



Programa de Pós-Graduação em Genética, Biodiversidade e Conservação

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO SUDOESTE DA BAHIA - UESB
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA, BIODIVERSIDADE E CONSERVAÇÃO

DIVERSIDADE GENÔMICA DE DIFERENTES RAÇAS DE GALINHAS NATURALIZADAS E COMERCIAIS COM BASE EM PAINÉIS DE ALTA DENSIDADE

JÉSSICA XAVIER SILVA

Programa de Pós-Graduação em Genética, Biodiversidade e Conservação



JEQUIÉ-BA
2021

Programa de Pós-Graduação em Genética, Biodiversidade e Conservação



JÉSSICA XAVIER SILVA



Programa de Pós-Graduação em Genética, Biodiversidade e Conservação

**DIVERSIDADE GENÔMICA DE DIFERENTES RAÇAS DE GALINHAS
NATURALIZADAS E COMERCIAIS COM BASE EM PAINÉIS DE ALTA
DENSIDADE**



Dissertação de mestrado apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Genética, Biodiversidade e Conservação da Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, para obtenção do título de Mestre em Genética, Biodiversidade e Conservação.

Orientador: Prof. Dr. Paulo Luiz Souza Carneiro.

Programa de Pós-Graduação em Genética, Biodiversidade e Conservação



JEQUIÉ-BA
2021



Programa de Pós-Graduação em Genética, Biodiversidade e Conservação



Programa de Pós-Graduação em Genética, Biodiversidade e Conservação



Programa de Pós-Graduação em Genética, Biodiversidade e Conservação



Programa de Pós-Graduação em Genética, Biodiversidade e Conservação

Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia – UESB
 Reconhecida pelo Decreto Estadual
 Nº 16.825, de 04.02.2016.

Programa de Pós-Graduação em Genética, Biodiversidade e Conservação

DECLARAÇÃO DE APROVAÇÃO

Título: “DIVERSIDADE GENÔMICA DE DIFERENTES GRUPOS GENÉTICOS DE GALINHAS LOCALMENTE ADAPTADAS E COMERCIAIS”.

Autor (a): Jéssica Xavier Silva

Orientador (a): Prof. Dr. Paulo Luiz Souza Carneiro

Aprovado como parte das exigências para obtenção do Título de MESTRE EM GENÉTICA, BIODIVERSIDADE E CONSERVAÇÃO ÁREA DE CONCENTRAÇÃO: GENÉTICA, BIODIVERSIDADE E CONSERVAÇÃO, pela Banca Examinadora:

Prof. Dr. Paulo Luiz Souza Carneiro – UESB/ Jequié-BA

Dra. Mônica Corrêa Ledur – Embrapa Suínos e Aves / Concórdia -SC

Prof. Dr. Marcelo Cervini - UESB / Jequié/

Data de realização: 09 de setembro de 2021.



Programa de Pós-Graduação em Genética, Biodiversidade e Conservação

S586d Silva, Jéssica Xavier.

Diversidade genômica de diferentes grupos genéticos de galinhas localmente adaptadas e comerciais / Jéssica Xavier Silva. - Jequié, 2021. 47f.

(Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Genética, Biodiversidade e Conservação da Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia - UESB, sob orientação do Prof. Dr. Paulo Luiz Souza Carneiro)

1. Divergência genética 2. Recursos genéticos 3. SNP 1. Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia II. Título

CDD – 333.751

Rafaella Cândia Portela de Sousa - CRB 5/1710. Bibliotecária - UESB - Jequié



Programa de Pós-Graduação em Genética, Biodiversidade e Conservação



BIOGRAFIA

JÉSSICA XAVIER SILVA, filha de Cícero Alves da Silva e Márcia Lima Xavier, nasceu em Jequié, Bahia, no dia 16 de abril de 1992.

Em 2009, concluiu o ensino médio no Colégio Modelo Luís Eduardo Magalhães – CMLEM. Em 2018, graduou-se em Zootecnia (Bacharelado) pela Universidade Federal do Recôncavo da Bahia – UFRB, Campus de Cruz das Almas – BA.

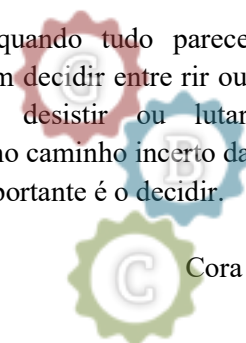
Em fevereiro de 2019, iniciou o curso de Pós- Graduação em Genética, Biodiversidade e Conservação, dedicando-se à linha de pesquisa em Genética, sob orientação do Professor Doutor Paulo Luiz Souza Carneiro e coorientação dos Professores Doutores Carlos Henrique Mendes Malhado e Samuel Resende Paiva.



Programa de Pós-Graduação em Genética, Biodiversidade e Conservação



Programa de Pós-Graduação em Genética, Biodiversidade e Conservação



“Mesmo quando tudo parece desabar, cabe a mim decidir entre rir ou chorar, ir ou ficar, desistir ou lutar, porque descobri, no caminho incerto da vida, que o mais importante é o decidir.

Cora Carolina

Programa de Pós-Graduação em Genética, Biodiversidade e Conservação

DIVERSIDADE GENÔMICA DE DIFERENTES RAÇAS DE GALINHAS NATURALIZADAS E COMERCIAIS COM BASE EM PAINÉIS DE ALTA DENSIDADE

Jéssica Xavier Silva¹

¹ Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia

As galinhas locais são um importante recurso genético e uma das principais fontes de renda e alimentação de núcleos familiares rurais de pequenos produtores. A diminuição do uso das raças locais, causada pela introdução de animais exóticos de raças comerciais, tem gerado preocupação e busca-se estratégias de conservação e uso racional desses animais. Estudos de diversidade genética, que caracterizam a variabilidade genética entre e dentro das diferentes populações, é um passo importante para a proteção desses recursos genéticos. Portanto, objetivou-se identificar e caracterizar a estrutura genética populacional de genótipos de galinhas da Nigéria e do Brasil, bem como compará-las com raças comerciais chinesas e europeias. Os genótipos de 781 aves foram utilizados nas análises. As galinhas locais nigerianas e brasileiras apresentaram redução na heterozigosidade observada, enquanto as linhagens comerciais brasileiras exibiram os maiores valores de heterozigosidade. Nas linhagens comerciais brasileiras, chinesas e europeias, foram encontrados maiores coeficientes de endogamia baseado em corridas de homozigosidade, maiores valores de desequilíbrio de ligação do que nas galinhas da Nigéria e nas galinhas Índio do Brasil. As aves nigerianas apresentam maior valor de N_e entre as populações estudadas, enquanto nas aves brasileiras Índio houve redução considerável do tamanho efetivo ao longo das gerações. As linhagens comerciais TT, do Brasil, e as da China, exibem maior diferenciação nas análises de estrutura populacional. A análise de *Admixture* com K ótimo igual a 7, demonstrou que as galinhas nigerianas, BEL, CC, GG, Índio, WEL e BRO apresentam diferenças nos padrões de mistura, com maior influência de alguns materiais genéticos ancestrais do que outros em suas formações. A população de aves BRO também compartilha do mesmo ancestral que TT. As linhagens brasileiras e europeias agruparam de acordo com suas aptidões, TT e BRO (frangos de corte), WEL e CC (poedeiras de ovos brancos) e BEL e GG (poedeiras de ovos marrons). Apesar dos diferentes graus de mistura, as populações, de maneira geral, são estruturadas. As aves comerciais brasileiras apresentam os menores níveis de endogamia, mesmo assim seus tamanhos efetivos precisam ser monitorados. As populações de aves chinesas e europeias exibiram os maiores níveis de endogamia, demonstrando a necessidade de revisão nas estratégias de seleção e acasalamentos. O maior N_e foi observado nas aves nigerianas, o que indica variabilidade que deve ser conservada e ampliada, enquanto as galinhas Índio, por seu pequeno N_e , necessitam de esforços para aumentar a representatividade do seu material genético.

Palavras-Chave: Divergência genética, Recursos genéticos, SNP

GENOMIC DIVERSITY OF DIFFERENT BREEDS OF NATURALIZED AND COMMERCIAL CHICKENS BASED ON HIGH DENSITY PANELS

Jessica Xavier Silva¹

¹ State University of Southwest Bahia

Local chickens are an important genetic resource and one of the main sources of income and food for rural families of small producers. The decrease in the use of local breeds, caused by the introduction of exotic animals from commercial breeds, has generated concern and conservation strategies and rational use of these animals are being sought. Genetic diversity studies, which characterize genetic variability between and within different populations, are an important step towards protecting these genetic resources. Therefore, the objective was to identify and characterize the population genetic structure of hen genotypes from Nigeria and Brazil, as well as to compare them with Chinese and European commercial breeds. The genotypes of 781 birds were used in the analyses. Local Nigerian and Brazilian chickens showed a reduction in observed heterozygosity, while Brazilian commercial lines exhibited the highest heterozygosity values. In Brazilian, Chinese and European commercial strains, higher inbreeding coefficients based on homozygosity runs, higher linkage disequilibrium values were found than in Nigerian chickens and in Brazilian Indian chickens. Nigerian birds have a higher value of N_e among the populations studied, while Brazilian Indian birds showed a considerable reduction in effective size over the generations. The commercial strains TT, from Brazil, and those from China, show greater differentiation in the analysis of population structure. Admixture analysis with optimal K equal to 7, showed that Nigerian chickens, BEL, CC, GG, Indio, WEL and BRO show differences in mixing patterns, with greater influence of some ancestral genetic materials than others in their formations. The BRO bird population also shares the same ancestor as TT. The Brazilian and European strains grouped according to their aptitudes, TT and BRO (broiler chickens), WEL and CC (white egg laying hens) and BEL and GG (brown egg laying hens). Despite the different degrees of mixing, populations, in general, are structured. Brazilian commercial birds have the lowest levels of inbreeding, yet their effective sizes need to be monitored. Chinese and European bird populations exhibited the highest levels of inbreeding, demonstrating the need for revision in selection and mating strategies. The highest N_e was observed in Nigerian birds, which indicates variability that should be conserved and expanded, while Indio chickens, due to their small N_e , need efforts to increase the representativeness of their genetic material.

Keywords: Genetic divergence, Genetic resources, SNP

LISTA DE FIGURAS

Figura 1. Análise de Componentes Principais das relações genéticas entre as nove populações... 23

Figura 2. Resultados da análise de Admixture para $K=7$ nas diferentes linhagens... 23

Figura 3. Dendrograma obtido a partir da matriz **G**, pelo método de agrupamento Ligação Completa, para as nove populações estudadas.24

Figura 4. Decaimento do Desequilíbrio de Ligação nas diferentes linhagens..... 25

Figura 5. Tamanho Efetivo Populacional (N_e) das diferentes populações em gerações anteriores... 26

Figura 6. Proporção de segmentos ROHs por intervalos de tamanhos de segmentos, nas diferentes linhagens... 29

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Linhagens, número de indivíduos usados nas análises, aptidão e fonte dos dados..... 18

Tabela 2. Estatísticas de diversidade genética das diferentes populações 21

Tabela 3. Estatísticas de Desequilíbrio de Ligação (LD) nas diferentes linhagens..... 24

Tabela 4. Dados de Corridas de Homozigosidade nas diferentes linhagens..... 28



SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Origem, Distribuição e Domesticação da Galinha

2.2 Recursos Genéticos Animais e Segurança Alimentar

2.3 Diversidade Genética

3 OBJETIVOS

3.1 Objetivo Geral

3.2 Objetivos Específicos

4 MATERIAL E MÉTODOS

5 RESULTADOS

6 DISCUSSÃO

7 CONCLUSÕES

8 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1 INTRODUÇÃO

A galinha doméstica originou-se no sudeste asiático e se espalhou por todo o mundo por sua fácil domesticação e manejo. No Brasil, foi introduzida durante o processo de colonização, assim como várias outras espécies de animais de produção. Aqui, essas espécies desenvolveram importantes características adaptativas ao longo dos anos, como resistência a parasitas (Cardoso et al., 2014; Biagiotti, 2016; Oliveira et al., 2018) e às condições climáticas do país (Cedraz et al., 2017; Pantoja et al., 2017).

Além de serem um importante recurso genético, as galinhas naturalizadas, tornaram-se uma das principais fontes de renda e alimentação de núcleos familiares rurais e pequenos produtores e um dos pilares da produção agropecuária, sendo que nos países mais pobres, boa parte das famílias rurais possuem criações caseiras de aves (Mack et al., 2005; Duangjinda et al., 2012; Soltan et al., 2018). Em pequenas aldeias de algumas comunidades na Nigéria, a criação de galinhas nativas é de suma importância para quebrar os ciclos de pobreza, desnutrição e doenças (Roberts, 1992), porque são animais resistentes, adaptados e que sobrevivem com pouco ou nenhum insumo (Ajayi, 2010).

Essa é uma realidade também vista no Brasil, principalmente em regiões do semiárido nordestino (Jalfin e Coporal, 2016) e em outras regiões pobres do país.

Com os ganhos, via melhoramento genético e ajustes nutricionais, sanitários e de conforto térmico, a avicultura moderna ganhou notável padrão de produtividade (Vogado et al., 2016). Entretanto, a perda de variabilidade das linhagens comerciais é evidente, conduzindo a grande uniformidade fenotípica e produtiva. É evidente que o melhoramento genético e de ambiente levou à produção a custos menores, entretanto as raças comerciais tornaram-se vulneráveis, colocando em risco a segurança alimentar mundial. Um exemplo histórico é a fome que vitimou a Irlanda no final do século 19, quando a falta de variabilidade em culturas de batata foi determinante para expansão de uma doença conhecida como “mela-da-batata”, que ocasionou, nos anos posteriores, a morte de 1 milhão de pessoas (Valois, 1999). Outro exemplo foi o da gripe aviária, que como consequência levou ao abate 800 milhões de aves, como fuga do risco de

contaminação das demais aves e do contágio humano (Paduan, 2005). Um outro caso, mais atual, é o surto de peste suína africana na China, que fez com que a população dessa espécie caísse quase pela metade em um ano, entre 2018 e 2019. Segundo a World Organisation For Animal Health – OIE (2020) 218, novos surtos já foram notificados no mundo, entre 30 de outubro e 12 de novembro de 2020, o que justifica a preocupação com a conservação dos recursos genéticos locais dessa e de outras espécies.

As raças nativas e naturalizadas, não passaram por processos seletivos intensos e nem pela melhoria do ambiente de produção, sendo suas criações prevalentes na agricultura familiar. Essas populações sofrem riscos, principalmente, em virtude do pequeno tamanho efetivo e endogamia. Outro fator preocupante é a erosão genética, em que as raças exóticas, altamente produtivas e uniformes geneticamente, tornaram-se populares e começaram a substituir as raças locais (Clemente et al, 2000), sendo também uma ameaça a esses recursos genéticos de importância alimentar e social.

A preocupação gerada pela diminuição do uso de raças locais e com a introdução de raças exóticas, faz com produtores e pesquisadores busquem alternativas para manter a variabilidade genética das populações locais (Carvalho et al., 2016), que é imprescindível para a definição de estratégias de conservação e uso racional (Mahmoud et al., 2019) de grupos genéticos com características ímpares de adaptabilidade.

Nesse sentido, os estudos de caracterização, em que é possível identificar a variabilidade genética dentro e entre as populações (Clementino, 2010), tornam-se fundamentais. As variações dentro das populações são essenciais, não apenas para o processo de especiação, como também para a elaboração de programas de melhoramento genético e conservação (Mahmoud et al., 2019). Nesse sentido, busca-se estabelecer formas de conservação e manejo sustentável dessas populações, bem como a exploração de forma participativa com os produtores, avaliar animais do Brasil e da África e definir as potencialidades dos grupos genéticos, buscando aprimorar futuros programas de intercâmbio de germoplasma entre os dois países, assim como a conservação ex situ. Assim, objetivou-se caracterizar e quantificar a diversidade genética dentro e entre as populações de galinhas naturalizadas do Brasil e Nigéria, comparando-as com raças comerciais.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Origem, Distribuição e Domesticação da Galinha

A galinha doméstica (*Gallus gallus domesticus*), faz parte da ordem galiforme e da família phasianidae, é descendente de uma ave silvestre indiana denominada *Gallus gallus bankiva*, popularmente conhecida como Galinha vermelha do mato (Darwin, 1859). Alguns autores acreditam na contribuição de outras subespécies de *Gallus gallus* (Eriksson et al., 2008), como *Gallus gallus jabouillei*, *Gallus gallus murghi* e *Gallus gallus spadiceus* (Herkenhoff, 2013). A sua domesticação ocorreu em um período anterior a 5400 a.C, sendo que esta espécie é o primeiro ancestral materno da galinha doméstica (Fumihito et al., 1996).

É uma espécie utilizada em todo o mundo para alimentação, práticas religiosas e até entretenimento. A reprodução fácil em cativeiro, sem necessidade de condições ambientais específicas e a existência de um comportamento social que permite a manutenção de grandes grupos em um mesmo local, foram fatores determinantes para a sua domesticação (Arenales e Rossi, 2001), que ocorreu a partir da separação de alguns exemplares das populações silvestres de *Gallus gallus* no sudeste Asiático. E como não são animais migratórios (Fumihito et al., 1996), sua distribuição aconteceu por ação humana, principalmente durante período das grandes colonizações, favorecida por trajetos migratórios e militares. Assim, a galinha doméstica tem uma única origem, mas a migração humana permitiu que ela se espalhasse pelos continentes em diferentes cenários histórico e cultural.

No Brasil, elas foram introduzidas por Pedro Álvares Cabral e seus homens que, ao desembarcarem no país em 1500, trouxeram o que seriam os primeiros exemplares de raças puras. Estas aves acompanharam tanto os colonizadores que estavam se estabelecendo, como foram rapidamente adotadas pelos índios nativos, que passaram também a criá-las (Albino et al., 2005; Albino e Moreira, 2006). Os primeiros exemplares de aves provinham de raças orientais, mediterrâneas e do sul da Europa (Albino et al., 2005). A partir disso surgiram diversos ramos genealógicos de aves caipiras com diferenças fenotípicas em relação a porte, plumagem, hábitos, aptidão e

coloração dos ovos (Clementino et al., 2008). Em algumas regiões aves com características específicas foram agrupadas e descritas como raça brasileira, por exemplo a raça Canela Preta no Estado do Piauí (Carvalho et al., 2016) e Peloco no Estado da Bahia (Almeida et al., 2013), embora ainda não tenham o reconhecimento oficial como raça.

2.2 Recursos Genéticos Animais e Segurança Alimentar

Recursos Genéticos são animais, microorganismos e plantas que fazem parte da biodiversidade e que têm potencial ambiental ou socioeconômico. A conservação desses recursos gera um debate importante e controverso: Em pleno avanço do crescimento populacional e produção global, em que os ecossistemas sofrem com ações antropogênicas e mudanças climáticas, a perda de diversidade genética afeta, diretamente, a biodiversidade agropecuária (Barbosa et al. 2015).

Ao iniciar a produção agropecuária o homem foi domesticando e selecionando as espécies para o meio-ambiente em que se fixava (Veiga et al. 2012). Ao longo da história do desenvolvimento das criações, as principais forças evolutivas de mutação, melhoramento seletivo, adaptação, isolamento e deriva genética criaram uma enorme diversidade de populações locais (Groeneveld et al., 2009). Mais de 7 mil raças foram desenvolvidas por agricultores e pequenos pecuaristas nos mais variados ambientes. Tais raças apresentam combinações singulares de alelos e evoluíram em conjunto com sistemas de conhecimento, culturas, economias e sociedades (FAO, 2007). E como é provável que a diversidade genética dos animais naturalizados contribua com características de interesse atuais ou futuras (Groeneveld et al., 2009), eles são considerados essenciais para a manutenção dos sistemas produtivos.

Deste modo, a preocupação com a substituição massiva dessas raças por raças exóticas, selecionadas em regiões de clima temperado, levou a Embrapa em 1993 a deliberar pela inclusão de espécies animais em seu Programa de Pesquisa em Recursos Genéticos, que incluía apenas espécies vegetais (Egito et al. 2002). A partir disso, tornou-se possível a criação de uma rede de conservação de recursos genéticos animais,

formada pelos centros de pesquisa da Embrapa, empresas estaduais, produtores e universidades, que mantêm núcleos de conservação *in situ* em diferentes regiões do país e *ex situ*, com um Banco de Germoplasma, para armazenamento de sêmen, embriões e de ovócitos (Mariante, 2011). Paiva et al. (2016), afirmam que durante os últimos vinte anos, experienciou-se importante progresso em conservação de recursos genéticos animais para alimentação e agricultura. E que programas nacionais, organizações não-governamentais e projetos voltados ao produtor, em nível global, vêm fazendo conservação *in vivo* e *in vitro*.

Pensando na importância da conservação desses recursos para a segurança alimentar, a comunidade internacional adotou o primeiro Plano de Ação Mundial para Recursos Genéticos Animais e Declaração de Interlaken em 2007, que engloba 23 prioridades que têm a função de combater a erosão da diversidade genética animal e estabelecer manejo racional dos recursos genéticos animais. Uma das finalidades deste plano é cumprir dois objetivos das Metas de Desenvolvimento do Milênio, que são erradicar a fome e garantir sustentabilidade ambiental (FAO, 2007).

Fome e a insegurança alimentar afetam milhões de pessoas em todo o mundo. Segundo o Conselho Nacional de Segurança Alimentar e Nutricional, a Segurança Alimentar é o “direito de todos ao acesso regular e permanente a alimentos de qualidade, em quantidade suficiente, sem comprometer o acesso a outras necessidades essenciais, tendo como base práticas alimentares promotoras da saúde, que respeitem a diversidade cultural e que sejam ambiental, cultural, econômica e socialmente sustentáveis” (CONSEA, 2017). E existem três grandes grupos de pessoas mais vulneráveis à fome e à insegurança alimentar, são elas: os pobres rurais, os pobres urbanos e as vítimas das catástrofes naturais (Silveira, 2015).

Atualmente o mundo vem passando por uma pandemia, a Organização Mundial de Saúde (OMS) considerou a COVID-19 como pandemia a partir de 11 de março de 2020 e é um consenso que os efeitos econômicos provocados pela doença serão perversos (Ribeiro et al., 2020). O agronegócio é um dos setores mais afetados por esses efeitos e isso se deve às restrições para exportações de produtos e insumos agropecuários. A FAO (2020) demonstrou preocupação com uma possível escassez, que essas restrições podem gerar, principalmente em países com poucas fontes alternativas

de alimentos. Aqui vemos a significância da produção rural de base familiar, importante para subsistência e para o abastecimento do comércio regional e é justamente esse tipo de produção a responsável pela manutenção de pequenas criações de animais nativos (Silva et al., 2018).

Sobre as comunidades rurais, no Brasil, em 2013, os índices de insegurança alimentar no campo eram de 21,4% para insegurança leve, 8,4% para moderada e 5,5% com insegurança alimentar grave (Gubert e Perez-Escamilla, 2018). Já na África, segundo os dados de 2013 da FAO, 627 milhões de africanos vivem na zona rural, onde os pobres vivem sob condições inadequadas para a manutenção diária, sem acesso à água potável, eletricidade, serviços de saúde, educação e condições mínimas de higiene, além de sofrerem com catástrofes ambientais e condições climáticas extremas. (Silveira, 2015).

Visto que a conservação de recursos genéticos de animais de produção está profundamente conectada com a sua utilização e que de acordo com a FAO (2007), uma base de recursos diversificada é essencial para a sobrevivência e o bem-estar humanos, esses animais são imprescindíveis na adaptação às variantes condições socioeconômicas e ambientais, que incluem as mudanças climáticas. A diversidade desses recursos e sua consequente adaptação a condições extremas de manejo e climáticas, fornecem meios de vida para 70% da população pobre do mundo que depende da produção de animais nativos como principal elemento para sobrevivência.

2.3 Diversidade Genética

A variedade de alelos e genótipos em uma população é conhecida como diversidade genética, que é responsável pelas diferenças morfológicas, fisiológicas e comportamentais entre os indivíduos (Toro & Caballero, 2005). Essas diferenças geram a diversidade biológica que sustenta a vida no planeta (Fonseca et al., 2019). Tal diversidade foi gerada ao longo do tempo, com pressões de mudanças ambientais, em que combinações favoráveis para adaptação se acumularam nas diferentes formas de vida (Thom et al., 2020; Brown et al., 2020).

Os genes são sequências de nucleotídeos em um loco de uma molécula de DNA relacionada a uma expressão funcional, sendo que a diversidade caracteriza sequências ligeiramente diferentes (Frankham et al. 2008). Não há conhecimento de mecanismos com a capacidade de gerar longos trechos de novas sequências de DNA, portanto, novos alelos, genes e estruturas genômicas surgem a partir do DNA pré-existente, através dos mecanismos de mutação, duplicação, deleção, embaralhamento de éxons e transferência horizontal (Embrapa, 2012).

A diversidade genética é medida, geralmente, usando proporção de polimorfismo, heterozigosidade observada e esperada e diversidade alélica (Frankham et al. 2008; Zhang et al., 2019; Cuc e Weigend, 2019; Habimana et al., 2020). Já para as populações estruturadas, as medidas de diferenciação são realizadas utilizando as distâncias genéticas e frequências alélicas entre as populações e o índice de fixação de Wright F_{ST} (Nisar et al., 2018; Cuc e Weigend, 2019; Habimana et al., 2020).

As pesquisas de diversidade genética de galinhas locais, utilizando marcadores moleculares, são importantes para o desenvolvimento de programas de conservação (Malomane et al., 2020; Huang et al., 2020) e apenas 25% das raças de galinhas nativas ou naturalizadas fazem parte de algum programa.

Usando marcadores microsatélites Fathi et al., 2018 e Rabimana et. al, 2020 encontraram maior diversidade genética intrapopulacional em populações de galinhas nativas da Arábia Saudita e Ruanda, respectivamente. Liu et al., 2021, usando um chip de 50k SNP para avaliar 7 raças de galinhas chinesas, encontraram alta diversidade genética e parentesco com raças de diferentes províncias. Carvalho et al., 2020, encontraram relação evolutiva entre galinhas nativas do nordeste brasileiro com galinhas de Portugal, Nigéria, Chile e Espanha.

Esses e outros estudos são necessários para demonstração da identidade genética dessas populações, entendimento de como agem os estímulos ambientais que geram as variações genéticas, essenciais para conservação e produção animal e auxílio na implementação dos métodos de conservação e uso sustentável (Qiao et al., 2017; Sobrinho et al., 2019).

3 OBJETIVOS

3.1 Objetivo Geral

Identificar e caracterizar a diversidade genética dentro e entre genótipos de galinhas naturalizadas e comerciais de várias raças, como estratégia para a conservação e utilização desses recursos genéticos.

3.2 Objetivos Específicos

- Identificar e caracterizar a presença de subestruturação genética entre e dentro das raças de galinhas.

4 MATERIAL E MÉTODOS

População Experimental

Tabela 1. Linhagens, número de indivíduos usados nas análises, aptidão e fonte dos dados.

Linhagens	Número de indivíduos	Aptidão	Fonte
TT	16	Corte	Embrapa
GG	15	Ovos Castanhos	Embrapa
CC	15	Ovos Brancos	Embrapa
Índio	16	Corte	Embrapa
Nigéria	48	Corte	Embrapa
BEL	52	Ovos Castanhos	Kranis et al., 2013
BRO	123	Corte	Kranis et al., 2013
WEL	46	Ovos Brancos	Kranis et al., 2013
China	450	Corte	Ye et al., 2019

Foram utilizados os genótipos de 781 aves de corte e de postura. Destes, 62 genótipos são das linhagens comerciais brasileiras TT de frangos de corte, GG de galinhas poedeiras de ovos castanhos, CC de galinhas poedeiras de ovos brancos e da raça caipira Índio. Mais 48 animais de dois ecótipos, Youruba e Fulani, coletados de acordo com as variedades fenotípicas pescoço nu, penas frisadas, penas desfiadas e penas lisas, das regiões North West, South South e South West da Nigéria. Também foram utilizados dados de genótipos de 450 frangos de corte de penas amarelas da China e 221 genótipos de aves das linhagens europeias BEL de poedeiras de ovos castanhos, WEL de poedeiras de ovos brancos e BRO de frangos de corte (Tabela 1).

Os genótipos das aves brasileiras e nigerianas foram cedidos pela Embrapa Suínos e Aves em Concórdia, Santa Catarina e fazem parte de projeto aprovado pela Comissão de Ética no Uso de Animais (CEUA) da Embrapa Suínos e Aves sob registro N° 15/2016. Os das aves chinesas e europeias estão disponíveis sob domínio público (Ye et al., 2019; Kranis et al., 2013).

Genotipagem, Controle de Qualidade e LD Pruning

O material de todas as 781 aves foram genotipadas com o *AffymetrixAxiom®Genome-Wide Chicken Genotyping Array* que inclui ~ 600 k SNP. Entraram no controle de qualidade 546,120 SNPs, de cada linhagem das aves brasileiras, 546,120 SNPs das aves nigerianas, 534,524 SNPs das chinesas e 629,702 SNPs, 666,997 SNPs e 354,257 SNPs, das europeias BRO, BEL e WEL, respectivamente.

Todas as populações passaram, individualmente, pelo controle de qualidade no software Plink versão 1.9, onde foram excluídos os marcadores não autossômicos e os marcadores com MAF menor que 0,05, Call rate para SNP menor que 0,95, Call rate para indivíduo menor que 0,90 e com p valor menor que $1e-6$ para desvio do equilíbrio de Hardy-Weinberg. Também foi realizado o pruning de LD, utilizando uma janela de 50 SNPs com gap de 5 SNPs e r^2 (Hill e Robertson, 1968) de 0,90, com o intuito de eliminar marcadores altamente correlacionados.

Diversidade Genética Populacional

Todas as análises de diversidade genética foram executadas com o auxílio do software PLINK versão 1.9 (Purcell et al., 2007). Os Loci em Homozigose Esperado (H_e) e Observado (H_o) e o Coeficiente de Endogamia baseado no excesso de homozigose (F_e) foram calculados com o uso da função “het”. As Distâncias Genéticas (D) foram estimadas com base na proporção de loci compartilhados entre os indivíduos (indivíduos idênticos por estado (IBS)), com a função “genome” e as Heterozigosidades Esperada (H_e) e Observada (H_o) com a função “hardy”. As Proporções de Polimorfismos (PP) em todo o genoma e por cromossomos e as MAFs foram calculadas com a função “freq”. Também foi realizada a análise do Coeficiente de Endogamia baseado em ROHs (FROH), após a estimação de tamanho de genoma coberto por ROH

com o uso da função “homozyg”, com os seguintes critérios: A ROH deveria ter o número mínimo de 50 SNPs, 300 Kb de comprimento de janela deslizante, com densidade mínima de 1 SNP/ 50 KB, comprimento em Kb entre dois marcadores para serem considerados em dois segmentos diferentes de 1000 Kb. A janela deslizante deveria ter 50 SNPs, com permissão para 3 heterozigotos e 5 chamadas perdidas. A proporção de sobreposição de janelas para definir um marcador como um segmento homozigoto foi de 0,05. Além disso, foram calculados o número de segmentos, tamanho total do genoma coberto por ROH, consanguinidade baseada em ROH em cada indivíduo e porcentagem de ROHs por intervalo de tamanho de segmento.

O banco de dados completo foi utilizado para a avaliação da estrutura genética populacional. Esse passou por um novo controle de qualidade com os mesmos critérios do controle anterior, com exceção da MAF e do equilíbrio de Hardy-Weinberg. Foi criada uma matriz genômica de parentesco, de acordo VanRaden (2008), de onde foram extraídos os componentes principais (PC), utilizados no gráfico de dispersão. As médias dos scores dos componentes principais, foram utilizadas para o estabelecimento do dendrograma pelo método de Ligação Total via distância Euclidiana e bootstrap de 10.000 permutações. As análises foram realizadas no PLINK v. 1.9 (Purcell et al., 2007) e plotadas no ambiente R. A estrutura populacional também foi avaliada com a utilização do software ADMIXTURE, em que o valor ótimo de K foi testado por validação cruzada em valores de 2 a 18.

As médias de LD entre os pares de marcadores foram estimadas com o auxílio do PLINK v. 1.9 (Purcell et al., 2007), usando o quadrado da Correlação de Pearson (r^2). Os marcadores foram organizados em classes de acordo com sua distância física, pareados em intervalos de 50 Kb dentro de uma janela de 0 a 500 Kb com marcadores. O LD médio por intervalo de distância entre os pares de bases foi utilizado para a estimativa do decaimento de LD. Os resultados do decaimento de LD foram plotados no ambiente R.

O tamanho efetivo populacional foi estimado usando a fórmula sugerida por Cobin et al, 2012,

$$N_T(t) = (4f(c_t))^{-1} (E[r_{adj}^2 | c_t]^{-1} - a)$$

Em que N_T representa o tamanho efetivo populacional passado estimado, t as gerações passadas, c_t representa a taxa de recombinação, r_{adj}^2 a estimativa de desequilíbrio de ligação ajustado para o viés da amostragem e a representa uma constante.

5 RESULTADOS

Após controle de qualidade, os animais das linhagens TT, GG e CC, apresentaram H_o ligeiramente maior que a H_e , variando de 0,39 (TT e CC) a 0,40 (GG) e o F_e (coeficiente de endogamia com base no excesso de homossigote) negativo, variando de -0,04 a -0,06 (Tabela 2). As galinhas Índio e os frangos chineses mantiveram a proporção de H_o igual a de H_e e apresentaram F_e de -0,02 e 0,0 respectivamente. A H_o foi menor que H_e para as aves europeias e nigerianas, sendo que o grupo de aves europeias WEL apresentou menor H_o (0,25) em relação a H_e (0,33) e maior F_e (0,24), enquanto nas aves nigerianas H_o foi levemente menor que H_e , o que explica o F_e mais baixo, se comparada com as europeias (Tabela 2).

Tabela 2. Estatísticas de diversidade genética das diferentes populações.

Linhagens	H_o	H_e	PP (%)	MAFp	F_e	FROH	D	LH _o	LH _e
TT	0,39 ± 0,16	0,38 ± 0,12	75,7 1	0,26	-0,04	0,18±0,02 0,15-0,22	0,3	73339 ± 1478,46	75360 ± 0
GG	0,4 ± 0,17	0,38 ± 0,12	60,5	0,26	-0,06	0,19±0,03 0,13-0,23	0,3	42068,13 ± 809,1	43590 ± 0
CC	0,39 ± 0,17	0,37 ± 0,12	52,1 1	0,25	-0,06	0,2±0,07 0,06-0,35	0,3	31377,47 ± 1711,56	32470 ± 0

Índio	0,37 ± 0,16	0,37 ± 0,12	78,42	0,25	-0,02	0,07±0,05 0,03-0,25	0,3	193256,12 ± 8034,83	195400 ± 0
Nigéria	0,33 ± 0,14	0,34 ± 0,12	84,25	0,22	0,02	0,13±0,06 0-0,34	0,28	229372,65 ± 16985,95	227320,93 ± 2931,16
BEL	0,3 ± 0,12	0,36 ± 0,12	85,22	0,27	0,17	0,37±0,04 0,26-0,44	0,32	142938,88 ± 3619,54	130465,38 ± 236,71
BRO	0,32 ± 0,12	0,35 ± 0,12	85,25	0,26	0,1	0,31±0,03 0,21-0,39	0,3	175796,58 ± 3137,11	166764,23 ± 166,51
WEL	0,25 ± 0,11	0,33 ± 0,13	85,1	0,23	0,24	0,44±0,11 0,25-0,6	0,3	35403,41 ± 2580,75	31624,57 ± 80,99
China	0,37 ± 0,12	0,37 ± 0,12	74,87	0,25	0	0,17±0,03 0,1-0,37	0,3	133756,9 ± 2911,72	133750,11 ± 589,77

Ho: Heterozigosidade observada; **He:** Heterosigozidade esperada; **PP:** Porcentagem de SNPs polimórficos; **MAF_{pp}:** Menor frequência de marcadores polimórficos; **Fe:** Coeficiente de endogamia baseado no excesso de homozigosidade; **FROH:** Coeficiente de endogamia com base nas corridas de homozigosidade; **D:** Distância genética; **LHO:** Loci em homozigosidade observado; **LHE:** Loci em homozigosidade esperado.

Os valores de Ho, He e Fe, as aves brasileiras apresentaram menores números observados de loci em homozigosidade (LHO) do que os esperados (LHe), enquanto nas nigerianas, chinesas e europeias o número de LHO, foram maiores que os de LHe e dessas a WEL demonstrou a maior diferença entre os LHO (35403,41 ± 2580,75) e os LHe (31624,57 ± 80,99) (Tabela 2).

As proporções de polimorfismos (PP) das brasileiras variaram de 52,11% da CC a 78,42% da Índio. Em contrapartida, as aves nigerianas e as linhagens europeias possuem maiores porcentagens de polimorfismos, variando de 85,25% da BRO e 85,1% da WEL (Tabela 2).

Os coeficientes de endogamia genômico (FROH) indicam a proporção do genoma que está coberta por longos trechos de segmentos homozigotos, sem presença de SNPs heterozigotos. As linhagens WEL, BEL e BRO apresentaram os maiores valores médios de FROH, 0,44, 0,37 e 0,31, respectivamente, já as aves Índio o menor

(0,07). As aves nigerianas também apresentaram valor menor do que as comerciais (0,13). As aves brasileiras CC, GG e TT e as aves da China mostraram média de FROH variando entre 0,17 (China) e 0,20 (CC) (Tabela 1).

As medidas de distância genética (D), foram calculadas com base na proporção de loci compartilhados entre os indivíduos. As medidas variaram pouco nos diferentes grupos e as aves nigerianas apresentaram a menor distância (Tabela 1).

Nas populações de aves da Nigéria e da brasileira Índio foram encontradas maiores proporções de polimorfismos (PP), 84,25% e 78,22%, respectivamente, do que nas comerciais brasileiras TT, GG e CC e nas aves chinesas. As linhagens comerciais europeias BEL, BRO e WEL apresentaram as maiores PPs. A menor MAF foi de 0,22 das aves nigerianas e a maior foi 0,27 das aves BEL, as outras populações variaram pouco entre 0,25 e 0,26 (Tabela 1).

Os três primeiros componentes principais explicaram 22,62% da variação total (10,34%, 7,73% e 4,55% para o primeiro, segundo e terceiro, respectivamente, Figura 1). Observou-se que as populações TT e China são as mais divergentes. A linhagem TT apresentou a maior diferenciação entre as populações, inclusive das brasileiras, talvez reflexo de sua formação. No geral, as populações se apresentam em grupos bastante homogêneos com pouca variação interna. Alguma variação dentro foi observada para BRO e WEL. Há proximidade entre CC e WEL e entre GG, BEL e Índio, indicada por alguma sobreposição.

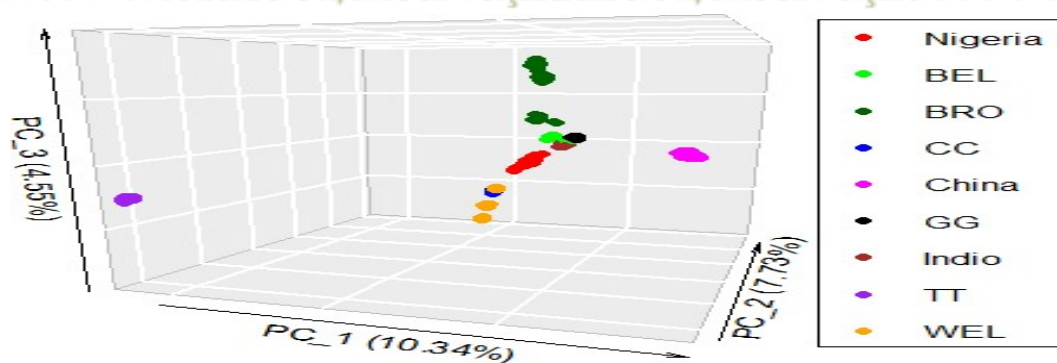


Figura 1. Análise de Componentes Principais das relações genéticas entre as nove populações.

O número ótimo de grupos para avaliação do grau de mistura foi $K=7$. A população TT é homogênea e com pouca mistura na sua composição, assim como a amostra chinesa, que também possui pequenos graus de mistura

Nigéria, BEL, CC, GG, Índio, WEL e BRO apresentam diferentes padrões de mistura, com maior influência de alguns materiais genéticos ancestrais do que outros em suas formações.

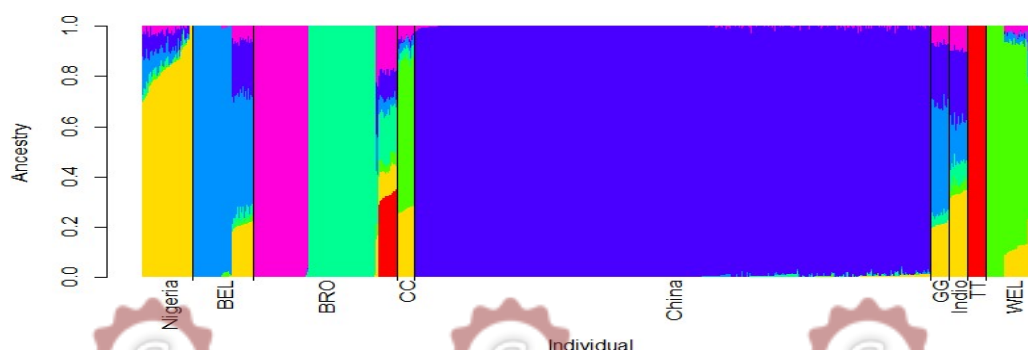


Figura 2. Resultados da análise de Admixture para $K=7$ nas diferentes linhagens.

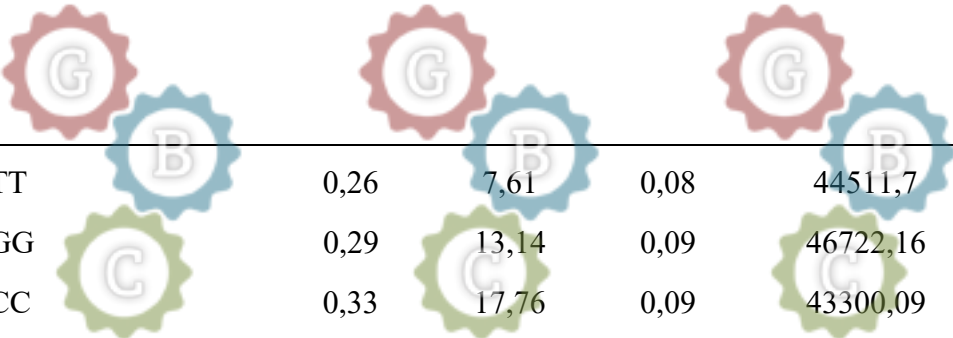


Figura 3. Dendrograma obtido a partir da matriz **G**, pelo método de agrupamento Ligação Completa, para as nove populações estudadas.

A análise de agrupamento (Figura 3) demonstrou a formação de 4 grupos com mais de 95% de AU. O primeiro entre as aves chinesas e as outras populações, os segundo entre CC e WEL, com 100% de AU, o terceiro entre BRO e TT e o quarto agrupamento entre BEL e GG.

Tabela 3. Estatísticas de Desequilíbrio de Ligação (LD) nas diferentes linhagens.

Linhagens	LDA	MbA	LDp	MDp
-----------	-----	-----	-----	-----



TT	0,26	7,61	0,08	44511,7
GG	0,29	13,14	0,09	46722,16
CC	0,33	17,76	0,09	43300,09
Índio	0,19	2,97	0,07	45757,36
Nigéria	0,22	2,67	0,03	46225,45
BEL	0,26	4,48	0,04	49000,34
BRO	0,25	3,56	0,03	46065,72
WEL	0,28	19,18	0,07	43352,7
China	0,23	4,31	0,01	46208,19

LD_A: Desequilíbrio de ligação dos SNPs Adjacentes; **MD_A**: Média de distância dos SNPs adjacentes; **LD_p**: Desequilíbrio de ligação entre pares de SNPs; **MD_p**: Média da distância entre pares de SNPs.

As linhagens de galinhas poedeiras brasileiras e europeias apresentaram os maiores valores de LD dos SNPs Adjacentes, variando entre 0,29 e 0,28. As linhagens de corte variaram entre 0,23 e 0,26, enquanto os menores valores foram encontrados nas galinhas índio e nas nigerianas (0,19 e 0,22 respectivamente) (Tabela 3).

A média de distância dos SNPs adjacentes variou entre 0,01 e 0,09 e a média de distância entre pares de SNPs variou entre 43352,7 e 49000,43, nas populações. Os grupos não comerciais apresentaram os menores valores de média de distância dos SNPs adjacentes (Índio = 2,97 e Nigerianas = 2,67) (Tabela 3).

A uma distância menor do que 50 Kb, as linhagens comerciais TT, CC, GG, BEL, BRO, WEL e China apresentaram maiores valores de desequilíbrio de ligação, representado por r^2 , enquanto, nas aves Índio e da Nigéria os valores de LD foram menores (Figura 4). Nesse mesmo intervalo de distância, WEL, BRO, BEL e CC apresentaram o maior decaimento das linhagens comerciais.

A velocidade de decaimento em todas as populações foi menor em uma janela de 50Kb a 500 Kb e voltou a aumentar em janela > 500 Kb, exceto para as galinhas Índio.

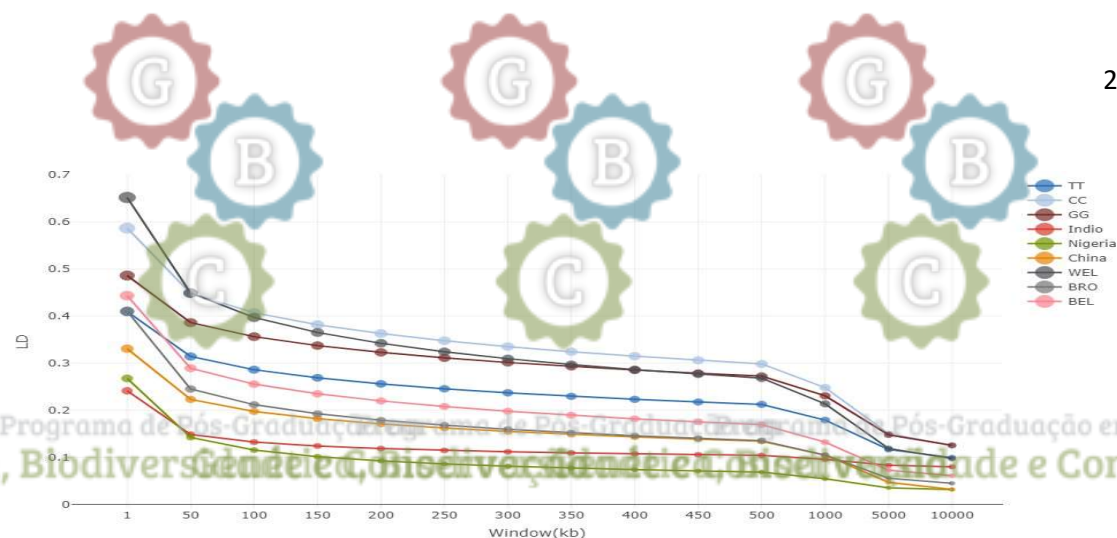


Figura 4. Decaimento do Desequilíbrio de Ligação nas diferentes linhagens.

O tamanho efetivo da população de aves da Nigéria 5ª geração passada foi o maior (122) entre os grupos e os de GG, CC e WEL foram os menores (22, 22 e 24, respectivamente) (Figura 5).

Observando um intervalo entre a 10ª e a 5ª geração passada, houve uma diminuição considerável do Ne das galinhas Índio, que passaram a ter Ne menor que as galinhas da China e a europeia BRO. Na 5ª geração passada a população Índio exibiu Ne de 43 indivíduos, enquanto as chinesas e BRO apresentaram Ne de 75 e 58 indivíduos, respectivamente.



Figura 5. Tamanho Efetivo Populacional (Ne) das diferentes populações em gerações

Assim como no FROH, nas aves Índio foi detectado o menor número de corridas de homozigosidade (ROH) (tabela 3), a média de tamanho de segmentos foi de 975, 07 pares de bases, porém mesmo em pequena proporção esses animais possuem ROHs longas, com tamanho superior a 12.000 Kb (Tabela 3; Figura 6). Nas aves nigerianas foi detectado maior número de ROH do que nas diferentes populações de aves brasileiras,

porém o tamanho médio das ROHs é consideravelmente inferior, que demonstra que as aves da Nigéria apresentam um pico de proporção ROHs no menor intervalo de tamanho de segmentos que é < 1.500 Kb e diminui drasticamente com tamanho de seguimento de 1.500 a 3.000 Kb e 3.000 a 6.000 Kb, não existindo ROHs nesta população nos intervalos subsequentes (maiores), resultado provável dos cruzamentos de parentes distantes (Tabela 3; Figura 6).

Analisando as aves europeias, observamos que a WEL possui o menor número de ROHs (5977) com 187,57 SNPs portanto apresenta a maior densidade de SNPs em ROHs (DROH) de todas as populações avaliadas (DROH= 18,84) (Tabela 3). A população de aves WEL também possui os segmentos de ROHs mais longos, com tamanho médio de 3518,79 Kb e maior tamanho de genoma coberto por ROHs, 459693,56 Kb. Também é possível observar que WEL apresenta a maior proporção de segmentos com ROHs de tamanho superior a 12000 Kb (Figura 6). ROHs longas são resultados de cruzamentos endogâmicos recentes, comum em linhagens comerciais que passam por constantes processos de seleção artificial.

Isso também se aplica às linhagens brasileiras TT, GG e CC. As aves CC apresentam o menor número de ROHs das três linhagens, com 135,89 SNPs e assim é a que possui maior DROH das três, 18,79. É também a que demonstra a presença de ROHs com média de tamanho maior das três linhagens (TROH= 2589,93 Kb) e maior o GCROH (213340,71 Kb). As três linhagens têm segmentos de ROH em todos os intervalos de tamanho (Figura 6).

As aves chinesas apresentam número de ROHs bastante superior as demais linhagens comerciais brasileiras e europeias (55.655 ROHs). E também fogem ao padrão quando observamos seu TROH de 1.388,22 Kb, seu GCROH de 175.131,83 Kb e as proporções de ROHs nos diferentes intervalos de tamanho (Tabela 3). As chinesas mostram uma queda acentuada na as proporção de ROHs em segmentos de 6.000 a 12.000 Kb de tamanhos e não apresentam ROHs em segmentos maiores do que 12.000 Kb (Tabela 3; Imagem 6).

Tabela 4. Dados de Corridas de Homozigosidade nas diferentes linhagens.

Linhagens	NROH	TROH	SNPROH	DROH	PHOM	PHET	SROH	GCROH
TT	1867	1670,1 1 ± 2308,7 4	191,33 ± 233,07	9,53 ± 6,2	0,96 ± 0,02	0,04 ± 0,02	116,87 ± 6,14	193992,07 ± 23539,12
GG	1399	2123,5 3 ± 2420,0 1	149,33 ± 157,26	14,95 ±8,43	0,96 ± 0,02	0,04 ± 0,02	94,07 ± 7,15	199788,79 ± 30125,75
CC	1251	2589,9 3 ± 3232,0 8	135,89 ± 146,66	18,79 ± 10	0,96 ± 0,02	0,04 ± 0,02	82,64 ± 16,81	213340,71 ± 75750,68
Índio	1193	975,07 ± 1833,4 4	256,18 ± 560,82	4,7 ± 3,2	0,97 ± 0,02	0,03 ± 0,02	73,67 ± 19,57	72941,21 ± 55243,13
Nigéria	8321	689,05 ± 1129,3 6	217,8 ± 397,86	3,6 ± 2,03	0,96 ± 0,02	0,03 ± 0,02	193,95 ± 62,92	133765,54 ± 67060,22
BEL	1213 7	1674,1 8 ± 2088,8 1	338,09 ± 392,18	5,5 ± 3,67	0,98 ± 0,02	0,02 ± 0,02	233,24 ± 25,6	390403,98 ± 38428,45
BRO	2823 3	1424,2 3 ± 1770,2 2	345,95 ± 401,21	4,79 ± 3,57	0,98 ± 0,02	0,02 ± 0,02	229,56 ± 17,87	327153,52 ± 34117,8
WEL	5977	3518,7 9 ± 3984,5 9	187,57 ± 183,34	18,84 ± 10,33	0,96 ± 0,02	0,03 ± 0,02	129,31 ± 11,35	459693,56 ± 117593,39
China	5565 5	1388,3 2 ± 1698,2 3	283,79 ± 314,93	5,37 ± 3,58	0,97 ± 0,02	0,03 ± 0,02	126,19 ± 9,15	175232,83 ± 27036,99

NROH: Número de corridas de homoziguidade; **TROH**: Tamanho das corridas de homoziguidade; **SNPROH**: Média de SNP por corridas de homoziguidade; **DROH**: Densidade de SNP nas corridas de homoziguidade; **PHOM**: Proporção de sítios em homoziguidade; **PHET**: Proporção de sítios em heteroziguidade; **SROH**: Segmentos em homoziguidade; **GCROH**: Tamanho do genoma convertido em corridas de homoziguidade.

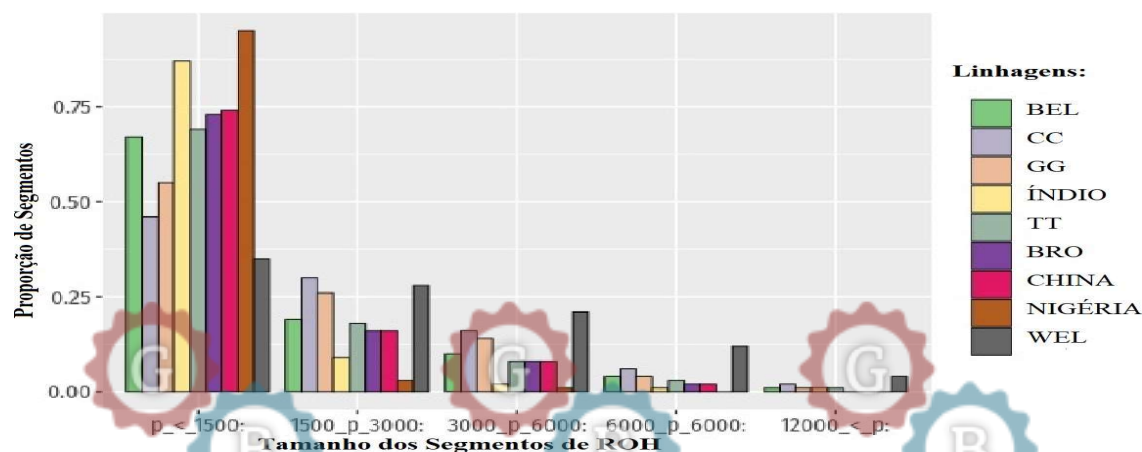


Figura 6. Proporção de segmentos ROHs por intervalos de tamanhos de segmentos, nas diferentes linhagens.

6 DISCUSSÃO

Após QC e LD pruning restaram para as análises as seguintes quantidades de marcadores: 356.700 SNPs da população de aves nigerianas, 120.684 SNPs dos frangos da linhagem TT, 51,659 SNPs das galinhas CC 69.853 SNPs das galinhas GG, 309.115 SNPs das aves da raça Índio, 204.696 SNPs das galinhas BEL, 257,758 SNPs dos frangos BRO, 47.616 SNPs das galinhas WEL e 213.152 SNPs da linhagem das aves chinesas. A menor quantidade de marcadores pós LD pruning nas linhagens comerciais, é reflexo da intensa seleção aplicada e pouco cuidado com os acasalamentos entre animais aparentados. A maior quantidade de marcadores das aves da Nigéria e nas brasileiras Índio acontece, provavelmente, porque não passam pelos mesmos processos intensivos de seleção das linhagens comerciais, possuem mais misturas em sua formação.

Nas linhagens comerciais brasileiras foram identificados os maiores valores de H_o e os menores de F_{ROH} das linhagens comerciais. Nas linhagens europeias os valores de H_o foram os menores e os valores de F_{ROH} foram maiores. Essas diferenças em grupos de linhagens comerciais são o reflexo de diferentes sistemas de seleção e dos cuidados com o controle dos cruzamentos entre indivíduos aparentados.

As galinhas nigerianas e as Índio exibiram menores valores de heterozigiosidade, maiores e maiores proporções de LH_o do que as linhagens comerciais brasileiras. Esse mesmo comportamento foi identificado por Cendron et al. (2020) que investigaram 23 raças de galinhas locais da Itália. Com os resultados de F_e , F_{ROH} e D , comparando as nigerianas e as galinhas Índio, observamos maior endogamia nas nigerianas, porém maior N_e (122 indivíduos na 5ª geração anterior) do que a população Índio (46 indivíduos na 5ª geração anterior). Zhang et al., (2018) encontraram resultados parecidos estudando três raças indígenas de galinhas chinesas, a população mais endogâmica possuía maior N_e do que a menos endogâmica. Esse resultado entre as galinhas Nigrianas e Índio pode ser um reflexo da diferença na redução do N_e entre as gerações. Uma geração é uma amostra da geração anterior e é possível observar que a população Nigeriana teve maior perda de N_e entre a 10ª e 5ª geração anterior do que as

aves Índio, o que pode ter aumentado a variação das frequências alélicas e ocasionado a fixação ou eliminação de alguns alelos.

Enquanto os coeficientes de endogamia baseados em excesso de homossiguidade (F_e) dos ecótipos nigerianos e das aves caipira Índio foram maiores do que as linhagens comerciais brasileiras, seus valores de F_{ROH} foram os menores de todas as linhagens avaliadas. Isso acontece porque a pressão de seleção nas linhagens comerciais aumenta a geração de trechos de corridas de homossiguidade (Kim et al., 2013; Rebelato e Caetano, 2018).

Valores parecidos para as proporções de polimorfismos encontrados nas nigerianas e nas aves Índio, foram encontrados por Zhang et al. (2018) em galinhas indígenas chinesas. As MAFs variaram de 0,22 a 0,27, sendo o menor valor do grupo de aves da Nigéria e o maior das aves europeias comerciais BEL, essa faixa de valores concorda com os encontrados por Cendron et al. (2010), por Zhang et al. (2020) e por Bortoluzzi et al. (2018), em um estudo com galinhas holandesas, utilizando o chip de 60K SNP. As aves chinesas mantiveram um padrão, sem muita variação, de porcentagem de marcadores nos diferentes intervalos de MAFs e as aves GG e CC (de postura), TT (corte) e a caipira Índio e BRO com as aves chinesas (a partir do quinto intervalo de MAF), variaram igualmente ou de forma muito próxima, demonstrando como diferentes propósitos de seleção influenciam nas distribuições das frequências alélicas.

Alterações nas frequências alélicas também podem ser observadas nas análises de desequilíbrio de ligação (LD). Em todas as amostras o LD diminuiu com o aumento das distâncias físicas entre os marcadores, consistente com os resultados encontrados por Khanyile et al. (2015) e por Zhuang et al. (2020), porém, as linhagens comerciais exibiram maiores valores de LD, evidenciado por r^2 . Fato que ocorre, provavelmente, porque os processos de seleção aumentam as frequências de determinados alelos, levando alelos ligados a apresentarem alta frequência (O'Brien et al., 2014), além de aumentarem a endogamia e diminuírem o N_e , que é o principal fator de influência sobre o LD. Os tamanhos efetivos das populações estudadas, mostram que as linhagens comerciais mantiveram um padrão de N_e muito pequeno em todas as gerações.

Esses resultados de LD corroboram com os dados de Corridas de Homozigidade (ROH), as linhagens comerciais apresentam segmentos de ROHs destacadamente maiores do que as aves Índio e as nigerianas. ROHs longas indicam alta consanguinidade e considerando que o tamanho dos segmentos em homozigose tende a diminuir a cada geração, também há a indicação de que esses cruzamentos são recentes (Curik et al., 2014; Rebelato e Caetano, 2018).

Quando comparamos os resultados de ROHs entre as linhagens comerciais, observamos que os grupos de galinhas poedeiras apresentam maiores tamanhos de segmentos em ROH e maior parte do genoma convertido em ROH do que as linhagens comerciais de corte. O mesmo resultado foi encontrado por Talebi et al., 2020, avaliando segmentos de ROH em duas linhagens de galinhas poedeiras, duas linhagens de frango de corte e um grupo de aves selvagens.

As aves Índio e da Nigéria apresentaram menores valores de LD e comparando as duas populações, as aves nigerianas exibiram maior velocidade de decaimento, que pode ser resultado do seu maior tamanho efetivo. A velocidade de decaimento de LD do grupo de aves Índio, é a menor entre as populações avaliadas a partir da 50 Kbs. As nigerianas possuem maior número de segmentos em ROH, porém seus segmentos são menores que os encontrados nos genomas das aves Índio, o que pode ser explicado pelo histórico de perda de N_e desses dois grupos.

Observando o histórico de tamanho efetivo das duas populações, vemos que em um momento Índio teve maior N_e do que as nigerianas, mas as duas populações vieram apresentando perda progressiva de tamanho efetivo populacional até a 10ª geração passada, em que as aves Índio diminuíram um pouco o padrão de perda, porém o seu valor de N_e na 5ª geração passada (46 indivíduos) é inferior ao de algumas linhagens comerciais. Zhang et al. (2018) encontraram diminuição de N_e em 3 gerações de 2 raças e aumento do N_e em 1 das raças de galinhas chinesas sob conservação. A perda de tamanho efetivo nessas populações que não estão sob intensa seleção artificial, ao longo das diferentes gerações, pode ser gerada pelo processo de substituição desses animais por animais exóticos e geneticamente melhorados (Carvalho et al, 2016).

As populações que têm sofrido muitos gargalos ou longos períodos com N_e pequeno, apresentam como consequência perda de variabilidade e redução do potencial

evolutivo. O maior Ne das aves nigerianas, mostra que essa população possui diversidade e que seus núcleos podem ser ampliados e avaliados para usos específicos.

A dispersão via análise de componentes principais (ACP) e o gráfico de mistura estão em concordância. No geral todas as amostras, exceto TT, revelam diferentes ancestrais e uma variação em suas proporções, que podem refletir diferentes origens e efeito de processos de seleção.

Verificamos uma discriminação considerável da amostra de aves de corte TT, na análise de componentes principais e na análise de mistura. Essa linhagem foi originada a partir das raças Cornish e White Plymouth Rock, que passaram por processo de seleção para características, de forma geral, de rendimento de carcaça desde 1992 (Nunes et al., 2011, Venturini et al., 2015; Marchesi et al., 2017; Almeida et al., 2019). Uma amostra de frangos Cornish foi utilizada nas análises de Zhuang et al. (2020) e também não mostrou proximidade com as outras linhagens comerciais avaliadas no estudo, o que pode indicar que essa raça tenha maior proporção na constituição de TT. A população de aves frangos de corte BRO também compartilha do mesmo ancestral que TT e as duas populações agruparam em 98% das repetições da análise de agrupamento.

Os frangos chineses também exibem uma diferenciação, porém em menor grau do que das aves TT. Segundo Xu et al. (2018) estes animais são o terceiro lote da 25ª geração de aves oriundas de raça de frango anão de penas amarelas, eles são uma mistura de irmãos completos e meios-irmãos. Há na sua mistura a predominância de alelos de um ancestral, provavelmente asiático e com poucas introgressões. Esse ancestral também pode ser visto, em menor proporção, nas demais linhagens e sabemos que a galinha doméstica é originada de um ancestral selvagem indiano (Darwin, 1859).

BRO é a única população que apresenta em sua composição todos os ancestrais, porém com contribuições alélicas bem diferentes, o que justifica a divisão em 2 subpopulações. O que também é visto nas aves WEL, em que uma de suas subpopulações faz sobreposição com a amostra de aves CC e as duas linhagens agrupam em 100% das repetições na análise de agrupamento, e isso acontece porque as duas linhagens compartilham maior proporção o mesmo ancestral. De acordo com Kranis et

al. 2013 e Almeida et al. 2019, WEL e CC são formadas a partir da raça de galinhas poedeiras de ovos brancos, White Leghorn.

Outra sobreposição no gráfico da PCA aconteceu entre BEL, GG e as aves caipiras Índio. Sabe-se que BEL e GG possuem a raça Rhode Island Red em suas formações (Kranis et al. 2013 e Ledur et al. 2000). O compartilhamento em maior proporção de um ancestral pode ser visto no Admixture e no agrupamento formado pelas duas linhagens. Já as aves Índio possuem menos diferenciação na proporção de sua composição E o equilíbrio na mistura dos ancestrais nas galinhas Índio pode ser reflexo do próprio processo de formação das raças locais brasileiras, que são frutos de vários cruzamentos sem controle seletivo, dos animais trazidos, principalmente, durante a colonização.

Esse processo de formação das nossas raças locais, quando houve a introdução de raças trazidas, principalmente da Europa e da África, também explica a proporção ligeiramente maior na Índio do principal ancestral formador das aves Nigerianas (também presente nas linhagens GG e CC). Carvalho et al., (2020) em estudo com marcadores microssatélites, encontraram semelhanças entre a raça de galinha Canela Preta, do Estado do Piauí, e um grupo de galinhas nigerianas. Não existem registros históricos da introdução de galinhas africanas no Brasil, os resultados observados por Carvalho et al. (2020) são indícios de que as relações entre aves brasileiras e africanas precisam ser avaliadas e o estudo atual também demonstra evidências dessa maior relação.

Os resultados apresentados ressaltam o impacto nas populações de galinhas locais pelo seu pouco uso nos sistemas produtivos e intensa substituição por aves comerciais. Segundo Cedron et al. (2020) a estratégia para conservação de raças locais, a longo prazo, mais segura é a de desenvolvimento de nichos de mercado que atrelem valor ao produto desses grupos.

O Ne muito pequeno da população Índio e aumento da endogamia na população de aves nigerianas levantam o alerta da necessidade de monitoramento e da elaboração de estratégias de conservação direcionadas.

7 CONCLUSÕES

Apesar dos diferentes graus de mistura, as populações, de maneira geral, são estruturadas o que permite considerar que são adaptados a diferentes ambientes e/ou explorados de diferentes formas.

Os níveis de endogamia das linhagens comerciais brasileiras foram baixos, se comparada com as outras linhagens comerciais, indicando que há controle nos cruzamentos de animais aparentados, porém seus valores de N_e demonstram que é preciso que haja também o monitoramento dos seus tamanhos efetivos populacionais.

As populações de aves chinesas e europeias exibiram os maiores níveis de endogamia, demonstrando a necessidade de revisão nas estratégias de seleção e acasalamentos.

A população de aves nigerianas apresenta maior N_e o que indica que mantém variabilidade, que deve ser conservada e ampliada. Enquanto, o resultado de N_e das aves brasileiras Índio, demonstra a necessidade de esforços para aumentar a representatividade do seu material genético.

8 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AJAYI, F. O. 2010. Nigerian indigenous chicken: A valuable genetic resource for meat and egg production. **Asian Journal Poultry Science**, v. 4, p. 164-172.

ALBINO, L.T.F.; SILVA, J.H.V.; VARGAS JÚNIOR, J.G. 2005. Criação de Frango e Galinha Caipira: Avicultura alternativa. 2. ed. Revisada e Ampliada, Viçosa: Aprenda Fácil. 208 p.

ALBINO, L. F. T.; MOREIRA, P. 2006. Criação de Frango e Galinha Caipira. Viçosa: Centro de Produções Técnicas – CPT. 198 p.

ALMEIDA, E. C.; CARNEIRO, P. L. S.; WENCESLAU, A. A.; Filho, R. V. F.; MALHADO, C. H. M. 2013. Características de carcaça de galinha naturalizada Peloco comparada a linhagens de frango caipira. **Pesq. agropec. bras.**, Brasília, v.48, n.11, p.1517-1523, nov.

ALMEIDA, O. A. C.; MOREIRA, G. C. M.; REZENDE, F. M.; BOSCHIERO, C.; PEIXOTO, J. O.; IBELLI, A. M.; LEDUR, M. C.; NOVAIS, F. J.; COUTINHO, L. L. 2019. Identification of selection signatures involved in performance traits in a paternal broiler line. **BMC Genomics**, v. 20, June.

ANGELOTTI. F.; GIONGO, V. 2019 Ações de mitigação e adaptação frente às mudanças climáticas. In: Melo, R. F.; Voltolini, T. V. Agricultura Familiar dependente de chuva no Semiárido. 1º ed, Brasília, DF: Embrapa. Cap. 13, p. 445 -467.

BARBOSA, L. V; VIDOTTO, R. C; ARRUDA. T. P. 2019. Erosão Genética e Segurança Alimentar. Simpósio Internacional de Ciências Integradas. UNAERP – Campus Guarujá.

BIAGIOTTI, D. 2016. **Associação e Seleção Genômica Ampla em Ovinos Santa Inês para características relacionadas a resistência à endoparasitas**. 72p. Tese (Doutorado) - Universidade Federal do Piauí, Teresina-PI.

BORTOLUZZI, C.; CROOIJMANS, R. P. M. A.; BOSSE, M.; HIEMSTRA, S. J.; GROENEN, M. A. M.; MEGENS, H.-J. 2018. The effects of recent changes in breeding preferences on maintaining traditional Dutch chicken genomic diversity. *Heredity*.

BROWN, S. C.; WIGLEY, T. M. L.; OTTO-BLIESNER, B. L.; RAHBK, C.; FORDHAM, D. A. 2020. Persistent Quaternary climate refugia are hospices for biodiversity in the Anthropocene. **Nature Climate Change**.

BRUFORD, M.W.; BRADLEY, D.G.; LUIKART, G. 2003. DNA markers reveal the complexity of livestock domestication. **Nature Reviews Genetics** 4, p. 900–10.

CARVALHO, D.A; BONAFÈ, C. M; RODRIGUEZ-RODRIGUEZ, M. D. P. M; ALMEIDA, M, J. O; SARMENTO, J. L. R; BRITTO, F. B; SILVA, M. A. 2016. Caracterização genética e estrutura populacional de galinhas crioulas Canela-Preta. **Pesq. agropec. bras.**, Brasília, v.51, n.11, p.1899-1906, nov.

CAMPOS, B. M. 2016. Divergência genética e identificação de marcas genômicas de seleção em bovinos no brasil. Tese de doutorado, UESB, Itapetinga.

CARDOSO, C.P; SILVA, B.F; GONÇALVES, D.S; TAGLIARI, N. J; SAITO, M. E; AMARANTE, A. F. T. 2013. Resistência contra ectoparasitas em bovinos da raça Crioula Lageana e meio-sangue Angus avaliada em condições naturais. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** 34(2):141-146.

CARVALHO, D.A; BONAFÈ, C. M; RODRIGUEZ-RODRIGUEZ, M. D. P. M; ALMEIDA, M, J. O; SARMENTO, J. L. R; BRITTO, F. B; SILVA, M. A. 2016. Caracterização genética e estrutura populacional de galinhas crioulas Canela-Preta. **Pesq. agropec. bras.**, Brasília, v.51, n.11, p.1899-1906, nov.

CARVALHO, D.A; MARTÍNES, A. M.; CAROLINO, I.; BARROS, M. C.; VALLEJO, M. E. C.; SANTOS-SILVA, F.; ALMEIDA, M. J. O.; CAROLINO, N.; BERMEJO, J. V. D.; SARMENTO, J. L. R. 2020. Diversity and Genetic Relationship of Free-Range Chickens from the Northeast Region of Brazil. **Animals**, v. 10, p. 1857.

CEDRAZ, H.; GROMBONI, J. G. G.; GARCIA JUNIOR, A. A. P.; FARIAS FILHO, R. V.; SOUZA, T. M.; OLIVEIRA, E. R.; OLIVEIRA, E. B.; NASCIMENTO, C. S.;

MENEGHETTI, C.; WENCESLAU, A. A. 2017. Heat stress induces expression of HSP genes in genetically divergent chickens. **PLoS ONE**. Maio.

CENDRON, F.; PERINI, F.; MASTRANGELO, S.; TOLONE, M.; CRISCIONE, A.; BORDONARO, S.; CASSANDRO, M., et al. 2020. Genome-Wide SNP Analysis Reveals the Population Structure and the Conservation Status of 23 Italian Chicken Breeds. *Animals*, v. 10.

CLEMENTINO, C. S.; MARTINS, D. M.; ARAÚJO NETO, P. R.; BRITTO, F. B.; BARBOSA, F. J. B.; LIMA, P. S. C.; DINIZ, F. M. 2008. **Variabilidade Fenotípica e Genotípica em Galinhas Caipiras (*Gallus gallus domesticus*): Resultados Preliminares**. Circular Técnica n. 46, Embrapa, Nov.

Conselho Nacional de Segurança Alimentar e Nutricional (CONSEA). 2017. Relatório Final: 5ª Conferência Nacional de Segurança Alimentar e Nutricional. Governo Federal.

COUTINHO, L. L.; ROSÁRIO, M. F.; JORGE, E. C. 2010. *Biotecnologia Animal. Estudos Avançados*, v. 24.

CORBIN, L.J.; LIU, A.Y.H.; BISHOP, S.C.; WOOLLIAMS, J.A. 2012. Estimation of historical effective population size using linkage disequilibria with marker data. **J Anim Breed Genet.** **129**(4): 257–270.

CUC, N. T. K.; WEIGEND, S. 2019. Genetic Relationship between vietnamese chicken populations and chicken populations from different continents. **Animal and Veterinary Sciences**, v. 7(4), p. 94-101, July.

DÁVILA, S.G.; GIL, M.G.; RESINOTALAVÁN, P.; CAMPO, J.L. 2009. Evaluation of diversity between different Spanish chicken breeds, a tester line, and a White Leghorn population based on microsatellite markers. **Poultry Science**, v.88, p.2518-2525.

DUANGJINDA, M.; CHOPRAKARN, K.; SUWANLEE, S.; AMNUEYSIT, P.; THIEME, O. 2012. Impact of the avian influenza outbreak on indigenous chicken genetic resources in Thailand. **World's Poultry Science Journal**, v. 68(03), p.503–512.

EARL, D.A.; VONHOLDT, B.M. 2012. Structure harvester: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. **Conservation Genetics Resources**, v.4, n.2, p.359-361.

EGITO, A.A.; A.S. MARIANTE E M.S.M. ALBUQUERQUE. 2002. Programa brasileiro de conservação de recursos genéticos animais. **Arch. Zootec.** 51: 39-52.
Embrapa Cerrados. 2012. Conservação de recursos genéticos no Brasil. Brasília -DF. Embrapa.

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

FONSECA, E. M.; WERNECK, F. P.; GEHARA, M.; OLIVEIRA, E. F.; MAGALHÃES, F. M.; LANNA, F. M.; LIMA, G. S.; MARQUES, R.; MESQUITA, D. O.; COSTA, G. C.; COLLI, G. R.; GARDA, A. A. 2019. The role of strict nature reserves in protecting genetic diversity in a semiarid vegetation in Brazil. **Springer: Biodiversity and Conservation**, June.

FATHI, M.; EL-ZAREI, M.; AL-HOMIDAM, I.; ABOU-EMERA, O. 2018. Genetic diversity of Saudi native chicken breeds segregating for naked neck and frizzle genes using microsatellite markers. **Asian-Australas J Anim Sci.** v 31, p. 1871–188.

FRAKHAM, R.; BALLOU, J. D.; BRISCOE, D. A. 2008. Fundamentos de Genética da Conservação. Ribeirão Preto, SP: SBG (Sociedade Brasileira de Genética). 280 p.

Food and Agriculture Organization of the united nations. 1995. World watch list for domestic animal diversity. 2.ed. Rome: **FAO**. p.769.

FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS. 2007. The state of food and agriculture. Rome.

FOLL, M.; GAGGIOTTI, O. 2008. A genome-scan method to identify selected loci appropriate for both dominant and codominant markers: A Bayesian perspective. **Genetics**, v.180, p.977-993.

FUMIHITO, A.; MIYAKE, T.; TAKADA, M.; SHINGU, R.; ENDO, T.; GOJOBORI, T.; KONDO, N.; OHNO, S. 1996. Monophyletic origin and unique dispersal patterns of domestic fowls. **Proc. Natl. Acad. Sci. USA**, v. 93, p. 6792–6795.

GAO, X.; STARMER, J. 2007. Human population structure detection via multilocus genotype clustering. **BioMed Central Bioinformatics**, v.8, n.34.

GALAL, A.; RADWAN, L. M.; REZIK, H. H.; AYOUB, H. 2019. Expression levels of HSPJ0 and CPT-1 three local breeds of chickens reared under normal or heat stress conditions after the introduction of the naked neck gene. **Journal of Thermal Biology**, v.80, p. 113-118, February.

GAUTIER, M.; VITALIS, R. 2012. R package to detect footprints of selection in genome-wide SNP data from haplotype structure. **Bioinformatics**, v.28, n.8, p.1176-1177.

GROENEVELD, L. F.; LENSTRA, J. A.; EDING, H.; TORO, M. A.; SHERF, B.; PILLING, D.; NEGRINI, R.; FINLAY, E. K.; JIALIN, H.; GROENEVELD, E.; WEIGEND, S. 2009. Genetic diversity in farm animals - a review. **Animal Genetics**, v. 41, p. 6-31, Oct.

GUBERT, M. B.; PEREZ-ESCAMILLA, R. 2018. Insegurança alimentar grave municipal no Brasil em 2013. **Ciênc. saúde coletiva**, vol.23 no.10, outubro.

HABIMANA, R.; OKENO, T. O.; NGENO, K.; MBUAMBA, S. ASSAMI, P.; GBOTTO, A. A.; KEAMBOU, C. T.; NISHIMWE, K.; MAHORU, J.; YAO, N. 2010. Genetic diversity and population structure of indigenous chicken in Rwanda using microsatellite markers. **PLOS ONE**, v. 16(4), April.

HUANG, D.W.; SHERMAN, B.T.; LEMPICKI, R. A. 2009. Systematic and integrative analysis of large gene lists using DAVID Bioinformatics Resources. **Nature Protocols**, n.4, v.1, p44-57.

HUANG, X.; OTECKO, N. O.; PENG, M.; WENG, Z.; Li W.; CHEN, J.; ZHONG, M. 2020. Genome-wide genetic structure and selection signatures for color in 10 traditional Chinese yellow-feathered chicken breeds. **BCM Genomics**, v. 21.

IZADNIA, H. R.; TAHMOORESPUR, M.; MOHAMMAD, R. B.; NASSIRI, M.; ESMAEILKHANIEN, S. 2019. Gene expression profile analysis of residual feed for Isfahan native chicken using RNA-SEQ data. **Italian Journal of Animal Science**, v. 8, Sep.

JAKOBSSON, M.; ROSENBERG, N.A. 2007. Clumpp: a cluster matching and permutation program for dealing with label switching and multimodality in analysis of population structure. **Bioinformatics**, v.23, n.14, p.1801-1806.

LIU, Y.; ZHANG, M.; TU, Y.; ZOU, J.; LUO, K.; JI, G.; SHAN, Y.; JU, X.; SHU, J. 2021. Population Structure and Genetic Diversity of Seven Chinese Indigenous Chicken Populations in Guizhou Province. **The Journal of Poultry Science**.

KHANYILE, K. S; DZOMBA, E. F; MUCHADEYI, F. C. 2015. Population genetic structure, linkage disequilibrium and effective population size of conserved and extensively raised village chicken populations of Southern Africa. **Frontiers in Genetics**, v.6, art. 13.

MACEACHERN, S.; HAYES, B.; MCEWAN, J.; GODDARD, M. 2009. An examination of positive selection and changing effective population size in Angus and Holstein cattle populations (*Bos taurus*) using a high-density SNP genotyping platform and the contribution of ancient polymorphism to genomic diversity in domestic cattle. **BMC Genomics**, v.10, n.181, p.1-19.

MACK S.; HOFFMANN D.; OTTE J. 2005. The contribution of poultry to rural development. **World's Poultry Science Journal**, v.61, p.7-14.

MAHMOUD, A. H.; FARAH, M. A.; RADI, A.; ALANAZI, K. M.; MOHAMMED, O.; AMOR, N.; M, A.; ALSHAIKH, M.; ALJUMAAH, R.; SALAH, M.; SALEH, A. 2019. Utilization of microsatellite markers in genotyping of Saudi Arabian camels for productivity and conservation. **Canadian Journal of Animal Science**.

MALOMANE, D. K.; WEIGEND, S.; SCHIMITT, A. O.; WEIGEND, A.; REIMER, C.; SIMIANER, H. 2020. Genetic diversity in global chicken breeds as a function of genetic to the wild populations. **BioRxiv**, January.

MAO, H.; WANG, X.; FAN, Y.; CHENG, D.; CHEN, K.; LIU, S.; XI, S.; WAN, L.; LI, X.; REN, J. 2019. Whole-genome SNP data unravel population structure and signatures of selection for black plumage of indigenous chicken breeds from Jiangxi province, China. **Animal Genetics**, v. 50, July.

MARIANTE, A. S.; CAVALCANTE, N. 2006. Animais do descobrimento: raças domésticas da história do Brasil. Brasília, DF: Embrapa-Assessoria de Comunicação Social: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2000. 228 p.

MARIANTE, A. S.; ALBUQUERQUE, M. S. M.; RAMOS, A. F. 2011. Criopreservação de recursos genéticos animais brasileiros. **Rev. Bras. Reprod. Anim.**, Belo Horizonte, v.35, n.2, p.64-68, abr./jun.

MARCHESI, J.A.P; BUZANSKAS, M.E; CANTÃO, M.E; IBELLI, A. M. G; PEIXOTO, J.O; JOAQUIM, L.B et al. 2017. Relationship of runs of homozygosity with adaptive and production traits in a paternal broiler line. **Animal**.

MCKAY, S. D.; SCHNABEL, R. D.; MURDOCH, B. M.; MATUKUMALLI, L. K.; AERTS, J.; COPPIETERS, W. 2008. Na assessment of population structure in eight breeds of cattle using a whole genome SNP panel. **BMC Genetics**, v.9:37, p.1-9.

MTILENI, B; MUCHADEYI, F; MAIWASHE, A; GROENEVELD, E; GROENEVELD, L; DZAMA, K., et al. 2010. Genetic diversity and conservation of South African indigenous chicken populations. **J. Anim. Breed. Genet.** 128, 209–218.

MOREIRA, G. C. M.; POLETI, M. S.; PÉRTILLE, F.; BOSCHIERO, C.; CESAR, A. S. M.; GODOY, T. F.; LEDUR, M. C.; REECY, J. M.; GARRICK, D. J.; COUTINHO, L. L. 2019. Unraveling genomic associations with feed efficiency and body weight traits in chickens through an integrative approach. **BMC Genetics**, **20**, Nov.

MOREIRA, G. C. M.; SALVIN, M.; BOSCHIERO, C.; CESAR, A. S. M.; GODOY, T. F.; LEDUR, M. C.; REECY, J. M.; GARRICK, D. J.; MOURÃO, G. B.; COUTINHO, L. 2019. Genome-wide association sacn for QTL and their positional candidate genes associated with internal organ traits in chickens. **BMC Genomics**, **20**, August.

NISAR, A.; WAHEED, A.; KHAN, S.; FENG, X.; SHAH, A. H. 2018. Population structure, genetic diversity and phylogenetic analysis of different rural and commercial chickens of Pakistan using complete sequence of mtDNA D-loop. **Mitochondrial Dna Part A**, p. 1-8.

NOTTER, D. R. 1999. The importance of genetic diversity in livestock populations of the future. **Journal Animal Science**, v. 77, p. 61-69.

NUNES BDN, RAMOS SB, SAVEGNAGO RP, LEDUR MC, NONES K, KLEIN CH, et al. 2011 Genetic parameters for body weight, carcass chemical composition and yield in a broiler-layer cross developed for QTL mapping. **Genet Mol Biol**, v. 34, p. 429–34.

OLIVEIRA, E. J.; SAVEGNAGO, R. O.; FREITAS, L. A.; FREITAS, A. P.; MAIA, S. R.; SIMILI, F. F.; EL FARO, L.; COSTA, R. L. D.; SANTANA JÚNIOR, M. L.; PAZ, C. C. P. 2018. Estimates of genetic parameters and cluster analysis for worm resistance and resilience in Santa Inês meat sheep. **Pesq. agropec. bras.**, Brasília, v.53, n.12, p.1338-1345, Dec.

KRANIS, A.; GHEYAS, A.A.; BOSCHIERO, C. et al. 2013. Development of a high density 600K SNP genotyping array for chicken. **BioMed Central Genomics**, v.14, n.59.

PAIVA, S. R.; MCMANUS, C. M.; BLACKBURN, H. 2016. Conservation of animal genetic resources- A new tact. **Livestock Science**. v 193, November.

PAIN, T. P.; LANELLA, P.; PAIVA, S. R.; CAETANO, A. R.; PIMENTEL, C. M. M. 2018. Detection and evaluation of selection signatures in sheep. **Pesq. agropec. bras.**, Brasília, v.53, n.5, p.527-539, May.

PANTOJA, M. H. A.; ESTEVES, S. N.; JACINTO, M. A. C.; PEZZOPANE, J. R. M.; PAZ, C. C. P.; SILVA, J. A. R.; JÚNIOR LOURENÇO, J. B.; BRANDÃO, F. Z.; MOURA, A. B. B.; ROMANELLO, N.; BOTTA, D.; GARCIA, A. R. 2017. Thermoregulation of male sheep of indigenous or exotic breeds in a tropical environment. **Journal of Thermal Biology**, 69, 302–310, September.

PATTERSON, N.; PRICE, A.L.; REICH, D. 2006. Population structure and eigen analysis. **PLoS Genet**, v.2, n.12, p.190.

PORTO NETO, L. R.; BARENDSE, W. 2010. Effect of SNP origin on analyses of genetic diversity in cattle. **Animal Production Science**, v. 50, p.792–800.

PRITCHARD, J.K.; STEPHENS, M.; DONNELLY, P. 2000. Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data. **Genetics**, v.155, p.945-959.

REYNOLDS, J.; WEIR, B. S.; COCKERHAM, C. C. 1983. Estimation of the coancestry coefficient: basis for a short-term genetic distance. **Genetics**, v. 105, n.3, p. 767-779.

RIBEIRO, L. C. S; SANTANA, J. R.; ANDRADE, J. R. L.; MOURA, F. R.; ESPERIDIÃO, F.; JORGE, M. A.; SANTOS, G. F.; CERQUEIRA, R. B. 2020.

Estimação de impactos econômicos da pandemia COVID-19 em Sergipe. Nota Técnica LEADER nº2. UFS.

ROUSSET, F. 2008. GENEPOP'007: a complete re-implementation of the genepop software for Windows and Linux. **Molecular Ecology Research**, v.8, n.1, p.103-106.

ROBERTS, J.A. 1992. “The scavenging feed resource base in assessments of the productivity of scavenging village chickens”, in Newcastle Disease in Village Chickens, edited by PB Spradbrow, Australian Center for International Agricultural Research, Canberra, Proceedings 39, p. 29–32.

ROSENBERG, N.A. 2004. DISTRUCT: a program for the graphical display of population structure. **Molecular Ecology Notes**, v.4, p.137–138.

SABETI, P.C.; REICH, D.E.; HIGGINS, J.M. et al. 2018. Detecting recent positive selection in the human genome from haplotype structure. **Nature**, v.419, n.24, p.832-837.

SILVA, Y. L.; GAMARRA-ROJAS, G.; FERNANDES, F. E. P.; FARIAS, J. L. S.; FERNANDES, C. S. 2002. A produção animal na economia da agricultura familiar: Estudo de caso no Semiárido brasileiro. **Cadernos de Ciência & Tecnologia**, Brasília, v. 35, n. 1, p. 53-74, jan./abr.

SILVEIRA, K. 2015. A. As Iniciativas de Cooperação Internacional do Brasil através da Embrapa para a Segurança Alimentar e Combate à Fome na África Subsaariana. Tese de Doutorado. Universidade de Brasília. Brasília- DF.

SCHEET, P.; STEPHENS, M. 2006. A fast and flexible statistical model for large-scale population genotype data: Applications to inferring missing genotypes and haplotypic phase. **American Journal of Human Genetics**, v.78, p.629-44.

SOBRIMHO, F. A. D.; MOURA, J. O.; SILVA, G. R.; DINIZ, F. M.; ARAÚJO, A. M. 2020. Aplicação de marcadores SNP em estudos de diversidade genética em *Capra hircus*: tendências, vieses e progressos. **Arch. Zootec.** v. 69 (268), p. 328-336.

SOLTAN, M. E.; FARRAG, S. A.; ENAB, A. A.; ABOW-ELEWA, E. M. 2018. Genetic structure and bottleneck exploring of Sinai chickens indigenous to Egypt. **Egyptian Poultry Science Journal**. v. 38, p.345-357, April.

STRILLACCI, M. G; VEGA-MURILLO, V. E; ROMÁN-PONCE, S. I; LÓPEZ, F. J. R.; COZZI, M. C; GORLA, E., et al. 2017. Looking at genetic structure and selection signatures of the Mexican chicken population using single nucleotide polymorphism markers. **Poultry Science**, v. 97, p.791–802

SZPIECH, Z.A.; JAKOBSSON, M.; ROSENBERG, N.A. 2008. Adze: a rarefaction approach for counting alleles private to combinations of populations. **Bioinformatics**, v.24, n.21, p.2498-2504.

TANG, K.; THORNTON, K.R.; STONEKING, M. 2007. A new approach for using genome scans to detect recent positive selection in the human genome. **PLOS Biology**, v.5, n.7, p.171.

TEIXEIRA, A. 1944. Brasil Holandês. *Vol. I. Coleção Niedenthal e vol. II Animaux et oiseaux*, **Editora Index**, Rio de Janeiro (3 vol.).

TIBSHIRANI, R.; WALTHER, G.; HASTLE T. 2001. Estimating the number of clusters in a dataset via the gap statistic. **J. R. Stat. Soc. B.**, v.63, n.2, p.411-423.

TORO, M. A.; CABALLERO A. 2005. Characterization and conservation of genetic diversity in subdivided populations. **Phil. Trans. R. Soc. B**, v. 360, p. 1367-1378.

THOM, G.; SMITH, B. T.; GEHARA, M.; MONTESANTI, J.; LIMA-RIBEIRO, M. S.; PIACENTINI, V. Q.; MIYAKI, C. Y.; AMARAL, F. R. 2010. Climatic dynamics and topography control genetic variation in Atlantic Forest montane birds. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, v.148, April.

VELDEN, F. F. V. 2012. As galinhas incontáveis. Tupis, europeus e aves domésticas na conquista do Brasil. **Journal de la Société des Américanistes**, v. 98(2), p. 97-104.

VENTURINI, G.C; STAFUZZA, N.B; CARDOSO, D.F; BALDI, F; LEDUR, M.C; PEIXOTO, J.O et al. 2015 Association between ACTA1 candidate gene and performance, organs and carcass traits in broilers. **Poult Sci**, v. 94, p.2863–9.

VOGADO, G. M. S.; VOGADO, K. T. S., FONSECA, W. J. L.; FONSECA, W. L.; VOGADO, W. F.; OLIVEIRA, A. M.; OLIVEIRA, N. M.; LUZ, C. S. M. 2016. Evolução da Avicultura Brasileira. **Nucleus Animalium**, v.8, n.1, p. 49-58, Mayo.

VOIGHT, B.F.; KUDARAVALLI, S.; WEN, X.; PRITCHARD, J.K. 2006 A map of recent positive selection in the human genome. **PLOS Biology**, v.4, n.3, p.446-458.

WENG, Z.; XU, Y.; LI, W.; CHEN, J.; ZHONG, M.; ZHONG, F.; DU, B.; ZHANG, B.; HUANG, X. 2010. Genomic variations and signatures of selection in wuhua yellow chicken. **Preprints**, June.

WORD ORGANISATION FOR ANIMAL HEALTH. African Swine Fever (ASF). Report N° 57: October 30 to November 12, 2010. Disponível em: <https://www.oie.int/fileadmin/Home/eng/Animal_Health_in_the_World/docs/pdf/Diseases_cards/ASF/Report_57_Current_situation_of ASF.pdf>. Acesso em: 18 de novembro de 2020.

YANG, L.; HE, T.; XIONG, F.; CHEN, X.; FAN, X.; JIN, S.; GENG, Z. 2020. Identification of key genes and pathways associated with feed efficiency of native chickens based on transcriptome data via bioinformatics analysis. **BCM Genomics**, v.21.

ZHONG, F.; JIN, S.; GENG, Z.; LUO, W.; HE, D.; MA, C.; HAN, J.; OMMEH, S. C.; ZANG, Y.; ZHANG, X.; DU, B. 2020. Genome-wide genetic structure and selection signatures for color in 10 traditional Chinese yellow-feathered chicken breeds. **BMC Genomics**.

ZHUANG, Z.; CHEN, S.; CHEN, C.; LIN, E.; HUANG, S. 2020. Genomic regions and pathways associated with thermotolerance in layer-type strain Taiwan indigenous chickens. **Journal of Thermal Biology**, v. 88, February.

ZIEGLER, Jean. 2013. Destruição em Massa, Geopolítica da Fome – 1. Ed. – São Paulo: Cortez.



Programa de Pós-Graduação em Genética, Biodiversidade e Conservação



Programa de Pós-Graduação em Genética, Biodiversidade e Conservação



Programa de Pós-Graduação em Genética, Biodiversidade e Conservação