

Brasília, DF / Outubro, 2025

Diversidade genética das raças ovinas brasileiras: SNPs associados à cor da pelagem

Danielle Assis de Faria¹, Camila Souza Rodrigues², Kleibe de Moraes Silva³, Olivardo Facó³, José Carlos Ferrugem Moraes⁴, Carlos José Hoff de Souza⁴, Alexandre Rodrigues Caetano⁵, Concepta McManus⁶, Samuel Rezende Paiva⁵.

¹Pós-doutoranda, Universidade de Brasília, Brasília, DF. ²Mestre, Universidade de Brasília, Brasília, DF. ³Pesquisador, Embrapa Caprinos e Ovinos, Sobral, CE. ⁴Pesquisador, Embrapa Pecuária Sul, Bagé, RS. ⁵Pesquisador, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁶Professora, Universidade de Brasília, Brasília, DF.

Resumo – O objetivo deste estudo foi avaliar um painel com 13 marcadores do tipo polimorfismo de nucleotídeo único (SNP), funcionais e não funcionais, em genes previamente associados à determinação da pelagem (*ASIP*, *MC1R*, *TYRP1* e *MITF*), visando à caracterização da cor da pelagem em ovinos brasileiros. Em estudos de SNPs, marcadores não funcionais são aqueles sem efeito direto conhecido sobre proteína ou expressão gênica. Foram genotipadas 1.152 amostras de DNA de ovinos de 15 raças, incluindo animais conservados *ex situ* no Banco Brasileiro de Germoplasma Animal (BBGA), e estimadas as frequências alélicas por raça em cada gene/região, bem como as frequências haplotípicas dos SNPs nos genes *MC1R* e *TYRP1*. No gene *ASIP*, a variante da inserção de 5-pb (AGGAA) da indel g.100-105del (*D_g*) foi a mais frequente, assim como o alelo G do loco rs401457425 A>G. No gene *MC1R*, o alelo T (*E**) predominou no p.M73K e o alelo G (*E**) no p.D121N, ambos associados a pelagem branca. No gene *MITF*, o alelo T do rs414386339 C>T foi o mais frequente, enquanto o alelo G do loco rs429090866 A>G predominou. Foram identificados três haplótipos para o *MC1R*, sendo o Haplótipo 1, associado à cor branca, o mais frequente, presente em 14 raças. No *TYRP1*, foram identificados quatro haplótipos, com o Haplótipo 4 presente em todas as raças. Conforme os resultados observados, as amostras de germoplasma do BBGA retêm parte da diversidade genética das populações conservadas *in situ*. Apesar de ajustes para sua otimização serem recomendados, o painel reduzido foi eficiente em genotipar as raças ovinas brasileiras. Tal ferramenta pode ser aplicada em estudos de conservação de recursos genéticos e melhoramento animal, impactando diretamente a cadeia produtiva de lã e pele, sobretudo em raças localmente adaptadas de grande importância econômica, como a Crioula.

Termos para indexação: *Ovis aries*, recursos genéticos animais, *MC1R*, *TYRP1*, *ASIP*, *MITF*.

**Embrapa Recursos
Genéticos e Biotecnologia**
Parque Estação Biológica,
PqEB Av. W5 Norte (final)
www.embrapa.br/
recursos-geneticos-e-
biotecnologia
www.embrapa.br/fale-conosco/sac

Comitê Local de Publicações

Presidente

João Henrique Moreira Viana

Secretária-executiva

Ana Flavia do Nascimento Dias

Membros

Andrielle Camara Amaral

Lopes, Bruno Machado Teles

Walter, Carolina Vianna

Morgante, Débora Pires Paula,

Edson Junqueira Leite, Marcos

Aparecido Gimenes, Solange

Carvalho Barrios Roveri Jose e

Sueli Correa Marques de Mello.

Normalização bibliográfica

Rosamaries Rocha Galvão

(CRB-1/2122)

Projeto gráfico

Leandro Sousa Fazio

Diagramação Adilson

Werneck

Publicação digital: PDF

Todos os direitos
reservados à Embrapa.

Abstract – Genetic diversity of Brazilian sheep breeds: SNPs markers associated with coat color

The aim of this study was to evaluate a panel of 13 single nucleotide polymorphism (SNP) markers, functional and non-functional, in genes previously associated with coat color determination (*ASIP*, *MC1R*, *TYRP1*, and *MITF*), for characterizing coat color in Brazilian sheep. In SNP studies, non-functional markers are those with no known direct effect on protein or gene expression. A total of 1,152 DNA samples from 15 sheep breeds, including animals conserved *ex situ* at the Brazilian Animal Germplasm Bank (BBGA), were genotyped, and allele frequencies were estimated by breed for each gene/region, as well as haplotype frequencies for SNPs in *MC1R* and *TYRP1*. In the *ASIP* gene, the 5-bp insertion variant (AGGAA) of indel g.100-105del (D_5) was the most frequent, as was the G allele of rs401457425 A>G. In *MC1R*, the T allele (E^+) at p.M73K and the G allele (E^+) at p.D121N predominated, both associated with white coat color. In *MITF*, the T allele of rs414386339 C>T was the most frequent, while the G allele of rs429090866 A>G predominated. Three haplotypes were identified for *MC1R*, with Haplotype 1, associated with white coat color, being the most frequent, present in 14 breeds. In *TYRP1*, four haplotypes were identified, with Haplotype 4 present in all breeds. According to the results, the germplasm samples of BBGA retain some of the genetic diversity observed in *in situ* conserved populations. Although optimization adjustments are recommended, the reduced panel proved efficient in genotyping Brazilian sheep breeds. This tool can be applied in genetic resource conservation and animal breeding studies, directly impacting the wool and leather production chain, especially in locally adapted breeds of high economic importance, such as the Crioula.

Index terms: *Ovis aries*, animal genetic resources, *MC1R*, *TYRP1*, *ASIP*, *MITF*.

Introdução

O Brasil apresenta ampla diversidade de recursos genéticos ovinos, com raças lanadas e deslanadas adaptadas a distintas condições climáticas. Essa variabilidade genética se reflete em características fenotípicas marcantes, como a cor da pelagem. A raça Crioula, por exemplo, é uma raça lanada nacional, que não está mais em risco de extinção e tem potencial para ser usada em programas de melhoramento genético. Ela possui, por exemplo, lã colorida, usada em artesanato e tapeçaria (Associação..., 2025). Entre as deslanadas, a Santa Inês, amplamente distribuída, sobretudo no Nordeste, exibe pelagens que variam do branco

ao preto, passando pelo marrom, castanho e chitado, sendo os indivíduos de pelagem branca mais tolerantes ao calor (McManus et al., 2011). De modo semelhante, na raça Morada Nova, a variedade branca, que assim como a vermelha é reconhecida pela Associação Brasileira de Criadores de Ovinos (ARCO), apresenta maior capacidade de termorregulação em ambientes quentes (Leite et al., 2020). Essas observações reforçam a complexidade genética da cor de pelagem em ovinos brasileiros, fortemente influenciada por pressões seletivas ligadas à adaptação climática.

De modo geral, ovinos são animais modelo para estudos de regulação da cor de pelagem (Zhou et al., 2023). Importantes genes candidatos para essa característica incluem: Melanocortin 1 Receptor (*MC1R*), Agouti Signaling Protein (*ASIP*), Tyrosinase Related Protein 1 (*TYRP1*) e Microphthalmia-Associated Transcription Factor (*MITF*) (Bennett; Lamoreux, 2003; Searle, 1968; Vâge et al., 1999; Li et al., 2014). Entretanto, os genes *ASIP* e *MC1R* interagem epistaticamente na regulação da síntese de eumelanina e feomelanina, sendo determinantes na coloração da pelagem ovina (Rochus et al., 2019). O alelo dominante ED do *MC1R* promove a produção de eumelanina (pelagem preta), enquanto os recessivos E^+ favorecem a síntese de feomelanina (tons amarelos, vermelhos ou claros). No *ASIP*, alelos dominantes estimulam a feomelanina, ao passo que os recessivos reduzem sua expressão, favorecendo a eumelanina (Fontanesi et al., 2011).

Atualmente, BeadChips de genotipagem de DNA são amplamente utilizados em estudos de características específicas, como a cor da pelagem (Li et al., 2014; Muniz et al., 2016; Gebreselassie et al., 2020). Todavia, apesar de eficiente, essa tecnologia demanda infraestrutura avançada e alta capacidade computacional, elevando custos e limitando sua adoção rotineira por produtores individuais (Wilkinson et al., 2011). Por outro lado, painéis reduzidos de SNPs (Polimorfismos de Nucleotídeo Único) viabilizam a genotipagem de marcadores associados a uma característica específica, a custo menor, tendo sido previamente utilizados em estudos com ovinos (Paim et al., 2019; Marina et al., 2022; Rodrigues et al., 2022). Contudo, ainda não existe um painel de SNPs otimizado para a cor de pelagem, que atenda com precisão a diversidade das raças ovinas brasileiras.

Uma parceria entre a Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Embrapa Caprinos e Ovinos, Embrapa Pecuária Sul e Universidade de Brasília (UnB), resultou em um painel reduzido com 13 SNPs associados à cor da pelagem ovina, previamente identificados em raças europeias, norte americanas e brasileiras.

Com isso, o objetivo do presente estudo foi utilizar o painel para genotipar um número amostral

significativamente alto de animais de raças localmente adaptadas, além de algumas raças comerciais criadas no país. Buscou-se avaliar a eficácia desses marcadores na caracterização genética da diversidade da população em ovinos brasileiros. Foram utilizadas amostras de animais provenientes de unidades de conservação in situ da Embrapa distribuídas pelo país. Além disso, foram incluídas amostras de germoplasma de reprodutores do Banco Brasileiro de Germoplasma Animal (BBGA).

Material e Métodos

Foram utilizadas 1040 amostras de sangue total do Banco de DNA e Tecidos da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. Estas são provenientes de animais de 15 raças diferentes: Santa Inês, Morada Nova, Crioula, Rabo Largo, Somalis Brasileira, Bergamácia Brasileira, Corriedale, Ile de France, Pantaneira, Dorper, Dâmara, Suffolk, Hampshire, Texel e Barriga Negra.

Além disso, foram inclusas amostras de sêmen (N=112) do Banco Brasileiro de Germoplasma Animal (BBGA),

pertencentes a sete dessas raças: Bergamácia Brasileira, Crioula, Hampshire, Morada Nova, Somalis Brasileira, Santa Inês e Texel.

O DNA das amostras de sangue e sêmen foi extraído no Laboratório de Genética Animal (LGA) da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, utilizando o protocolo de extração modificado da Gentra Puregene Blood Kit, Qiagen (<https://www.qiagen.com/us>). Foram genotipados 13 SNPs distribuídos em éxons, ou seja, regiões de sequência transcritas e traduzidas, e em regiões intergênicas dos genes ASIP (5), MC1R (2), TYRP1 (4) e MITF (2), conforme descrito na Tabela 1. Foram utilizados ensaios do tipo primer alelo específico (ASP1 e ASP2 – primer loco-específico e primer amplificação-específica) via dinâmica de fluidos, Fluidigm EP1™ (Fluidigm, San Francisco, CA, EUA), seguindo instruções do fabricante. Os primers foram desenhados conforme os parâmetros indicados pela ferramenta D3 (<https://d3.fluidigm.com/>).

Após a genotipagem, o controle de qualidade foi conduzido no SNP & Variation Suite v8.9.1 – SVS (Golden Helix, Bozeman, MT, www.goldenhelix.com), eliminando amostras e marcadores com taxa de chamada de <0,80 e <0,75, respectivamente.

Tabela 1. 13 marcadores SNPs selecionados nos genes ASIP, MC1R, TYRP1 e MITF.

Marcador	Gene	SNP	Alelo de Referência	Alelo Alternativo	Efeito fenotípico no alelo alternativo	Raça	Referência
g.5051G>C	ASIP	G/C	G	C	cor preta	Texel/Romanov/Merino	Norris e Whan (2008)
g.5172T>A	ASIP	T/A	T	A	cor branca	Texel/Romanov/Merino	Norris e Whan (2008)
D ₅	ASIP	AGGAA/	AGGAA	del ou D ₅	cor escura	Texel/Romanov/Merino	Norris e Whan (2008)
	ASIP	del					
D ₉	ASIP	AGCCGCCTC/	AGCCGCCTC	del ou D ₉	cor escura	Texel/Romanov/Merino	Norris e Whan (2008)
	ASIP	del					
rs401457425 A>G	ASIP	A/G	A	G	sem efeito conhecido	Finnsheep	Li et al. (2014)
p.M73K	MC1R	T/A	T ou E ⁺	A ou E ⁰	cor escura	Norwegian Dala	Våge et al. (1999)
p.D121N	MC1R	G/A	G ou E ⁺	A ou E ⁰	cor escura	Norwegian Dala	Våge et al. (1999)
c.462C>T	TYRP1	C/T	C	T	mutação silenciosa (sem efeito)	Nanping/Romney Marsh	Deng et al. (2008)
c.192G>C	TYRP1	G/C	G	C	sem efeito conhecido	Nanping/Romney Marsh	Deng et al. (2008)
c.869G>T	TYRP1	G/T	G	T	cor escura	Soay	Gratten et al. (2007)
rs429648229 C>T	TYRP1	C/T	C	T	sem efeito conhecido	Múltiplas raças	(ISGC et al., 2010)
rs414386339 C>T	MITF	C/T	C	T	sem efeito conhecido	Múltiplas raças	(ISGC et al., 2010)
rs429090866 A>G	MITF	A/G	A	G	sem efeito conhecido	Finnsheep	(ISGC et al., 2010)

As frequências alélicas e haplotípicas, foram estimadas nos softwares GenAlEx 6.5 (Peakall; Smouse, 2012), Arlequin 3.5.2.2 (Excoffier; Lischer, 2010) e SHEsis (Shi; He, 2005; Li et al., 2009).

Resultados

Após controle de qualidade, restaram 845 amostras com taxa de chamada >0,80. Entre os 13 SNPs genotipados, restaram oito para as análises, pois quatro

foram eliminados por taxa de chamada <0,75 e a indel D9 (ASIP) por ser monomórfica (todos os animais de todas as raças possuem a variante da inserção do fragmento de 9 pb – AGCCGCTC).

No conjunto de amostras do Banco Brasileiro de Germoplasma Animal (BBGA), a inserção de 5 pb (AGGAA) no loco g.100_105del (D5) do gene ASIP foi a variante mais frequente no germoplasma conservado das raças Texel, Crioula, Hampshire, Morada Nova, Somalis Brasileira e Santa Inês. A deleção, por outro lado, associada ao fenótipo de coloração escura, foi observada apenas nas raças Bergamácia Brasileira,

Crioula, Morada Nova, Somalis Brasileira e Santa Inês (Figura 1). Ainda no BBGA, o alelo G no loco rs401457425 A>G (ASIP) foi o mais frequente na maioria das raças, com exceção da Somalis Brasileira e da Crioula.

Nos loci p.M73K e p.D121N do gene MC1R, os alelos T (E+) e G (E+), associados à pelagem branca, predominaram em grande parte das raças, estando fixados nas raças comerciais Texel e Hampshire. Já na raça Somalis Brasileira, os alelos A (E^p), associados ao fenótipo de cor escura, são mais frequentes.

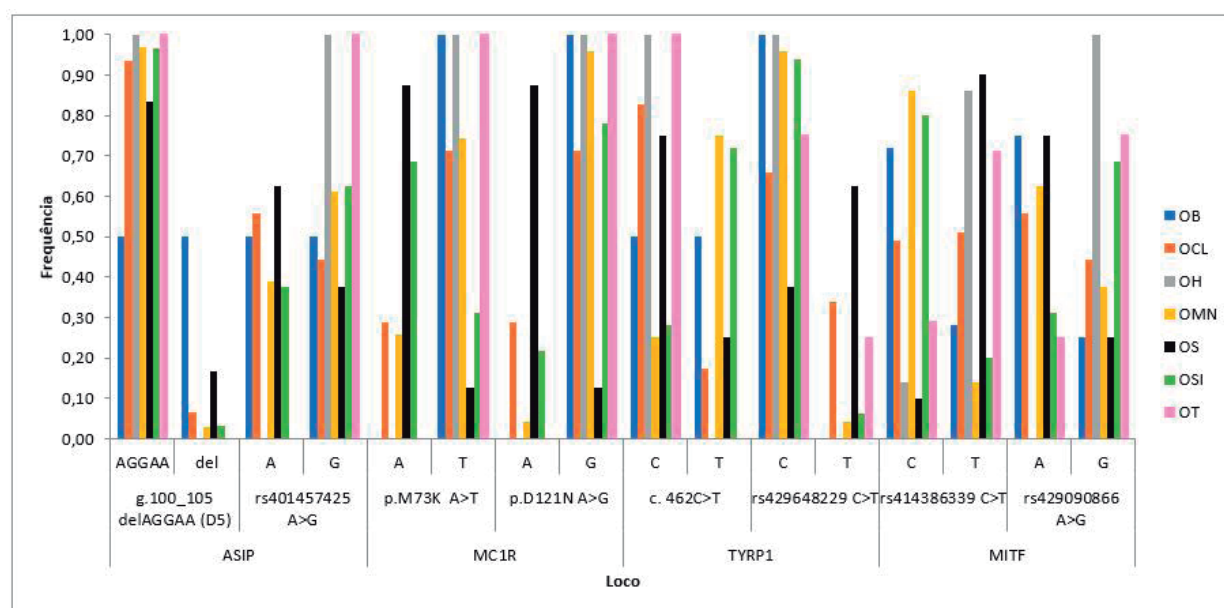


Figura 1. Frequências alélicas de oito SNPs nos genes ASIP, MC1R, TYRP1 e MITF em 88 amostras de carneiros do Banco Brasileiro de Germoplasma Animal (BBGA), distribuídos entre as raças: OB – Bergamácia Brasileira (N=2); OCL – Crioula (N=26); OH – Hampshire (N=2); OMN – Morada Nova (N=36); OS – Somalis Brasileira (N=4); OSI – Santa Inês (N=16); OT – Texel (N=2).

Assim como observado nos resultados do BBGA, no loco g.100-105del (D5) do ASIP, a inserção de 5 pb (AGGAA) é a mais frequente na maioria das raças do estudo, com exceção da Corriedale, raça comercial caracterizada pela cor branca, que apresentou frequência mais alta (62%) para a variante da deleção (Tabela 2). Entre as amostras conservadas in situ, observou-se ainda um padrão semelhante ao do BBGA quanto à predominância do alelo G no loco rs401457425 A>G (ASIP) na maioria das raças. As exceções incluíram Dâmara, Somalis Brasileira e Rabo Largo, com maiores frequências do alelo A (90%, 69% e 68%, respectivamente). Para os loci p.M73K e p.D121N (MC1R), o alelo E+ permaneceu como o mais comum nas raças de pelagem branca, estando fixado em Bergamácia Brasileira, Corriedale, Hampshire, Pantaneiro, Suffolk e Texel. Por outro lado, as raças de pelagem escura, como Crioula, Dâmara, Santa Inês, Dorper e Somalis Brasileira, apresentaram maiores

frequências do alelo E^p, confirmando o padrão de dominância conhecido entre esses alelos.

No gene TYRP1, o alelo C do loco c.462C>T é o mais frequente em dez raças, com exceção dos ovinos Bergamácia Brasileira, Damara, Morada Nova, Rabo Largo e Santa Inês, nos quais o alelo T foi mais frequente. No loco rs429648229 C>T, o alelo C está fixado na Morada Nova e é o mais frequente em quase todas as raças, com exceção da Hampshire e da Somalis Brasileira. No gene MITF, no loco rs414386339 C>T, o alelo T foi mais frequente em nove raças, com exceção da Barriga Negra, Bergamácia Brasileira, Morada Nova, Pantaneiro, Rabo Largo e Santa Inês, todas localmente adaptadas. No loco rs429090866 A>G, o alelo A foi mais frequente em apenas duas raças: Morada Nova (80%) e Rabo Largo (63%) (Tabela 2).

Tabela 2. Frequências alélicas de oito SNPs nos genes ASIP, MC1R, TYRP1 e MITF nas principais raças ovinas do Brasil.

Gene	Loco	Alelo	Raça ¹														
			OBN	OB	OC	OCL	ODA	ODO	OH	OIF	OMN	OPT	ORL	OSI	OS	OSUF	OT
ASIP	g.100_105 delAGGAA (<i>D_s</i>)	AGGAA	0,99	0,98	0,39	0,61	1	0,96	1	0,88	0,87	0,89	1	0,80	0,98	0,83	1
		del	0,01	0,02	0,61	0,39	0	0,04	0	0,12	0,13	0,11	0	0,20	0,02	0,17	0
	rs401457425 A>G	A	0,52	0,39	0,26	0,44	0,90	0,14	0,07	0,10	0,40	0,41	0,68	0,41	0,69	0,27	0,29
		G	0,48	0,61	0,74	0,56	0,10	0,86	0,93	0,90	0,60	0,59	0,32	0,59	0,31	0,73	0,71
MC1R	p.M73K A>T	A	0,06	0	0	0,51	0,70	1	0	0,17	0,27	0	0,15	0,72	0,99	0	0
		T	0,94	1	1	0,49	0,30	0	1	0,83	0,73	1	0,85	0,28	0,01	1	1
	p.D121N A>G	A	0	0	0,04	0,51	0	0,94	0	0,08	0	0	0	0,21	0,99	0	0
		G	1	1	0,96	0,49	1	0,06	1	0,92	1	1	1	0,79	0,01	1	1
TYRP1	c. 462C>T	C	0,26	0,34	0,79	0,75	0,42	0,83	0,57	0,69	0,29	0,67	0,20	0,25	0,70	0,70	0,96
		T	0,74	0,66	0,21	0,25	0,58	0,17	0,43	0,31	0,71	0,33	0,80	0,75	0,30	0,30	0,04
	rs429648229 C>T	C	0,79	0,87	0,62	0,67	0,50	0,61	0,43	0,90	1	0,74	0,93	0,92	0,40	0,64	0,93
		T	0,21	0,13	0,38	0,33	0,50	0,39	0,57	0,10	0	0,26	0,07	0,08	0,60	0,36	0,07
MITF	rs414386339 C>T	C	0,88	0,72	0,40	0,49	0,10	0,10	0,14	0,36	0,86	0,58	0,74	0,80	0,10	0,39	0,29
		T	0,12	0,28	0,60	0,51	0,90	0,90	0,86	0,64	0,14	0,42	0,26	0,20	0,90	0,61	0,71
	rs429090866 A>G	A	0,50	0,27	0,05	0,48	0,30	0,28	0,25	0,40	0,80	0,34	0,63	0,29	0,50	0,34	0,25
		G	0,50	0,73	0,95	0,52	0,70	0,72	0,75	0,60	0,20	0,66	0,37	0,71	0,50	0,66	0,75

¹Raça: OBN – Barriga Negra (N=43); OB – Bergamácia Brasileira (N=39); OC – Corriedale (N=29); OCL – Crioula (N=44); ODA – Dâmara (N=10); ODO – Dorper (N=18); OH – Hampshire (N=14); OIF – Ile de France (N=39); OMN – Morada Nova (N=129); OPT – Pantaneira (N=46); ORL – Rabo Largo (N=34); OSI – Santa Inês (N=233); OS – Somalis Brasileira (N=14); OSUF – Suffolk (N=37); OT – Texel (N=28).

As frequências haplotípicas dos genes MC1R e TYRP1 foram estimadas com base na localização dos SNPs dentro de seus respectivos genes. No gene MC1R, dois SNPs no éxon 1 foram analisados: p.M73K (códon 73) e p.D121N (códon 121). Três haplótipos distintos foram identificados: Haplótipo 1 (T/G), ou tipo selvagem (E⁺/E⁺), associado ao fenótipo de cor branca; Haplótipo 2 (A/G), ou heterozigoto (E^D/E⁺); e Haplótipo 3 (A/A), ou mutante (E^D/E^D), associado à lã escura.

O Haplótipo 1 foi identificado na maioria das populações, com exceção da raça Dorper (Tabela 3). Esse haplótipo está fixado (100%) em seis raças lanadas (Bergamácia Brasileira, Corriedale, Hampshire, Pantaneiro, Suffolk e Texel), enquanto ocorre em baixa frequência na Santa Inês (28%) e na Somalis Brasileira (1%). A raça Crioula não apresentou o Haplótipo 2 (A/G), com frequências divididas entre os Haplótipos

1 (49%) e 3 (51%). O Haplótipo 2 também está ausente na Somalis Brasileira, quase fixada para o Haplótipo 3 (99%), e nas raças Bergamácia Brasileira e Pantaneiro, fixadas para o Haplótipo 1 (100%). O Haplótipo 3 (A/A), foi encontrado em cinco raças (Crioula, Dorper, Ile de France, Santa Inês e Somalis), estando ausente em importantes raças comerciais de cor branca e na raça deslanada Morada Nova, que apesar de possuir indivíduos de coloração preta, este fenótipo não é oficialmente registrado pela associação de criadores.

No gene TYRP1 foram analisado dois SNPs e identificados quatro haplótipos: Haplótipo 4 (C/C), Haplótipo 5 (C/T), Haplótipo 6 (T/C) e Haplótipo 7 (T/T), sendo o Haplótipo 4 o mais frequente, presente em todas as raças genotipadas (Tabela 3).

Tabela 3. Frequências haplotípicas estimadas com os SNPs p.M73K e p.D121N (MC1R) e c.462C>T e rs429648229 C>T (TYRP1) nas principais raças ovinas do Brasil.

Raça ¹	N	MC1R			TYRP1			
		H1 (T/G) ou (E ⁺ /E ⁺)	H2 (A/G) ou (E ^D /E ⁺)	H3 (A/A) ou (E ^D /E ^D)	H4 (C/C)	H5 (C/T)	H6 (T/C)	H7 (T/T)
OBN	43	0,94	0,06		0,22	0,03	0,58	0,17
OB	39	1			0,34		0,53	0,13
OC	29	1			0,52	0,27	0,17	0,04
OCL	44	0,49		0,51	0,50	0,25	0,17	0,08
ODA	10	0,30	0,70		0,12	0,30	0,22	0,36
ODO	18			1	0,55	0,28	0,06	0,11
OH	14	1			0,22	0,35	0,21	0,22
OIF	39	0,83	0,09	0,09	0,60	0,09	0,29	0,02
OMN	129	0,73	0,27		0,28	0,01	0,71	
OPT	46	1			0,52	0,15	0,22	0,11
ORL	34	0,85	0,15		0,18	0,02	0,77	0,03
OSI	233	0,28	0,52	0,20	0,22	0,03	0,70	0,05
OS	14	0,01		0,99	0,27	0,43	0,17	0,13
OSUF	37	1			0,36	0,35	0,26	0,03
OT	28	1			0,92	0,04		0,04

¹Raça: OBN – Barriga Negra (N=43); OB – Bergamácia Brasileira (N=39); OC – Corriedale (N=29); OCL – Crioula (N=44); ODA – Dâmara (N=10); ODO – Dorper (N=18); OH – Hampshire (N=14); OIF – Ile de France (N=39); OMN – Morada Nova (N=129); OPT – Pantaneira (N=46); ORL – Rabo Largo (N=34); OSI – Santa Inês (N=233); OS – Somalis Brasileira (N=14); OSUF – Suffolk (N=37); OT – Texel (N=28).

Discussão

No gene *ASIP*, a cor preta recessiva foi associada à presença da deleção D₅ ou da variante g.5172T>A (Norris; Whan, 2008). Contudo, é importante ressaltar que interações epistáticas entre os genes *ASIP* e *MC1R* já foram reportadas em diversas raças ovinas (Fontanesi et al., 2011; Hepp et al., 2016; Cavalcanti et al., 2017; Rochus et al., 2019; Dimov et al., 2025). Essas interações podem justificar a alta frequência da deleção D₅ observada na raça Corriedale, cuja pelagem branca é determinada pela ação dos alelos E⁺/E⁺ no gene *MC1R*, que suprimem a expressão fenotípica da cor preta na deleção D₅ do *ASIP*. Apesar disso, a variante da inserção de 5 pb foi a mais frequente na maioria das raças do estudo, incluindo as amostras do BBGA.

No loco rs401457425 A>G, o alelo A, associado à pelagem branca na raça Finnsheep, apresenta efeito dominante sobre o alelo G (Li et al., 2014). No presente estudo, o alelo G foi o mais frequente, e apenas as raças deslanadas Dâmara, Rabo Largo e Somalis Brasileira apresentaram frequências mais

altas para o alelo A, sendo que nesta última o alelo A também predomina nas amostras do BBGA. Embora esteja associado ao fenótipo de lã branca nas ovelhas Finnsheep, estudos complementares são necessários para elucidar o papel dessa mutação nos animais brasileiros e se há alguma contribuição dessa variante na pelagem dos deslanados.

Em ovinos da raça Crioula, as deleções D₅ e D₉ do gene *ASIP* foram previamente reportadas por Cavalcanti et al. (2017). Entretanto, os autores encontraram apenas um animal D₅/D₅ e D₉/D₉, contrastando com o presente estudo, em que a frequência dos animais D₅/D₅ na Crioula foi maior. Isso pode ser explicado pelo número amostral maior utilizado na presente investigação. Outro fator é a diferença entre metodologias de genotipagem utilizadas naquele trabalho e no trabalho atual. É possível que exista uma limitação da metodologia de genotipagem Fluidigm, que não recomenda a inclusão de *indels* com elevados números de pares de base, conforme o manual da ferramenta D3¹. Embora as mutações D₅ e D₉ não estejam significativamente associadas à cor da pelagem na raça Crioula (Cavalcanti et al.,

¹ Disponível em: <https://d3.fluidigm.com/>

2017), estudos sugerem que, em conjunto com a mutação g.5172T>A e a interação epistática com os alelos E^+ e E^D do gene *MC1R*, esses marcadores ajudam a explicar o fenótipo observado na raça (Cavalcanti et al., 2017; Hepp et al., 2016). No entanto, no presente estudo, o SNP g.5172T>A apresentou baixa taxa de chamada na genotipagem, o que motivou sua exclusão das análises. Considerando a dificuldade de confiabilidade da *indel* D_5 e os problemas de desempenho do g.5172T>A, optou-se, no caso da Crioula, pela avaliação apenas dos SNPs do gene *MC1R* no painel reduzido, uma vez que já permitem inferência adequada do fenótipo na raça Crioula.

No gene *MC1R*, estudos anteriores com a raça Crioula identificaram que o alelo dominante E^D das variantes p.M73K e p.D121N está relacionado

à coloração escura da lã, enquanto o alelo recessivo E^+ está associado à pelagem branca, sendo encontrado em homozigose apenas em ovelhas brancas (Hepp et al., 2012, 2016). De forma consistente, a presente investigação revelou uma predominância do haplótipo E^+/E^+ na maioria das raças analisadas, especialmente naquelas com coloração predominantemente branca, tanto nas amostras do BBGA como nas demais amostras. Em contraste, o E^D/E^D foi menos frequente e restrito às raças Crioula, Dorper, Santa Inês e Somalis Brasileira, que apresentam variações de cor ou indivíduos com cabeça preta. Notavelmente, na raça Crioula, observou-se uma distribuição equilibrada do E^D/E^D (51%) e do E^+/E^+ (49%), refletindo a diversidade fenotípica característica da raça, cuja lã naturalmente colorida varia do branco ao preto, passando pelo cinza e marrom (Figura 2).

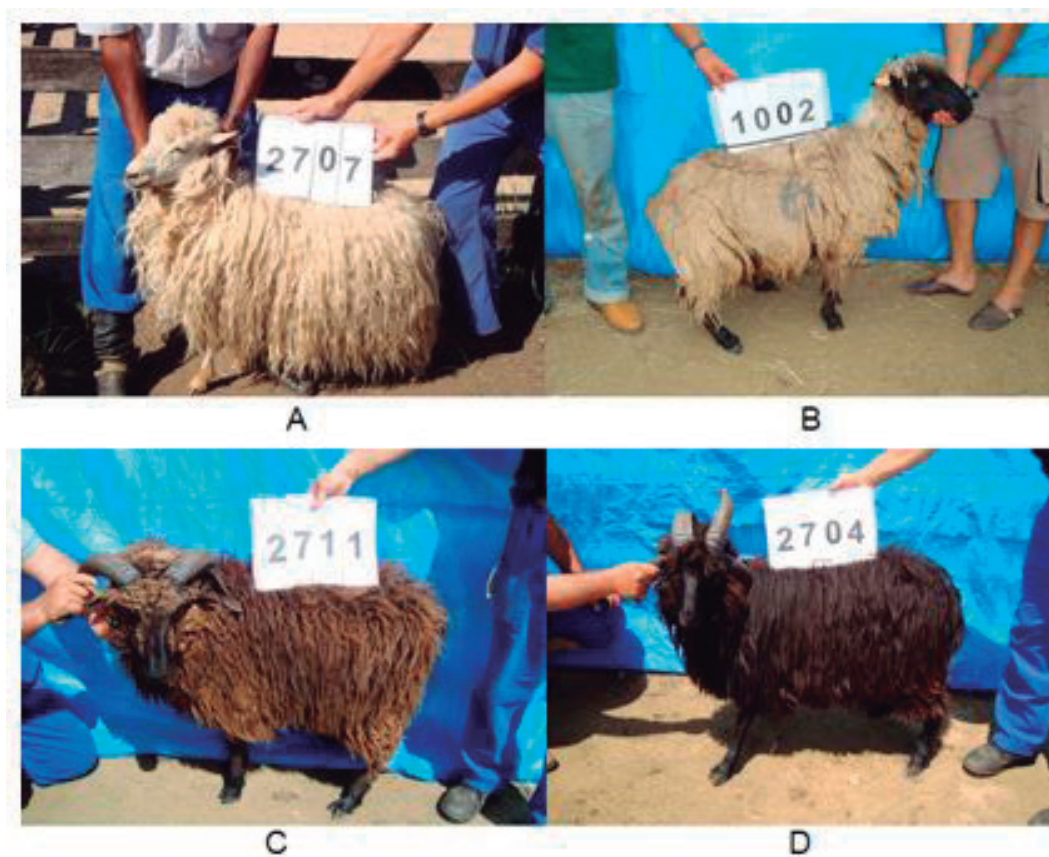


Figura 2. Diversidade de pelagem na raça ovina Crioula, exibindo variações de cores que vão do branco (A), passando pelo cinza (B) marrom (C), até o preto (D). Fonte: Alelo Recursos Genéticos.

O gene *MC1R* foi previamente apontado como determinante na variação da cor da pelagem na raça Santa Inês (Jardim et al., 2018). No presente estudo, os animais dessa raça apresentaram os três haplótipos descritos para esse gene (E^+/E^+ , E^D/E^+ e E^D/E^D), em conformidade com a diversidade fenotípica observada, dado que a raça possui oficialmente quatro padrões de coloração reconhecidos. Esses resultados reforçam a associação funcional entre os alelos do *MC1R* e a expressão

fenotípica da pelagem na Santa Inês. Previamente, o alelo dominante E^D também foi reportado em outras raças, de coloração majoritariamente escura, como Black Corriedale, Karakul e Black Merino (Våge et al., 2003; Royo et al., 2008). Entretanto, em ovinos com fenótipos coloridos, o alelo E^D não é comum, sugerindo a participação de outros genes na regulação da cor de pelagem (Våge et al., 2003; Beraldi et al., 2006; Royo et al., 2008; Fontanesi et al., 2011; Traoré et al., 2012). De maneira similar, no presente estudo, o alelo E^D foi ob-

servado em baixa frequência na raça Morada Nova, que possui apenas os haplótipos E+/E+ e ED/E+, com este último em menor frequência. Nesta raça, apenas duas variedades são registradas pela ARCO, sendo elas a vermelha e a branca (Figura 3).

Animais de coloração preta são geralmente desclassificados para fins de registro, embora não sejam incomuns nos rebanhos (Muniz et al., 2016; Shiotisuki et al., 2016), o que pode explicar a presença do alelo E^D na raça.



Figura 3. Exemplares da raça ovina Morada Nova nas variedades de pelagem branca (A) e vermelha (B). Fonte: Alelo Recursos Genéticos.

No gene *TYRP1*, os loci c. 462C>T (mutação silenciosa) e rs429648229 C>T (mutação sem efeito conhecido) não provocam alterações nos aminoácidos e, portanto, não afetam a atividade enzimática (Deng et al., 2008). Portanto, é improvável que expliquem a variação na cor de pelagem das raças brasileiras. Hepp et al. (2016), relataram a ausência de associação entre 18 SNPs no gene *TYRP1* e os parâmetros de coloração da pelagem em ovinos Crioula, que é uma importante raça lanada localmente adaptada do país.

No gene *MITF*, no loco rs414386339 C>T, o alelo T é o mais frequente na maioria das raças avaliadas aqui. As exceções foram as raças localmente adaptadas Bergamácia Brasileira, Morada Nova e Santa Inês, que apresentaram frequências mais altas para o alelo C, tanto nas amostras de animais conservados in situ, quanto no germoplasma do BBGA. Embora não pareça explicar a cor de pelagem nessas raças específicas e não haja evidências atuais de um efeito funcional associado a essa mutação (Li et al., 2014), sua análise em estudos futuros pode revelar uma possível relação com o fenótipo de coloração branca com cabeça preta. Isso porque nas raças Dorper, Dâmara, Hampshire e Somalis Brasileira, caracterizadas pelo fenótipo de pelagem corporal branca e cabeça preta, o alelo T apresenta alta frequência, estando praticamente fixado. No loco rs429090866 A>G, previamente associado à variação da coloração da pelagem do branco ao preto (Li et al., 2014), o

alelo G foi o mais frequente na maioria das raças genotipadas neste estudo, com exceção das raças Morada Nova e Rabo Largo, nas quais predominam variedades de pelagem branca e vermelha, conforme registros pela ARCO. A alta frequência do alelo G, especialmente em raças caracterizadas por pelagem predominantemente branca, sugere uma possível associação desse alelo com o fenótipo de cor branca. Contudo, essa hipótese requer validação por meio de estudos adicionais.

Diversos estudos visaram esclarecer a genética da cor de pelagem em pequenos ruminantes (Zhang et al., 2017; Wu et al., 2021; Shi et al., 2022; Vasu et al., 2024; Dimov et al., 2025; Zhou et al., 2025; Jemaa et al., 2025). Contudo, no contexto brasileiro, investigações acerca do tema são escassas, sobretudo em raças deslanadas, como Santa Inês e Morada Nova, onde o fator adaptação ambiental é importante. Dessa forma, uma ferramenta de genotipagem de baixo custo, direcionada às particularidades genéticas das raças ovinas brasileiras, representa uma alternativa promissora para estudos de melhoramento genético voltados a cor de pelagem. Ressalta-se, porém, a necessidade de otimizar o painel reduzido testado, excluindo variantes sem associação significativa ao fenótipo em populações nacionais, como a mutação silenciosa c.462C>T e a variante rs429648229 C>T, de efeito funcional desconhecido no gene *TYRP1*. Além disso, a utilização da

metodologia de genotipagem Fluidigm pode ser reavaliada, considerando-se alternativas que apresentem maior robustez e precisão, com o objetivo de reduzir as baixas taxas de chamada observadas em determinados marcadores.

Este estudo é pioneiro na caracterização genética da cor de pelagem em uma ampla diversidade de raças ovinas adaptadas ao contexto ambiental brasileiro, por meio da avaliação de um painel reduzido de SNPs para essa característica. O principal objetivo foi avaliar sua aplicabilidade em um conjunto representativo de indivíduos das principais raças nacionais, conservadas *in situ* e *ex situ*, incluindo também raças comerciais, o que justifica a amostragem de grande escala. A ferramenta demonstrou eficácia na genotipagem das diferentes raças, embora exija ajustes para uso futuro. Os resultados obtidos ainda reforçam que as amostras de germoplasma conservadas no BBGA retêm a diversidade genética presente nas populações mantidas *in situ*, refletindo sua representatividade para a característica avaliada. Vários exemplos podem ser observados quando se comparam as frequências alélicas observadas na Figura 1 (BBGA) e Tabela 2 (rebanhos *in situ*). Adicionalmente, o painel poderá ainda ser avaliado futuramente para outro objetivo: a certificação racial, conforme o que já está sendo feito com marcadores associados a cor de pelagem ovina (Negrini et al., 2009; Zhou et al., 2023; Cao et al., 2023; Zhou et al., 2025). Isso possibilitará a inclusão de indivíduos ainda não reconhecidos oficialmente em suas respectivas raças, além de contribuir para programas de conservação genética e agregar valor comercial a produtos de origem animal.

Conclusões

1. As frequências alélicas e haplotípicas estimadas nos SNPs dos genes MC1R, TYRP1, ASIP e MITF, revelaram diferenças entre as raças lanadas e deslanadas, locais e comerciais, conforme o esperado. Além disso, evidenciaram que as amostras do Banco Brasileiro de Germoplasma Animal retêm a diversidade genética encontrada nas populações conservadas *in situ*.
2. A cor da pelagem de ovinos brasileiros é de grande relevância econômica para os mercados de lã e pele. Assim, a utilização de um painel reduzido que atenda a um grande número de raças pode ser uma excelente estratégia de baixo custo em estudos de conservação e melhoramento genético.

3. O painel foi eficiente na genotipagem das variadas raças ovinas inclusas, contudo, sua otimização é importante e pode ser feita através da remoção de marcadores com baixa taxa de chamada ou que não explicam a característica de cor de pelagem nas raças brasileiras.

Agradecimentos

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), à Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia e à Universidade de Brasília.

Referências

- ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE CRIADORES DE OVINOS (ARCO). Ovelha Crioula. Disponível em: <https://www.arcoovinos.com.br/PadraoRacial/Details/21>. Acesso em: 19 de nov. 2025.
- BENNETT, D. C.; LAMOREUX, M. L. The color loci of mice a genetic century. **Pigment Cell Research**, v. 16, p. 333-344, 2003.
- BERALDI, D.; MCRAE, A. F.; GRATTEN, J.; SLATE, J.; VISSCHER, P. M.; PEMBERTON, J. M. Development of a linkage map and mapping of phenotypic polymorphisms in a free-living population of Soay sheep (*Ovis aries*). **Genetics**, v. 173, n. 3, p. 1521-1537, 2006. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/16868121>. Acesso em: 5 set. 2024.
- CAO, C.; KANG, Y.; ZHOU, Q.; ASADOLLAHPOUR NANAIE, H.; BO, D.; LIU, P.; BAI, Y.; LI, R.; JIANG, Y.; LAN, X.; PAN, C. Whole-genome resequencing reveals the genomic diversity and signatures of selection in Romanov sheep. **Journal of Animal Science**, v. 101, skad291, 2023.
- CAVALCANTI, L. C. G.; MORAES, J. C. F.; FARIA, D. A.; MCMANUS, C. M.; NEPOMUCENO, A. R.; SOUZA, C. J. H.; CAETANO, A. R.; PAIVA, S. R. Genetic characterization of coat color genes in Brazilian Crioula sheep from a conservation nucleus. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 52, n. 8, p. 615-622, 2017.
- DENG, W. D.; XI, D. M.; GOU, X.; YANG, S. L.; SHI, X. W.; MAO, H. M. Pigmentation in black-boned sheep (*Ovis aries*): association with polymorphism of the Tyrosinase gene. **Molecular Biology Reports**, v. 35, p. 379-385, 2008.
- DIMOV, D.; KOSTOVA, M.; VUCHKOV, A.; DIMITROVA, I.; KALAYDJHIEV, G.; STAYKOVA, G.; ILIEV, M.; BOZHILOVA, M. Genetic polymorphisms in Agouti sig-

naling protein (ASIP) and melanocortin 1 receptor (MC1R) genes and their association with coat color in native Bulgarian sheep breeds. **Small Ruminant Research**, v. 249, 2025.

EXCOFFIER, L.; LISCHER, H. E. L. Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. **Molecular Ecology Resources**, v. 10, n. 3, p. 564-567, 2010.

FONTANESI, L.; DALL'OLIO, S.; BERETTI, F.; PORTOLANO, B.; RUSSO, V. Coat colours in the Massese sheep breed are associated with mutations in the agouti signalling protein (ASIP) and melanocortin 1 receptor (MC1R) genes. **Animal**, v. 5, n. 1, p. 8-17, 2011.

GEBRESELASSIE, G.; LIANG, B.; BERIHULAY, H.; ISLAM, R.; ABIED, A.; JIANG, L.; ZHAO, Z.; MA, Y. Genomic mapping identifies two genetic variants in the MC1R gene for coat colour variation in Chinese Tan sheep. **PLoS One**, v. 15, n. 8, e0235426, 2020.

GRATTEN, J.; BERALDI, D.; LOWDER, B. V.; MCRAE, A. F.; VISSCHER, P. M.; PEMBERTON, J. M.; SLATE, J. Compelling evidence that a single nucleotide substitution in TYRP1 is responsible for coat-colour polymorphism in a free-living population of Soay sheep. **Proceedings. Biological Sciences**, v. 274, p. 619-26, 2007.

HEPP, D.; GONÇALVES, G. L.; MOREIRA, G. R.; FREITAS, T. R.; MARTINS, C. T.; WEIMER, T. A.; PASSOS, D. T. Identification of the e allele at the Extension locus (MC1R) in Brazilian Creole sheep and its role in wool color variation. **Genetics and Molecular Research**, v. 11, n. 3, p. 2997-3006, 2012.

HEPP, D.; GONÇALVES, G. L.; MOREIRA, G. R.; FREITAS, T. R. de. Epistatic interaction of the melanocortin 1 receptor and agouti signaling protein genes modulates wool color in the Brazilian Creole sheep. **Journal of Heredity**, v. 107, n. 6, p. 544-552, 2016.

ISGC; ARCHIBALD, A. L.; COCKETT, N. E.; DALRYMPLE, B. P.; FARAUT, T.; KIJAS, J. W.; MADDUX, J. F.; MCEWAN, J. C.; HUTTON ODDY, V.; RAADSMA, H. W.; WADE, C.; WANG, J.; WANG, W.; XUN, X. The sheep genome reference sequence: a work in progress. **Animal Genetics**, v. 41, p. 449-453, 2010.

JARDIM, J. G.; QUIRINO, C. R.; BARTHOLOZZI JUNIOR, A.; LIMA, G. R. S.; ORTIZ VEGA, W. H.; PACHECO, A.; CORRÊA, T. da S.; BARROS FREITAS, A. C.; DAVID, C. M. G.; TORRES GERALDO, A. Variabilidade genética na cor da pelagem em polimorfismos do gene MC1R em ovinos da raça Santa Inês. **Revista Acadêmica de Ciências Animais**, v. 16, p. 1-12, 2018. Disponível em: <https://periodicos.pucpr.br/cienciaanimal/article/view/e16014>. Acesso em: 25 nov. 2024.

JEMAA, S. B.; CESARANI, A.; CIANI, E.; MASTRANGELO, S. Genome-based analysis for the identification of candidate genes associated with skin-photosensitization tolerance in sheep. **The Veterinary Journal**, v. 313, 106380, 2025.

LEITE, J. H. G. M.; DA SILVA, R. G.; ASENSIO, L. A. B.; SOUSA, J. E. R. de; SILVA, W. S. T. da; SILVA, W. E. da; FAÇANHA, D. A. E. Coat color and morphological hair traits influence on the mechanisms related to the heat tolerance in hair sheep. **International Journal of Biometeorology**, v. 64, n. 12, p. 2185-2194, 2020.

LI, M. H.; TIIRIKKA, T.; KANTANEN, J. A genome-wide scan study identifies a single nucleotide substitution in ASIP associated with white versus non-white coat-colour variation in sheep (*Ovis aries*). **Heredity**, v. 112, p. 122-131, 2014.

LI, Z.; ZHANG, Z.; HE, Z.; TANG, W.; LI, T.; ZENG, Z.; HE, L.; SHI, Y. A partition-ligation-combination-subdivision EM algorithm for haplotype inference with multiallelic markers: update of the SHESis (<http://analysis.bio-x.cn>). **Cell Research**, v. 19, p. 519-523, 2009.

MARINA, H.; PELAYO, R.; GUTIÉRREZ-GIL, B.; SUÁREZ-VEGA, A.; ESTEBAN-BLANCO, C.; REVERTER, A.; ARRANZ, J. J. Low-density SNP panel for efficient imputation and genomic selection of milk production and technological traits in dairy sheep. **Journal of Dairy Science**, v. 105, n. 10, p. 8199-8217, 2022.

MCMANUS, C.; LOUVANDINI, H.; GUGEL, R.; SAKI, L. C.; BIANCHINI, E.; BERNAL, F. E.; PAIVA, S. R.; PAIM, T. P. Skin and coat traits in sheep in Brazil and their relation with heat tolerance. **Tropical Animal Health and Production**, v. 43, n. 1, p. 121-126, 2011.

MOREIRA, G. R. P. Conservation status of Creole sheep flocks in Brazil. **Genetic Resources**, v. 3, n. 5, p. 68-74, 2022.

MUNIZ, M. M. M.; CAETANO, A. R.; MCMANUS, C.; CAVALCANTI, L. C. G.; FAÇANHA, D. A. E.; LEITE, J. H. G. M.; FACÓ, O.; PAIVA, S. R. Application of genomic data to assist a community-based breeding program: a preliminary study of coat color genetics in Morada Nova sheep. **Livestock Science**, v. 190, p. 89-93, 2016.

NEGRINI, R.; NICOLOSO, L.; CREPALDI, P.; MILANESI, E.; COLLI, L.; CHEGDANI, F.; PARISET, L.; DUNNER, S.; LEVEZIEL, H.; WILLIAMS, J. L.; AJMONE MARSAN, P. Assessing SNP markers for assigning individuals to cattle populations. **Animal Genetics**, v. 40, n. 1, p. 92-99, 2009.

NORRIS, B. J.; WHAN, V. A. A gene duplication affecting expression of the ovine ASIP gene is responsible for white and black sheep. **Genome Research**, v. 18, p. 1282-1293, 2008.

- PAIM, T. do P.; MCMANUS, C.; VIEIRA, F. D.; OLIVEIRA, S. R. de M.; FACÓ, O.; AZEVEDO, H. C.; ARAÚJO, A. M. de; MORAES, J. C. F.; YAMAGISHI, M. E. B.; CARNEIRO, P. L. S.; CAETANO, A. R.; PAIVA, S. R. Validation of a customized subset of SNPs for sheep breed assignment in Brazil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 54, e00506, 2019. DOI: 10.1590/S1678-3921.pab2019.v54.26479.
- PEAKALL, R.; SMOUSE, P. E. GenALEX 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research-an update. **Bioinformatics**, v. 28, n. 19, p. 2537-2539, 2012.
- ROCHUS, C. M.; WESTBERG SUNESEON, K.; JONAS, E.; MIKKO, S.; JOHANSSON, A. M. Mutations in ASIP and MC1R: dominant black and recessive black alleles segregate in native Swedish sheep populations. **Animal Genetics**, v. 50, n. 6, p. 712-717, 2019.
- RODRIGUES, C. S.; DE FARIA, D. A.; LACERDA, T. S.; PAIVA, S. R.; CAETANO, A. R.; BLACKBURN, H.; MCMANUS, C. Lentivirus susceptibility in Brazilian and US sheep with TMEM154 mutations. **Genes (Basel)**, v. 14, n. 1, 70, 2022. DOI: 10.3390/genes14010070.
- ROYO, L. J.; ALVAREZ, I.; ARRANZ, J. J.; FERNÁNDEZ, I.; RODRÍGUEZ, A.; PÉREZ-PARDAL, L.; GOYACHE, F. Differences in the expression of the ASIP gene are involved in the recessive black coat colour pattern in sheep: evidence from the rare Xalda sheep breed. **Animal Genetics**, v. 39, n. 3, p. 290-293, 2008.
- SEARLE, A. G. **Pigmentation and inheritance**: comparative genetics of coat colour in mammals. London: Logos Press; New York: Academic, 1968.
- SHI, R.; LI, S.; LIU, P.; ZHANG, S.; WU, Z.; WU, T. Identification of key genes and signaling pathways related to Hetian sheep wool density by RNA-seq technology. **PLoS ONE**, v. 17, n. 5, e0265989, 2022. DOI: 10.1371/journal.pone.0265989.
- SHI, Y. Y.; HE, L. SHEsis, a powerful software platform for analyses of linkage disequilibrium, haplotype construction, and genetic association at polymorphism loci. **Cell Research**, v. 15, p. 97-98, 2005.
- SHIOTISUKI, L.; SILVA, P. H. T.; SILVA, K. M.; LANDIM, A. V.; MORAIS, O. R.; FACÓ, O. The impact of racial pattern on the genetic improvement of Morada Nova sheep. **Animal Genetic Resources**, v. 58, p. 1-10, 2016.
- TRAORÉ, A.; ROYO, L. J.; KABORÉ, A.; PÉREZ-PARDAL, L.; ÁLVAREZ, I.; FERNÁNDEZ, I.; SAWADOGO, L.; TAMBOURA, H. H.; GOYACHE, F. Allelic and genotypic frequencies of ASIP and MC1R genes in four West African sheep populations. **African Journal of Biotechnology**, v. 11, n. 78, p. 14287-14291, 2012.
- VÂGE, D. I.; FLEET, M. R.; PONZ, R.; OLSEN, R. T.; MONTEAGUDO, L. V.; TEJEDOR, M. T.; ARRUGA, M. V.; GAGLIARDI, R.; POSTIGLIONI, A.; NATTRASS, G. S.; KLUNGLAND, H. Mapping and characterization of the dominant black colour locus in sheep. **Pigment Cell Research**, v. 16, n. 6, p. 693-697, 2003.
- VÂGE, D. I.; KLUNGLAND, H.; LU, D.; CONE, R. D. Molecular and pharmacological characterization of dominant black coat color in sheep. **Mammalian Genome**, v. 10, n. 1, p. 39-43, 1999.
- VASU, M.; AHLAWAT, S.; CHHABRA, P.; SHARMA, U.; ARORA, R.; SHARMA, R.; MIR, M. A.; SINGH, M. K. Genetic insights into fiber quality, coat color and adaptation in Changthangi and Muzzafarnagri sheep: a comparative skin transcriptome analysis. **Gene**, v. 891, 147826, 2024.
- WILKINSON, S.; WIENER, P.; ARCHIBALD, A. L.; LAW, A.; SCHNABEL, R. D.; MCKAY, S. D.; TAYLOR, J. F. OGDEN, R. Evaluation of approaches for identifying population informative markers from high density SNP Chips. **BMC Genetics**, v. 12, 45, 2011.
- WU, S.; LI, J.; MA, T.; LI, J.; LI, Y.; JIANG, H.; ZHANG, Q. MiR-27a regulates WNT3A and KITLG expression in Cashmere goats with different coat colors. **Animal Biotechnology**, v. 32, n. 2, p. 205-212, 2021.
- ZHANG, L.; SUN, F.; JIN, H.; DALRYMPLE, B. P.; CAO, Y.; WEI, T.; VUOCOLO, T.; ZHANG, M.; PIAO, Q.; INGHAM, A. B. A comparison of transcriptomic patterns measured in the skin of Chinese fine and coarse wool sheep breeds. **Scientific Reports**, v. 7, n. 1, 14301, 2017.
- ZHOU, Q.; CAO, C.; ZHANG, H.; LIANG, Y.; ZHANG, X.; KANG, Y.; FANG, W.; LAN, X.; LI, R.; PAN, C. Convergent changes in melanocortin receptor 1 gene are associated with black-headed coat color in sheep. **Journal of Animal Science**, v. 101, skad084, 2023.
- ZHOU, W.; LI, X.; ZHANG, X.; PENG, Y.; ZHU, L.; ZHANG, C.-L.; HAN, Z.; YANG, R.; BAI, X.; WANG, Q.; ZHAO, Y.; LIU, S. Genome-based analysis of the genetic pattern of black sheep in Qira sheep. **BMC Genomics**, v. 26, 114, 2025. Disponível em: <https://doi.org/10.1186/s12864-025-11233-5>. Acesso em: 5 jun. 2025.



MINISTÉRIO DA
AGRICULTURA E
PECUÁRIA