

# RESULTADOS PRELIMINARES DE LA CARACTERIZACIÓN GENÉTICA DE OVINOS DORPER Y WHITE DORPER CON EL EMPLEO DE MICROSATÉLITES

## PRELIMINARY RESULTS ON THE GENETIC CHARACTERIZATION OF DORPER AND WHITE DORPER SHEEP USING MICROSATELLITES

Lara M. A. C.<sup>1\*</sup>, Santos-Silva M.F.M.<sup>2</sup>, Ruivo C.C.<sup>3,4</sup>, Bueno M.S.<sup>1</sup>, Landi V.<sup>5</sup>, Delgado J.V.<sup>5</sup>

<sup>1</sup>Instituto de Zootecnia, Agência Paulista de Tecnologia dos Agronegócios, Secretaria de Agricultura e Abastecimento do Estado de São Paulo. Caixa Postal 60. CEP 13.460-000. Nova Odessa, SP, Brasil. \*malara@iz.sp.gov.br.

<sup>2</sup>Instituto Nacional dos Recursos Biológicos, Unidade de Genética, Reprodução e Melhoramento Animal – INRB. Vale de Santarém. Portugal.

<sup>3</sup>Associação Brasileira dos Criadores de Dorper – ABCDorper, Valinhos, SP, Brasil.

<sup>4</sup>Cabanha Interlagos, Valinhos, SP, Brasil.

<sup>5</sup>Departamento de Genética. Universidad de Córdoba, España.

**Keywords:** Genetic diversity; Molecular markers; Variability.

**Palabras clave:** Diversidad genética; Marcadores moleculares; Variabilidad.

### ABSTRACT

In Brazil, the creation of Dorper sheep is increasing significantly, encouraging imports of animals from Australia and South Africa. The purpose of this study was to know the genetic variability in the Dorper and White Dorper herds and check the genetic differentiation between them. A total of 113 sheep, selected at random in 10 herds in the State of São Paulo and classified into two genetic group: Dorper (N = 70) and White Dorper (N = 43) was investigated. The genetic variability was investigated by 28 microsatellite markers, selected according to recommendations of FAO and ISAG. The separation of the fragments amplified by PCR/ Multiplex was held by capillary electrophoresis using ABI3130 and GeneMapper software. All markers were polymorphic. 91.6 % of the total of 223 alleles identified in the population was observed in Dorper and 73.3 % in the White Dorper herds. The average expected heterozygosity values were higher than the observed heterozygosity at Dorper (0.6127 and 0.5907, respectively) and White Dorper flocks (0.5292 and 0.5173, respectively). Most of the markers were very informative for the two genetic groups, with the exception of ETH10, BM1824, CSSM66 and SPS113 markers, whose PIC values were lower than 0.25. The analysis of genetic differentiation between herds show a value of  $F_{ST} = 0.052$  ( $P \leq 0.0001$ ). This result indicates that the degree of subdivision between Dorper and White Dorper is moderate and allows you to think that they could be two distinct genetic groups.

### RESUMEN

En Brasil, la población ovina de la raza Dorper ha crecido notablemente, incentivando la importación de animales de Australia y Sudáfrica. El propósito de este estudio fue conocer la variabilidad genética en los rebaños Dorper y White Dorper y comprobar la diferenciación genética entre ellos. Se investigaron 113 ovinos, clasificados en dos grupos genéticos: Dorper (N=70) y White Dorper (N=43), seleccionados al azar en 10 rebaños del Estado de São Paulo. La caracterización genética fue realizada mediante 28 marcadores microsatélites, según recomendaciones de la FAO y ISAG. La separación de los fragmentos amplificados por PCR/multiplex se realizó por electroforesis capilar ABI3130 y el genotipado mediante el programa GeneMapper. Todos los marcadores fueron polimórficos. Un 91,6 % del total de los 223 alelos identificados en el global de la población fueron observados en el rebaño Dorper y un 73,3 % en el rebaño White Dorper. Los valores medios de heterocigosidad esperada fueron superiores a los observados en los rebaños Dorper (0,6127 y 0,5907, respectivamente) y White Dorper, (0,5292 y 0,5173, respectivamente). La mayoría de los marcadores fueron muy informativos para los dos grupos genéticos, con las excepciones de ETH10,

BM1824, CSSM66 y SPS113, cuyos valores de PIC fueron inferiores a 0,25. El análisis de diferenciación genética entre los rebaños presentó un valor de  $F_{ST} = 0,052$  ( $P \leq 0,0001$ ). El resultado indica un grado de subdivisión moderado entre Dorper y White Dorper, pero permite pensar que en dos grupos genéticos distintos.

---

## INTRODUCCIÓN

El Dorper es una raza cárnica desarrollada en Sudáfrica a partir de cruces de *Dorset Horn* con *Black head Persian* (conocido en Brasil como Somalíes) para ser explotada en regiones áridas y semiáridas (ASPACO, 2016). Los primeros productos aparecieron en la década de 1930. Algunos eran totalmente blancos y fueron nombrados como Dorsian (DORset + perSIAN), y actualmente como White Dorper. Otros eran blancos con cabeza y cuello negro, siendo conocidos como Dorper (DORset + PERsian). Sin embargo, existen referencias de que el Dorsian o White Doper también fue producido por cruces de Dorset Horn con Van Rooy (otra raza africana del Sur). Por lo tanto, después de la Fundación de la Asociación de criadores de Dorper (1950), en el Groot fontein College of Agriculture, Middelburg, en Sudáfrica, se acordó que los productos de estos cruces, ya fueran blancos completos o blancos con cabeza y cuello negro tendría el mismo nombre, siendo conocidos como Dorper, (Lategan, 2003; Esson, 2016).

El Dorper se considera en importancia como el segundo rebaño de Sudáfrica, con más de 10.000.000 de cabezas, lo que representa más del 30 % del número total de ovejas en el país (Milne, 2000; Lategan, 2003). En 1955 se introdujeron los primeros representantes del Dorper en Brasil, debido principalmente a su adaptabilidad, precocidad sexual, habilidad materna, alta velocidad de crecimiento y alta calidad de carne (Rosanova *et al.*, 2005; Barros *et al.*, 2005). En Brasil, después de 2008, los registros genealógicos del Dorper y White Dorper han sido documentados en libros específicos, en cumplimiento con la legislación de la Asociación Brasileña de Criadores de Ovinos – ARCO. Según ARCO (2016) se clasifican los animales puros de origen (PO) cuando se conocen todos los parentales y, animales puros por cruce (PC) cuando se utiliza el cruzamiento absorbente hasta la generación 31/32 y, se estima que existen unos 113.529 Dorper y 49.326 White Dorper (PO), y aproximadamente 9.652 (PC), aunque es un número pequeño en comparación con otras razas instauradas en Brasil.

Los marcadores microsatélites han mostrado su utilidad para análisis de caracterización de la diversidad y estructura genética de las poblaciones, pruebas de paternidad, toma de decisiones para la conservación de los recursos zoogenéticos, así como para el análisis de la diferenciación genética entre poblaciones (Santos-Silva *et al.*, 2008; Ceccobelli *et al.*, 2009; Paiva *et al.*, 2011; Souza *et al.*, 2012; Pablo *et al.*, 2013; Galeggo, 2014; Driscoll *et al.*, 2015). El objetivo principal de este trabajo ha sido conocer la variabilidad genética de los rebaños Dorper y White Dorper, para así profundizar en el conocimiento de estos animales tan importantes en la economía del país.

## MATERIAL Y MÉTODOS

Se investigaron 113 ovinos, clasificados en dos grupos genéticos: Dorper (N=70) y White Dorper (N=43). Los animales fueron seleccionados al azar en 10 rebaños ubicados en el estado de São Paulo. El ADN genómico se obtuvo a partir de 5-10 muestras de pelo con bulbo capilar por animal, utilizándose el *Genomic DNA Purification Kit* (Gentra Systems - USA), siguiendo las recomendaciones del fabricante.

La variabilidad genética fue investigada mediante 28 marcadores microsatélites (tabla I). Este conjunto incluye los marcadores recomendados por ISAG (2010) y MAPA (2012) para pruebas de paternidad y por la FAO (2011) y BIOVIS (2016) para estudios de diversidad genética en ovino. Para la amplificación de cada microsatélite se utilizó un par de *primers* con el *forward* marcado con uno de los cuatro fluorocromos, 6-FAM, VIC, NED o PET, disponibles (Applied Biosystems, USA). La amplificación se llevó a cabo con el *Quiagen PCR Kit Multiplex*, según las recomendaciones del fabricante, en cuatro reacciones multiplex (M1, M2, M3 y M4). El multiplex M1 incluyó siete marcadores (ILST87, INRA005, INRA23, McM42, MAF65, TGLA122, RM006), el M2, tres (BM6506, MAF209, TGLA53), el M3, diez (OarCP49, CRSD247, D5S2, ILSTS11, INRA35, MAF214, McM527, ETH10, OarFCB20, OarFCB304) y, el M4, ocho marcadores (BM6526, BM1824 CSSM66, HSC, INRA006, INRA172, SPS115, SPS113). El protocolo para M1 y M3

consistió en una desnaturalización a 95°C por 5 minutos, seguido de 35 ciclos de amplificación: 94°C/ 30 segundos, 57°C/ 3 minutos y 72°C/ 1 minuto y una extensión final a 60°C/ 30 minutos. Para M2, se utilizó el mismo protocolo descrito anteriormente, con la salvedad de la temperatura de anillamiento que se incrementó a 60°C y, para M4: una desnaturalización a 95°C/ 10 minutos, seguido de 35 ciclos de 94°C/ 30 segundos, 61°C/ 3 minutos, 72°C/ 1 minuto y una extensión final a 70°C/ 30 minutos. Los productos amplificados se diluyeron en 40 µL de agua ultra- pura. A una alícuota de este producto (1,0µL) se le añadió 12µL formamida (Hi-Di, *Applied Biosystems*) y 0,25 µL de patrón de masa marcador (GeneScan - 500Liz o GeneScan - 400HD, *Applied Biosystems*). Para realizar la separación por tamaños de los fragmentos obtenidos mediante PCR, estos se sometieron a electroforesis capilar, utilizando el polímero POP7 y la plataforma ABI3130 Genetic Analyser (*Applied Biosystems*, Foster City, CA). El análisis y el genotipado de los fragmentos se realizó mediante los programas *Genetic Analyser Data Colletion v.3.0* y *GeneMapper v.4.0*, respectivamente (*Applied Biosystem*). Para cada *locus* se calcularon el número de alelos (NA), las frecuencias alélicas, las heterocigosidades esperada (He) y observada (Ho) y los valores de contenido de información polimórfica (PIC), mediante el programa *Cervus* (Marshall *et al.*, 1998). El análisis de Equilibrio Hardy-Weinberg se realizó mediante el método de Guo y Thompson (1992), utilizando el software GENEPOP v.3.4 (Raymond y Rousset, 1995) El mismo software se utilizó para evaluarla diferenciación existente entre los dos grupos genéticos mediante el método de las cadenas de Markov, con 1000 iteraciones (Guo y Thompson, 1992).

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los resultados de los indicadores de diversidad por *locus* y población se presentan en la tabla I. Se hallaron 223 alelos para un total de 28 *loci* microsatélites. Todos los marcadores resultaron polimórficos. El número de alelos por locus (NA) varió entre 3 (INRA006) y 12 (HSC). La mayoría de los marcadores presentaron entre 6 y 12 alelos, con un número medio de 8,6. Se detectaron el 91,6 % del total de alelos en el rebaño Dorper y el 73,3 % en el rebaño White Dorper. El número medio de alelos por *locus* fueron 7,6 y 6,2, en los rebaños Dorper y White Dorper, respectivamente. Para el rebaño Dorper, el NA estimado en el presente estudio es superior a los 4,4 encontrados para Dorper de Brasil, por Paiva *et al* (2011), con 28 microsatélites y a los 6,2 referidos por Gallego (2014) con 11 *loci*. Sin embargo, los valores de NA son inferiores a los encontrados por Souza *et al.* (2012), en ovejas Santa Inês de Brasil, y en seis razas de ovejas relacionadas con el Merino Italiano Ceccobelli *et al.*,2009), salvo en lo que respecta al Merino Español y Merino Precoz, que presentaron bastante similitud (valores de 7,7 y 5,17, respectivamente). También en razas ovinas churras portuguesas los valores (6,4 a 9,1) fueron superiores a los de las poblaciones Dorper en estudio (Santos Silva *et al.*, 2008). En la tabla I puede verse que los valores de heterocigosidad esperada (He) varió de 0,030 para el marcador CSSM66 hasta un máximo de 0,816 para el marcador TGLA122 en los rebaños Dorper, y de un mínimo de 0,050 (CSSM66) hasta 0,839 (INRA005) en los White Dorper. Los valores medios de He para los rebaños Dorper (0,6127) y White Dorper (0,5907) son inferiores a los obtenidos por Paiva *et al.* (2011) y Gallego (2014) para la población Dorper. Los resultados también son inferiores a los observados en otras razas de Brasil (Souza *et al.*, 2012) y algunas de otros países (Santos Silva *et al.*, 2008; Pablo *et al.*, 2013; Cecobelli *et al.*, 2009). La heterocigosidad observada (Ho) presenta medias muy similares en los rebaños Dorper, (0,5292) y White Dorper (0,5173), y son inferiores a las estimas de He. El marcador SPS115 presenta los valores más altos (0,791 y 0,875), y el CSSM66 los más bajos (0,030 y 0,050). Los valores promedios de Ho se sitúan entre los valores de 0,4814 y 0,674 referidos por Paiva *et al.* (2011) y Gallego (2014) para la raza Dorper. Ambas poblaciones revelan desviaciones al equilibrio de Hardy-Weinberg en un número considerable de marcadores, que resulta en la mayoría de los casos en un déficit de heterocigotos. En el rebaño Dorper, 17 de los 28 *loci* estudiados mostraron desviaciones significativas ( $P \leq 0,05$ ) al equilibrio de Hardy-Weinberg, debido principalmente al déficit de heterocigotos, con la excepción de MAF65, RM006, D5S2, HSC y SPS115, que muestran exceso de heterocigotos. Con relación al rebaño White Dorper, 14 *loci* no estaban en equilibrio, la mayoría de ellos debido al déficit de heterocigotos, con la excepción de BM6506, INRA35, MAF214, HSC y SPS115. En general, un déficit de heterocigotos ha sido observado en la mayoría de los trabajos, con ovejas de Brasil, Sudán, China, España, Italia, Colombia y Portugal, realizados por Paiva

*et al.* (2011), Gomas *et al.* (2011), Zhong *et al.* (2010), Pablo *et al.* (2013), Ceccobelli *et al.* (2009), Gallego (2014) y Santos Silva *et al.* (2008). Estos resultados se explican por el hecho de que la gran mayoría de los sistemas productivos están constituidos por pocos machos reproductores, los cuales se cruzan con la mayoría de las hembras del rebaño, lo que puede reducir considerablemente la variabilidad genética de las poblaciones y contribuir a la reducción de individuos heterocigotos en las poblaciones.

**Tabla I.** Número de alelos por locus, valores de heterocigosidad esperada (He) y observada (Ho), contenido de información de polimorfismo (PIC), prueba de Hardy-Weinberg y panel (multiplex) empleado en los análisis de los rebaños Dorper y White Dorper (*Number de alleles per locus, heterozygosity measures, polymorphism information content, test for Hardy-Weinberg and panel (multiplex) investigated in the Dorper and White Dorper Herds*).

Locus	Dorper(N = 70)					White Dorper(N = 43)					Panel (Multiplex)
	NA	Ho	He	PIC	HW	NA	H0	He	PIC	HW	
ILST87	8	0,636	0,752	0,715	**	8	0,442	0,768	0,736	NS	M1
INRA005	8	0,394	0,774	0,741	***	8	0,488	0,839	0,806	***	M1
INRA23	7	0,311	0,383	0,363	*	6	0,425	0,480	0,439	NS	M1
McM42	5	0,545	0,549	0,474	NS	3	0,302	0,361	0,314	NS	M1
INRA172	6	0,652	0,709	0,654	NS	5	0,721	0,786	0,741	NS	M4
MAF065	6	0,696	0,666	0,620	*	4	0,442	0,537	0,471	NS	M1
RM006	5	0,515	0,435	0,380	NS	5	0,279	0,276	0,263	NS	M1
TGLA122	10	0,470	0,816	0,786	***	8	0,279	0,293	0,276	NS	M1
BM6506	9	0,596	0,706	0,663	***	8	0,763	0,721	0,670	NS	M2
MAF209	9	0,532	0,782	0,753	***	10	0,559	0,777	0,741	NS	M2
TGLA53	9	0,510	0,806	0,771	***	8	0,595	0,803	0,763	**	M2
OarCP49	10	0,750	0,775	0,735	NS	7	0,854	0,794	0,752	*	M3
CRSD247	9	0,268	0,403	0,386	***	8	0,463	0,740	0,701	**	M3
D5S2	7	0,661	0,592	0,540	**	7	0,610	0,682	0,624	NS	M3
ETH10	4	0,268	0,299	0,276	*	5	0,098	0,206	0,197	*	M3
ILSTS11	8	0,643	0,714	0,663	NS	9	0,625	0,784	0,420	*	M3
INRA35	7	0,764	0,74	0,688	NS	4	0,732	0,696	0,634	NS	M3
MAF214	5	0,400	0,473	0,407	NS	3	0,512	0,494	0,390	NS	M3
McM527	6	0,655	0,714	0,656	NS	5	0,732	0,749	0,704	NS	M3
oarFCB20	9	0,709	0,792	0,757	NS	8	0,780	0,811	0,771	NS	M3
OarFCB304	12	0,764	0,774	0,740	NS	10	0,659	0,810	0,775	*	M3
BM1824	7	0,209	0,489	0,454	***	3	0,075	0,142	0,133	*	M4c
BM6526	11	0,734	0,810	0,777	NS	8	0,590	0,762	0,724	*	M4
CSSM66	3	0,030	0,03	0,029	NS	3	0,050	0,050	0,048	NS	M4
HSC	10	0,754	0,728	0,687	*	8	0,725	0,740	0,691	NS	M4
INRA006	3	0,433	0,42	0,336	NS	3	0,500	0,445	0,371	NS	M4
SPS115	8	0,791	0,773	0,732	***	7	0,875	0,725	0,671	*	M4
SPS113	5	0,127	0,25	0,238	**	3	0,31	0,271	0,243	NS	M4

Probabilidades estimadas para el equilibrio, según Hardy-Weinberg: NS para  $P > 0,05$ ; \*para  $P \leq 0,05$ ; \*\*para  $P \leq 0,01$  y \*\*\*para  $P \leq 0,001$ .

Los valores de PIC (tabla I) indican la calidad informativa de los marcadores para los rebaños Dorper y White Dorper, siendo, según el criterio de Botstein *et al.* (1980), muy informativos (valores superiores a 0,50), medianamente informativos (valores entre 0,25 y 0,50) y poco informativos (valores inferiores a 0,25). Por lo tanto, podemos concluir que los marcadores CSSM66 y SPS113 son poco informativos para el rebaño Dorper y, ETH10, BM1824, CSSM66 y SP113, poco informativos para el rebaño White Dorper.

Adicionalmente, el test exacto de Fisher reveló diferencias significativas entre rebaños ( $P \leq 0,005$ ) con relación a las frecuencias genotípicas. Por lo tanto, la mayoría de los marcadores utilizados contribuyeron a la diferenciación genética entre las dos poblaciones, con la excepción de INRA35, MAF214 ETH10, BM6526, CSSM66, HSC, INRA006 y SPS113, que presentaron valores de  $F_{ST}$  no significativos ( $P > 0,05$ ). La magnitud de estructuración genética entre subpoblaciones fue evaluada según los criterios de Wright (1978), en baja ( $F_{ST}$  entre 0 y 0,05), moderada ( $F_{ST}$  entre 0,05 y 0,15) y alta ( $F_{ST} > 0,25$ ). Por lo tanto, el valor de 0,052 ( $P \leq 0,0001$ ) obtenido en este caso para  $F_{ST}$  indica un grado de subdivisión moderado entre Dorper y White Dorper, que sugiere cierta diferenciación entre las dos poblaciones.

## CONCLUSIONES

Los resultados obtenidos en el presente estudio sugieren la exclusión de los marcadores, BM1824, CSSM66, ETH10, SP113 y TGLA122 en estudios de diversidad genética de ovinos. Considerando el conjunto de los indicadores estimados, los resultados sugieren que el rebaño Dorper posee mayor diversidad genética en comparación con el rebaño White Dorper. Estos rebaños presentan variabilidad genética próxima a otras poblaciones Dorper y algo inferior a la de otras razas de Brasil y extranjeras.

## AGRADECIMIENTOS

Los autores agradecen a la FAPESP por el apoyo financiero (Proceso 2013/ 10973-6), la ASPACO y a los Criadores de ovinos por las muestras biológicas que permitieron la realización de este estudio.

## BIBLIOGRAFÍA

- ARCO. 2016. *Portal Associação Brasileira de Criadores de Ovinos*.  
 <<http://www.arcoovinos.com.br/sitenew/index.asp>> Acceso 14 de octubre de 2016.
- ASPACO. 2016. *Portal Associação Paulista de Criadores de Ovinos*.  
 <<http://www.aspaco.org.br/racas.php?id=404>>. Acceso 10 de octubre de 2016.
- FAO. 2011. Molecular genetic characterization of animal genetic resources. *Animal Production and Health*, guidelines 9.  
 <<http://www.fao.org/docrep/014/i2413e/i2413e00.htm>>. Acceso 29 de septiembre de 2016.
- Barros N.N., Vasconcelos V.R., Wander A.E., Araújo, M.R.A. 2005. Eficiência bioeconômica de cordeiros F1 Dorper x Santa Inês para produção de carne. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 40,825-31.
- BIOVIS. 2016. Marcadores Biodiversidad ovina Iberoamericana. <http://biovis.jimdo.com/marcadores/>. Tenido acceso 20 de septiembre de 2016.
- Botstein D., White R.L., Skolnick M., Davis R.W. 1980. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *American Society of Human Genetics* 32, 314-31.
- Ceccobelli S., Lasagna E., Landi V., Martínez A.M, Sarti F.M. 2009. Genetic diversity and relationships among Italian Merino derived breeds assessed by microsatellites. *Italian Journal of Animal Sciences* 8, 83-5.
- Driscoll CC, Driscoll J, Hazekamp C, Mitton JB, Wehausen J D. 2015. A tale of two markers: population genetics of Colorado rocky mountain Bighorn sheep estimated from microsatellite and mitochondrial data. *The Journal of Wildlife Management* 79, 819-831.
- Esson T. 2016. *A Brief History of the Dorper and White Dorper Sheep*.  
 <[http://www.bizboost.com.au/~austdorp/media/dorper\\_notes/A2\\_HistoryDorperDevelopment.pdf](http://www.bizboost.com.au/~austdorp/media/dorper_notes/A2_HistoryDorperDevelopment.pdf)> Acceso en 10 de octubre de 2016.
- Gallego R.J.O. 2014. Caracterización genética de ovinos en Colombia por medio de marcadores microsatélites. Maestría en Ciencias Animales. Universidad de Antioquia. 52p.
- Gomas N, Weimann C, Hussien A. 2011. Genetic characterization of local Sudanese sheep breeds using DNA markers. *Small Ruminant Research* 95, 27-33
- Guo S.W., Thompson EA. 1992. Performing the exact test of Hardy-Weinberg proportions for multiple alleles. *Biometrics* 48, 361-372.
- ISAG. 2010. Applied Genetics in sheep and goat Workshop. In: *32<sup>th</sup> International Conference on Animal Genetics*.  
 <[http://www.isag.us/Docs/Applied\\_GeneticsSheepGoats\\_CT.pdf](http://www.isag.us/Docs/Applied_GeneticsSheepGoats_CT.pdf)> ISAG, Edinburgh. Acceso 20 de septiembre de 2016.
- Lategan D. 2003. *Dorpers no novo século: padrões atualizados e informações gerais*. Dorpers Sheep Breeders' Society of South

África. 69 p.

- Marshall T.C., Slate J., Kruuk L.E.B., Pemberton J.M. 1998. Statistical confidence for likelihood-based paternity inference in natural population. *Molecular Ecology* 7, 639-55.
- MAPA. 2012 Instrução normativa no. 17 de 9 de agosto de 2012. *Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento*.
- Milne, C. 2000. The history of the Dorper Sheep. *Small Ruminant Research*, 36, 99-102.
- Pablo M., Landi V., Martínez A., Lara C., Delgado J.V. 2013. Caracterización genética de la oveja Lojeña mediante marcadores microsatélites; *Acta Iberoamericana de Conservación Animal* 3, 194 -200.
- Paiva SR, Mariante, A.S., Blackburn HD. 2011. Combining US and Brazilian microsatellite data for a meta-analysis of sheep (*Ovisaries*) breed diversity: facilitating the FAO global plan of action for conserving animal genetic resources. *Journal of Heredity* 102, 697-04.
- Raymond M., Rousset F. 1995. GENEPOP: Population genetics software for exact tests and ecumenicism. *Journal of Heredity* 86, 248-9. <<http://genepop.curtin.edu.au/index.html>> Tenido acceso 30 de septiembre de 2016.
- Rosanova C, Silva-Sobrinho A.G, Gonzaga-Neto S.A 2005. A raça Dorper e sua caracterização produtiva e reprodutiva. *Veterinária Notícias* 11, 127-35.
- Santos-Silva F, Ivo R.S, Sousa M.C.O, Carolino M.I, Ginja C, Gama L.T. 2008. Assessing genetic diversity and differentiation in Portuguese coarse-wool sheep breeds with microsatellite markers. *Small Ruminant Research* 78, 32-40.
- Souza C.A, Paiva S.R, Mcmanus CM, Azevedo H.C., Mariante AS, Grattapaglia. 2012. Genetic diversity and assessment of 23 microsatellite markers for parentage testing of Santa Inês hair sheep in Brazil. *Genetics and Molecular Research* 11, 1217-29.
- Zhong T, Han J., Guo J. 2010. Genetic diversity of Chinese indigenous sheep breeds inferred from microsatellite markers. *Small Ruminant Research* 90, 88-94.