

ENFOQUES EN LA CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DE LOS BOVINOS CRIOLLOS DEL URUGUAY. ANALISIS DE VARIABILIDAD Y VIABILIDAD POBLACIONAL

Postiglioni, A.¹, Armstrong, E.

RESUMEN

La reserva genética de bovinos Criollos del Uruguay está ubicada en el Parque Nacional de San Miguel (33°40'S y 53°38'W). Cuenta hoy con 575 animales adaptados a un medio agreste de serranías, montes indígenas y vegetación autóctona. Introducidos al país por dos corrientes, desde la Península Ibérica y las misiones jesuíticas del Alto Uruguay, datan del siglo XVII. La población fundacional creció sin selección artificial convirtiéndose en semi-salvaje antes de la introducción de razas comerciales en el siglo XIX. En la década del 40 y con 35 animales, se crea la población de bovinos Criollos en el Parque San Miguel. Su caracterización genética se diseña con marcadores fenotípicos, cromosómicos y moleculares. La coloración de su capa expresa mayor incidencia de castaño y sus variaciones, seguido del blanco y el negro. Pigmentación en la mucosa, conformación corporal longilínea y angulosa, y cuernos en forma de lira caracterizan estos animales. Se observa un 3.7% de un pelaje similar al blanco orejinegro (BN), pero con piel blanca. Los análisis citogenéticos identifican portadores del marcador polimórfico *rob1;29* (4%). Se analiza la distribución de frecuencias alélicas de genes mayores con interés productivo (κ , β , $\alpha S1$ -caseína, β -lactoglobulina, α -lactalbumina y *DGAT1*), 22 variantes alélicas del gen *DRB3* del *BoLa*, marcadores con distribución arbitraria (RAPDs), 18 microsatélites recomendados por la ISAG/FAO, demostrándose una alta diversidad genética ($H_e > 0.50$) y un bajo índice de endogamia ($F < 0.05$). Se realiza un análisis de viabilidad poblacional con el programa VORTEX v.8.31, obteniéndose baja probabilidad de extinción, en relación a la diversidad genética y estructura demográfica. Se muestra un gran potencial de crecimiento poblacional, teniendo como variable la mortalidad de terneros. Se plantean opciones de manejo y la creación de meta poblaciones, conectadas por flujo génico.

PALABRAS CLAVE: genética, bovinos Criollos, Uruguay.

SUMMARY

GENETIC APPROACH TO THE CHARACTERIZATION OF THE URUGUAYAN CREOLE CATTLE. VARIABILITY AND VIABILITY ANALYSIS

The Uruguayan Creole cattle genetic reserve is located in San Miguel National Park (33°40'S y 53°38'W). It consists of 575 animals adapted to a natural environment of ridges, woods and native vegetation. They were introduced in the country from the Iberian Peninsula and the Jesuitic Missions of Alto Uruguay in the XVII century. The founder population developed without artificial selection and turned semi-wild before the introduction of commercial cattle breeds in the XIX century. In the decade of 1940 the Creole cattle reserve was created with 35 animals. Its genetic characterization has been accomplished through phenotypic, chromosomal and molecular markers. Coat color is mainly chestnut brown and its variants, followed by white and black. These animals have pigmented muzzles and eyelids, longiligneous and angular body conformation and lyra-shaped horns. A 3.7% of the animals present a coat color similar to the Colombian Creole Blanco Orejinegro cattle, but with white skin. The cytogenetic analysis have identified carriers of the polymorphic marker *rob1;29* (4%). Major genes of economic interest were analyzed (κ , β , $\alpha S1$ -casein, β -lactoglobulin, α -lactalbumin and *DGAT1*), 22 allelic variants of the *BoLa DRB3* gene, randomly distributed markers (RAPDs) and 18 microsatellites recommended by ISAG/FAO, showing a high genetic diversity ($H_e > 0.50$) and a low inbreeding coefficient ($F < 0.05$). A population viability analysis was carried out using VORTEX v.8.31 software, showing a low probability of extinction in relation to its genetic diversity and demographic structure. A high growth potential was demonstrated, being the most important variable the mortality of calves. Different management options are suggested, like the creation of meta populations connected by gene flow.

KEY WORDS: genetics, Uruguayan Creole cattle.

¹Facultad de Veterinaria. Avda. A. Lasplaces 1550. Montevideo, Uruguay.

INTRODUCCIÓN

Los bovinos Criollos Americanos descienden directamente del ganado traído por Cristóbal Colón en su segundo viaje a las Américas en 1493. En su tercer viaje y en la Real Cédula de los Reyes Católicos (1497) se documenta el embarque de “*yuntas de vacas coloradas e yeguas e asnos con que se puede labrar*”. Su origen es la llamada “*Puerta de América*” la zona andaluza que rodea Sevilla, donde se encontraban las razas ibéricas que hoy conocemos como Retinta, Berrenda, Salinera y Negra Andaluza. Estos primeros animales fueron desembarcados en la isla caribeña conocida como La Española, hoy República Dominicana y Haití (Primo, 1992). En el siglo XVI, durante la fase de colonización, el ganado Criollo permitió la expansión de la civilización occidental por América, siendo una fuente alimenticia de primer nivel (1992; Primo, 1992). En el siglo XVII, con Hernando Arias de Saavedra se introducen en el Uruguay los primeros bovinos desde la Península Ibérica. Más tarde se internan desde las misiones jesuíticas del Alto Uruguay, estableciéndose con ambas corrientes el stock fundacional de bovinos Criollos del Uruguay (Wilkins *et al.*, 1989; Primo, 1992). En la década de 1830, en su paso por el Río de la Plata y la Banda Oriental, Charles Darwin hace mención a la sorprendente cantidad de ganado silvestre que se encontraba en la región, a su alta variabilidad de pelaje y a la relación de éstos con características productivas. En su libro titulado “*De la Variation des Animaux et Des plantes sous L'action de la domestication*” (1920 ; *Chapitre XX, XXII*; pág. 199, 223) y en referencia a la “Banda oriental”, se detiene a observar el pelaje blanco orejinegro similar al encontrado en Colombia y que actualmente se presenta con una frecuencia de 3.7% en la reserva genética (De Alba, comunicación personal, 2004, Postiglioni *et al.*, 2005). Debido al proceso de la selección natural que operó durante más de 400 años se considera a estos animales como naturalizados. Si bien es posible que hayan ocurrido eventos de introgresión genética de razas bovinas comerciales traídas al país a fines del siglo XIX, se asume que la población se ha mantenido en aislamiento reproductivo, ya que posee determinadas características que la diferencian de las razas comerciales existentes en el país y la asemejan al resto de las razas criollas latinoamericanas y a ciertas razas ibéricas, especialmente las andaluzas (Postiglioni *et al.*, 1998; Rodríguez *et al.*, 2001, Armstrong, 2004).

En 1936 Don Horacio Arredondo, conocido intelectual de la época, creó con apoyo gubernamental el parque de San Miguel, preservando su entorno autóctono. Con un total de 35 criollos puros (2 toros, 25 vacas y 8 terneros),

obtenidos de diferentes lugares del territorio nacional, se constituye el núcleo reproductivo de la hoy reserva genética (Arredondo, 1958; Postiglioni *et al.*, 2002). El Parque Nacional de San Miguel se encuentra en una zona limítrofe con Brasil, junto al arroyo San Miguel (33°40'S y 53°38'W). Presenta grandes extensiones de bañados, praderas naturales, monte indígena y serranías. Los bovinos Criollos habitan hoy en una extensión de 650 hectáreas encontrándose bajo responsabilidad del SE.PA.E. (Servicio de Parques del Ejército). A fines de la década del 90 y bajo el marco de un Convenio actualmente vigente, se inicia el camino hacia su caracterización genética y conservación, estableciéndose diseños basados en marcadores fenotípicos, cromosómicos y moleculares.

MARCADORES FENOTÍPICOS

Se realizó un análisis biométrico utilizando 8 características morfológicas y 6 índices zoométricos, bases para la caracterización racial en animales domésticos (Rodríguez *et al.*, 2001; Fernández *et al.*, 2001). Los resultados confirman uniformidad morfológica en la muestra, lo que apoya su concepción como raza. Su conformación general es la de un animal longilíneo, anguloso y descarnado, que no responde a un biotipo carnicero o lechero claro. Según las medidas tomadas, el Criollo presenta una pelvis más ancha que las razas comerciales, lo que podría tener relación con la ausencia de partos distócicos. El bovino Criollo presenta un marcado dimorfismo sexual, siendo los machos más grandes que las hembras. La variabilidad en la coloración de la capa se generó con tres pigmentos básicos -blanco, negro y castaño- observándose un 53,5% con pigmento castaño, 38,6% blanco y 7,9% negro, mientras la pigmentación oscura de mucosas y pezuñas resultó uniforme haciéndolo más resistente al efecto negativo de las radiaciones solares (Rodríguez *et al.*, 2001). En la actual reserva genética se identifica un tipo de pelaje blanco que recuerda al blanco orejinegro de Colombia, con pigmentación negra en el hocico, orejas, cuello, patas delanteras y traseras. La diferencia radica en que el 67% de estos animales presenta piel blanca (Postiglioni *et al.*, 2005).

El 100% de la muestra presentó cuernos en forma de lira, típica de algunas razas españolas, como el Toro de Lidia, y de los Criollos americanos. En conclusión, se puede decir que la población muestra una amplia variabilidad en la coloración del pelaje, presentando todas las pigmentaciones de capas existentes en el *Bos taurus*, pero con una gran uniformidad en la pigmentación de mucosas y pezuñas y en la forma de los cuernos (Fernández *et al.*, 2001).

MARCADORES CROMOSÓMICOS

De los estudios de monitoreo citogenético realizados en la reserva se identifica la translocación Robertsoniana (rob1;29), en condición heterocigota, con una frecuencia de 4% (Postiglioni *et al.*, 1996). Este rearrreglo cromosómico se ha descrito en razas ibéricas (Arruga & Zarazaga, 1987) y en otras poblaciones de ganado Criollo (Muñoz *et al.*, 1994; De Luca *et al.*, 2002; Schifferli *et al.*, 2003) cuyos portadores habitualmente se refugan en poblaciones comerciales por presentar sub-fertilidad (Kastelic & Mapletoft, 2003). Se ha demostrado pérdida de ADN a_1 , siendo un mecanismo de aislamiento reproductivo que actúa dentro de la familia Bovidae como un proceso de especiación cromosómica (Chaves *et al.*, 2000; Postiglioni *et al.*, 2004). La presencia de un cromosoma BTAY bibraquiado, típico de la especie *Bos taurus*, excluye la introgresión de *Bos indicus* en la reserva, caracterizándose éste por un cromosoma Y acrocéntrico (Postiglioni *et al.*, 2002).

MARCADORES MOLECULARES

Para la caracterización genética molecular de la reserva se seleccionaron diferentes marcadores (Tipo I, II, RAPDs) cuyos resultados se complementan. Estos permiten analizar parámetros intra e interpopulacionales, proporcionando un alto nivel de resolución en el análisis de poblaciones animales. Se realizaron análisis moleculares con las siguientes secuencias génicas: k -caseína (k -CN), β -lactoglobulina (β -LG), αS_1 -caseína (αS_1 -CN), α -lactoalbúmina (α -LA) y el gen diacilglicerol acetil-transferasa (DGAT1) (Postiglioni *et al.*, 2002, Rincón *et al.*, en revisión). Para el análisis de diversidad y estructura interna de la reserva se analizaron marcadores moleculares con alto grado de polimorfismo.

Los más utilizados y recomendados por la FAO son los microsatélites, siendo neutros para la selección natural. Se proyecta la evaluación del ADN heredado por vía materna (región del D-loop del genoma mitocondrial) y por línea paterna (marcadores del cromosoma Y) con la finalidad de acceder a patrones demográficos históricos

Tipo I (Genes mayores, conservados, de interés productivo)

Para el estudio de las proteínas se analizó una muestra de 82 individuos mediante la técnica de PCR-RFLP y TETRA-ARMS/PCR, determinándose que la población se encuentra en equilibrio Hardy-Weinberg para los loci estudiados. Presenta una heterocigosidad esperada alta ($H_e = 0,50$) y un índice de endogamia bajo ($F = 0,02$), indicadores de baja o nula selección direccional. En el Cuadro 1 se observan las frecuencias alélicas de estos genes.

Los resultados avalan la hipótesis de que la población de bovinos Criollos de nuestro país se ha mantenido aislada desde que fue fundada, hace unos 65 años, reproduciéndose en forma libre y natural. Posee una variabilidad genética elevada, similar a la descrita para razas españolas y para otras poblaciones de bovinos Criollos americanos. La alta diversidad indica también la ausencia de selección artificial. El hecho de que se encuentre en equilibrio Hardy-Weinberg para la mayoría de los marcadores analizados denota estabilidad poblacional. La marcada uniformidad observada en ciertos caracteres fenotípicos junto con la presencia de patrones genómicos propios de la población apoyaría su designación como raza. Cabe destacar que no se han detectado marcadores de razas cebuinas, por lo que conservaría una mayor similitud con las razas ibéricas

Cuadro 1. Marcadores Tipo I. Frecuencias alélicas y comprobación estadística del equilibrio Hardy-Weinberg ($p > 0.05$) para genes de las proteínas de la leche (k -caseína, β -lactoglobulina, αS_1 -caseína, α -lactoalbúmina) y el gen DGAT1.

	κ -CN	β -LG	αS_1 -CN	α -LA	DGAT1	
Alelo A	0.5000	0.4938	-	0.2927	Alelo A	0.8864
Alelo B	0.5000	0.5062	0.8654	0.7073	Alelo K	0.1136
Alelo C	-	-	0.1346	-		
χ^2	0.0680	0.0280	0.5300	0.2020		0.6443
p	0.7934	0.8650	0.4664	0.6531		0.4221

que le dieron origen (Postiglioni *et al.*, 1998; Postiglioni *et al.*, 2002).

En relación a las variantes alélicas del segundo exon del gen DRB3, región polimórfica asociada a la respuesta inmune del BoLa (bovine lymphocyte antigen), se han determinado 22 variantes alélicas, similar a las descritas para las poblaciones argentinas (Giovambatista *et al.*, 2000, Kelly *et al.*, 2003).

Tipo II (Microsatélites)

Se realizó la caracterización de la población y la medida de su diversidad genética utilizando 18 microsatélites como marcadores moleculares. Su selección se realizó siguiendo las directrices de FAO y otros organismos internacionales (Armstrong, 2004; www.fao.org/DAD-IS; www.ri.bbsrc.ac.uk).

Estos VNTRs son regiones repetidas altamente variables del genoma, comportándose como alelos neutros frente a la selección natural. Resultan de interés para analizar su co-segregación con características productivas de alta influencia ambiental, siendo el fin último el aporte de datos necesarios para la conservación de esta reserva genética. Se analizó una muestra de 19 machos en reproducción de un total de 23, 35 vacas y 10 terneros. Los resultados demuestran una alta diversidad genética (heterocigosidad media esperada: $He > 0.50$; índices de contenido de información polimórfica (PIC) elevados) y un bajo índice de endogamia ($F < 0.05$). En el Cuadro 2 se muestran los resultados generales para la muestra de toros, encontrándose los datos restantes en vías de publicación. Esta alta diversidad genética encontrada sustenta próximas experiencias de interés en producción bovina (Armstrong *et al.*, 2005).

Cuadro 2: Diversidad Genética. Heterocigosidad esperada (He), observada (Ho) y esperada no sesgada (Hns), e índice de contenido de información polimórfica (PIC) de la muestra de machos reproductores de la reserva.

MS	n° alelos	He	He _{ns}	Ho	PIC
BM8125	2	0.465	0.478	0.316	0,357
BM1314	4	0.621	0.640	0.647	0,549
BM1818	4	0.615	0.638	0.500	0,585
BM2113	6	0.755	0.776	0.778	0,750
CSSM66	7	0.801	0.825	1.000	0,794
ETH10	3	0.580	0.599	0.563	0,493
ILSTS011	4	0.700	0.737	0.500	0,661
INRA32	3	0.645	0.675	0.727	0,603
INRA37	5	0.685	0.706	0.706	0,642
MM12	3	0.521	0.535	0.526	0,464
CSRM60	5	0.630	0.647	0.632	0,615
HAUT27	5	0.563	0.587	0.417	0,539
HEL13	3	0.288	0.301	0.333	0,266
HEL9	5	0.794	0.815	0.737	0,781
ILSTS006	4	0.630	0.653	0.286	0,623
INRA63	3	0.555	0.572	0.412	0,549
TGLA227	7	0.751	0.771	0.842	0,743
MEDIA	4.294	0.623	0.644	0.584	0.589

IDENTIFICACIÓN DE SECUENCIAS ARBITRARIAS DISTRIBUIDAS AL AZAR (RAPDS)

Estos marcadores moleculares permiten obtener distancias genéticas entre razas basados en la probabilidad de compartir dichas secuencias. Se amplificaron 215 loci con un rango de 300 a 2500 pb. Para analizar el genoma de esta reserva se realizaron comparaciones con las razas comerciales Hereford (tipo carnívor) y Holando (tipo lechero), encontrándose bandas específicas para cada raza. Los resultados de bandas compartidas fueron: a) entre Criollo y Hereford 0,77; b) entre Criollo y Holando 0,78; c) entre Hereford y Holando 0,81, demostrándose que las razas comerciales y la Criolla tienen bandas propias en la distribución de su genoma (Rincón *et al.*, 2000; Postiglioni *et al.*, 2002).

ANÁLISIS DE LA VIABILIDAD POBLACIONAL BASADO EN PARÁMETROS GENÉTICOS Y DEMOGRÁFICOS

Se realiza un análisis de viabilidad poblacional con el programa VORTEX v.8.31, obteniéndose baja probabilidad de extinción en relación a la diversidad genética y estructura demográfica (Lacy, 2003). Se consideró la influencia de factores ambientales que pudiesen afectar el desarrollo, a los efectos de evaluar su riesgo futuro de extinción y posibles opciones de manejo. Debido a la estructura demográfica y diversidad genética que presenta la reserva, la probabilidad de extinción para los próximos 100 años es igual a cero, aún en los escenarios más pesimistas. La tasa de crecimiento poblacional es positiva (Figura 1) y mayormente afectada por la mortalidad de terneros. Se plantean opciones de manejo y la creación de meta poblaciones, conectadas por flujo génico (Armstrong, 2004; Armstrong *et al.*, 2005).

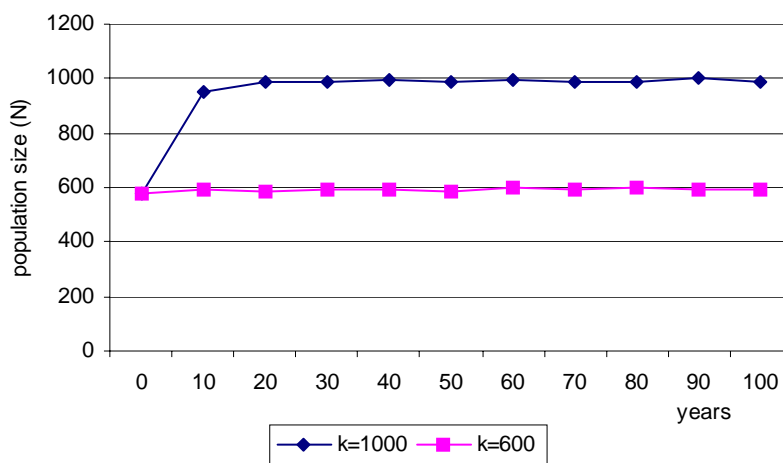


Figura 1: Análisis de la Viabilidad Poblacional. Curva de crecimiento proyectada de la población para los próximos 100 años según diferente capacidad de carga (K) del ambiente, tomando como escenario de partida el actual (tamaño poblacional de 575 animales, 10% tasa de mortalidad de terneros, 15% de machos reproductores y extracción de 50 machos por año).

CONCLUSIONES

Los resultados obtenidos basados en este enfoque genético (marcadores fenotípicos, cromosómicos, moleculares) plantean: a) la designación del Criollo Uruguayo en la categoría de raza; b) establecer sub-poblaciones conectadas por flujo génico; c) evaluar sus características productivas en su ambiente natural; d) evaluar sus características productivas en sub-poblaciones sometidas a selección artificial; e) mantener la reserva con registros genéticos para su conservación “*in situ*” que, de acuerdo a la Convención sobre la Diversidad Biológica se define como “*la conservación de ecosistemas y hábitats naturales y el mantenimiento y recuperación de poblaciones viables de especies en su ambiente natural y, en el caso de especies domesticadas o cultivadas, en el ambiente en el cual desarrollaron sus propiedades distintivas.*” (ONU, 1992).

BIBLIOGRAFÍA

- ARMSTRONG, E. 2004. Análisis de la diversidad genética del bovino Criollo Uruguayo mediante microsatélites. Tesis de Maestría PEDECIBA – UDELAR. Montevideo, Uruguay, pp 201.
- ARMSTRONG, E.; GAGLIARDI, R.; MARTÍNEZ, M.; DI MAURO, M.J.; CÓPPOLA, B. & POSTIGLIONI, A. 2005. Caracterización fenotípica de un tipo de pelaje similar al blanco orejinegro en la reserva de bovinos Criollos del Uruguay. Simposio Recursos Genéticos SIRGEAL.
- ARMSTRONG, E.; POSTIGLIONI, A.; MARTÍNEZ, A.; RINCÓN, G. & VEGA PLA, J.L. 2005. Genetic analysis of a sample of Uruguayan Creole bulls (*Bos taurus*) using microsatellites. Genetics and Molecular Biology (en prensa).
- ARMSTRONG, E.; POSTIGLIONI, A. & GONZÁLEZ, S. 2005. Population Viability Analysis of the Uruguayan Creole Cattle Genetic Reserve. AGRI/FAO (aceptado).
- ARREDONDO, H. 1958. Santa Teresa y San Miguel. La restauración de las fortalezas. La formación de sus parques. Imprenta “El Siglo Ilustrado”, Montevideo.
- ARRUGA, M.V. & ZARAZAGA, I. 1987. La translocación Robertsoniana 1/29 en el ganado vacuno. Su incidencia en las razas vacunas españolas. Genética Ibérica, 39 (1-2): 61-75.
- CHAVES, R.; HESLOP-HARRISON, J.S. & GUEDES-PINTO H. 2000. Centromeric heterochromatin in the cattle rob(1;29) translocation: a -satellite I sequences, in situ MspI digestion patterns, chromomycin staining and C-bands. Chromosome Research. 8:621-626.
- DARWIN, C. 1922. De la Variation Des Animaux et des plantes sous l’action de la domestication. Tome second. Paris Ed. A. Costes.
- DE LUCA, C.; ZUFRIATEGUI, L.; PICCO, S.J.; RIPOLI, M.V.; GIOVAMBATTISTA G. & ROJAS, F.V. & DULOUT, F.N. 2002. Incidente of 1/29 translocation in Bolivian Creole and Brahman Yacumeño cattle. Theriogenology 58, 1273.1281.
- FAO 1999. Documento de Líneas Directrices para la elaboración de planes nacionales de gestión de los recursos genéticos de animales de granja. Medida de la diversidad de los animales domésticos (MoDAD). Marcadores microsatélites recomendados. <http://www.fao.org/dad-is>
- FERNÁNDEZ, G.; RODRÍGUEZ, M.; SILVEIRA, C. & BARBA, C. 2001. Estudio étnico de los bovinos Criollos del Uruguay. II. Análisis de las faneras. Archivos de Zootecnia 50 (189-190):119-124.
- GIOVAMBATTISTA, G.; RIPOLI, M.V.; PERAL-GARCÍA, P. & BOUZAT, J.L. 2001. Indigenous domestic breeds as reservoirs of genetic diversity: the Argentinian Creole cattle. Animal Genetics 32, 240-247.
- KASTELIC, J.K. & MAPLETOFT, R.J. 2003. Causas no infecciosas de muerte embrionaria en ganado bovino. Quinto Simposio Internacional de Reproducción Animal .IRAC.149-159.
- KELLY, L.; NICOLINI, P.; D’ANGELO, M.; NIMO, A.; RINCÓN, G.; PIAGGIO, J. & POSTIGLIONI, A. 2003. Polimorfismo del gen DRB3.2 en bovinos Criollos del Uruguay. Archivos de Zootecnia 52:77-80.
- LACY, R.C. 1993. Population Viability Analysis. In: VORTEX users manual. A stochastic simulation of the extinction process. Edited by Terry Kreeger, Captive Breeding Specialist Group of the IUCN Species Survival Commission.
- MUÑOZ, M.G.; OCANTO, D.; MADRIZ, M.L.; MEDINA, R. & VERA, O. 1994. Incidence of 1/29 translocation in venezuelan Creole Bulls. Theriogenology 41: 379-382 .
- POSTIGLIONI, A.; LLAMBÍ, S.; GAGLIARDI, R. & DE BETHENCOURT, M. 1996. Genetic characterization of uruguayan Creole cattle. I. Cytogenetic Characterization of a sample of Uruguayan Creole cattle. Archivos de Zootecnia. vol.45, N°170-171.209-213.
- POSTIGLIONI, A.; RINCÓN, G.; KELLY, L.; D’ANGELO, M.; GAGLIARDI, R. & DE ANDRÉS CARA, D. 1998. Caracterización genética de los bovinos Criollos del Uruguay. II. Estudio de su variabilidad genética. Archivos de Zootecnia 47, 225-231.
- POSTIGLIONI, A.; RINCÓN, G.; KELLY, L.; LLAMBÍ, S.; FERNANDEZ, G.; D’ANGELO, M.; GAGLIARDI, G.; TRUJILLO, J.; DE BETHENCOURT, M.; GUEVARA, K.; CASTELLANO, A. & ARRUGA M.V. 2002. Biodiversidad genética en bovinos Criollos del Uruguay. Análisis con marcadores moleculares. Archivos de Zootecnia 51 (193-194): 195-202.

- POSTIGLIONI, A.; RINCÓN, G.; LLAMBÍ, S.; ARMSTRONG, E. & ARRUGA, M.V. 2004. Identificación de secuencias genómicas (CCGG) en bovinos Criollos del Uruguay. *Revista Veterinaria* 39:155-156, 17-21.
- PRIMO, A.T. 1992 El ganado bovino ibérico en las Américas: 500 años después. *Archivos de Zootecnia* 41 (extra): 421-432.
- RINCÓN, G.; D'ANGELO, M.; GAGLIARDI, R.; KELLY, L.; LLAMBÍ, S. & POSTIGLIONI, A. 2000. Genomic polymorphism in Uruguayan Creole cattle using RAPD and microsatellite markers. *Res Vet Sci* 69: 171-174.
- RINCÓN, G.; ARMSTRONG, E. & POSTIGLIONI, A. Analysis of population structure in Uruguayan Creole cattle inferred from milk major gene polymorphisms. *Genetics and Molecular Biology* (en revisión).
- RODRÍGUEZ, M.; FERNÁNDEZ, G.; SILVEIRA, C. & DELGADO, J.V. 2001. Estudio étnico de los bovinos Criollos del Uruguay. I. Análisis Biométrico. *Archivos de Zootecnia* 50 (189-190), 113-118.
- SCHIFFERLI, C.A.; BONELLI, A.M.0; WEVAR, C.; SCILINGO, A.M. & ARRUGA, M.V. 2003. Presumptive 1/29 Robertsonian translocation observed in the Argentinean Creole cattle breed. *Anim.Res.*52:119-123.
- WILKINS, J.V.; MARTINEZ, L. & ROJAS, F. 1989. El ganado vacuno Criollo. *Diálogo XXXVI*. Conservación y mejoramiento del ganado bovino Criollo IICA. PROCISUR: 69-82.