

# Análise Genômica e Diversidade na Galinha Peloco

## Genomic Analysis and Diversity in Chicken Peloco

Carlos Henrique Alves Lago<sup>1,2</sup>, Paulo Luiz Souza Carneiro<sup>3</sup>

### Resumo

As galinhas Peloco apresentam uma alta capacidade de adaptação, resistência e rusticidade. Assim, objetivou-se identificar e caracterizar a diversidade genética em uma população de galinhas Peloco através da análise genômica como uma estratégia para a conservação e utilização desse recurso genético. A heterozigosidade observada ( $H_o$ ) foi superior à heterozigosidade esperada ( $H_e$ ), apresentando um valor médio de 0,39. O coeficiente de endogamia ( $F_{HOM}$ ) foi pequeno, apesar do baixo tamanho efetivo populacional ( $N_e$ ). Há variabilidade genética e baixos níveis de endogamia na população, indicando que as estratégias utilizadas nos núcleos de conservação têm sido pertinentes para minimizar os efeitos do baixo tamanho efetivo.

**Palavras-chave:** *Gallus gallus*, Marcadores genéticos, Polimorfismo.

### Abstract

Peloco chickens are highly adaptable, resistant and rusticity. Thus, the objective was to identify and characterize the genetic diversity in a population of Peloco chickens through genomic analysis as a strategy for the conservation and use of this genetic resource. The observed heterozygosity ( $H_o$ ) was higher than the expected heterozygosity ( $H_e$ ), with an average value of 0.39. The inbreeding coefficient ( $F_{HOM}$ ) was small, despite the low effective population size ( $N_e$ ). There is genetic variability and low levels of inbreeding in the population, indicating that the strategies used in conservation centers have been relevant to minimize the effects of low effective size.

**Keywords:** *Gallus gallus*, Genetic markers, Polymorphism.

### Introdução

A aplicação da genética em aves tem proporcionado um ganho genético contínuo de todas as características de produção e aproximadamente 80% das melhorias nas linhagens de galinhas de corte e postura advém do melhoramento genético (LEDUR, 2001). Quanto à conservação, há diversidade genética até mesmo dentro das mesmas

---

<sup>1</sup> Bolsista de Iniciação Científica pela Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia (UESB).

<sup>2</sup> Graduando. Bacharelado em Ciências Biológicas - Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia (UESB). E-mail: [henrique-lago@outlook.com](mailto:henrique-lago@outlook.com)

<sup>3</sup> Orientador. Professor Pleno da Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia (UESB). E-mail: [plscarneiro@gmail.com](mailto:plscarneiro@gmail.com)

espécies e raças, sendo cada uma delas indispensável, pois a perda de um único tipo ou raça pode prejudicar a aquisição de suas combinações genéticas singulares que poderiam vir a ser úteis no futuro. (EGITO *et al.*, 2002). As galinhas da raça Peloco são oriundas do cruzamento de galinhas outrora trazidas pelos portugueses no período de colonização, as quais se mantiveram vivas devido às suas capacidades de adaptação, sua resistência e rusticidade (EGITO *et al.*, 2002). Os cruzamentos com aves comerciais têm contribuído para uma redução de sua diversidade, o que é agravado ainda mais pelo fato de se manterem em pequenos núcleos (ALMEIDA *et al.*, 2013). São escassos os estudos genômicos em galinhas locais, assim, a identificação e caracterização da diversidade genômica pode trazer informações necessárias e importantes para a sua conservação e utilização.

#### Material e Métodos

Foram coletados 5mL de sangue das 31 galinhas Peloco após serem abatidas. O DNA foi extraído do sangue, avaliando sua concentração, pureza e integridade. Em seguida, corou-se essas amostras com o uso do *GelRed* e submeteu-as à eletroforese em gel de agarose a 1%. A genotipagem foi feita através do Infinium iSelect Custom BeadChip Kit, o qual inclui ~50K SNP. Os genótipos foram processados por meio do *software* PLINK v. 1.9, o qual também foi usado para processar o controle de qualidade. Além disso, apenas os SNPs presentes nos cromossomos autossômicos foram conservados para as análises. E foi realizado o *pruning* dos SNP de acordo com o desequilíbrio de ligação (DL), usando a medida  $r^2$  das frequências gênicas (HILL e ROBERTSON, 1968). Para as análises de diversidade genética intrapopulacional foi utilizado o *software* PLINK v. 1.9 através de indicadores de diversidade. Quatro coeficientes de endogamia foram avaliados utilizando o *software* PLINK v. 1.9. As estimativas das distâncias genéticas (D) entre indivíduos também foram feitas usando o *software* PLINK v. 1.9. E para calcular o desequilíbrio de ligação, foi utilizado a métrica  $r^2$  (HILL e ROBERTSON, 1968) no mesmo *software*. Além disso, calculou-se o tamanho efetivo populacional ( $N_e$ ) usando a fórmula como sugerida pelo Corbin *et al.* (2012) baseada no DL ajustado para o tamanho amostral utilizando o estimador que Sved (1971) propôs.

#### Resultados e Discussão

Das 31 aves Peloco utilizadas nesse estudo, apenas 1 ave foi excluída das análises via controle de qualidade das amostras. Quanto aos marcadores, depois do controle de qualidade (CQ) e do *pruning* de desequilíbrio de ligação (DL), um total de 40.202 SNPs foram mantidos (Tabela 1). A proporção de SNP polimórficos (PP) foi de 92,44%. A distância genética média (D) foi de 0,29, demonstrando que essas aves

apresentam uma baixa proporção de *loci* IBS. Já o DL entre marcadores adjacentes apresentou um valor médio de 0,22, enquanto o DL entre todos os pares de SNP (*pairwise*) apresentou um valor médio de 0,06. Além disso, a heterozigosidade observada ( $H_o$ ) se mostrou mais elevada que a heterozigosidade esperada ( $H_e$ ), com valores de 0,39 e 0,37, respectivamente. Uma possível explicação para isso se encontra no fato dessas aves terem sido obtidas de núcleos de conservação, em que há uma prioridade na manutenção da variabilidade genética (CARVALHO *et al.*, 2020). Já o coeficiente de endogamia ( $F_{HOM}$ ), foi de -0,056, indicando que o número de homozigotos é inferior ao número esperado em equilíbrio de Hardy-Weinberg. Os coeficientes de endogamia  $F_{hat1}$ ,  $F_{hat2}$  e  $F_{hat3}$  também apresentaram valores negativos (Tabela 1). Carvalho *et al.* (2020) obtiveram valores negativos para os índices de fixação de Wright, evidenciando variabilidade genética e controle dos acasalamentos endogâmicos. O decaimento do DL, apresentou uma diminuição mais acentuada nas janelas entre 1 e 50kb. É normal a redução do DL conforme as distâncias entre os marcadores aumentem, pois ocorre mais recombinações em distâncias maiores nos cromossomos (SVED, 1971). Observou-se que o tamanho efetivo populacional ( $N_e$ ) apresentou uma enorme queda ao longo das gerações (Figura 1), passando de 992, há 500 gerações atrás, para 29 na geração mais recente (5 gerações atrás). Um fator que explica isso foi a substituição das galinhas locais por aves que apresentavam uma produtividade maior (BORTOLUZZI *et al.*, 2018), fazendo com que as aves locais fossem reduzidas a pequenos núcleos. Esta substituição por aves comerciais coloca em risco as características inerentes das aves Peloco, de modo que a perda da variabilidade genética existente nessas aves representa a eliminação de características importantes, as quais podem ser fundamentais na avicultura familiar presente na região Nordeste do país e para o auxílio contra a crescente mudança climática que o planeta vem enfrentando.

### Conclusões

Há variabilidade genética e níveis baixos de endogamia na população de galinhas Peloco analisada, apesar de terem apresentado um tamanho efetivo ( $N_e$ ) baixo. Além disso, as aves do estudo demonstraram possuir combinações alélicas singulares, evidenciando sua importância como valioso recurso genético, justificando a necessidade de um projeto para sua conservação.

### Referências Bibliográficas

1. ALMEIDA, Eva Clícia de Jesus *et al.* **Características de carcaça de galinha naturalizada Peloco comparada a linhagens de frango caipira.** Pesquisa Agropecuária Brasileira, v. 48, p. 1517-1523, 2013.

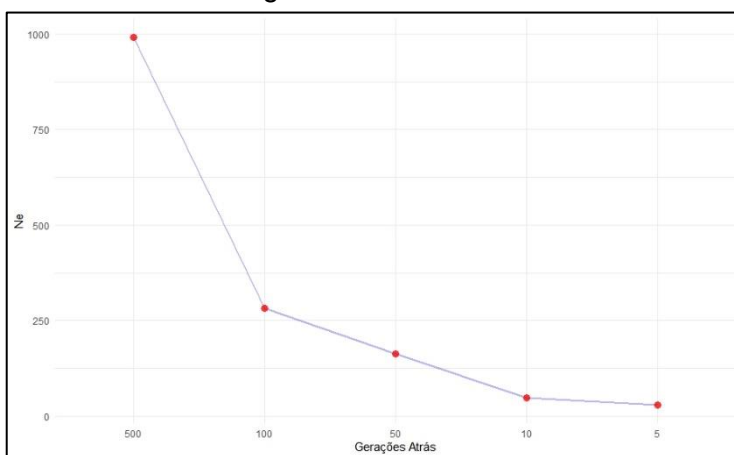
2. BORTOLUZZI, Chiara *et al.* **The effects of recent changes in breeding preferences on maintaining traditional Dutch chicken genomic diversity.** *Heredity*, v. 121, n. 6, p. 564-578, 2018.
3. CARVALHO, Débora Araújo de *et al.* **Diversity and Genetic Relationship of Free-Range Chickens from the Northeast Region of Brazil.** *Animals*, v. 10, n. 10, p. 1857, 2020.
4. CORBIN, Laura J. *et al.* **Estimation of historical effective population size using linkage disequilibria with marker data.** *Journal of Animal Breeding and Genetics*, v. 129, n. 4, p. 257-270, 2012.
5. EGITO, A. A.; ALBUQUERQUE, M. S. M.; MARIANTE, A. S. **Programa brasileiro de conservação de recursos genéticos animais.** *Archivos de zootecnia*, v. 51, n. 193, p. 7, 2002.
6. HILL, W. G.; ROBERTSON, A. **Linkage disequilibrium in finite populations.** *Theoretical and Applied Genetics*, v.38, n.6, 226-231, 1968.
7. LEDUR, Mônica Corrêa. **Genoma do frango—Mapeamento de QTL.** 38ª REUNIAO ANUAL, 2001.
8. SVED, J. A. **Linkage disequilibrium and homozygosity of chromosome segments in finite populations.** *Theoretical Population Biology*, v.2, p. 125-141, 1971

#### Tabelas e Figuras

**TABELA 1.** Resultados das análises.

Núm. Ind.	30
Núm. Machos	14
Núm. Fêmeas	16
Ho	0,39 ( $\pm 0,15$ )
He	0,37 ( $\pm 0,12$ )
PP (%)	92,44
MAF	0,27 ( $\pm 0,14$ )
FHOM	-0,056 ( $\pm 0,05$ )
D	0,29 ( $\pm 0,03$ )
DL SNP Adj.	0,22 ( $\pm 0,25$ )
Dist. Marc. Adj. (kb)	21,74 ( $\pm 26,64$ )
DL SNP $p_w$	0,06 ( $\pm 0,08$ )
Dist. Marc. $p_w$ (kb)	45.512,46 ( $\pm 42.033,15$ )
Fhat1	-0,054 ( $\pm 0,13$ )
Fhat2	-0,055 ( $\pm 0,08$ )
Fhat3	-0,054 ( $\pm 0,05$ )

**FIGURA 1.** Ne das galinhas Peloco.



#### Agradecimentos

