

DIVERSIDADE GENÉTICA DE EQUINOS DO GRUPO GENÉTICO BAIXADEIRO NO ESTADO DO MARANHÃO

Katherine Victoria Valadares Inglis^{1,2}; Danielle Assis de Faria²; Francisco
Carneiro Lima³; Samuel Rezende Paiva²

¹Universidade de Brasília; ²Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia;

³Universidade Estadual do Maranhão – Katherinevvinglis@gmail.com

O equino Baixadeiro é encontrado na região da Baixada Maranhense e é caracterizado pelo seu tamanho pequeno, força e resistência de trabalho. Esse grupo genético é utilizado na região na lida com gado, e tem sido alvo de pesquisas, em especial da Universidade Estadual do Maranhão (UEMA) com apoio da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. O objetivo do trabalho foi avaliar, por meio de ferramentas genômicas, rebanhos no estado do Maranhão de forma a auxiliar futuros programas de conservação e manejo genético na região. Foram genotipados 85 animais com um total de 1.498 marcadores moleculares do tipo de polimorfismo nucleotídeo único (SNP). As análises dos SNPs foram feitas utilizando os softwares SNP & Variation Suite (SVS), Arlequin, Structure e Cervus. Para o controle de qualidade e filtragem dos dados, foi aplicado um *call rate* < 0,97 para as amostras e marcadores. Permanecendo um total de 81 animais e 1.452 SNPs para as análises posteriores. Também foram eliminados marcadores em cromossomos sexuais, não mapeados com *call rate* < 1,0; MAF < 0,1 e que não se encontravam em Equilíbrio de Hardy-Weinberg (HWE). A heterozigosidade esperada estimada ($H_e=0,47$) foi maior do que a heterozigosidade observada ($H_o=0,46$). O valor do FIS (coeficiente de endogamia) apresentou uma média de 0,02, indicando um nível de endogamia levemente superior ao esperado. A análise de estrutura genética mostrou uma divisão em pelo menos dois grupos distintos, sendo que um apresentou um grau de miscigenação maior e o segundo apresentou uma composição genética mais homogênea. Os resultados indicam uma alta variabilidade genética deste grupo e foi verificada a existência de uma estrutura populacional significativa entre os animais/rebanhos analisados. Foi realizada uma análise adicional da estrutura genética, com amostras coletadas há mais de 10 anos atrás que estavam depositadas no Banco de DNA e Tecidos Animais da Embrapa. Não foi possível observar miscigenação significativa entre essas duas populações. A análise de exclusão de paternidade permitiu a montagem de um pedigree, que era ainda inexistente para essas populações de equino. Desta forma, foram identificados 21 relacionamentos tipo prole/pai ou mãe e 2 prole, pai e mãe. Os resultados obtidos serão repassados para a UEMA para subsidiar o monitoramento e caracterização fenotípica dos rebanhos. Adicionalmente, os resultados irão subsidiar futuras coletas de germoplasma na região.

Palavras-chave: *Equus caballus*; genotipagem; recursos genéticos animais.

Agradecimentos: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, CNPq, Universidade de Brasília, Universidade Estadual do Maranhão.