campo, se propuso estabilizar los rodeos puros para lograr los objetivos de los cruzamientos pudiendo hacer una buena planificación.

Palabras clave: Registro genealógico; Consanguinidad; Parentesco; Cruzamiento.

## 7. SUMMARY

Cow-calf operations are important for Uruguay. Over the years these production systems have begun to register to have more control and make better decisions. There have been many benefits that registering brings as a consequence like SNIG (National Livestock Information System) which is obligatory to have an individual identification of each animal. In addition to this, the ARU (Rural Society of Uruguay), SCAAU (Uruguayan Angus Breeders Society), SCHU (Uruguayan Hereford Breeders Society) begins a non-obligatory nature ID system. Also, each cattle breeder can use its own animal identification system in order to improve its management. That was the focus of study of this research. In it, the genealogical records were ordered and studied in addition to describing the historical pedigree file and estimating the degree of consanguinity in the Angus and Hereford populations. The statistical program SAS (V9.2) and the Pedigree Viewer were used. Then the results were presented where the frequency of each genotype in the herd was quantified and their historical evolution was presented. Finally, the inbreeding coefficient of the Hereford and Angus herds was estimated, and it was outlined in a relationship diagram. It was concluded that the herd did not present inbreeding problems but it could be due to lack of records. It was proposed to stabilize the pure herds to achieve the objectives of the mating, being able to do good planning.

Key words: Genealogical registration; Inbreeding; Relationship; Mating.

## 8. BIBLIOGRAFÍA

1. Arroyo, G. 2019. Ganado criollo ingresó al libro de registros genealógicos. Revista de la Asociación Rural del Uruguay. Sección Ganadería. no. 213:24-26.
2. Diario El Observador. 2013. Sobre DICOSE. El Observador, Montevideo, UY, nov. 13:s.p.
3. Dickerson, G. E. 1969. Experimental approaches in utilizing breed resources. Animal Breeding Abstracts. 37:191-202.
4. \_\_\_\_\_. 1973. Inbreeding and heterosis in animals. In: Animal Breeding and Genetics Symposium in Honor of Dr. J. L. Lush (1973, Washington, D. C.). Proceedings. Champaign, IL, American Society of Animal Science. pp. 54-77.
5. Espasandín, A. C.; Do Carmo, M.; López, C.; Cal, V.; Cáceres, O.; Bentancur, D.; Carriquiry, M.; Soca, P. 2012. Modificaciones en la oferta de forraje natural y del grupo genético en busca de la eficiencia en la cría vacuna. In: Espasandín, A. C.; Soca, P.; Carriquiry, M. eds. Efecto de la oferta de forraje y grupo genético de las vacas sobre la productividad y sostenibilidad de la cría vacuna en campo natural. Montevideo, INIA. pp. 55 - 64 (FPTA no. 48).
6. Falconer, D. S. 1981. Introducción a la genética cuantitativa. 2ª.ed. Nueva York, Longman. 430 p.
7. Florio, J. 2005. Consanguinidad en la ganadería bovina. In: González-Stagnaro, C.; Soto Belloso, E. eds. Manual de ganadería doble propósito. Buenos Aires, Fundación GIRARZ. pp. 129-134.
8. Guest, B. 2008. Consanguinidad en bovinos. (en línea). Revista Angus. 241:54-55. Consultado 25 abr. 2020. Disponible en [http://www.produccionanimal.com.ar/genetica\\_seleccion\\_cruzamientos/bovinos\\_en\\_general/06-consanguinidad.pdf](http://www.produccionanimal.com.ar/genetica_seleccion_cruzamientos/bovinos_en_general/06-consanguinidad.pdf)
9. Harder, B.; Bennewitz, J.; Reinsch, N.; Mayer, M.; Kalm, E. 2005. Effect of missing sire information on genetic evaluation. Archiv Tierzucht. 48(1-3):219-232.

10. INIA (Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria, UY). 2020. Evaluaciones genéticas bovinas. (en línea). Montevideo. s.p. Consultado 8 nov. 2020. Disponible en [https://www.geneticabovina.com.uy/eval\\_raza.php?da&cook=2&id=1678761D&r=2](https://www.geneticabovina.com.uy/eval_raza.php?da&cook=2&id=1678761D&r=2)
11. Israel, C.; Weller, J. I. 2000. Effect of misidentification on genetic gain and estimation of breeding value in dairy cattle populations. *Journal of Dairy Science*. 83:181-187.
12. Kinghorn, B.; Kinghorn, S. 2010. Pedigree Viewer versión 6.4d. (en línea). s.n.t. s.p. Consultado 8 nov. 2020. Disponible en <http://www.personal.une.edu.au/~bkinghor/>
13. Lema, M.; Ravagnolo, O. 2008. Reporte total del rodeo: una nueva etapa de las evaluaciones genéticas de bovinos para carne. In: Seminario de Actualización Técnica: cría Vacuna (2008, Treinta y Tres). Trabajos presentados. Montevideo, INIA. pp. 40-46 (Serie Técnica no. 174).
14. \_\_\_\_\_.; \_\_\_\_\_.; Montossi, F. 2012. Tecnologías de la información al servicio de la mejora genética animal: INIA desarrolló software SRGen para la cabaña nacional. *Revista INIA*. no. 31:14-19.
15. MGAP. DIEA (Ministerio de Ganadería, Agricultura y Pesca. Dirección de Investigaciones Estadísticas Agropecuarias, UY). 2019. Anuario estadístico agropecuario 2019. Montevideo. 256 p.
16. \_\_\_\_\_. SNIG (Ministerio de Ganadería, Agricultura y Pesca. Sistema Nacional de Información Ganadera, UY). 2004. Conceptos fundamentales de trazabilidad individual (en línea). Montevideo. s.p. Consultado 13 abr. 2020. Disponible en: <https://www.snig.gub.uy/principal/snig-principal-normativa-instructivosprueba02/~12766/conceptos-fundamentales-de-trazabilidad>
17. \_\_\_\_\_. \_\_\_\_\_. 2008. Identificación y registro de animales. (en línea). Montevideo. s.p. Consultado 13 abr. 2020. Disponible en <https://www.snig.gub.uy/>
18. Medina, W.; Ríos, I.; Rubial, L. 2010. Evolución de indicadores y pérdidas reproductivas en los rodeos de cría de las Estaciones

Experimentales EEMAC y EEER de la Facultad de Agronomía.  
Tesis Ing. Agr. Montevideo, Uruguay. Universidad de la República.  
Facultad de Agronomía. 82 p.

19. Pereyra, F.; Urioste, J. I.; Gimeno, D., Peñagaricano, F.; Bentancur, D.; Espasandin, A. 2015. Parámetros genéticos en la etapa de cría para el cruzamiento entre Hereford y Angus en campo natural. *Agrociencia (Uruguay)*. 19 (1):140-149.
20. Piñeira, J.; Tapia, M.; Gebauer, F. 2019. Construcción y uso de registros genealógicos y productivos en bovinos y ovinos de carne. (en línea). Montevideo, s.e. pp. 3-15. Consultado 8 nov. 2020. Disponible en <http://biblioteca.inia.cl/medios/biblioteca/boletines/NR41763.pdf>
21. Ravagnolo, O.; Lema, M.; Urioste, J. I.; Pravia, M. I.; Aguilar, I.; Calistro, A. 2013. Evaluaciones genéticas bovinas (en línea). Montevideo, Uruguay, INIA. s.p. Consultado 25 nov. 2020. Disponible en <http://www.geneticabovina.com.uy/>
22. SCAAU (Sociedad de Criadores Angus del Uruguay, UY). 2018. Evaluaciones genéticas: 30 años de trabajo y crecimiento. *Anuario 2018*:17-18.
23. \_\_\_\_\_. 2020a. El Angus en el Uruguay. (en línea). Montevideo. s.p. Consultado 14 abr. 2020. Disponible en <https://angusuruguay.com/la-raza>
24. \_\_\_\_\_. 2020b. Reglamentos de los diferentes tatuajes de la raza. (en línea). Montevideo. s.p. Consultado 14 abr. 2020. Disponible en <https://angusuruguay.com/la-raza>
25. SCHU (Sociedad de Criadores Hereford del Uruguay, UY). 2020a. Identificación de los animales. (en línea). Montevideo. s.p. Consultado 14 abr. 2020. Disponible en <https://www.hereford.org.uy/genetica>
26. \_\_\_\_\_. 2020b. ¿Qué es un animal puro registrado? (en línea). Montevideo. s.p. Consultado 14 abr. 2020. Disponible en <https://www.hereford.org.uy/genetica>

27. Urioste, J. I. 2008. Selección y reproducción en bovinos de carne. In: Seminario de Actualización Técnica: cría Vacuna (2008, Treinta y Tres). Trabajos presentados. Montevideo, INIA. pp. 11-24 (Serie Técnica no. 174).
28. Wright, S. 1922. Mendelian analysis of the pure breeds of livestock. I. The measurements of inbreeding and relationship. Journal of Heredity. 14:339-348.
29. Zerbino, P. 2015. ¿Cuál es el objetivo del cabañero? (en línea). In: Seminario de Mejoramiento Genético en Ganadería de Carne. (2015, Tacuarembó, ARU). Presentaciones. Montevideo, INIA. 6 diapositivas. Consultado 16 abr. 2020. Disponible en <http://www.inia.uy/Documentos/P%C3%BAblicos/INIA%20Tacuaremb%C3%B3/2015/seminario%20mejoramiento%20genetico/ARU%20-%20Transferencia%20de%20mejora%20genetica.pdf>