

DISTANCIAS GENÉTICAS ENTRE LOS OVINOS CRIOLLOS DEL OESTE FORMOSEÑO CON OTRAS POBLACIONES AMERICANAS

Submitted: 05/10/2022

Accepted: 26/01/2023

Published: 20/06/2023

GENETIC DISTANCES BETWEEN CRIOLLO DEL OESTE FORMOSEÑO SHEEP WITH OTHER AMERICAN POPULATIONS

Cappello J.S.^{1*}, Revidatti M.A.¹, De la Rosa S.¹, Morales V.N.¹, Tejerina E.R.¹,
*Biovis Consortium*², Martínez A.³

¹Facultad de Ciencias Veterinarias, Universidad Nacional del Nordeste (Argentina). ²Miembros del Biovis Consortium de la Red CONBIAND. ³Facultad de Veterinaria, Universidad de Córdoba (España).

*sebakplo@hotmail.com

The objective was to estimate the genetic distance among the Criolla del Oeste Formoseño (AROF) sheep population and other American creole sheep by calculating F statistics and Nei's genetic distances. Twenty-three microsatellite markers were used, 510 individuals belonging to 13 local genotypes from Argentina (Salta, Santiago del Estero, Corrientes y Buenos Aires), Bolivia, Brazil, Chile, Ecuador, Mexico, Paraguay, Peru, and Uruguay. Fixation indices (Weir & Cockerham) were calculated with their confidence intervals, and Nei's DA (1983), with the latter a distance tree was made by the Neighbor-Joining method. The results were: $f=0.077$ (0.052 - 0.110); $F=0.148$ (0.120 - 0.182) and $\theta=0.076$ (0.064 - 0.090). The θ matrix showed that AROF is moderately close to all populations except for those from Buenos Aires and Uruguay. The DA matrix showed that the smallest distances were between AROF and sheep from Corrientes, Bolivia, Chile, and Peru; and the greatest distances were found with 25 de Mayo (Buenos Aires) and Uruguay populations, Peruvian and Mexican were isolated in the tree graphic, and two clear groupings were formed, the first one included the populations of Argentina and Bolivia, within which, the first population to split was the Bolivian sheep, and after that, those from Formosa are differentiated from the rest of Argentina. The second group included the remaining population. We conclude that the Criolla del Oeste Formoseño sheep shares alleles with other populations, mainly with those geographically close, located within the Gran Chaco Americano region, such as the Bolivian genotype and the Argentine genotypes from Corrientes, Santiago del Estero, and Salta.

Resumen

El objetivo fue estimar las distancias genéticas entre los ovinos criollos del oeste formoseño (AROF) y otras poblaciones americanas mediante el cálculo de estadísticos F y distancias genéticas de Nei. Se emplearon 23 marcadores microsatélites, 510 individuos pertenecientes a 13 genotipos locales de Argentina (Salta, Santiago del Estero, Corrientes y Buenos Aires), Bolivia, Brasil, Chile, Ecuador, México, Paraguay, Perú y Uruguay. Se calcularon índices de fijación (Weir & Cockerham) con sus intervalos de confianza, y D_A de Nei (1983), con este último se confeccionó un árbol de distancias por el método *Neighbor-Joining*. Los resultados fueron: $f=0,077$ (0,052 - 0,110); $F=0,148$ (0,120 - 0,182) y $\theta=0,076$ (0,064 - 0,090). En la matriz θ , AROF se encuentra moderadamente cercana a todas, excepto las de Buenos Aires y Uruguay. En la matriz

D_A , se observan las menores distancias entre AROF con los ovinos de Corrientes, Bolivia, Chile y Perú; y las mayores distancias se encontraron con la población de 25 de mayo (Buenos Aires) y de Uruguay. Mediante el árbol construido, se aíslan los genotipos peruanos y mexicanos, y se conforman dos agrupaciones marcadas, la primera incluye a los genotipos de Argentina y Bolivia, dentro del cual, la primera en separarse es la majada boliviana, posteriormente, los de Formosa se diferencian del resto de Argentina, y la segunda conformada por las restantes poblaciones. Considerando los resultados obtenidos, se concluye que la población ovina criolla del oeste formoseño comparte alelos con otras poblaciones criollas, principalmente con aquellos geográficamente próximos, ubicados dentro de la región del Gran Chaco Americano como el genotipo boliviano y los argentinos de Corrientes, Santiago del Estero y Salta.

Keywords: Ewes; Local breeds; Molecular characterization.

Palabras clave: Ovejas; Razas locales; Caracterización molecular.



Actas Iberoamericanas de
Conservación Animal

ISSN: 2253-9727

<https://aicarevista.jimdo.com>

Introducción

La conservación de razas de especies domésticas cobra cada vez mayor auge porque, entre otros factores, la pérdida de diversidad genética disminuye la capacidad de recuperar poblaciones amenazadas, así como mantener y mejorar el rendimiento de otras incluidas en los sistemas productivos comerciales y de traspato (Aranguren-Méndez et al., 2001).

FAO (2015) plantea que, para conservar es necesario caracterizar a las poblaciones, y en respuesta a esto, propone que para caracterizar se deben incluir tres áreas complementarias entre sí, siendo estas la caracterización del entorno (estudia el ambiente, tanto natural como el propiciado por los ganaderos), la fenotípica (abarca la descripción morfológica y la productiva) y la genética (permite comprobar el estado de la variabilidad o diversidad genética).

La caracterización genética, es de suma importancia para el manejo genético de poblaciones, para evaluar el estado de diversidad y evitar los factores que llevan a una endogamia excesiva. La información que aportan los marcadores moleculares es la base para la determinación de estrategias de mejoramiento y de programas genéticos de conservación (Pimentel et al., 2003; Azhar et al., 2018). La caracterización demográfica, consiste en una estimación de los efectivos y su estructura poblacional; la molecular, permite analizar la diversidad o variabilidad genética intrarracial e interracial, siendo

la importancia relativa de ambas lo que permite comprender las estructuras de las poblaciones, su historia y la programación de su gestión. La diversidad genética se define como la variabilidad de alelos en una población y la caracterización genética es un paso principal en cualquier programa de conservación de los recursos genéticos (FAO, 2011; Gama, 2020).

Como reportó Smith (1996), los caracteres morfológicos presentan limitaciones para describir la diversidad genética dentro de una misma especie, por ser poligénicos y su expresión puede verse modificada por el medio ambiente. Su empleo en los estudios para la identificación de poblaciones ha sido complementado por métodos genéticos directos, donde el uso de marcadores moleculares del ADN cobra relevancia, ya que permite conocer la variabilidad genética y su distribución, así como identificar alelos raros que indiquen la presencia de variantes genéticas únicas (FAO, 2018).

Este trabajo se enmarca dentro del BioOvis consortium de la Red para la Conservación de la Biodiversidad de los Animales Domésticos Locales para el Desarrollo Rural Sostenible (Red CONBIAND), donde se desarrollan estudios de caracterización y conservación de genotipos locales, que contemplan a las poblaciones criollas como los ovinos del oeste formoseño (AROF), las cuales descienden de las especies ganaderas domésticas, que fueron

Tabla I. Información técnica de los marcadores microsatélites empleados. (*Technical information of the microsatellite markers used*).

Marcador	R	AC	CHR	Referencias
BM1824 [†]	171 - 177	G18394	1	(Bishop et al., 1994)
BM6506 [†]	147 - 216	G18455	1	(Bishop et al., 1994)
BM6526 [†]	149 - 175	G18454	1	(Bishop et al., 1994)
CSR247 [†]	213 - 259	EU009450	14*	(Davies et al., 1996)
CSSM66 [†]	163 - 215	AF232764	9	(Moore et al., 1997)
D5S2 [†]	176 - 206	Z14040	5*	(Vaiman et al., 1994)
ETH010 [†]	201 - 221	Z22739	5*	(Solinas Toldo et al., 1993)
ETH225 [†]	132 - 160	SD	9	(Steffen et al., 1993)
HSC [†]	268 - 302	M90759	20	(Blattman & Beh, 1992)
ILSTS011 [†]	268 - 292	L23485	9	(Brezinsky et al., 1993)
INRA035 [†]	104 - 145	X68049	12	(De Gortari et al., 1997)
INRA063 [†]	157 - 195	X71507	14	(Vaiman et al., 1994)
MAF065 [†]	126 - 146	M67437	15	(Buchanan et al., 1992)
McM527 [†]	160 - 186	L34277	5	(Hulme et al., 1994)
OarAE129 [†]	133 - 159	L11051	5	(Penty et al., 1993)
OarCP20 [†]	66 - 92	U15695	21	(Ede et al., 1995a)
OarCP34 [†]	106 - 126	U15699	3	(Ede et al., 1995b)
OarCP49 [†]	85 - 107	U15702	17	(Ede et al., 1995b)
OarFCB011 [†]	119 - 147	L01531	9	(Buchanan & Crawford, 1993)
OarFCB304 [†]	137 - 193	L01535	19	(Buchanan & Crawford, 1993)
RM006 [†]	115 - 139	U32911	5	(Kossarek et al., 1993)
SPS115 [†]	236 - 254	FJ828565	15	(Moore & Byrne, 1993)
TGLA126 [†]	111 - 157	SD	16	(Georges & Massey, 1992)

* Relativo al mapa de *linkage* bovino (no mapeado en *Ovis orientalis aries*).

R: rango de tamaños en pares de bases. AC: número de acceso NBCL. CHR: cromosoma. SD: sin datos.

introducidas durante la conquista española y portuguesa (Delgado, 2007).

El objetivo fue estimar las distancias genéticas entre la población AROF y otros ovinos criollos locales de América mediante el cálculo de estadísticos F y distancias genéticas de Nei.

Material y métodos

Los predios donde se obtuvieron las muestras se sitúan en 13 localidades: Pozo de Maza, Juan Gregorio Bazán, El Quemado Nuevo, Sumayén, El Palmar, Embalse de la Laguna, Reserva del barrio Toba, Campamento Melisa, El Cañón, El Palo Santo, El Cantor, Vaca Muerta y El Gauchito; todos pertenecientes a la región semiárida de la provincia de Formosa (Argentina). La región posee un clima subtropical cálido, con estación seca, predominando el tipo continental, con un régimen pluviométrico cercano a 700 mm anuales.

Los animales corresponden a 22 establecimientos de traspato cuyo objetivo radica en la seguridad alimentaria de pequeños productores, siendo sistemas mixtos, ya que se dedican a varias especies ganaderas (principalmente ovinos, caprinos, bovinos, porcinos y gallinas ponedoras), asociado a agricultura para consumo propio.

Se recolectaron 45 muestras de sangre seca en papel de filtro (OMS, 2016) de ovinos criollos del oeste formoseño (AROF), 15 machos y 30 hembras. Los animales cumplían con las recomendaciones de la FAO para estudios de diversidad genética (no emparentados, siendo representativos de la población) (FAO, 2011), y atendiendo a la descripción morfológica, lograda por estudios anteriores del grupo de investigación (De la Rosa et al., 2012; 2013; 2016).

Se emplearon 23 marcadores microsatélites (FAO/ISAG), comunes a los 510 individuos estudiados, pertenecientes a 13 genotipos locales: Argentina (Salta, Santiago del Estero, Corrientes y Buenos Aires), Bolivia, Brasil, Chile, Ecuador, México, Paraguay, Perú y Uruguay (ver tabla I y II). El banco de datos corresponde al BiOvis Consortium de la Red CONBIAND.

Mediante el protocolo empleado por el laboratorio de Genética Molecular Aplicada (Grupo de Investigación PAI AGR-218, de la Fac. de Veterinaria de la Universidad de Córdoba, UCO), se realizó la extracción de ADN y la subsecuente amplificación mediante la técnica de la reacción en cadena de la polimerasa (PCR), para posteriormente detectar los polimorfismos por electroforesis en gel de poliacrilamida en un secuenciador automático de manera de separar por tamaño los fragmentos obtenidos previamente. Se registraron e identificaron los alelos de cada uno de los microsatélites y los genotipos de todos los animales.

Mediante el programa GENETIX v.4.05 (Belkhir et al., 2004), se calcularon los estadísticos F (Weir & Cockerham, 1984): índice de fijación de los individuos respecto a las subpoblaciones (f); de los individuos respecto al total de la población (F); y entre subpoblaciones (θ), los valores de p se obtuvieron en base a 1000 bootstraps con un intervalo de confianza del 95%. Se confeccionó la

matriz θ entre pares de poblaciones.

Posteriormente, utilizando el programa POPULATIONS v. 1.2.28 (Langella, 2007), se calcularon las distancias genéticas entre poblaciones, DA de Nei (Nei, 1983). Con la matriz de distancias obtenida se construyó un árbol de distancias mediante el algoritmo Neighbor-Joining, el cual se visualizó y editó a través del programa MEGA v.7.0.26 (Kumar et al., 2016).

Tabla II. Poblaciones incluidas para el estudio de distancias genéticas entre el ovino criollo del oeste formoseño y otros ovinos locales de América. (*Populations included for the study of genetic distances between the Criollo del Oeste Formoseño sheep and other local sheep of America*).

Población/raza	Acrónimo	n	Procedencia
Criollo del oeste formoseño	AROF	45	Argentina
Criollo Corrientes	ARCO	30	Argentina
Criollo 25 de mayo	ARMY	29	Argentina
Criollo Salta	ARSA	28	Argentina
Criollo Santiago del Estero	ARSE	29	Argentina
Criollo boliviano	BOL	59	Bolivia
Pantaneiro	PANT	47	Brasil
Chiloe	CHILOE	33	Chile
Criollo de Ecuador	ECU	20	Ecuador
Criollo paraguayo	PGY	42	Paraguay
Criollo peruano	PER	68	Perú
Criollo uruguayo	UR	48	Uruguay
Criollo de Oaxaca	OXA	33	México

Resultados y discusión

Las medias obtenidas para los estadísticos F de Weir & Cockerham (intervalos de confianza) fueron $f=0,077$ (0,052 - 0,110); $F=0,148$ (0,120 - 0,182) y $\theta=0,076$ (0,064 - 0,090). El valor de θ multilocus indica que el 7,6% del total de la variación genética corresponde a las diferencias raciales, mientras que el 92,4% restante es atribuible a diferencias entre individuos dentro de grupos/razas.

Para contextualizar, los valores hallados en los dos primeros estadísticos fueron menores que los promedios informados en majadas de Indonesia por Jakaria et al. (2012) en un estudio de diversidad genética en ovinos locales. Similares resultados al índice entre subpoblaciones (F_{ST}/θ) a los aquí reportados son los que Jakaria et al. (2012) encontraron en los ovinos indonesios y a los hallados en razas comerciales europeas por Davenport et al. (2020). El mismo índice de diferenciación fue mayor a los publicados por Love-Stowell et al. (2020) en 13 poblaciones de ovinos silvestres de Estados Unidos de América, a los publicados en ovinos locales de Rumania (Dudu et al., 2020) y a los correspondientes a cuatro regiones de Guinea-Bissau (Dayo et al., 2022). Estos resultados indican que los ovinos criollos poseen una diferenciación aceptable y moderada, lo cual condice con los antecedentes históricos sobre el origen a dichas poblaciones.

Tabla III. Distancias genéticas estimadas entre poblaciones, θ de Weir y Cockerham arriba de la diagonal y las distancias de Nei debajo de la diagonal. (*Estimated genetic distances between populations, Weir and Cockerham's θ above the diagonal and Nei distances below the diagonal*).

Razas	AROF	ARCO	ARMY	ARSA	ARSE	BOL	PANT	CHILOE	ECU	OXA	PGY	PER	UR
AROF		0,050	0,118	0,079	0,059	0,053	0,067	0,048	0,087	0,055	0,082	0,064	0,132
ARCO	0,136		0,093	0,070	0,041	0,049	0,050	0,046	0,063	0,070	0,075	0,060	0,153
ARMY	0,238	0,204		0,102	0,122	0,090	0,111	0,108	0,120	0,119	0,116	0,100	0,199
ARSA	0,179	0,156	0,207		0,063	0,057	0,063	0,065	0,086	0,085	0,085	0,073	0,141
ARSE	0,159	0,137	0,242	0,153		0,057	0,057	0,067	0,082	0,070	0,077	0,065	0,141
BOL	0,134	0,144	0,196	0,154	0,159		0,038	0,031	0,040	0,044	0,049	0,036	0,131
PANT	0,175	0,162	0,272	0,194	0,194	0,150		0,038	0,042	0,049	0,053	0,045	0,127
CHILOE	0,129	0,136	0,232	0,182	0,199	0,118	0,148		0,053	0,046	0,047	0,038	0,116
ECU	0,176	0,173	0,240	0,200	0,202	0,134	0,149	0,138		0,084	0,072	0,048	0,134
OXA	0,157	0,194	0,277	0,227	0,200	0,149	0,180	0,156	0,186		0,071	0,054	0,175
PGY	0,158	0,180	0,243	0,212	0,200	0,132	0,152	0,137	0,190	0,186		0,059	0,132
PER	0,14	0,154	0,225	0,194	0,180	0,116	0,149	0,121	0,136	0,136	0,151		0,110
UR	0,229	0,299	0,34	0,284	0,279	0,255	0,283	0,229	0,232	0,326	0,271	0,228	

AROF: Criollo del oeste formoseño. ARCO: Criollo Corrientes. ARMY: Criollo 25 de mayo. ARSA: Criollo Salta. ARSE: Criollo Santiago del Estero. BOL: Criollo boliviano. PANT: Pantaneiro. CHILOE: Chiloe. ECU: Criollo de Ecuador. PGY: Criollo paraguayo. PER: Criollo peruano. UR: Criollo uruguayo. OXA: Criollo de Oaxaca.

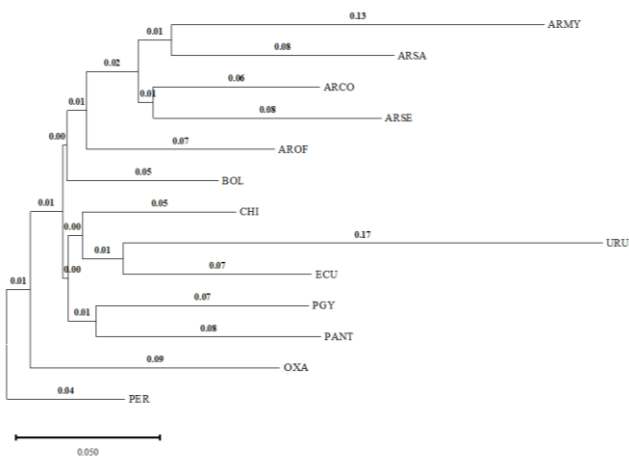


Figura 1. Árbol de distancias DA (Nei, 1983), construido con el método NJ. Ver referencias en tabla II. (*DA distance tree (Nei, 1983), built with the NJ method. See references in table II*).

AROF: Criollo del oeste formoseño. ARCO: Criollo Corrientes. ARMY: Criollo 25 de mayo. ARSA: Criollo Salta. ARSE: Criollo Santiago del Estero. BOL: Criollo boliviano. PANT: Pantaneiro. CHILOE: Chiloe. ECU: Criollo de Ecuador. PGY: Criollo paraguayo. PER: Criollo peruano. UR: Criollo uruguayo. OXA: Criollo de Oaxaca.

En la tabla III se encuentra la matriz de theta por pares y DA de Nei. Para las primeras, AROF presenta distancias moderadas con respecto a las poblaciones evaluadas, a excepción de ARMY y UR, donde se pueden observar valores de θ mayores a 0,1. El menor indicador se encontró entre la población chilena y la boliviana ($\theta=0,31$).

Para DA, se corrobora cierta cercanía entre AROF con los ovinos de Corrientes (0,136), de Bolivia (0,134), de Chile (0,129) y de Perú

(0,14); y los mayores valores son con las majadas de 25 de mayo (Buenos Aires) (0,238) y de Uruguay (0,228). En general, las menores distancias se observaron entre la población boliviana con la peruana y con la chilena.

Cabe destacar que, para ambas matrices consideradas, las majadas de ARMY y UR fueron las que mayores distancias presentaron, tanto entre ellas como con el resto de los genotipos incluidos en el estudio.

En el árbol de Nei, se puede observar que se separan individualmente la población peruana y luego la mexicana, diferenciándose del resto de las criollas. Se conforman dos agrupaciones, la primera incluye a los genotipos de Argentina y Bolivia, dentro del cual, la majada boliviana se aparta en primer lugar, y luego, los ovinos de Formosa se diferencian del resto de las majadas argentinas. El segundo grupo, se halla conformado por las poblaciones de Chile, Uruguay, Ecuador, Paraguay y Brasil.

Al considerarse las distancias genéticas, se puede apreciar la cercanía que presenta AROF con otras poblaciones criollas, coincidiendo con lo publicado por Ensminger & Parker (1986) y Carrazoni (1997), que fueron introducidos a la región actual norte de Argentina, a partir del descenso hacia el sur pasando el Estado del Alto Perú, de los animales ingresados a México y norte de Sudamérica entre los siglos XV y XVI, lo cual explicaría la distancia mayor con los ovinos del sur, cuyos ingresos directos se realizaron desde el Río de la Plata.

La agrupación entre las poblaciones argentinas y la boliviana es consistente con las observadas en los análisis de distancias genéticas, ya que se presentan una estrecha relación geográfica y filogenética, salvo ARMY, todas pertenecen al Gran Chaco Americano (CIA, 2016) y descienden de un tronco ibérico común,

situación similar a la reportada por Delgado et al. (2009) y Aguilar-Martínez et al. (2017) con los genotipos deslanados norteamericanos, de las Islas del Caribe y africanos.

Conclusiones

Considerando los resultados obtenidos en los estadísticos F y distancias genéticas de Nei, se concluye que la población ovina criolla del oeste formoseño comparte alelos con otros genotipos criollos, principalmente con aquellos geográficamente próximos, ubicados dentro de la región del Gran Chaco Americano como el genotipo boliviano y los argentinos de Corrientes, Santiago del Estero y Salta.

Bibliografía

- Aguilar-Martínez C.U., Berruecos-Villalobos J.M., Espinoza-Gutiérrez B., Segura-Correa J.C., Valencia-Méndez J. & Roldán-Roldán A. 2017. Origen, historia y situación actual de la oveja pelibuey en México. *Tropical and Subtropical Agroecosystems*, 20(3), 429-439.
- Aranguren Méndez J., Jordana J. & Gómez M. 2001. Genetic diversity in Spanish donkey breeds using micrisatellite DNA markers. *Genetics Selection Evolution*, 33, 243-252.
- Azhar P.M., Chakraborty D., Iqbal Z. & Malik A.A. 2018. Microsatellite Markers as a Tool for Characterization of Small Ruminants: A Review. *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*, 7(1), 1330-1342.
- Belkhir K., Borsa P., Chikhi L., Raufaste N. & Bonhomme F. 2004. GENETIX 4.05, Windows™ software for population genetics. University of Montpellier II.
- Carrazoni J. 1997. Crónicas del campo argentino: nuestras raíces agropecuarias. Buenos Aires, Argentina. Academia Nacional de Agronomía y Veterinaria, 405.
- CIA - Central Intelligence Agency. 2016. The CIA world factbook 2017. Pub. Skyhorse.
- Davenport K.M., Hiemke C., McKay S.D., Thorne J.W., Lewis R.M., Taylor T. & Murdoch B.M. (2020). Genetic structure and admixture in sheep from terminal breeds in the United States. *Animal Genetics*, 51(2), 284-291.
- Dayo, G. K., Houaga, I., Somda, M. B., Linguelegue, A., Ira, M., Konkobo, M., Djassi, B., Gomes, J., Sangare, M., Cassama, B. & Yapi-Gnaore, C. V. 2022. Morphological and microsatellite DNA diversity of Djallonké sheep in Guinea-Bissau. *BMC Genomic Data*, 23(1), 1-17.
- De La Rosa S., Revidatti M., Tejerina E., Cappello-Illada J., Orga A. & Morales V. 2013. Datos preliminares de índices productivos en ovinos criollos de la región semiárida de Formosa. Argentina. *Actas Iberoamericanas de Conservación Animal*, 3(1), 107-110.
- De La Rosa S., Revidatti M., Tejerina E., Orga A., Cappello J. & Petrini J. 2012. Estudio para la caracterización de la oveja criolla en la región semiárida de Formosa, Argentina. *Actas Iberoamericanas de Conservación Animal*, 2(1), 87-94.
- De La Rosa S.A., Revidatti M.A., Cappello-Villada J.S. & Tejerina E.R. 2016. La oveja formoseña: un recurso local de alto valor social. *Quehacer Científico en Chiapas*, 11 (1), 70-83.
- Delgado J. 2007. Un estudio sociogenético de la colonización zootécnica Iberoamericana. *Memorias VIII Simposio Iberoamericano sobre utilización de recursos zoogenéticos*, Quevedo. Ecuador, Red CONBIAND, 1-21.
- Delgado J., León J., Gómez M., Nogales S. & Camacho M. 2009. Las razas ovinas Ibéricas y su participación en la colonización Iberoamericana. *Biodiversidad ovina Iberoamericana*. Delgado J. & Nogales S. Córdoba, España. Red CONBIAND, 17-33.
- Dudu A., Popa G.-O., Ghiță E., Pelmuş R., Lazăr C., Costache M. & Georgescu S.E. 2020. Assessment of genetic diversity in main local sheep breeds from Romania using microsatellite markers. *Archives animal breeding*, 63(1), 53-59.
- Ensminger, M.E. & Parker R.O. 1986. *Sheep and Goat Science*. 5° Ed. Danville, Illinois: The Interstate Printers and Publishers Inc.
- FAO. 2011. *Molecular genetic characterization of animal genetic resources*. FAO Animal Production and Health Guidelines. Roma, Italia. FAO, 100.
- FAO. 2015. *The second report on the state of the world's animal genetic resources for food and agriculture*. Roma, Italia.
- FAO. 2018. *Agricultura sostenible y biodiversidad: un vínculo indisoluble*. Retrieved 26/02/2020, from <http://www.fao.org/3/a-i6602s.pdf>.
- Gama L.T. 2020. Importancia de la diversidad genética y su conservación. *Curso Internacional: La genómica y su aplicación en la conservación y caracterización de los Recursos Zoogenéticos*. Bogotá, Colombia, Organizan: IMAGE & AGROSAVIA.
- Jakaria J., Zein M., Sulandari S., Subandriyo S. & Muladno M. 2012. The use of Microsatellite Markers to Study Genetic Diversity in Indonesian sheep. *Journal of the Indonesian Tropical Animal Agriculture*. 37(1), 1-9.
- Kumar S., Stecher G. & Tamura K. 2016. MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 7.0 for bigger datasets. *Molecular biology and evolution*, 33(7), 1870-1874.
- Langella O. 2007. Populations 1.2. 30: Population genetic software (individuals or population distances, phylogenetic trees). Retrieved 30/10/2021, from <http://bioinformatics.org/~tryphon/populations/>.
- Love-Stowell S.M., Gagne R.B., McWhirter D., Edwards W. & Ernest H.B. 2020. Bighorn sheep genetic structure in Wyoming reflects geography and management. *The Journal of Wildlife Management*, 84(6), 1072-1090.
- Nei M. 1983. Genetic polymorphism and the role of mutation in evolution. *Evolution of genes and proteins*, 71, 165-190.
- OMS-Organización Mundial de la Salud. 2016. Preparación de muestras de sangre seca en papel de filtro. WHO/HTM/GMP/MM/SOP/2016.10, Versión 1, 1-4.
- Pimentel L., Tambasco-Talhari D., Pozzi A., Lehmann L. & Correia de Almeida L. 2003. Genetic characterization of Aberdeen Angus cattle using molecular markers. *Genetics and Molecular Biology*, 26(2), 133-137.
- Smith P.J. 1996. La diversidad genética de los recursos pesqueros marinos: posibles repercusiones de la pesca. *FAO Doc. Tec. Pes.*, 344.
- Weir B.S. & Cockerham C.C. 1984. Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution*, 38(6), 1358-1370.