

Comparação por regiões da variabilidade genética de populações da raça Curraleiro Pé-Duro

Ana Beatriz Pereira Mendes^{1*}; Luidy Carlo de Azevedo²; Alexandre R. Caetano³,
Geraldo Magela Côrtes Carvalho⁴, Alexandre Floriani Ramos³, Patrícia Ianella³.

¹Universidade de Brasília. ²UNICEPLAC. ³Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia.

⁴Embrapa Meio-Norte. *E-mail do autor apresentador: anab.universidade@gmail.com.

A raça Curraleiro Pé- duro tem ampla distribuição geográfica no Brasil e é considerada uma raça de importância local pelas suas vantagens adaptativas, como qualidade da carne, precocidade sexual, resistência ao calor e a endo e ectoparasitas. Este trabalho teve como objetivo comparar a diversidade genética de animais desta raça provenientes de cinco grupos regionais, separados de acordo com proximidade geográfica, e o material conservado no Banco Brasileiro de Germoplasma Animal (BBGA). Os grupos regionais são: Grupo A: MT, GO e DF; Grupo B: MA; Grupo C: PI; Grupo D: PA e TO; Grupo E: CE, PB e RN. Amostras de 1075 animais de 26 rebanhos da Associação Brasileira de Criadores de Curraleiro Pé-Duro e 74 amostras do Banco Brasileiro de Germoplasma Animal tiveram seu material genético extraído, e foram genotipadas com o chip Bovine GGP 100K. Os dados foram analisados por meio do software SNP & Suite Variation v8.x (Golden Helix) e posteriormente, o software ADMIXTURE e o pipeline Clumpak foram utilizados para análise de estruturação da população. Como controle de qualidade, amostras e SNPs com *call rate*<0.90, com MAF<0.05, Equilíbrio de Hardy-Weinberg (EHW) abaixo de 5%, e em Desequilíbrio de Ligação (LD) com r^2 <0.50 em uma janela de 50 SNPs, foram excluídos. De 95256 marcadores e 1149 amostras, 17787 marcadores e 1017 amostras foram mantidos (A:76; B:184; C:386; D:182; E:132; BBGA: 57). A partir da Análise de Componente Principal (PCA), foi possível observar a diferenciação genética da população dos diferentes grupos regionais. As duas principais componentes representam 21,1% da variação genética total (11,2% e 9,9%, respectivamente). A região D apresentou a maior diferenciação em relação às outras regiões. O melhor valor K encontrado foi de K=4, corroborando com o observado na estruturação de população obtida pelas análises de PCAs. Nas análises de F_{st} , observa-se que os maiores valores foram gerados a partir da comparação da região D em relação às regiões E, B e A (0.017 – 0.020). O menor valor de F_{st} par a par foi encontrado pela comparação entre a região A e BBGA ($F_{st} = 0.006$), o que pode ser explicado pelo fato das amostras presentes no BBGA serem do DF, unidade federativa também incluída na região A. De modo geral, observa-se que o BBGA possui amostras representativas de todos os grupos analisados. A diferença observada na região D deve ser mais profundamente estudada para se averiguar as causas da diferenciação destes animais. A análise da distribuição da variabilidade genética entre essas regiões servirá de base para o desenvolvimento de estratégias de conservação mais específicas, como definir quais animais deverão ter germoplasma coletado para o Banco de Germoplasma, visando garantir a diversidade genética da raça.

Palavras-chave: Distribuição geográfica; conservação *ex situ*; raças localmente adaptadas.

Agradecimentos: Associação Brasileira de Criadores de Bovinos Curraleiro Pé-Duro (ABCPD), Embrapa e CNPq.