ANÁLISE GENÔMICA E DIVERSIDADE FENOTÍPICA DE GALINHAS NATURALIZADAS DO NORDESTE BRASILEIRO:
Diversidade genômica das galinhas Caneludas do Catolé com base em marcadores SNPs

Luis Felipe Pinheiro Belchot[1], Márcio Monteiro Nascimento[2], Paulo Barros de Abreu Júnior[3], Nathanna Emanuelly Martins Figueiredo[4], Paulo Luiz Souza Carneiro[5]

RESUMO

As galinhas brasileiras representam um patrimônio genético único, formado pela mistura de aves trazidas durante a colonização e adaptadas às condições do país. Entre elas, destaca-se a Caneluda do Catolé, presente principalmente no Nordeste, que apesar de menos produtiva que as linhagens comerciais, possui rusticidade e resistência, sendo um recurso genético valioso. Essas características fazem dela um recurso essencial para a agricultura familiar, fortalecendo a segurança alimentar e a cultura rural. Diante da ameaça de substituição por raças comerciais, torna-se fundamental investir em estudos genéticos para compreender e conservar essas aves. Nesse contexto, foi realizada uma pesquisa no Laboratório Experimental de Avicultura da UESB, avaliando a diversidade genômica da Caneluda do Catolé em comparação com as linhagens Cobb 500® e CBC. A análise, feita com base em marcadores SNPs, revelou diferenças importantes: enquanto as raças comerciais apresentaram maior heterozigosidade, a Caneluda mostrou maior proporção de variantes em baixa frequência, fato que pode ser explicado pelo uso de chips de SNPs desenvolvidos para evidenciar diversidade nas raças comerciais. Os resultados confirmam o valor genético e adaptativo dessa raça local, evidenciando sua ampla variabilidade e relevância para a conservação da biodiversidade avícola brasileira. Conservar a Caneluda do Catolé significa não apenas proteger um recurso genético, mas também garantir alternativas sustentáveis para a agricultura familiar.

PALAVRAS-CHAVE: Diversidade genômica, Galinhas naturalizadas, Linhagens comerciais, Marcadores SNP.

GENOMIC ANALYSIS AND PHENOTYPIC DIVERSITY OF NATURALIZED CHICKENS FROM NORTHEAST BRAZIL:
Genomic diversity of Caneludas do Catolé chickens based on SNP markers

ABSTRACT

[1] Graduando em Ciências Biológicas-Bacharelado. Universidade Estadual Do Sudoeste da Bahia. 202320360@uesb.edu.br.

[2] Mestrando no Programa de Pós-Graduação em Genética, Biodiversidade e Conservação. Universidade Estadual Do Sudoeste da Bahia. 2023f0137@uesb.edu.br.

[3] Doutorando em Zootecnia. Universidade Estadual Do Sudoeste da Bahia. pbarrosbio@gmail.com.

[4] Doutora em Ciência Animal. Universidade Estadual de Santa Cruz nathannaemanuelly@gmail.com

[5] Docente do Curso de Graduação em Ciências Biológicas. Universidade Estadual Do Sudoeste da Bahia. plscarneiro@uesb.edu.br.

Brazilian chickens represent a unique genetic heritage, formed by a mixture of birds brought during colonization and adapted to the country's conditions. Among these, the Caneluda do Catolé stands out, found primarily in the Northeast. Although less productive than commercial lines, it boasts valuable hardiness, resistance, and genetic diversity. These characteristics make them an essential resource for family farming, strengthening food security and rural culture. Given the threat of replacement by commercial breeds, investing in genetic studies to understand and conserve these birds is crucial. In this context, a study was conducted at the UESB Experimental Poultry Laboratory to evaluate the genomic diversity of the Caneluda do Catolé breed compared to the Cobb 500® and CBC breeds. The analysis, based on SNP markers, revealed important differences: while the commercial breeds showed greater heterozygosity, the Caneluda breed showed a higher proportion of low-frequency variants, indicating a diversity that remains underexplored. The results confirm the genetic and adaptive value of the local breed, highlighting its broad internal variability and relevance for preserving Brazilian poultry biodiversity. Conserving the Caneluda do Catolé not only means protecting a genetic resource but also ensuring sustainable alternatives for family farming.

KEYWORDS: Commercial lines, Genomic diversity, Naturalized chickens, SNP markers.

INTRODUÇÃO

As galinhas presentes no Brasil podem ser consideradas localmente adaptadas, pois foram introduzidas durante o período colonial a partir de diferentes regiões, como o Oriente, o Mediterrâneo e o sul da Europa. Criadas de forma livre, essas aves passaram por cruzamentos espontâneos que deram origem às populações locais. Com o tempo, desenvolveram características próprias, como rusticidade, baixa exigência de recursos e grande capacidade de adaptação ao clima quente, fatores que contribuíram para a ampla variabilidade genética observada atualmente. Essa diversidade favoreceu o surgimento de comportamentos, padrões produtivos e reprodutivos singulares, vinculados diretamente às condições ambientais e culturais do país.

As galinhas locais representam a base de todas as linhagens comerciais modernas. Embora sejam menos produtivas que as industriais, apresentam maior capacidade de sobrevivência e reprodução em condições adversas, desempenhando papel central na agricultura familiar. Sua criação está presente em mais de 90% das pequenas propriedades rurais, fortalecendo a subsistência, a economia local e contribuindo para reduzir o êxodo rural.

Entre as raças locais, destacam-se a Canela-Preta, a Peloco e a Caneluda do Catolé, formadas em território brasileiro e concentradas no Nordeste. Apesar de sua importância, vêm sendo gradualmente substituídas por linhagens comerciais, o que evidencia a necessidade de estudos de caracterização genética e fenotípica que garantam sua conservação. A Caneluda do Catolé, por exemplo, ainda se encontra em

processo inicial de caracterização, descrita como ave robusta, pernalta e com plumagem negra em tons cinza-azulados.

Atualmente, a análise genética dessas populações utiliza marcadores SNP, capazes de identificar mutações pontuais no DNA. Esses marcadores, abundantes e distribuídos de forma homogênea, permitem compreender variações associadas à adaptação, rusticidade e produtividade. Assim, a comparação entre raças locais e linhagens comerciais possibilita avaliar o potencial das primeiras e reforçar sua valorização como recurso genético, sociocultural e produtivo, essencial para a agricultura familiar e para a preservação da identidade cultural brasileira.

MATERIAIS E MÉTODOS

O estudo foi realizado no Laboratório Experimental de Avicultura (Labeave) da UESB, em Itapetinga-BA, entre novembro/2017 e abril/2018. A região possui clima tropical Aw, com temperatura média de 27 °C e precipitação anual de 800 mm (Santos et al., 2008). Foram utilizadas aves da raça Caneludo do Catolé, obtidas como pintainhos e identificadas na asa. Aos 30 dias, foram alojadas em unidades experimentais intensivas ou semi-intensivas (1 m², até 12 aves/unidade). No sistema intensivo, receberam ração e água ad libitum e 23 h de luz artificial; no semi-intensivo, luz natural, água, forragem e ração ad libitum. A dieta foi formulada com milho e farelo de soja conforme as exigências nutricionais (Rostagno et al., 2011).

Foram coletados 5 mL de sangue da veia ulnar em tubos com EDTA e armazenados a -20 °C. O DNA foi extraído com o Wizard® Genomic DNA Purification Kit (Promega). Inicialmente é realizada a genotipagem para posteriormente serem realizadas as análises, sendo utilizados cerca de 53 mil marcadores SNPs. Os dados foram extraídos no software GenomeStudio (Illumina) e as análises nos softwares PLINK v.1.9 (Purcell et al., 2007) e R (R Development Core Team, 2008), incluindo controle de qualidade (Figueiredo, 2021).

No total, foram analisados 133 animais: 46 Caneludo do Catolé (21 machos, 25 fêmeas), 67 CBC (32 machos, 35 fêmeas) e 20 Cobb 500® (13 machos e 7 fêmeas). Consideraram-se apenas SNPs autossômicos definidos no genoma GRCg6a, presentes em mais de 90% dos animais. Foram excluídos SNPs com frequência do alelo menor (MAF) <0,05, taxa de genotipagem <95% e desvios do Equilíbrio de Hardy-Weinberg.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Após controle de qualidade, duas aves da linhagem Cobb 500® foram excluídas, resultando em 19 indivíduos Cobb 500® e 66 da linhagem CBC. A qualidade dos dados

foi alta, com taxa de genotipagem superior a 0,96 e nenhum marcador genético removido por desvio do equilíbrio de Hardy-Weinberg. No entanto, alguns marcadores foram descartados por terem baixa frequência alélica.

Entre os SNPs polimórficos, a frequência alélica média foi similar entre os grupos (0,27 a 0,30), mas sua distribuição foi diferente. A linhagem CBC teve mais SNPs com alta frequência, enquanto o grupo Caneludo do Catolé concentrou SNPs de baixa frequência.

Em termos de diversidade genética, a heterozigosidade esperada foi ligeiramente maior na Cobb 500® (0,39), seguida por CBC e Caneludo do Catolé (0,38). No entanto, a heterozigosidade observada superou a He em todos os grupos, indicando um excesso de indivíduos heterozigotos e sugerindo variabilidade genética. Isso pode estar relacionado ao manejo em núcleos de conservação e ao histórico de criação extensiva de aves locais. Apesar disso, a concentração de SNPs de baixa frequência no Caneludo, é um indicativo de risco de perda de alelos, entretanto isso pode ser um artifício gerado pelo chip de SNPs, que é construído para evidenciar diversidade em raças comerciais e não locais.

Os três primeiros componentes principais explicaram 35,57% da variação genética e evidenciou clara separação das três populações. O grupo Caneludo do Catolé se destacou por sua grande diversidade interna, que pode ser resultado de múltiplas linhagens fundadoras.

Esses achados reforçam a importância da conservação de raças locais e mostram como os marcadores moleculares SNPs são essenciais para entender a diversidade genômicaica. Essa compreensão é fundamental para criar estratégias de manejo sustentável, fortalecer a agricultura familiar e preservar a identidade cultural das aves locais.

CONCLUSÕES/CONSIDERAÇÕES ESTA MUITO GRANDE, CONCLUSÕES DEVEM SER CURTAS E OBJETIVAS

Pela análise de componentes principais, observou-se diversidade genética entre os grupos analisados, especialmente em relação as galinhas Caneludas do Catolé, fato que justifica sua conservação e pesquisas futuras para uso em sistemas com poucos recursos Pela análise de componentes principais, observou-se diversidade genética entre os grupos analisados, especialmente no grupo das galinhas Caneludas do Catolé. Nesse contexto, fica claro o valor de iniciativas que incentivem a conservação e valorização das galinhas locais brasileiras, particularmente em relação ao grupo

Caneludo do Catolé. A continuidade das pesquisas genômicas, combinada com avaliações fenotípicas e produtivas, possibilitará tanto o reconhecimento oficial dessas aves como uma raça quanto sua utilização sustentável em sistemas de produção familiares.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1- ALMEIDA, E.C. Caracterização fenotípica e produtiva de galinhas e patos no estado da Bahia. 88p. Tese (Doutorado em Zootecnia) - Universidade Federal da Bahia. Salvador, BA, 2016.
2- BERMEJO, J.V.D. Conservação, Uso e Melhoramento de Galinhas Caipiras. [s.l.] Atena Editora, 2020.
3- BORTOLUZZI, C. et al. The effects of recent changes in breeding preferences on maintaining traditional Dutch chicken genomic diversity. Heredity, v.121, p.564-578, 2018.
4- CAETANO, A.R. Marcadores SNP: conceitos básicos, aplicações no manejo e no melhoramento animal e perspectivas para o futuro. R. Bras. Zootec., v.38, p.64-71, 2009.
5- CARVALHO, A.A. et al. GALINHAS CAIPIRAS NATIVAS: SELEÇÃO DE INDIVÍDUOS GENÉTICAMENTE SUPERIORES. In: CARVALHO, D.A. CONSERVAÇÃO, USO E MELHORAMENTO DE GALINHAS CAIPIRAS. Cap. 3, p.(18-26), ed. Atena. 2020.
6- CARVALHO, D.A. DIVERSIDADE GENÉTICA, ANCESTRALIDADE INDIVIDUAL E PADRÕES DE INTROGRESSÃO EM RAÇAS DE GALINHAS IBERO-AMERICANAS. Tese (Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal) - Universidade Federal do Piauí. Teresina, PI, 2020
7- CARVALHO, D.A. et al. CONSERVAÇÃO, USO E MELHORAMENTO DE GALINHAS CAIPIRAS. Atena Editora, 2020.
8- FIGUEIREDO, N.E.M. DIVERSIDADE GENÔMICA E FENOTÍPICA DE GALINHAS NATIVAS DO NORDESTE BRASILEIRO. Tese (Doutorado em Ciência animal) - Universidade Estadual de Santa Cruz. Ilhéus, BA, 2021
9- GOMES, F.C.P. RAÇAS NATIVAS DE GALINHAS DO BRASIL: IDENTIFICAÇÃO, HISTÓRICO E CONSERVAÇÃO. Tese (Graduação em Zootecnia) - Universidade Federal do Ceará. Fortaleza, CE, 2022
10- RIZTYAN, K.T.; SHIMOGIRI, T.; KAWABE, K.; OKAMOTO, S. Genetic diversity and population structure of Indonesian native chickens based on single nucleotide polymorphism markers. Poultry Science, v.90, n.11, p.2471-2478, 2011.
11- ROSTAGNO, H. S. Tabelas Brasileiras para aves e suínos: composição de alimentos e exigências nutricionais. 3. ed. Viçosa: UFV. 2011. 252p.
12- SANTOS, F.G. et al. Índice Climático de Crescimento para os Capins Brachiaria Brizantha Cv. Marandu, Cynodon Dactylon Cv. Tifton 85 e Panicum Maximum Cv. Tanzânia e Relação com a Produção de Massa Seca. Ciência Animal Brasileira, v. 9, n.3, p.627-637, 2008.

APÊNDICE

FIGURA 1: Análise de componentes principais (PCA) e Distribuição da frequência do alelo menos frequente (MAF) em galinhas dos grupos genéticos Caneludo do Catolé (CAN), CBC e Cobb 500® .

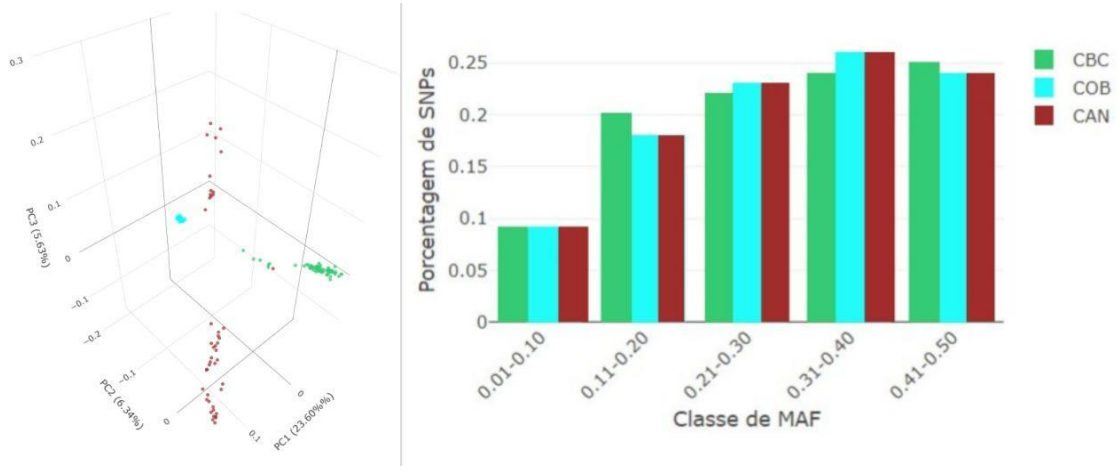

TABELA 1: Frequência do alelo menos frequente (MAF), heterozigosidade observada e esperada grupo genético nativo Caneludo do Catolé e linhagens comerciais CBC e Cobb 500®.

Grupos Genéticos	Caneludo do Catolé	CBC	Coob 500®
He	0,38 (±0,11)	0,38 (±0,11)	0,39 (±0,11)
Ho	0,39 (±0,14)	0,42 (±0,15)	0,43 (±0,16)
MAF	0,27 (±0,14)	0,28 (±0,14)	0,30 (±0,13)