







# V CBRG

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos

De 6 a 9 de novembro | Fortaleza-Ceará

## DIVERSIDADE GENÉTICA E ESTRUTURA DE POPULAÇÕES DE RAÇAS LOCALMENTE ADAPTADAS DE EQUINOS NO BRASIL

Patrícia Ianella<sup>1\*</sup>; Maria do Socorro Maués Albuquerque<sup>1</sup>; Alexandre Rodrigues Caetano<sup>1</sup>; Gleison Ricardo Biazio<sup>1</sup>; Samuel Rezende Paiva<sup>1</sup>; Conecpta M. McManus<sup>2</sup>.

<sup>1</sup>Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil. <sup>2</sup>Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Universidade de Brasília, Campus Darcy Ribeiro, Brasília, DF, Brasil.

\*patricia.ianella@embrapa.br

As raças localmente adaptadas de equinos existentes no Brasil são portadoras de fenótipos específicos adaptados às condições das regiões que habitam. Uma vez que raças localmente adaptadas são normalmente encontradas em ambientes altamente desafiadores e em associação com atividades agrícolas de subsistência, políticas locais para definição de estratégias de conservação e manejo são de grande importância para a segurança alimentar e econômica das comunidades agrícolas locais. Com o objetivo de compreender a composição genética e relações entre as raças localmente adaptadas de equinos, e, conseqüente subsidiar as decisões de manejo e conservação, o presente estudo investigou a diversidade genética e a estrutura populacional de oito raças de cavalos adaptadas localmente no Brasil (Campeira, Crioula, Lavradeira, Pantaneira, Mangalarga Marchador, minicavalo Puruca e grupo genético Baixadeiro). Duzentos e quarenta e três cavalos foram genotipados usando o EquineSNP70 BeadChip Illumina. Os dados obtidos foram analisados no SNP & Variation Suite v7.x (Golden Helix), e análises QC removeram amostras com call rates <0,90, e marcadores não mapeados, com call rates <0,95 e MAFs <0,05. Adicionalmente, usando análises de desequilíbrio de ligação foram excluídos SNPs com  $r^2 > 0,5$  dentro de uma janela de 50 SNPs. A estrutura da população foi avaliada usando o software ADMIXTURE 1.3 (K 2-11) e análise de componentes principais (PCA) com SNP & Variation Suite v7, e as estimativas de  $F_{ST}$  foram obtidas usando Arlequin v 3.5.2.2. Os resultados obtidos permitem observar uma baixa diferenciação entre a maioria das raças estudadas e, diferenciação moderada entre Crioula e as demais raças. A raça Pantaneira e a Crioula foram as que apresentaram maior e menor grau de miscigenação racial, respectivamente. As raças Crioula e Campeira, ambas da região Sul, apresentaram maior diferenciação em relação as outras raças, de acordo com os dados de  $F_{ST}$ , o que pode ser explicado pelo isolamento geográficos destas raças. As análises da estrutura populacional agruparam as raças em quatro clusters, altamente correlacionados com localização geográfica das raças. Este padrão sugere que as raças agrupadas tem a mesma origem e / ou sofreram introgressões de raças semelhantes. O indicativo de miscigenação ou introgressões observadas, principalmente entre raças do norte, destacam a necessidade de melhores estratégias de manejo para essas populações.

**Palavras-chave:** raças localmente adaptadas; *Equus caballus*; SNP