

## FERRAMENTAS PARA MANEJO E CARACTERIZAÇÃO GENÔMICA DO EQUINO LAVRADEIRO NO ESTADO DE RORAIMA

Katherine Victoria Valadares Inglis<sup>1,2</sup>; Camila Souza Rodrigues<sup>2</sup>; Danielle Assis de Faria<sup>2</sup>; Ramayana Menezes Braga<sup>3</sup>; Samuel Rezende Paiva<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Universidade de Brasília; <sup>2</sup>Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia;

<sup>3</sup>Embrapa Roraima – [Katherinevvinglis@gmail.com](mailto:Katherinevvinglis@gmail.com)

O equino lavradeiro recebe esse nome por ser encontrado no Lavrado, campos abertos que representam uma área de 40.000km<sup>2</sup> do estado de Roraima, com uma vegetação predominante do capim “fura-bucho”. Apesar da baixa qualidade do capim, essa é a alimentação predominante do equino Lavradeiro, que mesmo sendo suscetível a anemia infecciosa equina, não apresenta sintomatologia da doença. Além disso, é um cavalo com uma resistência física significativa, conseguindo percorrer grandes distancias em altas velocidades. Foram genotipadas duas populações de equinos lavradeiros, sendo que a primeira população as amostras foram coletadas há mais de 40 anos atrás e possui 20 animais, já a segunda população as amostras foram coletadas recentemente e possui 48 animais, ademais, utilizamos um total de 62.793 marcadores moleculares do tipo polimorfismo nucleotídeo único (SNP). As análises dos SNPs foram feitas utilizando os softwares SNP & Variation Suite (SVS), Arlequin, Admixture e Cervus. A filtragem de qualidade dos dados foi feita usando um *call rate* < 0,90 para ambas amostras e marcadores, além disso, eliminados marcadores em cromossomos sexuais, não mapeados, MAF < 0,05 e que não se encontravam em Equilíbrio de Hardy-Weinberg (HWE). Uma análise de Desequilíbrio de Ligação entre os marcadores foi performada com  $r^2 < 0,2$ . Totalizando 11.904 SNPs e 68 animais passaram nos filtros. A heterozigosidade observada foi igual para as duas populações ( $H_o=0,326$ ), já a heterozigosidade esperada estimada apresentou um valor de 0,320 para a população 1 e 0,322 para a população 2. O valor médio do  $F_{is}$  foi igual a -0,01, indicando uma ausência de endogamia e uma taxa satisfatória de heterozigotos. Para a análise da estrutura genética foi feita uma segunda filtragem dos SNPs onde o *call rate* foi elevado para < 0,99, totalizando 7.427 SNPs. Os resultados indicam que não há existência de uma estrutura populacional significativa entre os rebanhos analisados, ou seja, não há diferenciação genética entre os animais. Na análise de exclusão de paternidade foram identificados 10 relacionamentos tipo prole/pai ou mãe (duos) e 4 prole, pai e mãe (trios). Os resultados obtidos são inéditos para o rebanho, mostram que a diversidade genética está em níveis favoráveis, não foi encontrado nenhum animal mestiço, e conseguimos identificar pedigree para alguns animais do rebanho, que auxiliará futuros cruzamentos e coletas de germoplasma na região.

**Palavras-chave:** Equino Lavradeiro; diversidade genética; recursos genéticos animais.

**Agradecimentos:** Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, CNPq, Universidade de Brasília, Embrapa Roraima.