

CONSERVAÇÃO, USO E MELHORAMENTO DE GALINHAS CAIPIRAS



DÉBORA ARAÚJO DE CARVALHO
JOSÉ LINDENBERG ROCHA SARMENTO
MARCOS JACOB DE OLIVEIRA ALMEIDA
(ORGANIZADORES)

Profª Ma. Marileila Marques Toledo – Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri
Prof. Me. Rafael Henrique Silva – Hospital Universitário da Universidade Federal da Grande Dourados
Profª Ma. Renata Luciane Polsaque Young Blood – UniSecal
Profª Ma. Solange Aparecida de Souza Monteiro – Instituto Federal de São Paulo
Prof. Me. Tallys Newton Fernandes de Matos – Faculdade Regional Jaguaribana
Prof. Dr. Welleson Feitosa Gazel – Universidade Paulista

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP) (eDOC BRASIL, Belo Horizonte/MG)	
C755	<p>Conservação, uso e melhoramento de galinhas caipiras / Organizadores Débora Araújo de Carvalho, José Lindenberg Rocha Sarmento, Marcos Jacob de Oliveira Almeida. – Ponta Grossa, PR: Atena, 2020.</p> <p>Formato: PDF Requisitos de sistema: Adobe Acrobat Reader Modo de acesso: World Wide Web Inclui bibliografia ISBN 978-65-5706-003-2 DOI 10.22533/at.ed.032202704</p> <p>1. Galinhas – Criação – Brasil. 2. Aves – Genética. I. Carvalho, Débora Araújo de. II. Sarmento, José Lindenberg Rocha. III. Almeida, Marcos Jacob de Oliveira.</p> <p style="text-align: right;">CDD 636.51</p>
Elaborado por Maurício Amormino Júnior – CRB6/2422	

Atena Editora
Ponta Grossa – Paraná - Brasil
www.atenaeditora.com.br
contato@atenaeditora.com.br

PARÂMETROS GENÉTICOS POPULACIONAIS APLICADOS NA CARACTERIZAÇÃO E CONSERVAÇÃO DE RAÇAS NATIVAS

Data de aceite: 19/03/2020

Débora Araújo de Carvalho

Universidade Federal do Piauí, Campus Ministro
Petrônio Portella
Teresina, Piauí
<http://lattes.cnpq.br/5713516699845140>

José Lindenberg Rocha Sarmiento

Universidade Federal do Piauí, Campus Ministro
Petrônio Portella
Teresina, Piauí
<http://lattes.cnpq.br/1991742176699922>

Marcos Jacob de Oliveira Almeida

Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
Meio-Norte (Embrapa MN) Teresina, Piauí
<http://lattes.cnpq.br/2068380243699918>

Abigail Araújo de Carvalho

Universidade Federal do Piauí, Campus Ministro
Petrônio Portella
Teresina, Piauí
<http://lattes.cnpq.br/2914794424016683>

Artur Oliveira Rocha

Universidade Federal do Piauí, Campus Ministro
Petrônio Portella
Teresina, Piauí
<http://lattes.cnpq.br/8991807731249154>

Maria Claudene Barros

Universidade Estadual do Maranhão, Campus de
Caxias
Caxias, Maranhão
<http://lattes.cnpq.br/5604314745118032>

Fábio Barros Britto

Universidade Federal do Piauí, Campus Ministro
Petrônio Portella
Teresina, Piauí
<http://lattes.cnpq.br/2083496076356788>

Elmary da Costa Fraga

Universidade Estadual do Maranhão, Campus de
Caxias
Caxias, Maranhão
<http://lattes.cnpq.br/9400992635027394>

Luciano Silva Sena

Universidade Federal do Piauí, Campus Ministro
Petrônio Portella
Teresina, Piauí
<http://lattes.cnpq.br/2693515715136985>

Geice Ribeiro da Silva

Universidade Federal do Piauí, Campus Ministro
Petrônio Portella
Teresina, Piauí
<http://lattes.cnpq.br/5294433858371053>

RESUMO: A caracterização genética populacional de uma raça é relevante para programas de conservação, pois permite conhecer a diferenciação genética entre indivíduos da mesma raça e entre indivíduos de demais raças da mesma espécie. Ainda são poucos os estudos populacionais com raças de galinhas nativas. Dado o exposto, objetivou-se

realizar uma revisão bibliográfica quanto aos conceitos e os parâmetros comumente utilizados em investigações de genética populacional aplicados à conservação e à caracterização de raças nativas, com o intuito de direcionar futuros estudos nessa temática com galinhas caipiras.

PALAVRAS-CHAVE: *Gallus gallus*, Galinhas caipiras, Genética de populações, Microsatélites, Variabilidade genética.

POPULATION GENETIC PARAMETERS APPLIED IN THE CHARACTERIZATION AND CONSERVATION OF NATIVE BREEDS

ABSTRACT: The population genetic characterization of a breed is relevant for conservation programs, as it allows to know the genetic differentiation between individuals of the same characterized breed and between individuals of the other breeds of the same species. There are still few population studies with native chicken breeds. Given the above, the objective was to carry out a bibliographic review as to the concepts and parameters commonly used in investigations of population genetics applied to the conservation and characterization of native breeds, in order to direct future studies on this topic.

KEYWORDS: *Gallus gallus*, free-range chickens, population genetics, microsatellites, genetic variability.

1 | INTRODUÇÃO

A investigação da diversidade genética de uma determinada população (raça) se dá basicamente por dois princípios: quantificação dos níveis de variabilidade dentro das populações e caracterização do nível de estruturação genética entre populações. O estudo genético populacional de raças nativas é necessário para a caracterização genética da raça e como padrão para a diferenciação genética das demais da mesma espécie (JIMENEZ & COLLADA, 2000; FRAKHAM et al., 2002; CAMACHO, 2016).

Investigações genéticas das raças nativas de galinhas têm sido estimuladas por várias instituições em todo mundo. Um exemplo é a FAO, uma das principais idealizadoras global de tais ações. Os diversos tipos de marcadores moleculares têm sido utilizados para fins de caracterização genética e estudos de diversidade genética intra e interpopulacionais de várias raças nativas de diversas espécies. Para a espécie *Gallus gallus*, por exemplo, pesquisadores de vários países, como Espanha, Brasil, Egito, Itália, Equador, dentre outros, têm feito uso dessas ferramentas moleculares e de parâmetros populacionais para caracterizar suas raças nativas, informações primordiais para projetos de conservação de recursos

genéticos (FAO, 2010; CECCOBELLI et al., 2013; CARVALHO et al., 2016; OSMAN et al., 2016; MACRI et al., 2019; TOALOMBO VARGAS et al., 2019).

Contudo, apesar desses avanços, os estudos de caracterização populacional de raças de galinhas nativas ainda são poucos (CARVALHO et al., 2016). Mas com o despertar das instituições de pesquisas, a exemplo do Brasil, quanto à relevância desse tipo de investigação, torna-se necessária a fixação dos conceitos populacionais, bem como dos parâmetros usualmente utilizados em tais tipos de pesquisas. Dado o exposto, este estudo objetivou realizar uma revisão quanto aos conceitos e os parâmetros comumente utilizados em investigações de genética populacional aplicados à conservação e à caracterização de raças nativas, com o intuito de direcionar futuros estudos nessa temática.

2 | DIVERSIDADE GENÉTICA

Diversidade genética pode ser definida como a variedade de genótipos e alelos presentes em uma determinada população. Essa variedade reflete em distintas características morfológicas, fisiológicas e de comportamento entre os indivíduos e as populações. A mensuração dessa diversidade populacional pode ocorrer em três níveis: a) diversidade dentro das populações; b) entre populações; e c) entre as espécies. A diversidade genética é imprescindível para a evolução adaptativa da espécie (JIMENEZ & COLLADA, 2000; FRAKHAM et al., 2002).

A variabilidade genética entre espécie ou raça é promovida por mutação espontânea ou induzida, recombinação genética e/ou migração. Vários fatores podem interferir na distribuição da variabilidade genética de cada espécie, tais como: tamanho da população, sistema de reprodução, fluxo gênico, dentre outros. As populações crioulas se caracterizam por possuírem alta variabilidade genética em decorrência de eventos evolutivos como mutação e migração. Essa particularidade, entretanto, pode ser perdida por eventos como deriva genética e endocruzamento (MORAND et al., 2002; CAMACHO, 2016).

Os parâmetros populacionais mais utilizados para estimar a diversidade genética de populações são principalmente a Heterozigosidade observada (H_o); Heterozigosidade esperada (H_e); Riqueza alélica (A_R); e Porcentagem de *loci* polimórficos (P). A comparação da Heterozigosidade observada (H_o) e da Heterozigosidade esperada (H_e) auxilia na estimativa da estrutura genética de populações (NEI, 1987). A riqueza alélica concentra-se na estimação da diversidade de alelos e o polimorfismo na diversidade de genes ou *loci*. A interpretação dos parâmetros citados acima aplicados à determinada raça permite compreender as relações entre os indivíduos, tais como proximidade genética, além de possibilitar o

reconhecimento da existência ou não de fatores como mutação, seleção e migração na população de animais analisada. Ainda, esse procedimento permite compreender as relações genéticas entre os indivíduos, servindo de base para o direcionamento do manejo genético dos rebanhos, ação relevante para programas de conservação de recursos genéticos.

3 | ESTRUTURA GENÉTICA

O estudo da estrutura genética de populações é relevante para o entendimento dos processos evolutivos, uma vez que permite estimar a função do fluxo gênico, da seleção natural e da evolução não adaptativa e a maneira como estes parâmetros afetam as frequências alélicas das populações. Estrutura genética é conceituada como arranjo genético que caracteriza uma população, ou seja, a distribuição não casual dos alelos e genótipos no espaço e tempo resultante das ações conjuntas das forças evolutivas. A correlação de fatores ecológicos e evolutivos determina a estrutura genética de uma espécie (CAMACHO, 2016).

A estimativa da diversidade intra e interpopulacional permite avaliar como está distribuída e estruturada a variabilidade genética em populações. Estas estimativas permitem determinar a existência de diferenças significativas na composição genética de distintas populações de uma espécie e descrever o nível de diferenciação entre elas através de índice de distância ou fixação. A determinação dessas estruturas é realizada a partir do uso de marcadores moleculares (GODOY, 2009).

Sabe-se que a presença de variabilidade genética dentro de uma espécie a qualifica para que esta responda às pressões de ambiente, evolua e sobreviva ao longo do tempo. A estimativa dessa variabilidade baseia-se no modelo clássico do princípio de equilíbrio de Hardy-Weinberg (EHW). Esse modelo parte do pressuposto de que, em uma população infinita, na qual os acasalamentos ocorrem ao acaso e não há ação de nenhum fator evolutivo (mutação, migração e seleção), a composição gênica desse grupo deve se manter em equilíbrio.

Mas, quando acontece desvio das proporções esperadas pelo EHW, significa que alguma das primícias anteriores foi violada. O conhecimento da diversidade genética, bem como da estrutura das populações de galinhas, é imprescindível tanto para a conservação *in situ* ou *ex situ* como para estabelecer formas de produção sustentável (FRANKHAM et al., 2002; HEDRICK, 2011).

4 | MARCADORES DE DNA MITOCONDRIAL (MTDNA)

A utilização de marcadores moleculares tem contribuído de forma relevante no avanço das pesquisas populacionais, uma vez que as informações promovidas a

partir deles poderão, junto com informações fenotípicas, contribuir com as diretrizes para programas de conservação e melhoramento genético (CARVALHO, 2016).

Para estudos de domesticação, ou seja, para identificar os prováveis ancestrais selvagens (filogenia), o número de linhagens maternas na população em estudo e sua origem geográfica, o marcador molecular mais utilizado é o mtDNA. O mtDNA é formado por uma fita simples de DNA circular e assemelha-se a um plasmídeo - possui menos que 20kb na maioria das espécies de produção e está localizado no citoplasma celular, dentro da mitocôndria (organela celular responsável pela produção de energia) (BRUFORD et al., 2003; EGITO, 2007).

O mtDNA possui três principais características relevantes para este tipo de estudo filogenético: a) conservado evolutivamente o suficiente para permitir a identificação da população ancestral que deu origem a população em estudo; b) variável e estruturado geograficamente de forma a permitir a localização aproximada do ponto de domesticação; e c) sua evolução é rápida e em uma taxa constante, o que permite a adaptação da origem de determinado polimorfismo (BRUFORD et al., 2003).

Vários pesquisadores em todo o mundo têm feito uso deste marcador para estudos evolutivos em galinhas nativas, a fim de traçar a possível filogenia dessas aves. Kanginakudru et al., (2008) estudaram a filogenia de galinhas Indianas; Ceccobelli et al., (2013) estudaram galinhas da Itália; Englund & Johansson (2014) estudaram raças de galinhas da Suécia; já Ceccobelli et al. (2015) pesquisaram raças de galinhas do Mediterrâneo.

Estudos filogenéticos a partir de informações mitocondriais são possíveis a partir da técnica de sequenciamento. O sequenciamento do DNA é um aglomerado de processos bioquímicos que tem por finalidade determinar a ordem dos nucleotídeos (adenina, guanina, citosina e timina) em uma amostra de DNA. A técnica de sequenciamento do DNA iniciou na década de 70.

Contudo, foi a partir da década de 80 que passou por um importante avanço, com o desenvolvimento da “técnica de desoxi”, também conhecida como terminadores de cadeia ou Sanger, que ainda é bastante utilizada. Entretanto, mais recentemente, foram desenvolvidas novas técnicas, como sequenciamento de nova geração. Desde então novos métodos têm sido lançado para estudos genômicos e muito têm contribuído para avanços das pesquisas científicas (PEREIRA et al., 2013; SANTOS et al., 2013).

5 | MARCADOR MICROSSATÉLITES

Estável e de herança codominante, os marcadores moleculares do tipo microssatélites possuem alto nível polimórfico, eficaz em estudos populacionais.

Microsatélites são sequências repetitivas de um a seis nucleotídeos em Tandem, também conhecidos como *Simple Sequence Repeats* (SSR). Comumente, são repetições de mono (1 base), tetra (4 bases) ou, principalmente, dinucleotídeos (2 bases), e estão localizados entre genes ou dentro de íntrons. Essas sequências repetitivas são flanqueadas por sequências únicas (ENGEL et al., 2006), que podem ser utilizadas como localizadores.

Os marcadores microsatélites apresentam várias vantagens, pois são marcadores codominantes, multi-alélicos, altamente reprodutíveis, com elevada resolução e alto grau de polimorfismo. Além disso, apresentam herança mendeliana simples e sua detecção tem como base a reação de PCR (*Polymerase chain reaction*) (JIMENEZ E COLLADA, 2000).

Instituições e pesquisadores de todo o mundo têm feito uso dos marcadores microsatélite em suas pesquisas. Em 1995, a *Food Agriculture Organization* (FAO), juntamente com a *International Society of Animal Genetics* (ISAG), reuniram-se e formaram equipes para elaborarem diretrizes e recomendações técnicas para a avaliação da diversidade genética em raças de animais domésticos. Idealizado através do projeto *Measurement of Domestic Animal Diversity* MoDAD) (http://www.fao.org/dad_is), esta iniciativa selecionou uma lista de *loci* de microsatélites para estudos de diversidade genética. Posteriormente, em 2010, a lista foi ampliada com inclusão de novos marcadores (FAO, 2011).

O uso do marcador molecular microsatélite na espécie *Gallus gallus* tem sido amplamente utilizado em pesquisas em vários países, principalmente para estudos de caracterização e diversidade genética dessas aves. Como exemplo é possível citar Cuc et al. (2010), que estudaram a caracterização genética de galinhas do Vietnã; Bianchi et al. (2011), que pesquisaram a diversidade de duas raças de galinhas Italianas; Ceccobeli et al. (2015), que analisaram a diversidade genética de dezesseis raças de galinhas do Mediterrâneo; Fonteque et al. (2014), que realizaram a caracterização genética de galinhas brasileiras que põem ovos azuis; Carvalho et al. (2016), que caracterizaram geneticamente galinhas da raça brasileira Canela-Preta; e Soltan et al. (2018), que investigaram a estrutura genética de galinhas crioulas do Egito.

Os parâmetros populacionais são essenciais para estudos de caracterização de diversidade genética de raças de galinhas nativas. Para tais estudos, faz-se uso principalmente dos marcadores moleculares. Esses estudos são básicos para conhecer a genética de uma raça, o que respalda e valoriza as raças nativas, ao mesmo tempo em que fortalece e apoia os programas de conservação de recursos genéticos.

6 | CONSIDERAÇÕES FINAIS

Para conhecimento genético de uma população nativa, investiga-se a sua variabilidade e estrutura genética, que por sua vez, são estimados a partir de parâmetros populacionais como: Heterozigosidade observada, Heterozigosidade esperada; Riqueza alélica; Porcentagem de *loci* polimórficos; dentre outros parâmetros.

Para investigação de tais parâmetros na caracterização de raça, faz-se uso principalmente dos marcadores moleculares microsatélites e do DNA Mitocondrial.

REFERÊNCIAS

- BIANCHI, M. et al. **Microsatellites based survey on the genetic structure of two Italian local chicken breeds**. Italian Journal of Animal Science, v. 10, n. 3, 2011.
- BRUFORD, M. W.; BRADLEY, D. G.; LUIKART, G. **DNA markers reveal the complexity of livestock domestication**. *Nature Reviews Genetics*, v. 4, n. 11, p. 900-910, 2003.
- CAMACHO, L. M. D. **Desenvolvimento de marcadores microsatélites e caracterização da diversidade genética de populações de *Chrysolena Obovata* (Asteraceae)**. 2016. 128 p. Tese (Doutorado em Biodiversidade vegetal e meio ambiente) – Instituto de Botânica da Secretaria do Meio Ambiente, São Paulo, 2016.
- CARVALHO, D. A. **Caracterização fenotípica e genotípica de galinhas nativas canelas-preta**. 2016. 71 p. Dissertação (Mestrado) - Curso de Zootecnia, Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, Diamantina - MG, 2016.
- CARVALHO, D. A. et al., **Caracterização genética e estrutura populacional de galinhas caipiras Canela-Preta no Estado do Piauí**. Pesquisa Agropecuária Brasileira, v. 51, n.11, p.1899-1906, 2016.
- CECCOBELLI, S. et al. **Phylogeny, genetic relationships and population structure of five Italian local chicken breeds**. Italian Journal of Animal Science, v. 12, n. 3, 2013.
- CECCOBELLI, S. et al. **Genetic diversity and phylo geographic structure of sixteen Mediterranean chicken breeds assessed with microsatellites and mitochondrial DNA**. *Livestock Science*, v. 175, p. 27-36, 2015.
- CUC, N. T. K. et al. **Assessing genetic diversity of Vietnamese local chicken breeds using microsatellites**. *Animal genetics*, v. 41, n. 5, p. 545-547, 2010.
- EGITO, A. A. **Diversidade genética, ancestralidade individual e miscigenação nas raças bovinas no Brasil com base em microsatélites e haplótipos de DNA mitocondrial: subsídios para a conservação**. 2007. 232 p. Tese (Doutorado), Universidade de Brasília, Brasília - DF, 2007.
- ENGEL, S. T. et al. **Conservation of microsatellite loci across species of artiodactyls: implications for population studies**. *J. Mammalogy*, v. 77, n. 2, p. 504-518, 1996.
- ENGLUND, T.; STRÖMSTEDT, L.; JOHANSSON, A. M. **Relatedness and diversity of nine Swedish local chicken breeds as indicated by their tDNAD-loop**. *Hereditas*, v. 151, n. 6, p. 229-233, 2014.
- FAO. **La situación de los recursos zoo genéticos mundiales para la alimentación y la Agricultura**, 2010. Disponível em: <http://www.fao.org/docrep/011/a1250s/a1250s00.htm>. Acesso em

Acesso em: 01 jul. 2019.

FAO. **Molecular genetic characterization of animal genetic resources. Animal Production and Health Guidelines.** Rome, n. 9, 2011.

FONTEQUE, G. V. et al. **Genetic polymorphism of fifteen microsatellite loci in Brazilian (blue-egg Caipira) chickens.** Pesquisa Veterinária Brasileira, v. 34, n. 1, p. 98-102, 2014.

FRANKHAM, R.; BRISCOE, D. A.; BALLOU, J. D. **Introduction to conservation genetics.** Cambridge University Press, 2002.

GODOY, J. A. **La genética, los marcadores moleculares y la conservación de especies.** Revista Ecosistemas, v. 18, n. 1, 2009.

HEDRICK, P. W. **Genetics of Populations.** Jones & Bartlett Publishers. 675 p. 2011.

JIMÉNEZ, P.; COLLADA, C. **Técnicas para la evaluación de la diversidad genética y su uso en los programas de conservación.** Forest Systems, v. 9, n. 4, p. 237-248, 2000.

KANGINAKUDRU, S. et al. **Genetic evidence from Indian red jungle fowl corroborates multiple domestication of modern day chicken.** BMC Evolutionary Biology, v. 8, n. 1, 2008.

MACRI, M. et al. **Diversidad genética de la raza Gallina Utrerana. Actas Iberoamericanas de Conservación Animal,** v. 13, p. 52-59, 2019.

MORAND, M. E. et al. **A generalized heterozygote deficiency assessed with microsatellites in French common ash populations. Molecular Ecology,** v. 11, n. 3, p. 377-385, 2002.

NEI, M. **Molecular Evolutionary Genetics.** New York: Columbia University Press, 1987.

OSMAN, S. A. M.; YONEZAWA, T.; NISHIBORI, M. **Origin and genetic diversity of Egyptian native chickens based on complete sequence of mitochondrial DNA D-loop region.** Poultry science, v. 95, n. 6, p. 1248-1256, 2016.

PEREIRA, G. L. et al. **Estado da arte do sequenciamento genômico na pecuária.** Ars Veterinária, v. 29, n. 3, p. 190-199, 2013.

SANTOS, W. F. et al. **Sequenciamento de dna: métodos e aplicações.** Proceedings of Safety, Health and Environment World Congress, v.13, p. 139-141, 2013.

SOLTAN, M. E. et al. **Genetic structure and bottleneck exploring of Sinai chickens indigenous to egypt.** Egyptian Poultry Science Journal, v. 38, n. 2, 2018.

VARGAS, P. A. T. et al. **Deciphering the Patterns of Genetic Admixture and Diversity in the Ecuadorian Creole Chicken.** Animals, [s.l.], v. 9, n. 9, 11 set. 2019.