



Anais VI Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos

09 a 12 de novembro de 2020

ISBN: 978-65-88187-01-2

Realização:

Apoio:

Patrocínio:



VI CONGRESSO BRASILEIRO DE RECURSOS GENÉTICOS

Forma de apresentação	AUTOMÁTICO
Eixo / Subeixo	RECURSOS GENÉTICOS ANIMAIS / 2-CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA E FENOTÍPICA
Código do trabalho	678
Título	ANÁLISE PRELIMINAR DA ESTRUTURA GENÉTICA POPULACIONAL DE GALINHAS NIGERIANAS
Autores	JÉSSICA XAVIER SILVA, ANDRÉ CAMPÊLO ARAUJO, LUIZ BRITO, MÔNICA CORRÊA LEDUR, SAMUEL REZENDE PAIVA, PAULO BARROS DE ABREU JUNIOR, ADRIANA MÉRCIA GUARATINI IBELLI, PAULO LUIZ SOUZA CARNEIRO
Instituição	UNIVERSIDADE ESTADUAL DO SUDOESTE DA BAHIA

As galinhas nativas ou localmente adaptadas tornaram-se uma das principais fontes de renda e alimentação de núcleos familiares rurais e pequenos produtores. Elas são importantes na luta contra a insegurança alimentar em pequenas aldeias e comunidades nigerianas, devido sobreviverem mesmo em condições precárias. A avaliação da estrutura genética populacional permite conhecer a formação de subpopulações, que a partir daí podem ser manejadas de forma diferenciada. Assim, objetivou-se avaliar a estrutura populacional de grupos de galinhas nativas da Nigéria. Foram utilizados dados de 49 aves genotipadas com o chip de 600K (*Affymetrix® Axiom® HD genotyping array*), pertencentes aos ecótipos Yoruba e Fulani e a linhagem comercial Shika Brown, cedidos pela Embrapa Suínos e Aves. Foi realizado o controle de qualidade (CQ) utilizando o PLINK v.1.9, sendo removidos marcadores nos cromossomos sexuais, com $MAF < 0,05$, $SNP\ call\ rate < 95\%$, valor de p do equilíbrio de Hardy-Weinberg $< 1.0e-6$ e indivíduos com $call\ rate < 90\%$. O *pruning* de desequilíbrio de ligação com limite de r^2 de 0,9 em janelas de 50 SNPs com gap de 5 SNPs foi realizado para remover marcadores altamente correlacionados, resultando no uso de 356.700 SNPs para as análises posteriores. A estrutura da população foi avaliada por meio da análise de componentes principais (CPs) da matriz genômica de parentesco (G), feita no PLINK v.1.9. Os dois primeiros CPs juntos explicaram 12,68% da variação na matriz G (9,15 e 3,53% para os CPs 1 e 2, respectivamente), sendo observada a formação de duas subpopulações na dispersão dos animais no *scatter plot*. A

primeira subpopulação foi composta pelos animais da linhagem Shika Brown e a segunda pelos ecótipos Yoruba e Fulani, com duas aves dessa última subpopulação mais afastados. Adicionalmente, foi estudada a dispersão das aves em um *scatter plot* 3D, incluindo o terceiro CP, que explicou 3,27% da variação da matriz **G**, e a mesma estruturação foi observada. A matriz **G** representa o parentesco realizado entre os indivíduos, pois leva em consideração os alelos compartilhados entre eles, capturando semelhanças entre indivíduos mesmo quando não tem laços no pedigree. Existe estrutura populacional nas galinhas nigerianas de acordo com os CPs da matriz **G**, sendo interessante mais estudos para a descrição desses recursos genéticos.

Palavras Componentes Principais, Conservação, Animais Nativos
Chave