

1DIVERSIDADE GENÔMICA DAS GALINHAS PELOCO COM BASE EM MARCADORES SNPS

Lucas dos Santos Mosquito², Márcio Monteiro Nascimento³, Paulo Barros de Abreu Júnior⁴, Nathanna Emanuely Martins Figueiredo⁵, Paulo Luiz Souza Carneiro⁶

RESUMO

As galinhas locais do Brasil representam importante recurso genético para a avicultura alternativa e necessitam de caracterização genômica. Assim, objetivou-se avaliar a diversidade genômica de galinhas Peloco, grupo localmente adaptado do Nordeste brasileiro, por meio de marcadores SNPs e compará-las com linhagens comerciais. Foram analisados 117 animais, incluindo Peloco, CBC e Cobb 500®. Após controle de qualidade, 53.313 SNPs foram considerados. Os resultados revelaram médias de MAF de 0,27 (Peloco), 0,28 (CBC) e 0,30 (Cobb 500®), além de valores de heterozigosidade observada superiores aos esperados em todos os grupos. Os três primeiros componentes principais explicaram 35,57% da variação genética, separando claramente Peloco das linhagens comerciais. O grupo Peloco apresentou maior variabilidade genética interna, reflexo do manejo extensivo e da ausência de seleção intensiva. Estes achados reforçam o potencial estratégico das galinhas Peloco para programas de conservação e produção sustentável.

PALAVRAS-CHAVE: biodiversidade, galinhas locais, marcadores moleculares, Peloco, SNPs, variabilidade genética¹

GENOMIC DIVERSITY OF PELOCO CHICKENS BASED ON SNPS MARKERS

ABSTRACT

Local chickens in Brazil represent an important genetic resource for alternative poultry production and require comprehensive genomic characterization. Therefore, this study

¹ UESB – CNPQ

² Graduando em Ciências Biológicas bacharelado – UESB. 202320311@uesb.edu.br

³ Mestrando no Programa de Pós-Graduação em Genética, Biodiversidade e Conservação. Universidade Estadual Do Sudoeste da Bahia. 2023f0137@uesb.edu.br.

⁴ Doutorando em Zootecnia. Universidade Estadual Do Sudoeste da Bahia. 2024m0068@uesb.edu.br.

⁵ Doutora em Ciência Animal. Universidade Estadual Do Sudoeste da Bahia. 202320360@uesb.edu.br

⁶ Docente do Curso de Graduação em Ciências Biológicas. Universidade Estadual Do Sudoeste da Bahia. plscarneiro@uesb.edu.br.

aimed to assess the genomic diversity of Peloco chickens, a locally adapted group from Northeastern Brazil, using SNP markers and to compare them with commercial lines. A total of 117 animals were analyzed, including Peloco, CBC, and Cobb 500®. After quality control, 53,313 SNPs were retained. The results revealed mean MAF values of 0.27 (Peloco), 0.28 (CBC), and 0.30 (Cobb 500®), in addition to observed heterozygosity values higher than expected across all groups. Principal component analysis explained 35.57% of the genetic variation, clearly separating Peloco from the commercial strains. The Peloco group exhibited greater internal genetic dispersion, reflecting extensive management practices and the absence of intensive selection. These findings highlight the strategic potential of Peloco chickens for conservation programs and sustainable production systems.

Keywords: biodiversity, local chickens, molecular markers, Peloco, SNPs, genetic variability

INTRODUÇÃO

As galinhas do Brasil, introduzidas principalmente do Oriente e do Mediterrâneo, adaptaram-se em diferentes regiões e originaram grupos localmente adaptados. Entre estes, destaca-se a Peloco, criada extensivamente no Nordeste. Caracteriza-se pela rusticidade, resistência ao calor, plumagem arrepiada e potencial de dupla aptidão. O uso de marcadores moleculares do tipo SNP possibilita caracterizar a diversidade genética e apoiar estratégias de conservação e valorização destes recursos.

MATERIAIS E MÉTODOS

Os dados foram coletados no Laboratório Experimental de Avicultura da UESB, em Itapetinga-BA, entre novembro/2017 e abril/2018. Foram analisados 117 animais: 30 Peloco, 67 CBC e 20 Cobb 500®. Amostras de sangue foram coletadas e extraído DNA utilizando kit Wizard®. A genotipagem foi realizada com painel com 53.313 SNPs. O processamento dos dados foi feito nos softwares GenomeStudio, PLINK v.1.9 e R. SNPs com MAF < 0,05, call rate < 95% ou desvio de EHW ($p < 10^{-6}$) foram excluídos.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Após o controle de qualidade, duas aves foram removidas por baixa confiabilidade na genotipagem. Nenhum SNP foi excluído por desvio extremo de EHW. As médias de MAF variaram de 0,27 a 0,30 nos grupos. O grupo Peloco apresentou maior proporção de

SNPs em classes de MAF mais elevadas, refletindo diversidade. A heterozigosidade observada superou a esperada em todos os grupos, indicando excesso de heterozigotos e sugerindo baixa endogamia, possivelmente devido ao manejo extensivo e cruzamentos aleatórios característicos de sistemas tradicionais (GOMES, 2022; CARVALHO et al., 2020). Este padrão contrasta com as linhagens CBC e Cobb 500®, que exibem maior uniformidade, reflexo de seleção intensiva e programas de melhoramento focados em desempenho produtivo (RIZTYAN et al., 2011).

A análise de componentes principais revelou clara separação entre Peloco e as linhagens comerciais, evidenciando seu caráter diferenciado como grupo geneticamente estruturado e localmente adaptado. A maior dispersão entre indivíduos Peloco confirma sua relevância como reservatório de alelos únicos, úteis para resistência a estresses ambientais e adaptação a sistemas alternativos de produção (DE CARVALHO, 2020; FAO, 2015). Esses resultados reforçam a importância estratégica da conservação deste recurso genético, não apenas como patrimônio cultural, mas como base científica para futuros programas de melhoramento sustentável.

CONCLUSÕES

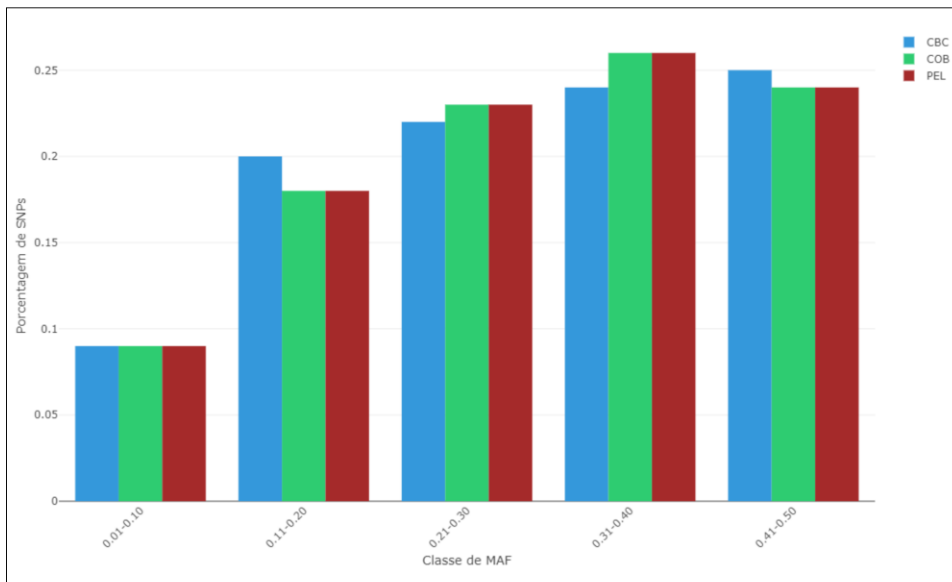
O grupo genético Peloco apresentou maior variabilidade genética em comparação às linhagens comerciais CBC e Cobb 500®. O padrão observado está associado ao manejo extensivo e ausência de seleção intensiva. Esse importante recurso genético é um material estratégico para a conservação da biodiversidade e para sistemas de produção alternativos, sustentáveis e adaptados a condições ambientais adversas, especialmente em regiões quentes.

REFERÊNCIAS

1. ALMEIDA, A. M.; GUERRA, R. R.; MARTINS, J. M.; FIGUEIREDO, D. M. Caracterização morfométrica e de carcaça de galinhas nativas brasileiras. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.42, n.6, p.451–458, 2013.
2. BORTOLUZZI, C. F.; ARAÚJO, P. M.; MUNIZ, A. J. Diversidade genética de populações de galinhas caipiras brasileiras com base em marcadores moleculares. *Animal Genetics*, v.49, n.1, p.1–12, 2018.
3. CAETANO, A. R. Marcadores moleculares SNP: conceitos básicos, aplicações no manejo e no melhoramento animal e perspectivas para o futuro. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.38, suplemento especial, p.64–71, 2009.

4. CARVALHO, D. A. de. Recursos genéticos animais no Brasil: importância, estado atual e desafios para conservação. *Revista Brasileira de Reprodução Animal*, v.44, n.1, p.1–11, 2020.
5. CARVALHO, D. A. de; MARTINS, J. M.; FIGUEIREDO, D. M. Estratégias de conservação de raças locais de galinhas no Brasil. *Archivos Latinoamericanos de Producción Animal*, v.28, n.2, p.15–26, 2020.
6. EMBRAPA. Sistema de produção de frango caipira. Brasília: Embrapa, 2003.
7. FIGUEIREDO, D. M. Diversidade genômica e fenotípica de galinhas nativas do Brasil. Tese (Doutorado em Zootecnia) – UESB, Itapetinga, 2021.
8. FONTEQUE, J. H. Origem e importância da galinha caipira no Brasil. *Revista Brasileira de Ciências Agrárias*, v.6, n.3, p.1–7, 2011.
9. GOMES, A. P. V. Diversidade genética e caracterização produtiva de galinhas locais no Nordeste do Brasil. *Revista Caatinga*, v.35, n.2, p.400–408, 2022.
10. PURCELL, S. et al. PLINK: a tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses. *American Journal of Human Genetics*, v.81, n.3, p.559–575, 2007.
11. R DEVELOPMENT CORE TEAM. R: A language and environment for statistical computing. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2008.
12. RIZTYAN, R.; OHTA, T.; HAYAKAWA, T. Genetic structure and diversity of native chicken populations based on microsatellite markers. *Poultry Science*, v.90, n.9, p.2133–2141, 2011.
13. ROSTAGNO, H. S. et al. Tabelas brasileiras para aves e suínos: composição de alimentos e exigências nutricionais. 3.ed. Viçosa: UFV, 2011.

A



B

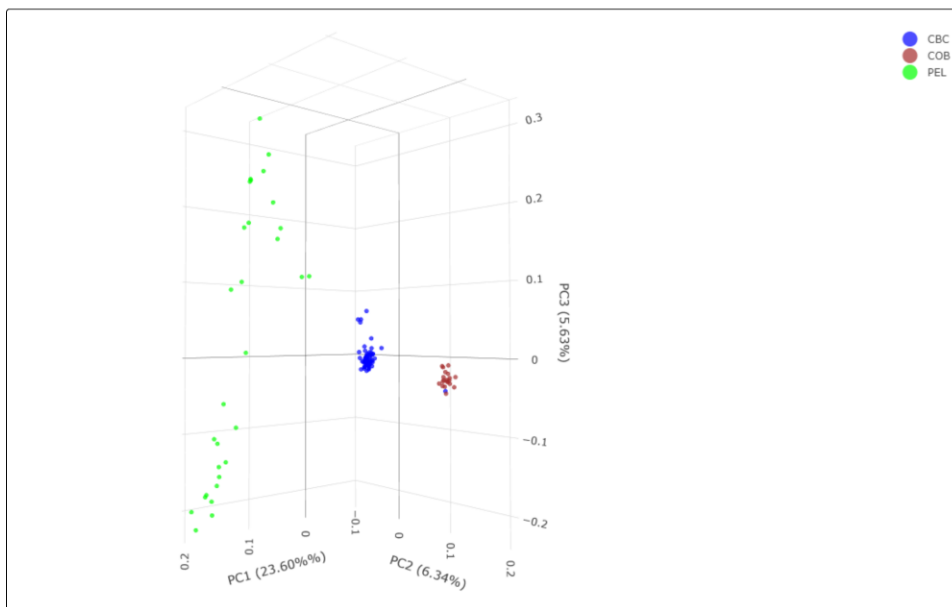


FIGURA 1. A: Distribuição da frequência do alelo menos frequente (MAF) em galinhas do grupo genético nativo Peloco (PEL) e linhagens comerciais CBC (CBC) e Cobb 500® (COB). B: Gráfico tridimensional de componentes principais obtido a partir da matriz de parentesco genômica entre de aves dos grupos genéticos Peloco, linhagem comercial tipo caipira CBC e linhagem comercial industrial Cobb 500®.

Grupos Genéticos	Peloco	CBC	Coob 500®
He	0,39 ($\pm 0,11$)	0,38 ($\pm 0,11$)	0,39 ($\pm 0,11$)
Ho	0,37 ($\pm 0,14$)	0,42 ($\pm 0,15$)	0,43 ($\pm 0,16$)
MAF	0,27 ($\pm 0,14$)	0,28 ($\pm 0,14$)	0,30 ($\pm 0,13$)

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