



Anais

VI Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos

09 a 12 de novembro de 2020

ISBN: 978-65-88187-01-2

Realização:



Apoio:



unesp

UFPR

UFPA

UFMG

UFSC

UFV

UFVJM

UFRR

UFRRJ

UFPA

Patrocínio:

eppendorf

voito

NEOGEN

CLIMATEC

FAMAM

1storia

ANDRIS

VI CONGRESSO BRASILEIRO DE RECURSOS GENÉTICOS

Forma de apresentação AUTOMÁTICO

Eixo / Subeixo RECURSOS GENÉTICOS ANIMAIS / 6- PROGRAMAS DE CONSERVAÇÃO E MELHORAMENTO

Código do trabalho 364

Título DIVERSIDADE GENÉTICA DE POPULAÇÕES DE PORCOS MOURA

Autores ANNA MIKAELA BATISTA, FRANCISCO ROSA, DANIELLE ASSIS FARIA, LAILA TALARICO DIAS, MARSON BRUCK WARPECHOWSKI, MÔNICA CORRÊA LEDUR, RICARDO ZANELLA, JOSÉ BRACCINI NETO

Instituição UFPR

Apesar dos esforços para conservação realizados desde 1985, o rebanho da raça Moura ainda é muito restrito, e os poucos estudos genômicos publicados até o momento usaram número pequeno de amostras, em geral provenientes de plantéis institucionais. Neste estudo foi avaliada a diversidade genética, a diferenciação e a estrutura populacional dos porcos Moura remanescentes em criações *in situ* da região Sul, além de plantéis institucionais e amostras no Banco Brasileiro de Germoplasma animal (BBGA), somando amostra de 127 porcos genotipados com o Illumina® Porcine SNP60 v2 Beadchip. O controle de qualidade foi baseado em *Call Rate* < 0,95, Frequência Alélica Mínima (MAF) < 0,05, Equilíbrio de Hardy-Weinberg (EWH) $p < 0,0001$ e Desequilíbrio de Ligação (LD) $r^2 > 0,5$, restando 14.156 SNPs, usados para estimar a variabilidade intrapopulacional por meio da heterozigosidade média observada (H_O), heterozigosidade média esperada (H_E) e o coeficiente de endogamia (F_{IS}). Também foi avaliada a variabilidade interpopulacional por componentes principais (CP), análise de variância molecular (AMOVA), Matriz Par a Par de F_{ST} , e a análise de estruturação de população. Os valores de H_O variaram de 0,368 a 0,658 e H_E de 0,351 a 0,560. Não houve F_{IS} significativo em nenhum dos plantéis avaliados. Os três primeiros CP explicaram 4,74%, 3,0% e 2,38% da variação genética, e o primeiro CP indicou que a raça estava bem distribuída nos plantéis remanescentes. A AMOVA indicou 8,51% da variação genética entre os plantéis, -5,71% entre indivíduos dentro dos plantéis e 97,2% de variação individual geral. O maior valor

de F_{ST} observado foi de 0,387 entre Santa Catarina e Rio Grande do Sul. Para análise de estruturação das populações, foi estimado que a maior parte da diversidade entre os indivíduos ficou organizada em sete grupos, permitindo identificar as linhagens remanescentes conhecidas, e avaliar a presença delas nos plantéis de conservação institucionais. A variabilidade genética observada é suficiente para subsidiar programas de melhoramento genético e de conservação *in situ*. Os resultados serão úteis para o enriquecimento dos Bancos de Germoplasma, e evidenciam a importância das criações *in situ*, a maioria de subsistência, para a diversidade e conservação da raça.

Palavras Genômica, Sus scrofa, variabilidade genética
Chave