



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	666
Título	DIVERSIDADE GENÉTICA EM POPULAÇÕES DE GALINHAS COMERCIAIS E NATIVAS
Autores	JÉSSICA XAVIER SILVA, ANDRÉ CAMPÊLO ARAUJO, LUIZ BRITO, MÔNICA CORRÊA LEDUR, SAMUEL REZENDE PAIVA, PAULO BARROS JUNIOR, JANE DE OLIVEIRA PEIXOTO, PAULO LUIZ SOUZA CARNEIRO
Instituição	UNIVERSIDADE ESTADUAL DO SUDOESTE DA BAHIA

Os níveis de diversidade genética em populações de galinhas de linhagens comerciais ou de galinhas nativas são um desafio, isso porque as linhagens comerciais estão em constante processo de seleção artificial e as nativas, pela falta de manejo adequado e introdução massiva de animais exóticos, correm risco de extinção. Portanto, objetivou-se estudar a diversidade genética de populações de galinhas criadas no Brasil. Para isso, aves das linhagens TT (frango de corte, n=16), GG (poedeiras de ovos marrons, n=15), CC (poedeiras de ovos brancos, n=15) e da raça Índio (frango de corte caipira, n=16), cedidas pela Embrapa Suínos e Aves foram genotipadas com o SNP chip de 600K (*Affymetrix® Axiom® HD genotyping array*). O controle de qualidade (CQ) foi realizado no PLINK v.1.9 e foram mantidos SNPs com: $MAF > 0,05$, $SNP\ call\ rate > 95\%$ e valor de p do equilíbrio de Hardy-Weinberg $> 1.0e-6$. Foi realizado o *pruning* dos SNPs com desequilíbrio de ligação $r^2 > 0,9$ em janelas de 50 SNPs com gap de 5 SNPs. A remoção de indivíduos com $call\ rate < 90\%$ também fez parte do CQ. Após o CQ, foram calculadas a porcentagem de SNPs polimórficos (PolSNPs), MAF média dos PolSNPs e heterozigosidades esperadas e observadas (H_e e H_o , respectivamente) com o PLINK v.1.9. O número de SNPs pós CQ e *pruning* foi 120.684, 69.853, 51.659 e 309.115 nas linhagens TT, GG, CC e na Índio, respectivamente, e nenhum animal foi excluído pela *call rate*. A quantidade de SNPs pós LD *pruning* pode ser explicada pela alta correlação de marcadores que passaram pelo QC, para estudos de diversidade o ideal é que os SNPs sejam mais independentes. A PolSNPs nas linhagens TT, GG, CC e na Índio foram 75,7, 60,5, 52,1 e 78,4%, respectivamente, MAFs médias de 0.26, 0.26,

0,25 e 0,25, respectivamente, e H_e e H_o foram 0,38 e 0,39, 0,38 e 0,40, 0,37 e 0,39 e 0,37 e 0,37, respectivamente. Menor $PoISNPs$ está relacionada a perda de variabilidade genética, sendo observadas que as aves selecionadas para postura apresentaram menores valores. No entanto, a MAF média para $PoISNPs$ foi similar entre as raças, indicando que para $PoISNPs$ a proporção média dos alelos foi semelhante entre as populações. H_e menores que H_o podem indicar excesso de homozigose, fato não observado nessas populações. As linhagens de galinhas de corte e postura desenvolvidas pela Embrapa e a raça Índio possuem variabilidade genética para ser explorada, entretanto, a $PoISNPs$ nas linhagens de postura deve ser cuidadosamente observada.

Palavras Conservação, Gallus gallus, Animais Locais
Chave