

# DIVERSIDAD GENÉTICA DE LA RAZA GALLINA UTRERANA

## GENETIC DIVERSITY OF UTRERANA CHICKEN BREED

Macrì M.<sup>1,2\*</sup>, Martínez A.M.<sup>1,2</sup>, Landi V.<sup>1,2</sup>, Canales A.<sup>2</sup>, Arando A.<sup>2</sup>, Delgado J.V.<sup>2</sup>, Camacho M.E.<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Animal Breeding Consulting S.L. Córdoba, España. \*martinamacri@hotmail.it

<sup>2</sup>Grupo de Investigación "Mejora y Conservación de los Recursos Genéticos de los Animales Domésticos" (AGR-218). Departamento de Genética. Universidad de Córdoba, Córdoba, España.

<sup>3</sup>IFAPA Alameda del Obispo, Córdoba, España.

**Keywords:** Native breed; Microsatellites; Genetic structure.

**Palabras clave:** Raza autóctona; Microsatélites; Estructura genética.

### ABSTRACT

The Utrerana is an endangered Spanish chicken breed, formed by selection of a heterogeneous population of chickens from the Andalusian countryside. It presents four varieties: White, Franciscan, Black and Partridge, characterized by the colour of feathers and legs. The objective of the present work is the genetic characterization of the Utrerana chicken breed through the use of microsatellites and the study of the genetic structure of the four varieties. A panel of 30 microsatellites is analysed in 476 samples, that is the complete population of the National Association of Utrerana Chicken Breeders. The study includes 100 samples of the Franciscan variety, 200 Partridge, 15 Black and 25 White. The main parameters of genetic diversity have been evaluated: expected and observed heterocigosity, number of alleles,  $F_{IS}$  and Factorial Correspondence Analysis using the GENETIX program. After calculating the genetic distances between individuals ( $D_{SA}$ ), a dendrogram was constructed using the POPULATIONS program. The tree is built with the TREEVIEW program. The genetic structure is studied with the STRUCTURE program. All the microsatellites used are polymorphic, with a minimum of 3 alleles in the microsatellite MCW165 and a maximum of 25 alleles in the LEIO234 marker, with a mean number of alleles of 7,73. The mean values of  $H_E$  and  $H_O$  are 0,59 and 0,50 respectively. The F statistics show the following values in the total sample:  $F_{IS}$  0,096 ( $P < 0,05$ ),  $F_{IT}$  0,177 ( $P < 0,05$ ) and  $F_{ST}$  0,089 ( $P < 0,05$ ). Utrerana breed shows a moderate genetic diversity and is deviated from Hardy-Weinberg equilibrium probably because it is a subdivided population.

### RESUMEN

La gallina Utrerana es una raza autóctona española en peligro de extinción, formada por selección de una población heterogénea de gallinas de la campiña andaluza. Tiene cuatro variedades: Blanca, Franciscana, Negra y Perdiz, caracterizadas por el color del plumaje y el de las patas. El objetivo del presente trabajo es realizar la caracterización genética de la raza gallina Utrerana mediante el uso de microsatélites y estudiar la posible estructura genética de las cuatro variedades. Se analiza un panel de 30 microsatélites en 476 muestras, tomadas aleatoriamente entre diferentes propietarios de la Asociación Nacional de Criadores de Gallinas Utreras. Para el estudio se incluyen 100 muestras de la variedad Franciscana, 200 Perdiz, 151 Negra y 25 Blanca. Como outgroups se incluyen las razas comerciales Leghorn y Cornish. Se han evaluado los principales parámetros de diversidad genética: heterocigidad esperada y observada, número de alelos, estadísticos F y Análisis Factorial de Correspondencia mediante el programa informático GENETIX. Se calculan las distancias genéticas entre individuos ( $D_{SA}$ ) con las que se ha construido un dendrograma utilizando el programa POPULATIONS. El árbol se visualiza con el programa TREEVIEW. Se estudia la estructura genética con el programa STRUCTURE. Todos los microsatélites utilizados han resultado polimórficos, encontrándose un mínimo de 3 alelos en el microsatélite MCW165 y un máximo de 25 alelos en el marcador LEIO234, con un número medio de alelos de 7,73. Los valores medios de  $H_E$  y  $H_O$  son 0,59 y 0,50 respectivamente. Los estadísticos F muestran los siguientes valores en el total de la muestra:  $F_{IS}$  0,096 ( $P < 0,05$ ),  $F_{IT}$  0,177 ( $P < 0,05$ )

y  $F_{ST}$  0,089 ( $P < 0,05$ ). La gallina Utrerana presenta una moderada-alta diversidad genética intra-racial. El elevado valor de  $F_{IS}$  y el hecho de que se encuentra desviada del equilibrio de Hardy-Weinberg podría deberse a la existencia de subdivisión dentro de la raza.

---

## INTRODUCCIÓN

La gallina Utrerana está reconocida en el catálogo oficial de razas de España como una raza autóctona en peligro de extinción (MAPA, 2018). Fue creada en 1926 a partir del trabajo de D. Joaquín del Castillo en su gallinero de Utrera (Sevilla) (Orozco, 1987) de donde recibe su nombre, mediante selección de una población heterogénea de gallinas de la campiña andaluza. Se seleccionaron gallinas con la finalidad de obtener el mayor tamaño posible, tanto corporal como de sus huevos (ANCGU, 2018). Algunos estudios han revelado que estos animales poseen grandes aptitudes para la puesta, hecho que aún hoy nadie ha investigado con rigor (Cabello *et al.*, 2010).

Tiene cuatro variedades: Blanca, Franciscana, Negra y Perdiz, caracterizadas por el color del plumaje y el de las patas. Presenta una cabeza moderadamente larga, ancha y más bien gruesa. Pico robusto y de longitud media. Ojos grandes y vivos. Cresta simple, de tamaño mediano, profundamente aserrada y con 5-6 puntas, la cual cae hacia uno de los lados de la cabeza cubriendo un ojo, de color rojo vivo, al igual que la cara y las barbillas. El espolón sigue ligeramente la línea de la cabeza. Orejillas moderadas y en forma de almendras. Cuello más bien largo y graciosamente encorvado con abundante esclavina. Alas largas y ceñidas al cuerpo, mientras el plumaje varía dependiendo de la variedad. La producción media anual de la raza es de 120-180 huevos, con un peso medio por huevo entre 62 y 64 gramos, dependiendo de la época del año. Presenta una cáscara firme y lisa, generalmente blanca con muy pocos ejemplares con un ligero matiz moreno (Wordpress, 2013). En principio se encontraron las primeras tres variedades y posteriormente se obtuvo una cuarta. La variedad Perdiz fue probablemente extraída de la Negra. Las gallinas Utreranas conservan intacta su elevada rusticidad y lo demuestran en la escasa mortalidad durante la cría, en la buena salud de las aves adultas y en la actividad con que buscan alimentos en cuanto gozan de libertad (Jurado & Robles, 2009). El objetivo del presente estudio es realizar la caracterización genética de la raza gallina Utrerana mediante el uso de microsatélites, estudiar y conocer si existe subestructura interna de la gallina Utrerana, que debería tenerse en cuenta a la hora de gestionar la raza, y evaluar la eficacia de un sistema objetivo de asignación de individuos a poblaciones. Este último objetivo es fundamental sobre todo en razas muy amenazadas con escasos censos ya que supone disponer de una herramienta que permita a los responsables del Libro Genealógico tomar decisiones acerca de inscribir o no en el Registro Auxiliar del Libro Genealógico a animales con genealogía desconocida o a aquellos en los que exista sospecha de cierto grado de cruzamiento con animales de otras razas.

## MATERIAL Y MÉTODOS

Para el estudio de diversidad genética de la gallina Utrerana se han analizado 476 muestras, obtenidas de diferentes propietarios de la Asociación Nacional de Criadores de Gallinas Utreranas. Se incluyen 100 muestras de la variedad Franciscana, 200 de la variedad Perdiz, 151 de la variedad Negra y 25 de la variedad Blanca. Las muestras de sangre se han recogido en papel filtro y cada muestra ha sido debidamente identificada. Se ha extraído el ADN de las muestras mediante el método de Walsh *et al.* (2001). Se han amplificado mediante la técnica de la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) 30 microsatélites, 29 de los cuales son los recomendados por la FAO (FAO, 2011) y utilizados en el proyecto europeo de Diversidad Aviar (Aviandiv, 2003) ADL112, ADL268, ADL278, LEIO094, LEIO166, LEIO192, LEIO234, MCW014, MCW016, MCW020, MCW034, MCW037, MCW067, MCW069, MCW078, MCW080, MCW081, MCW098, MCW103, MCW104, MCW111, MCW123, MCW165, MCW183, MCW206, MCW216, MCW222, MCW248, MCW295, MCW330. Para realizar la separación por tamaños de los fragmentos obtenidos mediante PCR se han sometido éstos a una electroforesis en un secuenciador capilar ABI 3130XL (Life Technologies, Foster City, CA, USA). El análisis de los fragmentos y la tipificación alélica se ha realizado mediante los programas informáticos Genescan Analysis® 3.1.2 y Genotyper® 2.5.2 respectivamente utilizando Genescan® 400HD ROX Size Standard como estándar de tamaños. A diferencia

de lo que sucede con otras especies ganaderas, no existen tests de intercomparación internacionales a cargo de la ISAG (International Society of Animal Genetics), ni nacionales como los organizados por el Laboratorio Central de Veterinaria del Ministerio de Agricultura, Alimentación y Medio Ambiente del Gobierno de España, por lo que para realizar la estandarización de la denominación alélica se han utilizado muestras de referencia del proyecto europeo AVIANDIV. Se ha calculado el número medio de alelos por locus (MNA), la heterocigosis esperada ( $H_e$ ) y observada ( $H_o$ ) y el Contenido de Información Polimórfica (PIC) utilizando el software MICROSATELLITE TOOLKIT de Excel (Park, 2001). El número efectivo de alelos se ha calculado con el programa POPGENE v1.32 (Yeh & Boyle 1997). El coeficiente de diversidad genética intrapoblacional ( $F_{IS}$ ) con un intervalo de confianza del 95% después de 1000 iteraciones se ha calculado utilizando el programa GENETIX v4.04 (Belkhir *et al.*, 2004) y se ha realizado una prueba de equilibrio Hardy-Weinberg con la corrección de Bonferroni con el programa CERVUS v3.0.3 (Marshall *et al.*, 1998). Se ha realizado un estudio de estructura genética para determinar si la existencia de las cuatro variedades (Blanca, Franciscana, Negra, Perdiz) va más allá de una mera segregación de genes responsables de la capa en una población o se corresponde con una estructura genética de la gallina Utrerana. Para ello, se ha realizado un Análisis Factorial de Correspondencia con el programa GENETIX v4.04 (Belkhir *et al.*, 2004) y se han calculado las distancias genéticas entre individuos (DSA de Bowcock, 1994) con las que se ha construido un dendrograma utilizando el programa POPULATIONS v1.2.28 (Langella, 1999). El árbol se ha visualizado con el programa TREEVIEW (Page, 2001). Se ha realizado un análisis de la estructura de las cuatro variedades utilizando un algoritmo bayesiano del programa de análisis STRUCTURE v 2.1 (Pritchard *et al.*, 2000). Se ha calculado el  $K$  óptimo con el método de Evanno (Evanno *et al.*, 2005) mediante el programa STRUCTURE HARVESTER (Earl & vonHoldt, 2012)

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

### *Diversidad genética de la gallina Utrerana*

En la gallina Utrerana existen cuatro variedades bien diferenciadas por los criadores por el color del plumaje de los animales. Para realizar la caracterización genética intraracial de la raza se considera a la gallina Utrerana como una sola población. Los resultados de los parámetros de diversidad genética intraracial de la gallina Utrerana por marcador están recogidos en la Tabla I. Todos los microsatélites utilizados han resultado polimórficos, encontrándose un mínimo de 3 alelos en el microsatélite MCW165 y un máximo de 25 alelos en el LEIO234, con un número medio de alelos de 7,73. El número efectivo de alelos oscila entre un mínimo de 1,09 en el marcador MCW014 y un máximo de 5,55 en el MCW183, con valor promedio de 2,93.

La heterocigosidad esperada más alta la presenta el marcador MCW183 con un valor de 0,821 y la más baja el MCW014, con un valor de 0,085 (tabla I). Los valores de heterocigosidad observada oscilan entre un máximo de 0,781 para el marcador MCW183 y un mínimo de 0,032 para el MCW014. La diversidad genética media de la gallina Utrerana es superior a la encontrada en otras razas de gallinas europeas con este mismo panel de marcadores (Wilkinson *et al.*, 2012; Lyimo *et al.*, 2014; Ceccobelli *et al.*, 2015), con una Heterocigosis media observada y esperada de 0,498 y 0,588 respectivamente. Estos valores son también superiores a los resultados encontrados en otras razas de gallinas españolas (Dávila *et al.*, 2009).

Veintiuno de los marcadores son muy informativos a la hora de detectar variabilidad genética en la gallina Utrerana, con valores de PIC superiores a 0,50. Los marcadores MCW014, MCW222 y MCW248 son poco informativos y el resto de los marcadores han resultado ser medianamente informativos en esta población (valor de PIC entre 0,25 y 0,50). Dieciocho marcadores se desvían significativamente del equilibrio Hardy-Weinberg tras la corrección de Bonferroni. El coeficiente de diversidad genética intrapoblacional ( $F_{IS}$ ) muestra que 26 marcadores detectan un exceso de homocigotos significativo. El valor de  $F_{IS}$  de la población es de 0,152 con un intervalo de confianza del 95% con 1000 remuestreos de (0,135-0,167) y es significativamente diferente de cero, lo que indica que la gallina Utrerana muestra una desviación significativa del equilibrio Hardy-Weinberg, probablemente debido a la existencia de subdivisión racial. Los estadísticos  $F$  muestran los siguientes valores en el total de la muestra:  $F_{IS}$  0,096 ( $P < 0,05$ ),  $F_{IT}$  0,177 ( $P < 0,05$ ) y  $F_{ST}$  0,089 ( $P < 0,05$ ), muy elevados si se comparan con los  $F$  estadísticos calculados en las razas de gallinas del programa de conservación del INIA (Dávila *et al.*, 2011).

**Tabla I.** Microsatélites analizados, número de alelos detectados, número efectivo de alelos, riqueza alélica, heterocigosis observada y esperada, contenido de información polimórfica,  $F_{IS}$  con su intervalo de confianza al 95% con 1000 remuestros y desviaciones del equilibrio Hardy-Weinberg (*Analyzed microsatellites, number of alleles detected, effective number of alleles, allelic richness, observed and expected heterozygosities, polymorphic information content, FIS with a 95% confidence interval with 1000 bootstraps and deviations from the Hardy-Weinberg equilibrium*).

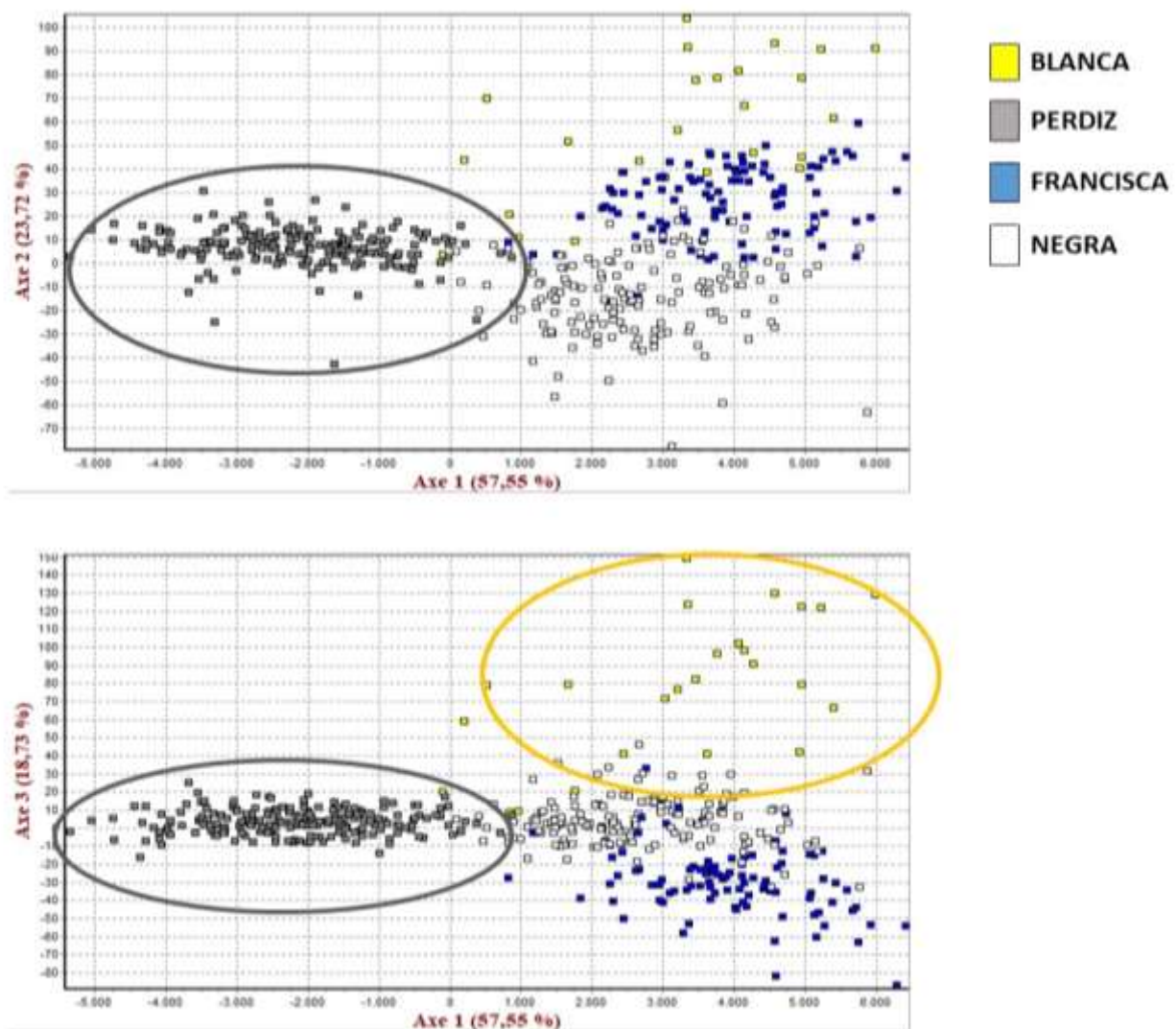
Microsatélite	Nº Alelos	Ae	Ho	He	PIC	$F_{IS}$	$F_{IS}$ (IC)	HW
ADL112	5	2,42	0,515	0,588	0,538	0,124	(0,063-0,185)	**
ADL268	6	3,50	0,677	0,715	0,664	0,053	(-0,005-0,110)	NS
ADL278	7	3,42	0,592	0,708	0,655	0,164	(0,097-0,228)	***
LEIO094	15	3,43	0,594	0,709	0,671	0,162	(0,106-0,219)	***
LEIO166	4	2,83	0,613	0,647	0,573	0,053	(-0,015-0,116)	NS
LEIO192	14	4,46	0,578	0,777	0,747	0,256	(0,198-0,313)	***
LEIO234	25	5,33	0,657	0,813	0,801	0,193	(0,140-0,240)	***
MCW014	5	1,09	0,032	0,085	0,084	0,624	(0,418-0,795)	NS
MCW016	11	2,17	0,496	0,539	0,494	0,081	(0,013-0,152)	NS
MCW020	4	2,29	0,519	0,564	0,510	0,08	(0,018-0,146)	NS
MCW034	11	4,66	0,735	0,786	0,761	0,065	(0,022-0,109)	**
MCW037	5	1,80	0,419	0,444	0,419	0,056	(-0,009-0,122)	NS
MCW067	5	2,79	0,494	0,642	0,576	0,232	(0,160-0,298)	***
MCW069	6	2,37	0,483	0,580	0,494	0,167	(0,089-0,241)	NS
MCW078	7	2,77	0,550	0,640	0,570	0,141	(0,076-0,208)	***
MCW080	8	5,24	0,631	0,810	0,782	0,221	(0,169-0,272)	***
MCW081	10	3,33	0,607	0,701	0,652	0,133	(0,074-0,189)	***
MCW098	4	1,52	0,284	0,344	0,286	0,174	(0,080-0,272)	**
MCW103	4	1,45	0,232	0,309	0,265	0,251	(0,151-0,349)	***
MCW104	10	3,83	0,558	0,740	0,707	0,245	(0,187-0,302)	***
MCW111	8	2,58	0,553	0,613	0,553	0,097	(0,034-0,163)	NS
MCW123	6	2,23	0,464	0,553	0,514	0,161	(0,093-0,226)	***
MCW165	3	2,7	0,499	0,630	0,552	0,209	(0,138-0,273)	***
MCW183	9	5,55	0,781	0,821	0,795	0,049	(0,001-0,094)	NS
MCW206	9	3,76	0,650	0,735	0,694	0,115	(0,062-0,174)	***
MCW216	6	2,31	0,553	0,567	0,475	0,025	(-0,052-0,107)	NS
MCW222	4	1,16	0,101	0,137	0,134	0,263	(0,122-0,405)	ND
MCW248	5	1,16	0,116	0,139	0,133	0,164	(0,034-0,292)	ND
MCW295	11	3,02	0,515	0,669	0,645	0,231	(0,171-0,287)	***
MCW330	5	2,71	0,455	0,632	0,556	0,280	(0,214-0,351)	***
<i>Media</i>	<i>7,73</i>	<i>2,93</i>	<i>0,498</i>	<i>0,588</i>	<i>0,543</i>	<i>0,152</i>	<i>(0,135-0,167)</i>	

Nº Alelos: Número de alelos, Ae: Número efectivo de alelos, Ho: Heterocigosis por recuento directo, He: Heterocigosis esperada, PIC: Contenido de información polimórfica,  $F_{IS}$ : Coeficiente de diferenciación genética intraracial, HW: Desviación del Equilibrio de Hardy-Weinberg, Valor de significación: \*( $p \leq 0,05$ ), \*\*( $p \leq 0,01$ ), \*\*\*( $p \leq 0,001$ ).

#### Estructura genética de la gallina Utrerana

En la gallina Utrerana existen cuatro variedades de plumaje y de patas y con estos análisis se determinará si esta diferenciación en cuanto al color del plumaje traspasa la mera segregación genética del color y llega a corresponderse con una diferenciación genética detectable con marcadores moleculares.

En el análisis factorial de correspondencia se observa que en el eje 1 se separa la variedad Perdiz del resto de las variedades de Utrerana. En el eje 2 y 3 se separa la variedad Blanca de las demás. Las variedades Franciscana y Negra conforman un solo grupo (figura 1).

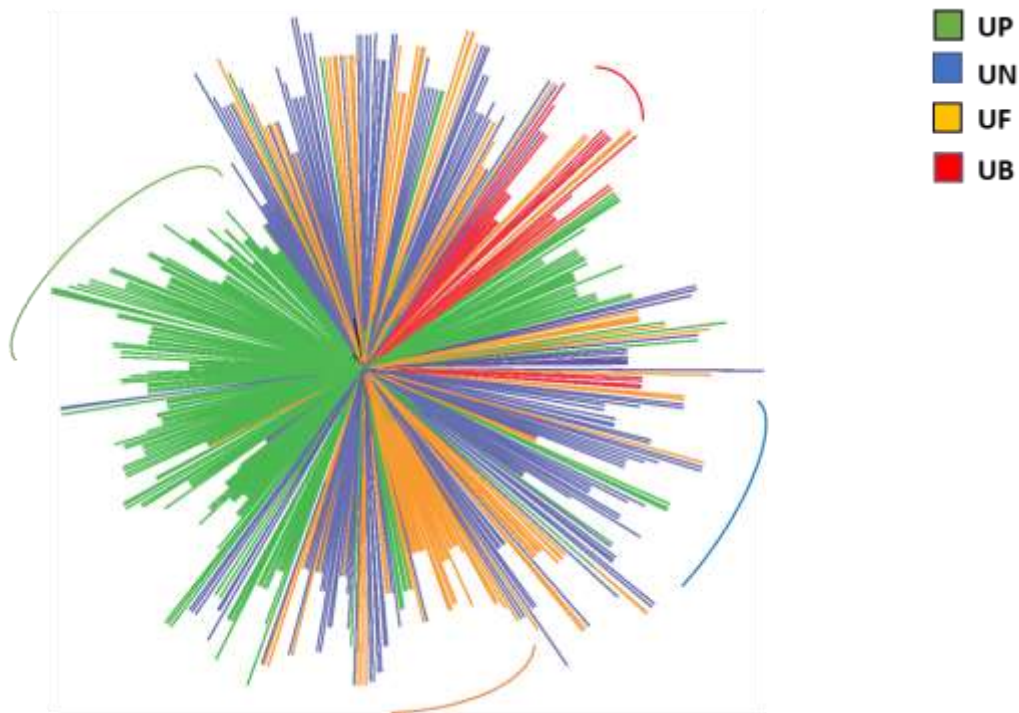


**Figura 1.** Análisis Factorial de Correspondencia de las cuatro variedades de plumaje de la gallina Utrerana (*Factorial Analysis of Correspondence of the four varieties of plumage of the chicken Utrerana*).

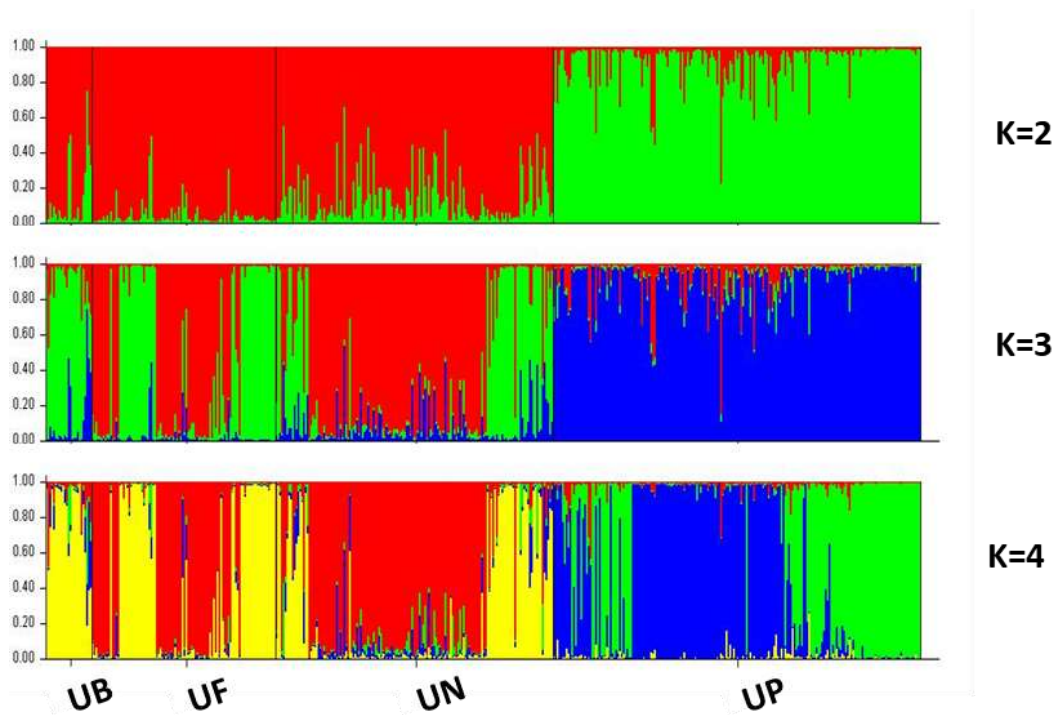
En el árbol de distancias individuales (figura 2) cada individuo se representa por una línea y se observa cómo no es posible diferenciar agrupamientos en función del color del plumaje, aunque si se observa que los individuos de la variedad Perdiz se agrupan mejor que el resto.

Los resultados del programa Structure se encuentran en la figura 3. El análisis se ha realizado con 300000 iteraciones de Burn-in y con número de iteraciones de Cadenas de Markov de Monte Carlo (MCMC) de 600000. Cada individuo se muestra en una barra vertical y cada color representa la proporción del clúster correspondiente (variedad en este caso) en forma proporcional. La gallina Utrerana no es una población homogénea que muestra subestructura genética, ya que la variedad Perdiz se separa claramente de las demás cuando se asume que el número de poblaciones ancestrales es 2, que es el K óptimo según Evanno *et al.* (2005) (figura 4). Cuando K=3 la variedad Perdiz permanece homogénea mientras que se observa una subdivisión en las otras tres variedades que no se corresponde con el color del plumaje. Cuando K=4 se observa una subdivisión dentro de la variedad Perdiz. La existencia de esta subdivisión genética de la raza podría ser el

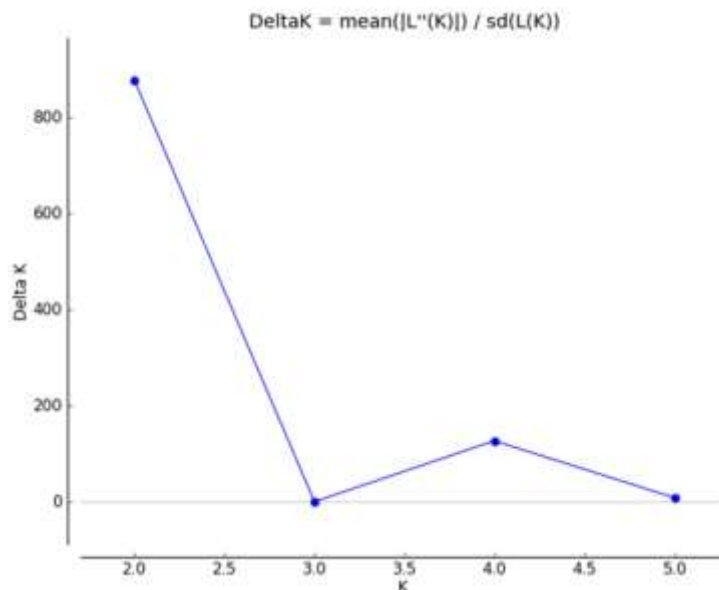
motivo por el cual la gallina Utrerana está desviada del equilibrio Hardy-Weinberg como demuestran los resultados encontrados en el análisis de diversidad genética intrarracial (tabla I).



**Figura 2.** *Árbol de distancias individuales  $D_{SA}$  de las cuatro variedades de plumaje de la gallina Utrerana (Dendrogram of  $D_{SA}$  individual distances of the four varieties of plumage of the Utrerana chicken).*



**Figura 3.** *Representación gráfica de los resultados del análisis de la estructura genética de las 4 variedades de la gallina Utrerana (K=2-K=4) (Graphic representation of the results of the genetic structure analysis of the 4 varieties of the Utrerana chicken (K=2-K=4)).*



**Figura 4.** Valores de  $\Delta K$  calculados con el programa Structure Harvester siguiendo el método de Evanno *et al.*, (2005) en las cuatro variedades de gallina Utrerana ( $\Delta K$  values computed by Structure Harvester software following Evanno *et al.*, (2005) procedure in the 4 varieties of the Utrerana chicken).

## CONCLUSIONES

Con los resultados encontrados se puede concluir que la gallina Utrerana presenta una moderada diversidad genética intra-racial. El valor de  $F_{IS}$  proyecta una baja consanguinidad en las poblaciones y el hecho de que se encuentran desviadas del equilibrio Hardy-Weinberg podría explicarse por la existencia de las cuatro variedades descritas de la gallina Utrerana, aunque solo la variedad Perdiz permanece homogénea y diferenciada de las otras variedades. La estructura genética encontrada en la gallina Utrerana no se corresponde con el color del plumaje, como se ha evidenciado con los resultados de este estudio.

## AGRADECIMIENTOS

Este trabajo ha sido financiado por el proyecto “Estrategia de conservación de la gallina Utrerana: valorización de sus productos” (PP.AVA.AVA201601.16), proyecto sectorial del IFAPA desarrollado dentro de la convocatoria, competitiva, para proyectos de investigación e innovación tecnológica y cooperación 2016-2018. Los autores de este artículo quisieran agradecer especialmente el apoyo y la asistencia proporcionada por la Asociación Nacional de Criadores de Gallinas Utreranas.

## BIBLIOGRAFÍA

- ANCGU. 2018. Asociación Nacional Criadores Gallina Utrerana: Ferias año 2018. URL <http://www.ancgu.es/Feria-Utrera-2018.php>
- Aviandiv. 2003. Development of Strategy and Application of Molecular Tools to Assess Biodiversity in Chicken Genetic Resources. URL <https://aviandiv.fli.de/>.
- Belkhir K., Borsa P., Chikhi L., Raufaste N. & Bonhomme F., 2004. GENETIX 4.05, logiciel sous Windows TM pour la génétique des Populations, Laboratoire Génome, Populations, Interactions, CNRS UMR 5000, Université de Montpellier II, Montpellier (France).
- Bowcock A. M., Ruiz-Linares A., Tomfohrde J., Minch E., Kidd J. R. & Cavalli-Sforza, L.L. 1994. High resolution of human evolutionary trees with polymorphic microsatellites, Nature 368, 455-457.
- Cabello A., León J.M, Melo L., Doctor J. 2010. Estudio de la Curva de Crecimiento en la gallina Utrerana, Feagas 174-178.
- Ceccobelli S., Di Lorenzo P., Lancioni H., Monteagudo Ibáñez L.V., Tejedor M.T., Castellini C., Landi V., Martínez Martínez A., Delgado Bermejo J. V., Vega Pla J. L., Leon Jurado J. M., García N., Attard G., Grimal A., Stojanovic S., Kume, Panella K.F., Weigend S. & Lasagna E., 2015. Genetic diversity and phylogeographic structure of sixteen Mediterranean chicken

- breeds assessed with microsatellites and mitochondrial DNA, *Livestock Science*, 175, 27-36.
- Dávila S.G., Gil G., Resino-Talaván P. & Campo J. L., 2009. Evaluation of diversity between different Spanish chicken breeds, a tester line, and a White Leghorn population based on microsatellite markers, *Poultry Science*, 88:2518–2525.
- Dávila S. G., Gil M.G., Resino-Talaván, P., and Campo, J. L., 2011. Diversidad genética en las razas de gallinas del programa de conservación del INIA, *AIDA, XIV Jornadas sobre producción Animal, Tomo II*, 524-526.
- FAO. 2000. World Watch List for Domestic Animal Diversity, FAO, Roma.
- FAO. 2011. Molecular genetic characterization of animal genetic resources, FAO Animal Production and Health Guidelines, No, 9, Rome.
- Earl Dent A. & vonHoldt, Bridgett M., 2012. STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. *Conservation Genetics Resources* vol. 4 (2) pp. 359-361 doi: 10.1007/s12686-011-9548-7.
- Evanno G., Regnaut S., Goudet J. 2005. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE a simulation study. *Molecular Ecology* 14, 2611 – 2620.
- Fernández, M., Gómez, M., Delgado, J. V., Adán, S., & Jiménez, M. 2009. Guía de campo de las razas autóctonas españolas. Madrid, Spain: SERGA, 683-684.
- Langella, O., 1999. Populations 1.2.31: a population genetic software, CNRS UPR9034, Available from: <http://bioinformatics.org/~tryphon/populations/>.
- Lyimo, C. M., Weigend, A., Msoffe, P. L., Eding, H., Simianer, H., and Weigend, S. 2014. Global diversity and genetic contributions of chicken populations from African, Asian and European regions, *Animal Genetics*, 45:836–48.
- Mapa, 2018. Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación: Raza aviar Utrerana. URL <https://www.mapa.gob.es/es/ganaderia/temas/zootecnia/razasganaderas/razas/catalogo/peligroextincion/aviar/utrerana/default.aspx>.
- Marshall, TC., Slate, J., Kruuk., LEB & Pemberton, JM. 1998. Statistical confidence for likelihood-based paternity inference in natural populations, *Molecular Ecology* 7: 639 655.
- Orozco, F. 1987. Raza Andaluza o Utrerana. *Selecciones avícolas*, 29(2), 0050-57.
- Page, R. D. 1996. TreeView: an application to display phylogenetic trees on personal computers, *Comput Appl Biosci*, 12:357–8.
- Park, S. D. E. 2001. Trypanotolerance in West African Cattle and the Population Genetic Effects of Selection, University of Dublin.
- Pritchard, J. K., Stephens, M., and Donnelly, P. 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data, *Genetics* 155:945–59.
- Walsh, P. S., Metzger, D. A., and Higuchi, R. 1991. Chelex 100 as a medium for simple extraction of DNA for PCR-based typing from forensic material, *BioTechniques* 10:506 13.
- Wilkinson, S., Archibald, A. L., Haley, C. S., Megens, H. J., Crooijmans, R. P., Groenen, M.A., Wiener, P., and Ogden, R. 2012. Development of a genetic tool for product regulation in the diverse British pig breed market, *BMC Genomics* 13:580.
- Wordpress, 2013. Alimentación Animal del Sur, fabricantes de piensos para animals de granja y corral: La gallina Utrerana. URL <https://alansur.wordpress.com/2013/10/08/razas-la-gallina-utrerana>.
- Yeh, F. C., and Boyle, T. J. B. 1997. Population genetic analysis of co-dominant and dominant markers and quantitative traits, *Belgian Journal of Botany* 129:157.