

GENETSKE RAZLIKE MED ISTRSKO PRAMENKO, BOVŠKO OVCO IN JEZERSKO-SOLČAVSKO OVCO

Tatjana KAVAR^{a)}, Drago KOMPAN^{b)} in Peter DOVČ^{c)}

^{a)} Univ. v Ljubljani, Biotehniška fak., Odd. za zootehniko, Groblje 3, SI-1230 Domžale, Slovenija, dr., mag.

^{b)} Isti naslov, viš. pred., mag.

^{c)} Isti naslov, prof., dr.

Delo je prispelo 30. septembra 2002, sprejeto 15. novembra 2002.

Received September 30, 2002, accepted November 15, 2002.

IZVLEČEK

Z namenom, da bi ocenili genetsko sorodnost med tremi slovenskimi avtohtonimi pasmami ovc smo proučevali razlike na mikrosatelitnih lokusih: MAF214, OarCP49, OarFCB11, MAF65, McM42, TGLA53, McM527 in OarAE119. Genotipizacija 95 istrskih pramenk (ISP), 272 bovških ovc (B) in 42 jezersko-solčavskih ovc (JS) je pokazala, da so za vse tri pasme večinoma značilni enaki aleli, oz. še več, 12 alelov je pogostih (> 10 %) v vseh treh pasmah. Na vsakem od lokusov smo našli tudi 1–5 privatnih alelov. Osem alelov je bilo specifičnih za ISP, 8 za B in 3 za JS. Korespondenčna analiza in analiza uvrščanja genotipov osebkov v ustrezno pasmo kažeta, da se večina osebkov pasme ISP uvršča v svojo skupino, medtem ko se porazdelitvi B in JS, zaradi več zelo podobnih genotipov v obeh pasmah, delno prekrivata. Ocene genetskih razdalj potrjujejo višjo sorodnost med B in JS ($F_{ST} = 0,044$) kot med ISP in B ($F_{ST} = 0,064$) ali med ISP in JS ($F_{ST} = 0,075$). Okrog 6 % delež variance, ki izhaja iz razlik med pasmami (F_{ST} vrednost), kaže, da razlike med pasmami niso prav velike. Menimo, da so rezultati v skladu s hipotezo o skupnem nastanku B in JS iz domače primitivne bele ovce, oz. nastanku ISP iz nekoliko bolj oddaljene pramenke »Zackel« ovce. Šele nadaljnje analize pa bodo lahko osvetlile vplive padovanske in bergamaške ovce, ki sta verjetno sodelovali pri nastanku JS, pa tudi vplive drugih sojev pramenk na ISP.

Ključne besede: ovce / avtohtone pasme / molekularna genetika / mikrosatelitni lokusi / genetske razlike / Slovenija

GENETIC DIFFERENTIATION AMONG ISTRIAN PRAMENKA, BOVŠKA SHEEP AND JEZERSKO-SOLČAVSKA SHEEP

ABSTRACT

We studied genetic relationship among three Slovenian autochthonous sheep breeds using microsatellite loci: MAF214, OarCP49, OarFCB11, MAF65, McM42, TGLA53, McM527 and OarAE119. Genotyping of 95 Istrian pramenka (ISP), 272 Bovška sheep (B) and 42 Jezersko-Solčavska sheep (JS) revealed in basically the same alleles in all the breeds. Furthermore, 12 alleles were frequent (> 10 %) in each of the breeds studied. However, we also detected 16 breed-specific alleles, 8 in ISP, 8 in B and 3 in JS. The correspondence analysis and assignment of individual genotypes to populations showed that the majority of ISP individuals formed one separate group, whereas groups of B and JS individuals were not clearly separated, probably due to many highly similar genotypes in both breeds. Estimation of genetic distances (pairwise F_{ST} values) confirmed closer relatedness of B and JS ($F_{ST} = 0.044$) than of ISP and B ($F_{ST} = 0.064$) or ISP and JS ($F_{ST} = 0.075$). About 6 % of the total variation which can be assigned to genetic differences among breeds (F_{ST} value) suggested that differences among breeds are not very large. We think that these results are in agreement with the hypothesis about the common origin of BS

and JS in native primitive white sheep and origin of ISP in slightly distant "Zackel" sheep. However, to clarify the origin of Slovenian sheep breeds, additional studies of breeds which were probably involved in the origin of JS (Bergamasca and Padua sheep) and other "Pramenka" breeds should be performed.

Key words: sheep / autochthonous breeds / molecular genetics / microsatellite loci / genetic differentiation / Slovenia

UVOD

V Sloveniji imamo tri avtohtone pasme ovc: jezersko-solčavsko ovco, bovško ovco in istrsko pramenko. Jezersko-solčavska ovca je namenjena predvsem mesni reji in naj bi nastala s križanjem primitivne domače bele ovce z bergamaško in padovansko ovco. Bovška ovca spada v skupino mlečnih ovc in naj bi izvirala iz prvotne bele ovce oz. prav tako kot jezersko-solčavska ovca iz domače bele ovce v nemški literaturi imenovane »Zaupelschaf« (Zagožen, 1984). Istrska pramenka spada v skupino pramenk. Njen prednik naj bi bila domača primitivna bela ovca, znana pod imenom »Zackelschaf« (Kompan in sod., 1996).

Nekaj informacij o nastanku in morebitni sorodnosti pasem torej je na voljo, vendar vsa temeljijo na fenotipskih in zgodovinskih podatkih. V okviru testiranja porekla, izvedenega z osmimi mikrosatelitnimi lokusi, smo pridobili večje število genetskih podatkov. Ker so se mikrosatelitni lokusi, kljub nekaterim pomanjkljivostim, že večkrat izkazali kot primerni za proučevanje genetske sorodnosti med pasmami, tudi med pasmami ovc (Buchanan in sod., 1994; Arranz in sod., 1998;), smo se odločili, da zbrane podatke analiziramo tudi z vidika sorodnosti med populacijami. S tem smo dobili začetne informacije o tistih razlikah med slovenskimi pasmami ovc, na katere selekcija ni vplivala.

V ta namen smo proučili razlike, tako na ravni osebkov, kot na ravni pasem. Za proučevanje razlik na ravni osebkov smo izvedli korespondenčno analizo in preverili, če se genotipi osebkov uvrščajo v ustrezno pasmo. Za proučevanje razlik na ravni pasem smo izračunali frekvence alelov, genetske razdalje med posameznimi pasmami in delež variance, ki izhaja iz razlik med pasmami (F_{ST} vrednost).

Zbrane rezultate smo primerjali tudi z zgodovinskimi podatki o slovenskih pasmah ovc. V starih zapisih ločijo v glavnem med jezerskimi in pokrajinskimi ovcami, pri čemer naj bi bile pokrajinske ovce tiste, ki se ne odlikujejo s posebno dobrimi užitki (dohodki) (Dular, 1895). Pokrajinske ovce naj bi bile tudi majhne, po barvi črne, bele ali pisane (cikaste) ovce na Goriškem in v Istri (Dular, 1895). Opis ustreza današnjim istrskim pramenkam. Dular (1895) o jezerskih ovcah piše, da naj bi nastale tako, da so Korošci domače ovce plemenili z bergamaškimi ali verjetneje s padovanskimi ovni. Omenja tudi trbiške ovce, ki naj bi bile precej podobne jezerskim ovcam. Piše tudi, da nekateri razločujejo med jezersko in trbiško ovco (ukviško), da pa sam nikoli ni našel posebnih razlik. Da bi bile trbiške ovce lahko prednice današnjih bovških ovc, kaže poleg imena (Trbiž ni daleč od Bovca ali Trente), tudi Bleiweisov zapis o trbiški ovci, ki omenja da so bolj mlečne tiste ovce s kratkimi ušesi (1871, cit. po Kompan in sod., 1996). Kratki uhlji in visoka mlečnost pa sta prav značilnost današnjih bovških ovc (Kompan in sod., 1996).

MATERIAL IN METODE

Genotipizirali smo osem mikrosatelitnih lokusov za 95 istrskih pramenk, 272 bovških ovc in 42 jezersko-solčavskih ovc. Krvni vzorci živali so bili zbrani v letih 1998 do 2002. DNK smo izolirali iz krvnih vzorcev s fenolkloroformsko ekstrakcijo (Goldfarb, 1981). Mikrosatelitne lokuse (MAF214, OarCP49, OarFCB11, MAF65, McM42, TGLA53, McM527 in OarAE119) smo izbrali izmed objavljenih polimorfnih mikrosatelitnih markerjev (pregl. 1). Izbrane lokuse

smo pomnožili s polimerazno verižno reakcijo (PCR) z mikroprocesorsko vodenim termostatom MJ Research PTC100 pod naslednjimi pogoji: začetna denaturacija 5 min pri 95 °C, 13 ciklov po 15 s pri 95 °C / 30 s pri 65 °C do 53 °C (vsak cikel za 1 °C nižje) / 1 min pri 72 °C, 21 ciklov pri 15 s pri 95 °C / 30 s pri 52 °C / 1 min pri 72 °C in končna sinteza 10 min pri 72 °C. Pomnoževali smo po štiri mikrosatelitne lokuse hkrati (MAF214, OarCP49, OarFCB11 OarAE119 oz. MAF65, McM42, TGLA53 in McM527) v 10 µl reakciji, ki je vsebovala: 1 x PCR pufer II (*Perkin Elmer*), 50 µM dNTP; 2,0 mM MgCl₂, 0,5 U *Taq* DNA Polimeraze (*Perkin Elmer*) in 2,5 pmol vsakega od začetnih oligonukleotidov. Genotipizacijo smo izvedli z avtomatskim sekvenatorjem ABI Prism 310 (*Applied Biosystems*).

Preglednica 1. Seznam mikrosatelitnih lokusov

Table 1. List of microsatellite loci

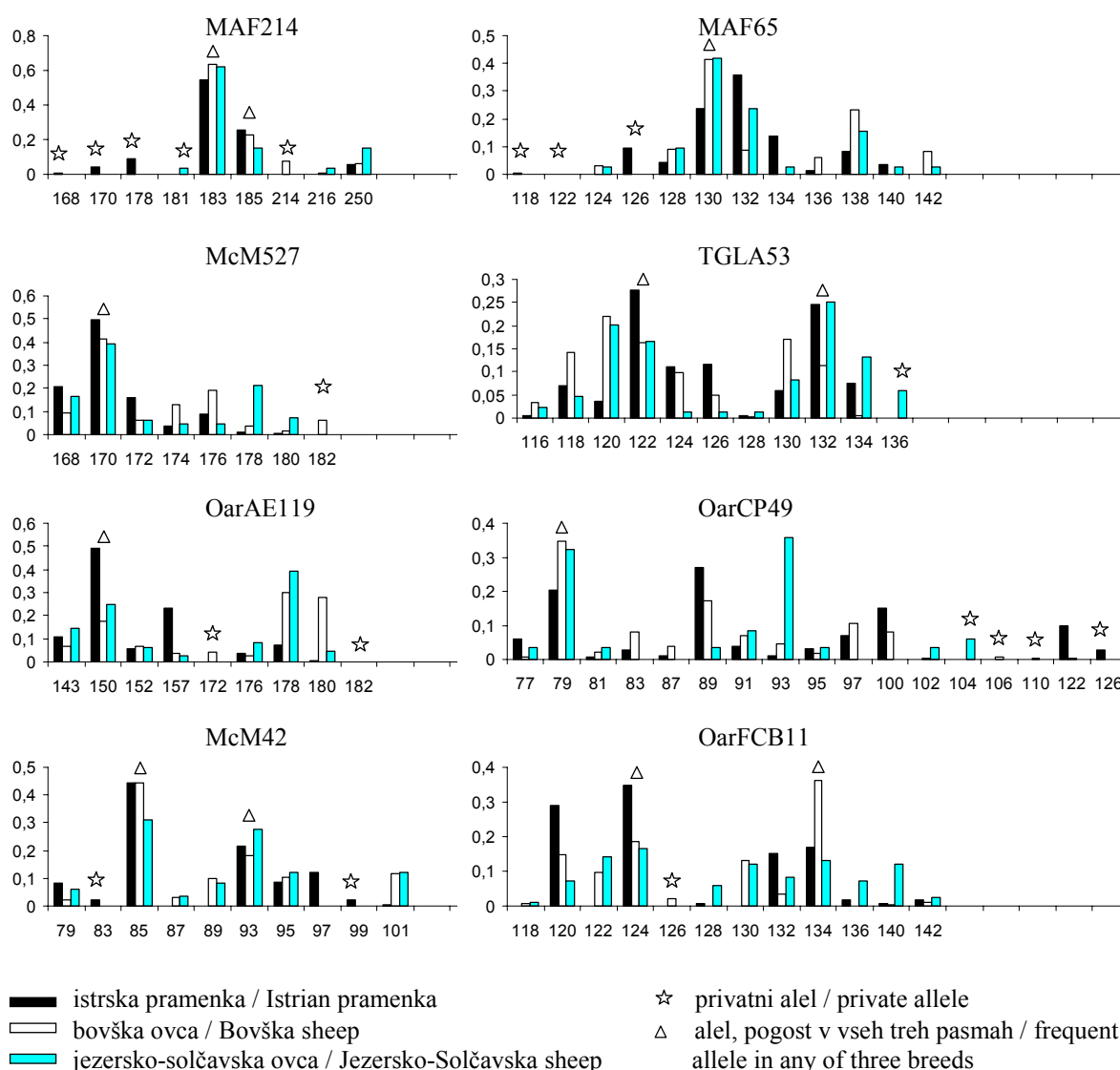
Lokus Locus	Začetni oligonukleotidi (5'-3') Primers (5'-3')	Vir Reference
MAF214	GGG TGA TCT TAG GGA GGT TTT GGA GG AAT GCA GGA GAT CTG AGG CAG GGA CG	Buchanan in Crawford, 1992 Buchanan and Crawford, 1992
MAF65	AAA GGC CAG AGT ATG CAA TTA GGA G CCA CTC CTC CTG AGA ATA TAA CAT G	Buchanan in sod., 1992 Buchanan and Crawford, 1992
McM42	CAT CTT TCA AAA GAA CTC CGA AAG TG CTT GGA ATC CTT CCT AAC TTT CGG	Silk in sod., 1994 Silk <i>et al.</i> , 1994
McM527	GTC CAT TGC CTC AAA TCA ATT C AAA CCA CTT GAC TAC TCC CCA A	Hulme in sod., 1994 Hulme <i>et al.</i> , 1994
TGLA53	CAG CAG ACA GCT GCA AGA GTT AGC CTT TCA GAA ATA GTT TGC ATT CAT GCA G	Georges in Massey, 1992 Georges and Massey, 1992
OarAE119	CTC AGC AAA TGG TTC CTG GGC ACC TTT TAT AGT GAG GTG ACC ACT TGA TG	Penty in sod., 1993 Penty <i>et al.</i> , 1993
OarCP49	CAG ACA CGG CTT AGC AAC TAA ACG C GTG GGG ATG AAT ATT CCT TCA TAA GG	Ede in sod., 1995 Ede <i>et al.</i> , 1995
OarFCB11	GGC CTG AAC TCA CAA GTT GAT ATA TCT ATC AC GCA AGC AGG TTC TTT ACC ACT AGC ACC	Buchanan in Crawford, 1993 Buchanan and Crawford, 1993

Frekvence alelov smo izračunali s programom Cervus (Marshall, 1998). Korespondenčno analizo smo izvedli s programom Genetix (Belkhir in sod. 1998), pri čemer so bili osebk, ki nimajo določenega alela, označeni z vrednostjo 0, osebk, ki imajo alel v heterozigotni obliki, z vrednostjo 1 in osebk, ki imajo alel v homozigotni obliki, z vrednostjo 2. Genetske razdalje med pasmami (F_{ST} vrednosti med pari populacij) smo izračunali s programom Arlequin (Schneider in sod., 2000). Z istim programom smo izvedli tudi analizo AMOVA (Weir in Cockerham, 1984; Excoffier in sod., 1992, Weir, 1996) in preverili, ali se genotipi osebkov uvrščajo v pravo pasmo, pri čemer je uvrščanje temeljilo na frekvencah alelov, značilnih za kandidatne pasme. Obe metodi sta natančno opisani v priročniku programa Arlequin (Schneider in sod., 2000).

REZULTATI

Frekvence alelov

Večino alelov smo našli v vseh treh pasmah, na vsakem od proučevanih lokusov pa tudi enega do pet za pasmo značilnih, privatnih alelov. Te privatne alele smo na sliki 1 označili z zvezdicami. Po osem jih je bilo specifičnih za istrsko pramenko in bovško ovco, trije pa za jezersko-solčavsko ovco. Našli smo tudi več alelov, ki so pogosti v vseh treh pasmah. Te, kot kaže, splošno razširjene alele, smo na sliki 1 označili s trikotniki.

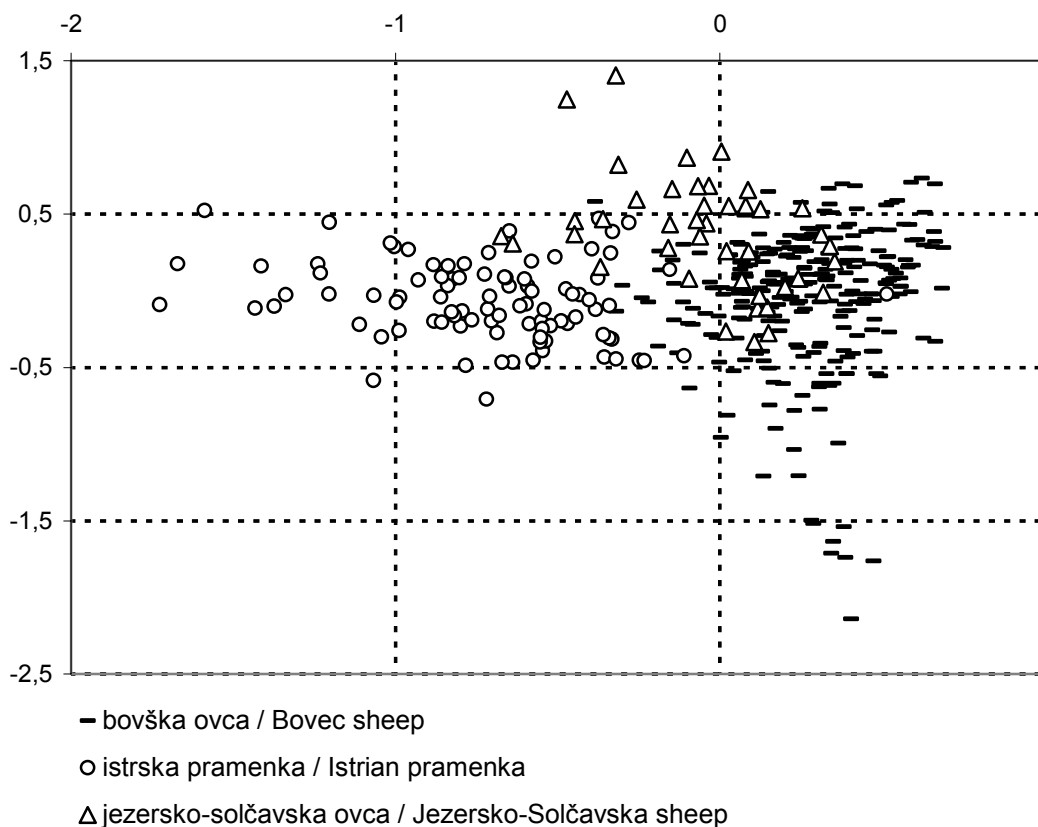


Slika 1. Porazdelitev frekvenc alelov na osmih mikrosatelitnih lokusih za istrsko pramenko, bovško ovco in jezersko-solčavsko ovco.

Figure 1. Allele frequency distribution at eight microsatellite loci in Istria pramenka, Bovška sheep and Jezersko-Solčavska sheep.

Korespondenčna analiza

Večino istrskih pramenk korespondenčna analiza uvrsti v svojo skupino, medtem ko se porazdelitvi jezersko-solčavskih in bovških ovc, zaradi zelo podobnih genotipov v obeh pasmah, delno prekrivata (slika 2). Podobni genotipi, ki jih lahko najdemo v obeh pasmah so verjetno rezultat kombinacije visoke pogostosti splošno razširjenih alelov in nizke pogostosti za posamezno pasmo specifičnih alelov. Višja pogostost alelov, značilnih za istrsko pramenko, zato verjetno prispeva k boljšemu razlikovanju istrskih pramenk od jezersko-solčavskih in bovških ovc.



Slika 2. Korespondenčna analiza osebkov pasem istrska pramenka, bovška ovca in jezersko-solčavska ovca.

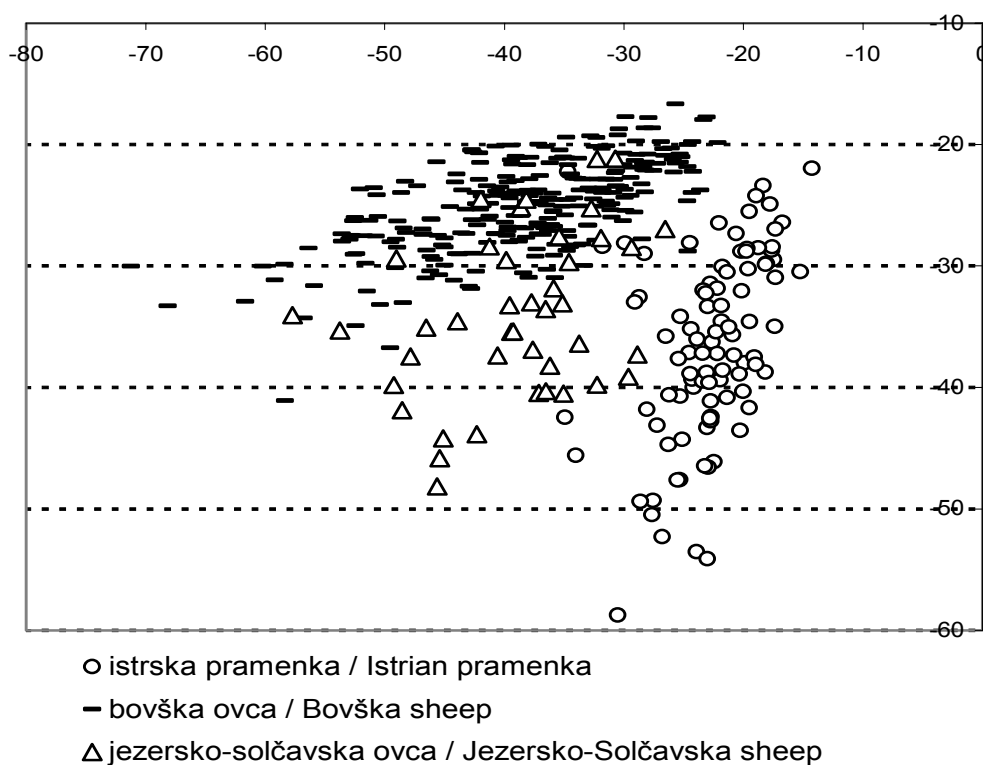
Figure 2. Correspondence analysis for individuals of Istrian pramenka, Bovška sheep and Jezersko-Solčavska sheep.

Uvrščanje genotipov osebkov v pasme

Ugotovili smo, da se genotipi uvrščajo v ustrezne pasemske skupine pri večini istrskih pramenk (slika 3), medtem ko samo na podlagi genotipov v več primerih ne moremo ločiti, ali gre za vzorec bovške ali jezersko-solčavske ovce.

F_{ST} vrednosti med pari pasem

F_{ST} vrednosti med pari populacij se uporabljajo za ocenjevanje genetskih razdalj v primerih, kadar nas zanimajo razlike, ki so nastale v krajšem časovnem obdobju. Taka je tudi situacija v našem primeru. F_{ST} vrednosti, predstavljene v preglednici 2, kažejo, da sta si pasmi bovška ovca in jezersko-solčavska ovca bližje kot istrska pramenka in jezersko-solčavska ovca ali istrska pramenka in bovška ovca.



Slika 3. Uvrščanje genotipov osebkov pasem istrska pramenka, bovška ovca in jezersko-solčavska ovca v ustrezne pasemske skupine.

Figure 3: Assignment of individual genotypes of Istrian pramenka, Bovška sheep and Jezersko-Solčavska sheep to corresponding breeds.

Analiza AMOVA

Rezultati analize AMOVA kažejo, da večina variance izhaja iz razlik znotraj pasem, le približno 6 % se je da razložiti z razlikami med pasmami (slika 3). Testiranje statistične značilnosti σ_a^2 in F_{ST} s 5000 ponovitvami permutacij haplotipov med populacijami kaže, da je rezultat statistično značilen.

Preglednica 2. F_{ST} vrednosti med pari pasem

Table 2. Population pairwise F_{ST} values

	Istrska pramenka Istrian pramenka	Bovška ovca Bovška sheep
Bovška ovca Bovška sheep	0,064	
Jezersko-solčavska ovca Jezersko-Solčavska sheep	0,075	0,044

Preglednica 3. Rezultati analize AMOVA
Table 3. AMOVA results

Vir variacij Source of variation	Variance	% od skupne % total	p^a p^a	Φ -statistika Φ -statistics	
Med pasmami Among breeds	σ_a^2	0,114	5,95	$< 0,0001$	$F_{ST} = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_T^2} = 5,95$
Znotraj pasem Within breeds	σ_b^2	1,798	94,05		

^a = verjetnost, da bi bile vrednosti za σ_a^2 in F_{ST} , ki bi jih dobili naključno, višje od dejanske
probability of having more extreme σ_a^2 and F_{ST} variance component than the observed values by chance

RAZPRAVA

Rezultati vseh izvedenih analiz kažejo, prvič, da razlike med pasmami niso zelo velike, in drugič, da sta si bovška in jezersko-solčavska ovca bližje kot katerakoli od obeh pasem v odnosu do istrske pramenke. Prvi zaključek temelji na osnovi izračunane F_{ST} vrednosti. Ta je bila z okrog 6 % nižja od F_{ST} vrednosti, ki so jo ugotovili z analizo španskih pasem ovc (churra, latxa, castellana, aragonesa in merino) in je znašala okrog 7 % oz. 9 %, če je bila vključena še awassi ovca (Arranz in sod., 2001). Našo prvo trditev potrjuje tudi nizka pogostost privatnih alelov (slika 1), kot tudi razporeditve osebkov predstavljene na slikah 2 in 3. Delno prekrivanje osebkov bovške in jezersko-solčavske ovce (slika 2 in slika 3) kaže na manjše razlike med bovško in jezersko-solčavsko pasmo kot med istrsko pramenko in bovško ovco oz. istrsko pramenko in jezersko-solčavsko ovco. Slednje potrjujejo tudi ocene genetskih razdalj (F_{ST} vrednosti med pari pasem), kjer smo najnižjo vrednost ugotovili prav med bovško ovco in jezersko-solčavsko ovco.

Rezultati, ki smo jih dobili, še posebej precejšen delež alelov, ki so skupni vsem pasmam (slika 1), lahko kažejo na skupen nastanek vseh treh pasem oz. še posebej bovške in jezersko-solčavske ovce. Mogoče je, vsaj naši rezultati tej hipotezi ne nasprotujejo, da sta obe slednji pasmi nastali iz domače primitivne bele ovce, kar se najpogosteje omenja v literaturi (Zagožen, 1984). Veliko podobnih genotipov, ki so danes značilni za bovško in jezersko-solčavsko ovco, bi lahko potrjevalo stare zapise o minimalnih razlikah med jezersko in trbiško ovco (Dular, 1895). To bi seveda držalo ob predpostavki, da je trbiška ovca prednik bovške.

Znano je tudi, da so rejci na Bovškem vedno zavračali križanje z drugimi pasmami, ker so se bali, da bi se zmanjšala mlečnost ovc (Križnik in Ločniškar, 1951; cit. po Zagožen, 1984). Nasprotno so križanja jezerskih ovc z bergamaškimi in padovanskimi dobro dokumentirana (Dular, 1895; Zagožen, 1984). Zato nekoliko preseneča precejšnja genotipska podobnost jezersko-solčavske in bovške pasme. Vpliv bergamaške in padovanske pasme na nastanek jezersko-solčavske ovce bomo lahko bolje razložili šele, ko bodo objavljeni genetski podatki o drugih, predvsem nekaterih italijanskih in avstrijskih, pasmah ovc.

Podobno lahko zaključimo tudi za istrsko pramenko. Ta naj bi se po naših rezultatih ločila od bovške in jezersko-solčavske ovce prej kot je prišlo do ločitve bovške in jezersko-solčavske pasme. V literaturi omenjajo njen nastanek iz pramenke »Zackelschaf« (Kompan in sod., 1996), in ne iz »Zaupelschaf« kot pri drugih dveh pasmah. Vendar, da bi lahko položaj istrske pramenke jasneje opredelili, bodo potrebne še analize drugih sojev pramenk.

SUMMARY

In order to describe the genetic differentiation among Slovenian autochthonous sheep breeds we genotyped eight microsatellite loci (Table 1) for 95 Istrian Pramenka, 272 Bovška sheep and 42 Jezersko-Solčavska sheep. First we calculated allele frequencies using Cervus program (Marshall, 1998). Allele frequency distributions are presented in the Figure 1. All breeds shared the majority of identified alleles. We found also 19 private alleles and several alleles, which were frequent in all the breeds (Fig. 1). A relationship among individuals were established using correspondence analysis using Genetix program (Belkhir *et al.*, 1998). The assignment of individual genotypes to corresponding population was done by Arlequin program (Schneider *et al.*, 2000). Both analyses revealed approximately same results (Fig. 2 and Fig. 3). Namely, the majority of animals belonging to Istrian pramenka population formed one separate group, whereas, due to many similar genotypes, Bovška sheep and Jezersko-Solčavska sheep formed two not completely separate groups. An overlap of Bovška and Jezersko-Solčavska sheep suggested a close relatedness of Bovška and Jezersko-Solčavska sheep. We also calculated genetic distances between breeds (pairwise F_{ST} values) by program Arlequin (Schneider *et al.*, 2000). Values presented in Table 2 showed that the minimal distance was obtained between Bovška and Jezersko-Solčavska sheep. Finally, to estimate genetic variation, which can be ascribed to genetic differences among breeds (F_{ST} value), we performed AMOVA (Arlequin, Schneider *et al.*, 2000). The F_{ST} value was estimated to be about 6 % (Table 3), which is lower than the F_{ST} value obtained by analysis of several Spanish breeds (about 7 %, or about 9 % depending on inclusion of Awassi sheep) (Arranz *et al.*, 2001). Our results, therefore, suggested that differences among breeds are relatively small, especially between Bovška and Jezersko-Solčavska sheep. In our opinion these results are not in contradiction with the literature data (Zagožen, 1984) about the common origin of Jezersko-Solčavska sheep and Bovška sheep in native primitive white sheep "Zaupelschaf" and Istrian Pramenka from slightly distant "Zackel" sheep. However, further investigation of Bergamasca and Padua sheep, which were involved in the formation of Jezersko-Solčavska sheep, should be performed for clarification of the origin of Jezersko-Solčavska sheep. We can draw the similar conclusion about the origin of Istrian Pramenka. For better explanation of the position of Istrian Pramenka towards other Pramenka breeds, Bovška breed and Jezersko-Solčavska breed, analyses of other Pramenka breeds would be indispensable.

VIRI

- Arranz, J./ Bayon, Y./ San Primitivo, F. Differentiation among Spanish sheep breeds using microsatellites. *Genetics Selection Evolution*, 33(2001) 529–542.
- Belkhir, K./ Borsa, P./ Goudet, J., Chikhi, L./ Bonhomme, F. GENETIX, logiciel sous Windows TM pour la genetique des populations CNRS UPR 9060. Montpellier, University Montpellier II., 1998.
- Buchanan, F.C./ Adams, L.J./ Littlejohn R.P./, Maddox, J.F./ Crawford A. Determination of evolutionary relationship among sheep breeds using microsatellites. *Genomics*, 22(1994), 397–403.
- Buchanan, F.C./ Crawford, A.M. Ovine dinucleotide repeat polymorphism at the MAF214 locus. *Animal Genetics*, 23(1992) 394.
- Buchanan, F.C./ Crawford, A.M. Ovine microsatellites at the OarFCB11, OarFCB128, OarFCB193, OarFCB266 and OarFCB304 loci. *Animal Genetics*, 24(1993), 145.
- Buchanan, F.C./ Swarbrick, P.A./ Crawford, A.M. Ovine dinucleotide repeat polymorphism at the MAF65 locus. *Animal Genetics*, 23(1992), 85.
- Dular, F. Umna živinoreja. II.knjiga. O pasmah in umni reji domače živine. Celovec, Družba sv. Mohorja, 1895, 205 str.
- Ede, A.J./ Pierson, C.A./ Crawford, A.M. Ovine microsatellites at the OarCP34, OarCP38, OarCP343, OarCP49, OarCP73, OarCP79 and OarCP399. *Animal Genetics*, 26(1995), 130–131.
- Excoffier, L./ Smouse, P./ Quattro, J. Analysis of molecular variance inferred frm metric distances among DNA haplotypes: Application to human mitochondrial DNA restriction data. *Genetics*, 131(1992), 479–491.

- Georges, M./ Massey, J. Polymorphic DNA markers in Bovidae. World Intellectual Property Organisation. Geneva, WO Publication, 1992, 13120.
- Goldfarb A. Changes in the promoter range of RNA-polymerase resulting from bacteriophage T4-induced modification of core enzyme. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America – Biological Sciences, 78(1981), 3454–3458, <http://anthro.unige.ch/arlequin>.
- Hulme, D.J./ Silk, J.P./ Redwin, J.M./ Barendse, W./ Beh, K.J. Ten polymorphic ovine microsatellites. Animal Genetics, 25(1994), 434–435.
- Kompan, D./ Erjavec, E./ Kastelic, D./ Kavčič, S./ Kermauner, A./ Rogelj, I./ Vidrih, T. Reja drobnice. Ljubljana, ČZD Kmečki glas, 1996, 309 str.
- Marshall T. Cervus 1.0. Edinburgh, The University of Edinburgh, 1998, <http://helios.bto.ed.ac.uk/evolgen/cervus/cervus.html> (3. mar. 1999).
- Penty, J.M./ Henry, H.M./ Ede, A.J./ Crawford, A.M. Ovine microsatellites at the OarAE16, OarAE54, OarAE57, OarAE119 and OarAE129. Animal Genetics, 24(1993), 219.
- Schneider, S./ Roessli, D./ Excoffier, L. Arlequin verr. 2.000: A software for population genetics data analysis. Geneva, University of Geneva, Genetics and Biometry Laboratory, 2000.
- Weir, B.S. Genetic Data Analysis II: Methods for Discrete Population Genetic Data. Sunderland, Sinauer Associates, 1996, 376 str.
- Weir, B.S./ Cockerham, C.C. Estimating F-statistics for the analysis of population structure. Evolution, 38(1984), 1358–1370.
- Zagožen, F. Ovčereja. Ljubljana, ČZP Kmečki glas, 1984, 204 str.