

UNIVERSIDADE ESTADUAL DE SANTA CRUZ - UESC

NATHANNA EMANUELLY MARTINS FIGUEIREDO

**ANÁLISE GENÔMICA E DIVERSIDADE FENOTÍPICA DE GALINHAS
NATIVAS DO NORDESTE BRASILEIRO**

ILHÉUS- BA

2021

NATHANNA EMANUELLY MARTINS FIGUEIREDO

**ANÁLISE GENÔMICA E DIVERSIDADE FENOTÍPICA DE GALINHAS
NATIVAS DO NORDESTE BRASILEIRO**

Tese apresentada à Universidade Estadual
de Santa Cruz como parte das exigências
para obtenção de título de Doutor em
Ciência Animal

Área de concentração: Produção e
comportamento animal

Orientador: Prof. Dr. Amauri Arias
Wenceslau

ILHÉUS-BA

2021

F475

Figueiredo, Nathanna Emanuely Martins
Diversidade genômica e fenotípicas de galinhas
nativas do nordeste brasileiro / Nathanna Emanuely
Martins Figueiredo. – Ilhéus, BA: UESC, 2021.
xix, 143f. : il.

Orientador: Amauri Arias Wenceslau
Tese (Doutorado) – Universidade Estadual de
Santa Cruz. Programa de Pós-Graduação em
Ciência Animal – PPGCA.
Inclui referências.

1. Galinhas. 2. Stress (Fisiologia). 3. Assimetria.
4. Morfometria. 5. Marcador molecular. 6. Recursos
genéticos animais. 7. Crescimento. I. Título.

CDD 636.5

Nathanna Emanuely Martins Figueiredo

**ANÁLISE GENÔMICA E DIVERSIDADE FENOTÍPICA DE GALINHAS
NATIVAS DO NORDESTE BRASILEIRO**

Ilhéus-BA, 27/08/2021

Prof. Dr. Amauri Arias Wenceslau UESC - DCAA
(Orientador)

Prof. Dr. Paulo Luiz Souza Carneiro
UESB - DCB

Prof. Dr. Alexandre Dias Munhoz
UESC - DCAA

Prof. Dr. Luiz Fernando Brito
Purdue University

Prof. Dra. Lorena Andrade Nunes
Faculdade de Tecnologia e Ciências - FTC

Prof. Dra. Débora Araújo de Carvalho
UFPI- DCA

**ILHÉUS-BA
2021**

Aos meus pais, que abriram
mão dos seus sonhos pra que
eu pudesse sonhar os meus.

Dedico.

AGRADECIMENTOS

Agradeço primeiramente a Deus, pelo milagre da vida, por sempre olhar por mim e me guiar pelos melhores caminhos.

À UESC, em especial ao Programa de Pós Graduação em Ciência Animal.

Ao professor Ronaldo Farias Filho, estudantes e funcionários do setor de Avicultura da UESB- Campus Itapetinga.

À CAPES pela concessão da bolsa de estudos. Ao CNPQ pelo apoio financeiro à pesquisa.

A meus orientadores Amauri Arias Wenceslau e Paulo Luiz Souza Carneiro pelas lições aprendidas, exemplo de profissionalismo e por acreditarem em mim.

Aos professores Luiz Fernando Brito, Alexandre Dias Munhoz, Lorena Andrade Nunes e Débora Araújo de Carvalho pela participação na banca examinadora da defesa.

Ao professores Alexandre Dias Munhoz e Antonio Amandio Pinto Garcia Junior pela participação na banca examinadora da qualificação e pelas valiosas contribuições.

À professora Eva Clícia de Jesus Almeida por todo o auxílio prestado durante o experimento e pela participação na banca examinadora da qualificação.

À professora Lorena Andrade Nunes por compartilhar seu conhecimento e por ter exercitado a sua paciência ao me apresentar ao mundo da Morfometria Geométrica.

Aos amigos e colegas que o doutorado me deu, em especial a Pedro, Josi, Juliana, Carol e Teillor.

Aos novos e velhos amigos que estiveram comigo durante os momentos ruins e que acreditaram que eu seria capaz de sorrir novamente.

Aos professores do Programa de Pós Graduação em Ciência Animal por todo conhecimento compartilhado.

Aos colegas e amigos do grupo GACOM, em especial a André, Johnny e Paulo, pelas contribuições e troca de conhecimento.

A meus pais, que sempre sonharam os meus sonhos.

À minha família que mesmo de longe sempre torceu por mim.

A Matheus Breguice por me dar uma família jequieense, que me acolheu com muito

carinho durante o primeiro ano de doutorado.

Aos amigos do Interlabão, por me incentivarem nos momentos de cansaço e frustração, por serem abraço que acolhe e motivo das minhas melhores gargalhadas.

A todos que acreditaram em mim e me deram força pra superar as adversidades, meus sinceros agradecimentos.

Qual é a maior lição que uma mulher pode aprender?

Que desde o primeiro dia, ela sempre teve tudo o que precisa dentro de si mesma.

Foi o mundo que a convenceu que ela não tinha.

Rupi Kaur

ANÁLISE GENÔMICA E DIVERSIDADE FENOTÍPICA DE GALINHAS NATIVAS DO NORDESTE BRASILEIRO

RESUMO

As galinhas naturalizadas descendem de animais trazidos pelos portugueses durante o período de colonização. Aqui sofreram processos de seleção natural durante anos, o que levou a mudanças morfológicas e fisiológicas como mecanismos de adaptação às condições ambientais adversas. Embora adaptadas, estas aves são menos produtivas que as linhagens de galinhas selecionadas e tem sido substituídas gradativamente por animais melhorados, o que levou a rápida redução e/ou diluição desse germoplasma. Muitas das galinhas naturalizadas se encontram em reduzidos núcleos de criação com mínimo controle zootécnico, na agricultura familiar, constituindo ainda a base da subsistência para essa. A conservação e utilização sustentável destes recursos genéticos, por meio dos programas de conservação das espécies domésticas e incentivo para a multiplicação do uso e reconhecimento destas raças são urgentes. Objetivou-se, portanto, caracterizar a diversidade genética e fenotípica dentro e entre os grupos genéticos, bem como suas potencialidades produtivas como estratégia para a conservação e utilização desses recursos. A caracterização fenotípica foi feita por meio de morfometria geométrica (MG), técnica recente e de alta resolução, e os índices produtivos foram avaliados por meio de curvas de crescimento e características de carcaça e cortes. Para a avaliação do crescimento foi utilizado um total de 230 aves pertencentes aos grupos genéticos nativos Peloco, Caneludo do Catolé e Canela Preta e linhagem comercial CBC. As aves tiveram os pesos mensurados semanalmente a partir do primeiro dia de idade até os 150 dias para as nativas e até os 85 dias para as aves CBC. O modelo Gompertz foi considerado o mais adequado para descrever o crescimento das aves e permitiu identificar que as aves nativas dos grupos genéticos Caneludo do Catolé, Canela Preta e Peloco apresentaram crescimento lento e maturidade tardia quando comparadas à linhagem comercial CBC. Para a caracterização de carcaça,

foi utilizado um total de 218 aves dos quatro grupos genéticos, que tiveram o peso vivo, os pesos das carcaças (PCAR) e pesos de perna (PPER), asa (PA) e peito (PP) mensurados por meio de balança eletrônica. Para o cálculo de rendimento de carcaça (CAR) foi usado como base o peso vivo obtido individualmente e para o rendimento de perna (PER), asa (ASA) e peito (PEITO) foi utilizado o peso da carcaça eviscerada sem pescoço e pés. Dentre os grupos genéticos nativos, as aves Caneludo do Catolé apresentaram maior aptidão para produção de carne, enquanto os grupos Peloco e Canela Preta caracterizam-se como aves de dupla aptidão, com potencial para criação em sistemas orgânicos e/ ou alternativos. A diversidade fenotípica via MG foi realizada a partir de 13 marcos anatômicos mensurados em imagens da cabeça de um total de 263 aves dos quatro grupos genéticos. Foi possível verificar que as aves dos grupos genéticos nativos (Caneludo do Catolé, Canela Preta e Peloco), assim como as aves da linhagem comercial CBC apresentaram dissimilaridades quanto à forma da cabeça. Embora para as aves nativas ainda exista uma grande diversidade fenotípica intrapopulacional e tendo em vista as diferenças na forma devido aos diferentes sistemas de criação e sexos, ainda foi possível distinguir as aves a partir da variação da forma da cabeça. A região proximal e terminal do bico, narinas e olhos foram as que apresentaram maior variação entre os grupos. Seguindo os princípios básicos da MG foi aplicada a técnica de assimetria flutuante (AF) para medição de características em ambos os lados do indivíduo, a fim de avaliar se o seu desenvolvimento ontogenético está sendo afetado por um fator estressante externo. Uma vez que a cadeia produtiva apresenta vários fatores que podem ser estressantes para os animais, foi verificada a existência de AF na forma e tamanho da cabeça das aves nativas dos grupos genéticos Caneludo do Catolé, Peloco e Canela Preta e linhagem comercial CBC. As aves dos três grupos genéticos nativos Peloco, Caneludo do Catolé e Canela Preta, bem como as aves da linhagem comercial CBC apresentaram AF na forma e tamanho da cabeça, provavelmente relacionado ao estresse térmico crônico. Um painel de 53.313 marcadores SNP foi utilizado para avaliar a diversidade genética, estrutura populacional e acessar a história demográfica das aves nativas Caneludo do Catolé, Peloco e Canela Preta, em comparação com a linhagem comercial industrial Cobb 500® e linhagem comercial caipira CBC. Todos os grupos genéticos nativos analisados são

dotados de diversidade genética e baixos níveis de endogamia. As aves nativas são mais similares e diferem grandemente das linhagens comerciais, sendo que entre as nativas, os grupos Caneludo do Catolé e Peloco são mais próximos e divergem das aves Canela Preta. Por meio da análise de mistura foi possível identificar que embora compartilhem ancestrais, as aves nativas são dotadas de combinações alélicas únicas, o que ressalta a importância da conservação e uso sustentável desses recursos genéticos.

Palavras-chave: Assimetria flutuante. Crescimento. *Gallus gallus domesticus*. Morfometria geométrica. Recursos genéticos. SNP.

GENOMIC ANALYSIS AND PHENOTYPIC DIVERSITY OF NATIVE CHICKENS FROM NORTHEAST BRAZIL

ABSTRACT

Naturalized chickens are descended from animals brought by the Portuguese during the colonization period. Here they underwent natural selection processes for years, which led to morphological and physiological changes as mechanisms of adaptation to adverse environmental conditions. Although adapted, these birds are less productive than the selected chicken lines and have been gradually replaced by improved animals, which led to the rapid reduction and / or dilution of this germoplasm. Many of the naturalized hens are found in small breeding centers with minimal zootechnical control, in family farming, still constituting the basis of subsistence for this. The conservation and sustainable use of these genetic resources, through conservation programs for domestic species and encouraging the multiplication of the use and recognition of these breeds are urgent. Therefore, the objective was to characterize the genetic and phenotypic diversity within and between genetic groups, as well as their productive potential as a strategy for the conservation and use of these resources. The phenotypic characterization was made by means of geometrics morphometrics (GM), a recent and high resolution technique, and the production indexes were evaluated through growth curves and carcass and cut characteristics. For growth evaluation, a total of 230 birds belonging to the native genetic groups Caneludo do Catolé, Peloco and Canela Preta and commercial line CBC were used. The birds had their weights measured weekly from the first day of age up to 150 days for native birds and up to 85 days for CBC birds. The Gompertz model was considered the most adequate to describe the growth of birds and allowed to identify that the native birds of the genetic groups Caneludo do Catole, Peloco and Canela Preta presented slow growth and late maturity when compared to the commercial CBC line. For the carcass characterization, a total of 218 birds from the four genetic groups were used, which had live weight, carcass weights (PCAR) and leg weights (PPER), wing (PA) and chest (PP) measured by electronic weight scale. For the

calculation of carcass yield (CAR), the live weight obtained individually was used as a basis and for the yield of leg (PER), wing (ASA) and chest (PEITO) the weight of the eviscerated carcass without neck and feet was used. Among the native genetic groups, the Caneludo do Catole birds showed greater aptitude for meat production, while the Peloco and Canela Preta groups are characterized as dual-purpose birds, with potential for breeding in organic and / or alternative systems. Phenotypic diversity using GM was performed from 13 anatomical landmarks measured in head images of a total of 263 birds from the four genetic groups. It was possible to verify that the birds of the native genetic groups (Caneludo do Catole, Peloco and Canela Preta), as well as the birds of the commercial line CBC showed dissimilarities as to the shape of the head. Although for native birds there is still a great intrapopulation phenotypic diversity and in view of the differences in shape due to the different rearing systems and sexes, it was still possible to distinguish birds from the variation in the shape of the head. The proximal and terminal region of the beak, nostrils and eyes showed the greatest variation between groups. Following the basic principles of GM, the technique of fluctuating asymmetry (FA) was applied to measure characteristics on both sides of the individual, in order to assess whether his ontogenetic development is being affected by an external stressor. Since the production chain has several factors that can be stressful for the animals, the existence of FA in the shape and size of the heads of the native birds of the genetic groups Canela Preta, Caneludo do Catole and Peloco and commercial line CBC was verified. The birds of the three native genetic groups Peloco, Caneludo do Catole and Canela Preta, as well as the birds of the commercial CBC lineage presented FA in the shape and size of the head, probably related to chronic thermal stress. A panel of 53,313 SNP markers was used to assess the genetic diversity, population structure and demographic history of native birds Caneludo do Catolé, Peloco and Canela Preta, compared to the commercial industrial strain Cobb 500® and commercial commercial strain CBC. All analyzed native genetic groups own genetic diversity and low levels of inbreeding. The native birds are more similar and differ greatly from commercial strains, and among the native birds, the Caneludo do Catolé and Peloco groups are closer and

diverge from the Canela Preta breed. Through admixture analysis, it was possible to identify that although they share ancestors, native birds own unique allelic combinations, which highlights the importance of conservation and sustainable use of these genetic resources.

Keywords: Fluctuating asymmetry. Growth. *Gallus gallus domesticus*. Geometrics morphometrics. Genetic resources. SNP

LISTA DE FIGURAS

Análise Genômica e Diversidade Fenotípica de Galinhas Nativas do Nordeste Brasileiro

Figura 1. Macho (à esquerda) e fêmea (à direita) adultos do grupo genético Peloco.....	25
Figura 2. Criação de aves do grupo genético Caneludo do Catolé	26
Figura 3. Macho (à esquerda) e fêmea (à direita) da raça Canela Preta.....	27

Capítulo 1

Caracterização de Carcaça e Crescimento de Diferentes Grupos Genéticos de Galinhas Nativas do Nordeste Brasileiro

Figura 1. Estimativa do peso em função da idade, ajustado pelo modelo Gompertz em machos e fêmeas dos grupos genéticos Caneludo do Catolé, Canela Preta, CBC e Peloco criados em regime intensivo.....	54
Figura 2. Estimativa do peso em função da idade, ajustado pelo modelo Gompertz em machos e fêmeas dos grupos genéticos Caneludo do Catolé, Canela Preta, CBC e Peloco criados em regime semi- intensivo.....	54
Figura 3. Taxa de crescimento absoluto (TCA) estimado pela função Gompertz em machos e fêmeas dos grupos genéticos Caneludo do Catolé, Canela Preta, CBC e Peloco criados em sistema- intensivo.....	55
Figura 4. Taxa de crescimento absoluto (TCA) estimado pela função Gompertz em machos e fêmeas dos grupos genéticos Caneluda, Canela Preta, CBC e Peloco criados em sistema semi- intensivo.....	55
Figura 5. Comparação de médias de IK obtidas para aves dos grupos genéticos nativos Peloco, Caneludo do Catolé, Canela Preta e linhagem comercial caipira CBC, em que letras distintas representam valores significativamente diferentes.....	56
Figura 6. Comparação de médias de IK obtidas para aves dos grupos genéticos nativos Peloco, Caneludo do Catolé, Canela Preta e linhagem comercial caipira CBC, para a interação sexo* sistema de criação, em que letras distintas representam valores significativamente diferentes.....	56
Figura 7. <i>Heatmap</i> considerando os parâmetros da curva e as características de carcaça e cortes das aves dos grupos genéticos Caneludo do Catolé, Canela Preta, CBC e Peloco criadas em sistema intensivo e semi- intensivo.....	59

Capítulo 2

Diversidade Fenotípica de Galinhas Nativas do Nordeste Brasileiro Via Morfometria Geométrica

Figura 1. Perfil direito da cabeça de macho do grupo genético Caneludo do Catolé, evidenciando os marcos anatômicos.	75
Figura 2. Representação de variáveis canônicas e grades de deformação obtidas a partir de dados de forma da cabeça de fêmeas dos grupos genéticos Canela Preta, Caneludo do Catolé, Peloco e linhagem comercial CBC criadas em sistema intensivo e semi- intensivo.	80
Figura 3. Representação de variáveis canônicas e grades de deformação obtidas a partir de dados de forma da cabeça de machos dos grupos genéticos Canela Preta, Caneludo do Catolé, Peloco e linhagem comercial CBC criadas em sistema intensivo e semi- intensivo.	81
Figura 4. Dendrograma construído a partir da análise de agrupamento pelo método UPGMA (<i>Unweighted Pair Group Method With Arithmetic Mean</i>) baseado na forma da cabeça para as fêmeas de galinhas nativas Canela Preta, Caneludo do Catolé e Peloco e linhagem comercial CBC.	82
Figura 5. Dendrograma construído a partir da análise de agrupamento pelo método UPGMA (<i>Unweighted Pair Group Method With Arithmetic Mean</i>) baseado na forma da cabeça para os machos de galinhas nativas Canela Preta, Caneludo do Catolé e Peloco e linhagem comercial CBC.	82
Figura 6. Boxplot representando a variação no tamanho do centróide para a cabeça das fêmeas dos grupos genéticos Canela Preta, Caneludo do Catolé e Peloco e linhagem comercial CBC.	82
Figura 7. Boxplot representando a variação no tamanho do centróide para a cabeça dos machos dos grupos genéticos Canela Preta, Caneludo do Catolé e Peloco e linhagem comercial CBC.	82

Capítulo 4

Diversidade Genômica e Estrutura Populacional de Galinhas Nativas do Nordeste Brasileiro

- Figura 1.** Distribuição das frequências alélicas em galinhas dos grupos genéticos nativos Caneludo do Catolé (CAN), Peloco (PEL) e Canela Preta (CP) e linhagens comerciais CBC (CBC) e Cobb 500® (COB) obtidas a partir de painel de marcadores SNP..... **125**
- Figura 2.** Gráfico do primeiro componente principal (CP1) contra o segundo (CP2) e terceiro componente principal (CP3) obtidos a partir de um conjunto de dados de SNPs de aves dos grupos genéticos nativos Caneludo do Catolé, Peloco e Canela Preta, linhagem comercial caipira CBC e linhagem comercial industrial Cobb 500®. **127**
- Figura 3.** Dendograma construído a partir dos valores médios dos escores dos três primeiros componentes principais para as aves dos grupos genéticos nativos Peloco, Caneludo do Catolé e Canela Preta e linhagens comerciais Cobb 500® e CBC. **127**
- Figura 4.** Decaimento do DL em galinhas dos grupos genéticos Caneludo do Catolé (CAN), Peloco (PEL) e Canela Preta (CP) e linhagens comerciais Cobb 500® (COB) e CBC (CBC) nos cromossomos 1-28 (4A), macrocromossomos (4B), cromossomos intermediários (4C) e microcromossomos (4D). **129**
- Figura 5.** Tamanho efetivo populacional nas aves dos grupos genéticos nativos Peloco, Caneludo do Catolé e Canela Preta e linhagens comerciais Cobb 500® e CBC a 500, 100, 50, 10 e 5 gerações atrás. **130**
- Figura 6.** Erros de validação cruzada (VC, do inglês *cross-validation error*), obtidos ao se assumir diferentes números de ancestrais (K) em aves dos grupos genéticos nativos Caneludo do Catolé, Canela Preta e Peloco e linhagens comerciais CBC e Cobb 500®. **131**
- Figura 7.** Estimativas de ancestralidade individual para as aves dos cinco grupos genéticos considerando K (numero de ancestrais) = 7. **131**
- Figura 8.** Matriz de parentesco genômica entre as aves dos grupos genéticos Caneludo do Catolé, Peloco, Canela Preta, linhagem comercial caipira CBC e linhagem comercial industrial Cobb 500®. **132**

LISTA DE TABELAS

Capítulo 1

Caracterização de Carcaça e Crescimento de Diferentes Grupos Genéticos de Galinhas Nativas do Nordeste Brasileiro

- Tabela 1.** Estimativas dos parâmetros e avaliadores do ajuste para os modelos Von Bertalanffy, Logístico e Gompertz da curva de crescimento de aves dos grupos genéticos Caneluda, Canela Preta, CBC e Peloco. 53
- Tabela 2.** Médias e desvios-padrão dos parâmetros das curvas de crescimento, características de carcaça e cortes, ganho médio diário (GMD) e Índice de Kleiber (IK) em aves nativas dos grupos genéticos Peloco, Caneludo Catolé e Canela Preta e linhagem comercial caipira CBC.. 57

Capítulo 2

Diversidade Fenotípica de Galinhas Nativas do Nordeste Brasileiro Via Morfometria Geométrica

- Tabela 1.** Distâncias de Mahalanobis entre os machos (diagonal superior) e distâncias de Mahalanobis entre as fêmeas (diagonal inferior) de galinhas obtidas por meio da Análise de Variáveis Canônicas para as variáveis de forma da cabeça 77
- Tabela 2.** Validação cruzada entre fêmeas dos grupos genéticos Canela Preta, Caneludo do Catolé, Peloco e CBC criadas em sistema intensivo e semi-intensivo ressaltando o percentual de indivíduos corretamente classificados em seus respectivos grupos genéticos..... 78
- Tabela 3.** Validação cruzada entre machos dos grupos genéticos Canela Preta, Caneludo do Catolé, Peloco e CBC criados em sistema intensivo e semi-intensivo ressaltando o percentual de indivíduos corretamente classificados em seus respectivos grupos genéticos.... 78

Capítulo 3

Assimetria Flutuante como Indicador de Estresse Ambiental em Galinhas Caipiras Brasileiras

- Tabela 1.** ANOVA Procrustes para a forma da cabeça de aves nativas dos grupos genéticos Peloco, Caneluda e Canela Preta e Linhagem

comercial CBC criadas em sistema intensivo e semi- intensivo. 100

Tabela 2. ANOVA Procrustes para o tamanho da cabeça de aves nativas dos grupos genéticos Peloco, Caneluda e Canela Preta e Linhagem comercial CBC criadas em sistema intensivo e semi-intensivo. 101

Capítulo 4

Diversidade Genômica e Estrutura Populacional de Galinhas Nativas do Nordeste Brasileiro

Tabela 1. Número de indivíduos, proporção de *loci* polimórficos, frequência do alelo menos frequente, heterozigosidade observada e esperada, distâncias genéticas, distâncias entre marcadores, coeficientes de endogamia e desequilíbrio de ligação nos grupos genéticos nativos Peloco, Caneludo do Catolé e Canela Preta e linhagens comerciais CBC e Cobb 500. 124

SUMÁRIO

Análise Genômica e Diversidade Fenotípica de Galinhas Nativas do Nordeste Brasileiro

1. Introdução geral	21
2. Objetivos	23
2.1 Objetivo Geral	23
2.2 Objetivos Específicos	23
3. Revisão de literatura	24
3.1 Galinhas Nativas: Origem e Uso na Avicultura Familiar	24
3.2 Morfometria Geométrica e Assimetria Flutuante	28
3.3 Avaliação de Crescimento e Características de Carcaça	29
3.4 Índice de Kleiber	30
3.5 Diversidade Genética	31
Referências Bibliográficas	34

Capítulo 1

Caracterização de Carcaça e Crescimento de Diferentes Grupos Genéticos de Galinhas Nativas do Nordeste Brasileiro

RESUMO	44
ABSTRACT	45
4.1 Introdução	46
4.2 Material e Métodos	47
4.3 Resultados	50
4.4 Discussão	59
4.5 Conclusão	64
Referências Bibliográficas	65

Capítulo 2

Diversidade Fenotípica de Galinhas Nativas do Nordeste Brasileiro Via Morfometria Geométrica

RESUMO	70
ABSTRACT	71
5.1 Introdução	72
5.2 Material e Métodos	73
5.3 Resultados	76
5.4 Discussão	83
5.5 Conclusão	87
Referências Bibliográficas	88

Capítulo 3
Assimetria Flutuante como Indicador de Estresse Ambiental em Galinhas
Caipiras Brasileiras

RESUMO	92
ABSTRACT	93
6.1 Introdução	94
6.2 Material e Métodos	95
6.3 Resultados	98
6.4 Discussão	102
6.5 Conclusão	105
Referências Bibliográficas	106

Capítulo 4
Diversidade Genotípica e Estrutura Populacional de Galinhas Nativas do
Nordeste Brasileiro

RESUMO	112
ABSTRACT	114
7.1 Introdução	116
7.2 Material e Métodos	117
7.2.1 Obtenção das Aves e Coleta de Material Biológico	117
7.2.2 Genotipagem e Controle de Qualidade	118
7.2.3 Diversidade Genética Dentro de População	119
7.2.3.1 Proporção de Loci Polimórficos, Frequências Alélicas, Frequência do Alelo Menos Frequente, Heterozigosidade Observada e Esperada	119
7.2.3.2 Coeficientes de Endogamia	120
7.2.3.3 Distâncias Genéticas	120
7.2.4 Desequilíbrio de Ligação (DL) e Tamanho Efetivo Populacional	121
7.2.5 Diversidade Genética Entre Populações	122
7.3 Resultados	122
7.4 Discussão	132
7.5 Conclusão	140
Referências Bibliográficas	141
8. Considerações Finais	147

1. Introdução geral

A avicultura é um dos maiores setores do agronegócio e o Brasil tem se consolidado como o segundo maior produtor mundial de carne de frango, com produção de 13.355 milhões de toneladas durante o ano de 2018. Ao longo dos anos, o frango se tornou um exemplo bem sucedido de melhoramento genético, com ganhos substanciais quanto aos índices produtivos. Embora mais precoces, pesadas e com conformação de carcaça que favorece os cortes nobres, as linhagens de frangos comerciais empregadas na avicultura industrial são animais mais exigentes quanto às instalações, alimentação, controle sanitário e ambiental.

Por outro lado, as galinhas nativas são aves consideradas bastante rústicas, pouco exigentes e adaptadas às altas temperaturas, uma vez que foram originadas sob essas condições, a partir do cruzamento aleatório de raças trazidas pelos colonizadores. São menos produtivas que as linhagens comerciais por não terem sido submetidos a melhoramento genético, entretanto, por serem produtos da seleção natural e seleção artificial empírica, estão aptas a sobreviver e se reproduzir em condições adversas. Por conta disso, as aves nativas são importantes recursos genéticos, uma vez que são dotadas de características desejáveis, tendo em vista as mudanças climáticas pelas quais o planeta tem passado, o surgimento de novas doenças e a crescente busca do mercado consumidor por produtos oriundos de uma criação orgânica ou alternativa, que priorize o bem-estar animal. A certificação de origem dos produtos dessas aves também seria de grande importância para agregar valor a esses grupos genéticos.

Na região Nordeste do Brasil, grupos genéticos de aves nativas são criados em fazendas e criações de quintais e representam uma fonte de renda e de recurso alimentar para os produtores. As aves dos grupos genéticos Peloco, Caneludo do Catolé e Canela Preta são encontradas em pequenos núcleos de criação, uma vez que tem sido gradualmente substituídas por linhagens mais produtivas. Apesar das peculiaridades dessas galinhas, ainda são pouco difundidas e informações sobre suas características fenotípicas e genéticas, bem como suas potencialidades quanto à produção de carne e ovos são escassas. Nesse contexto, estudos para caracterização genética, fenotípica e

- 1 avaliação do potencial produtivo dessas aves são necessários para que sejam utilizadas
- 2 de forma sustentável, incentivando seu uso, multiplicação e reconhecimento como raça
- 3 entre os produtores.

1
2
3
4
5
6
7
8
9
10
11
12
13
14
15
16
17
18
19
20
21
22
23
24
25
26
27
28
29

2. Objetivos

2.1 Objetivo Geral

Objetivou-se identificar e caracterizar a diversidade genética e fenotípica dentro e entre genótipos de galinhas nativas da região Nordeste e linhagens comerciais Cobb 500® e Caboclo (CBC), com base em avaliação de crescimento, morfometria geométrica e genômica como estratégia para a conservação e utilização desses recursos genéticos.

2.2 Objetivos Específicos

- Identificação da variação na forma e tamanho da cabeça entre os grupos genéticos de galinhas nativas Peloco, Caneludo do Catolé e Canela Preta e linhagem comercial CBC, como ferramenta para identificação da diversidade fenotípica utilizando-se a técnica de morfometria geométrica;
- Identificação da ocorrência de assimetria flutuante para a forma e tamanho da cabeça em aves nativas dos grupos Peloco, Caneludo do Catolé e Canela Preta e linhagem comercial CBC criadas em sistema intensivo e semi-intensivo;
- Avaliação do crescimento dos grupos genéticos nativos Peloco, Caneludo do Catolé e Canela Preta em comparação com a linhagem comercial CBC;
- Avaliação da diversidade dos grupos genéticos nativos Peloco, Caneludo do Catolé e Canela Preta em comparação com a linhagem comercial CBC por meio de características de carcaça e cortes;
- Avaliação da diversidade genética dos grupos genéticos nativos Peloco, Caneludo do Catolé e Canela Preta via marcadores SNPs em comparação às linhagens comerciais Cobb 500® e CBC.

1
2
3
4
5
6
7
8
9
10
11
12
13
14
15
16
17
18
19
20
21
22
23
24
25
26
27
28
29
30
31

3. Revisão de literatura

3.1 Galinhas Nativas: Origem e Uso na Avicultura Familiar

Após a domesticação na Ásia, a galinha foi introduzida na África e depois Europa. Com a conquista do “Novo Mundo”, as galinhas foram então introduzidas nas Américas pelos colonizadores. As galinhas domésticas chegaram ao Brasil há cerca de 500 anos, trazidas pelos colonizadores portugueses (ALBINO et al., 2001). Porém, existem relatos de que elas já existiam no país bem antes do descobrimento através do comércio com os corsários franceses (MESQUITA, 1970). As aves aqui introduzidas eram basicamente raças orientais, mediterrâneas e do sul da Europa, que foram mantidas em liberdade nos quintais das casas, sítios e fazendas, cruzando-se aleatoriamente, originando as galinhas nativas brasileiras (FONTEQUE, 2011).

Estas galinhas são criadas exclusivamente em sistemas caipira, nos quais a exploração é extensiva, as instalações são rústicas e os manejos reprodutivo, nutricional e sanitário são realizados com mínimo controle zootécnico (EMBRAPA, 2003). Contudo, possuem características próprias de sabor e textura da carne que podem valorizar seus produtos no mercado. Estas particularidades diferenciam os produtos originados de raças de galinhas nativas, podendo gerar valor agregado, promovendo o uso e a conservação deste recurso genético de importante valor cultural e econômico para o pequeno produtor.

Na região Nordeste as aves nativas estão em pequenos núcleos e apresentam pouca informação populacional, fenotípica, genética e produtiva e suas potencialidades precisam ser avaliadas. Nos estados da Bahia e Piauí foram encontrados grupos de aves nativas (mantidos sob acompanhamento) constituídos pelas raças Peloco, Caneluda e Canela Preta.

O grupo genético de galinha Peloco está presente em fazendas e criações caseiras na Chapada Diamantina e nas regiões Sudoeste, Sul e Extremo Sul do estado da Bahia onde são criadas exclusivamente em sistema extensivo e com pouco investimento

1 tecnológico. Caracterizam-se pela ausência de penas durante longo período da fase de
2 crescimento, motivo pelo qual também é conhecida como Pelado ou Buguelo
3 (ALMEIDA et al., 2013). A maioria das aves apresenta penas arrepiadas nas mais
4 variadas plumagens. Atualmente, existe no Setor de Avicultura da UESB um pequeno
5 núcleo dessas aves e outros são mantidos por produtores na Vila de Banco Central-
6 Ilhéus-BA, Região do Curisco-Uruçuca-BA e Quilombo–Itacaré-BA.

7

Foto: Hugo Fernando Lima



Foto: Eva Clécia de Jesus Almeida



Figura 1. Macho (à esquerda) e fêmea (à direita) adultos do grupo genético Peloco.

8

9 O grupo genético Caneludo do Catolé compreende aves que estão em processo
10 inicial de identificação e caracterização fenotípica. Essas aves foram selecionadas por
11 um produtor local que identificou as aves, robustas e pernaltas, com excelente
12 conformação corporal e uma plumagem característica, com penas predominantemente
13 negras e em tons cinza-azulado (ALMEIDA, 2016).

14 A raça Canela-Preta é encontrada em todo Nordeste e possivelmente em outras
15 regiões do país, caracterizando-se pela carne de coloração mais escura e sabor mais
16 acentuado que é muito apreciado principalmente pela população local (CARVALHO
17 et al., 2017). Sua plumagem é predominantemente preta no dorso com variações de
18 cores na região do pescoço (branco, dourado e preto). A canela preta é um marcador

1 externo presente em algumas galinhas caipiras crioulas, oriundo de galinhas que
2 participaram na formação das aves caipiras naturalizadas desde a época da colonização
3 do Brasil. As primeiras aves Canela Preta foram detectadas no município de Queimada
4 Nova e entornos, que ficam localizados na região do semiárido Piauiense, a partir daí
5 nucleadas e repassadas às unidades multiplicadoras (SARMENTO et al., 2017).
6



Foto: Nathanna Emanuely Martins Figueiredo

Figura 2. Criação de aves do grupo genético Caneludo do Catolé.



Figura 3. Macho (à esquerda) e fêmea (à direita) da raça Canela Preta.

3.2 Morfometria Geométrica e Assimetria Flutuante

A caracterização fenotípica é uma das principais etapas de um programa de conservação de espécies e/ou raças (MCMANUS et al., 2001). Além disso, fornece informações úteis na tomada de decisões para a melhoria e desenvolvimento de programas de melhoramento, permitindo ainda caracterizar e classificar os indivíduos de uma raça ou população (RODERO et al., 1992).

A morfometria tradicional e a morfologia têm sido utilizadas para a caracterização fenotípica de aves. Usualmente são tomadas as distâncias entre estruturas corporais, baseadas nas medições de comprimento e largura (FRANCESH et al., 2011 e MÉNDEZ et al., 2011). Ainda são utilizadas características morfológicas qualitativas como plumagem do corpo, tipo de crista, cor da canela (DANA et al., 2010), cor dos olhos, cor da crista, cor da barbeta (GRIMAL & GÓMEZ, 2007).

A morfometria geométrica (MG) é uma técnica que surgiu após os anos 80 pela dificuldade de mensurar a forma a partir de dados lineares (ADAMS et al, 2004) e tem mostrado vantagens em relação à morfometria tradicional (NUNES et al., 2012). Consiste em um conjunto de técnicas capazes de analisar a forma de estruturas, sendo utilizada para fornecer informação e identificação de populações (TOFILSKY, 2008). Enquanto a morfometria tradicional utiliza a covariação entre os pares de medidas lineares para identificar a variação na forma das estruturas, a técnica de MG baseia-se na obtenção dos marcos anatômicos (*landmarks*) que são pontos homólogos nos quais as estruturas são analisadas (BOOKSTEIN, 1991; FRANCOY & FONSECA, 2010). Essas análises geram variáveis independentes do tamanho das estruturas, permitindo separar os efeitos de forma e tamanho, utilizando coordenadas cartesianas e, conseqüentemente, eliminar os efeitos de posição, tamanho e orientação (MONTEIRO & REIS, 1999; MITTEROECKER & GUNZ, 2009; FRANCOY & FONSECA, 2010).

A MG é considerada uma técnica bastante resolutiva, e foi empregada em estudos com aves silvestres (MORUGÁN-LOBÓN & BUSCALIONI, 2006; ACOSTA & TAMBUSSI, 2006; ACOSTA, 2009; DEGRANGE & PICASSO, 2010; ELSHAER, 2019) e de produção (ALVES, 2017; STANGE et al., 2018; ELSHAER, 2019; GÜNDEMIR et al., 2020), incluindo galinhas nativas (ALMEIDA, 2016). Além disso,

1 os princípios básicos da técnica de MG também têm sido empregados em estudos de
2 assimetria flutuante (AF).

3 A AF pode ser definida como a diferença aleatória entre dois lados de uma
4 estrutura bilateralmente simétrica (LUDWIG, 1932; VAN VALEN, 1962) e serve como
5 uma medida para avaliar a instabilidade no desenvolvimento de um órgão ou de um
6 organismo bilateral (PALMER, 1994; PALMER, 1996) no intuito de identificar se o
7 desenvolvimento ontogenético do indivíduo está sendo afetado por um fator estressante
8 externo (SILVA et al., 2007). Desse modo, a AF tem sido sugerida como uma
9 ferramenta para monitorar o nível de estresse a que as populações estão submetidas
10 (SARRE et al., 1994; LEMPA et al., 2000). O emprego da AF em estudos com animais
11 de produção é especialmente interessante, tendo em vista que na cadeia produtiva
12 existem diversos fatores considerados estressores abióticos, como: interações sociais,
13 manuseio brusco, alimentação inadequada, práticas de manejo, aglomeração e exposição
14 a condições climáticas adversas (KUMAR et al., 2012).

15

16 **3.3 Avaliação de Crescimento e Características de Carcaça**

17

18 O estudo do crescimento em animais de produção por meio de modelos não
19 lineares é vantajoso não apenas pela explicação matemática do crescimento, mas
20 principalmente por esclarecer aspectos da relação entre exigências nutricionais e peso
21 corporal, que é de grande importância econômica na produção animal (SENGÜL &
22 KIRAZ, 2005). Os modelos de Von Bertalanffy, Logístico e Gompertz têm sido
23 frequentemente utilizados no ajuste de curvas de crescimento de galinhas nativas
24 (ELEROĞLU et al., 2014). No entanto, ainda são poucos os estudos sobre a
25 caracterização do crescimento de raças de galinhas nativas.

26

27 Assim como a avaliação do crescimento, a caracterização de carcaça e cortes
28 é crucial, uma vez que esses são critérios adotados para a realização de seleção
29 (KGWATALALA et al., 2012; ALMEIDA et al., 2013). O recente desenvolvimento
30 da produção animal orgânica, assim como a preocupação dos consumidores com a
31 segurança alimentar e produção sustentável tendem a contribuir com o uso de raças de
galinhas locais. Nesse sentido, trabalhos visando avaliar o desempenho de carcaças de

1 galinhas nativas tem sido desenvolvidos (ZANETTI et al., 2010; MACHADO et al.,
2 2016), assim como estudos comparando aves nativas e linhagens comerciais
3 (FRANCO et al., 2012; ALMEIDA et al., 2013).

4 As galinhas nativas são um importante recurso genético, especialmente para os
5 pequenos produtores. Consistem, por vezes, em uma fonte única de subsistência no
6 meio rural, garantido a segurança alimentar e qualidade de vida para as famílias de
7 baixa renda (KAYA E YILDIZ, 2008; HAILEMARIAM et al., 2010).

8 Os frangos nativos têm também alcançado uma preferência de consumidores que
9 apreciam suas qualidades de carne em comparação a linhagens comerciais, o que agrega
10 valor aos seus produtos (MOHARRERY e MIRZAEI, 2014). Além disso, são
11 resistentes e adaptados às condições de criação com pouco investimento tecnológico, o
12 que torna sua criação ainda mais viável nesse meio.

13 A análise de características produtivas, fenotípicas e diversidade genética são
14 muito relevantes para a inclusão de raças locais em programas de conservação
15 (RUANNE, 1999; ZANETTI et al., 2010).

16

17 **3.4 Índice de Kleiber**

18 Os custos com alimentação representam um dos maiores gastos nos sistemas de
19 produção animal, de modo que melhorias na eficiência alimentar, por meio da
20 identificação e seleção de animais mais eficientes, poderiam ocasionar em redução
21 desses custos e, conseqüentemente, em uma maior eficiência no sistema de produção de
22 modo geral (ARCHER et al., 1999; ROBINSON & ODDY, 2004; NKRUMAH et al.,
23 2006). Entretanto, a mensuração do consumo individual é cara, o que tem sido um fator
24 limitante para as pesquisas sobre o papel da variação genética no consumo e eficiência
25 alimentar (ARTHUR et al., 2004).

26 Ao longo dos anos, muitos índices têm sido propostos no intuito de descrever a
27 eficiência alimentar animal (ARTHUR et al., 2004) e, ao contrário da maioria, em que
28 a eficiência alimentar é calculada a partir do consumo individual, o Índice de Kleiber
29 (KLEIBER, 1936) não exige a mensuração do consumo individual dos animais (DE
30 REZENDE et al., 2020). É calculado a partir do quociente do ganho de peso diário
31 (GPD) pelo peso vivo metabólico ($PV^{0,75}$), de modo que maiores valores de Índice de

1 Kleiber indicam uma maior eficiência de crescimento relativo ao tamanho corporal, ou
2 seja, representam animais dotados de maior crescimento corporal sem aumento do custo
3 da energia de manutenção (BERRY & CROWLEY, 2013).

4 O Índice de Kleiber é amplamente utilizado em estudos de eficiência alimentar em
5 caprinos (MOKHATARI et al., 2019; BANGAR et al., 2020; TESEMA et al., 2020),
6 ovinos (DE REZENDE et al., 2020; KHAN et al., 2020; MAHALA et al., 2020) e
7 bovinos (GRION et al., 2014; MANUEL et al., 2019; DE LIMA et al., 2020). Embora
8 seja considerado prático e eficaz na identificação de animais mais eficientes, ainda são
9 raros os estudos de eficiência alimentar utilizando o índice de Kleiber em aves (DE
10 REZENDE et al., 2020; YOUSEFI et al., 2020).

11

12 **3.5 Diversidade Genética**

13

14 A diversidade genética dentro de uma espécie é frequentemente afetada pelo
15 comportamento reprodutivo dos indivíduos dentro das populações. Embora as mutações
16 forneçam o material básico para a variação genética, espécies que se reproduzem
17 sexuadamente favorecem a reorganização dos alelos, em diferentes combinações,
18 aumentando substancialmente seu potencial de variação genética (PRIMACK &
19 RODRIGUES, 2001).

20 Populações naturais normalmente têm níveis altos de variação genética. Essa
21 variação é ampliada continuamente nas populações por mutação, migração ou
22 recombinação e pode ser reduzida por meio da deriva genética, do endocruzamento e
23 da seleção natural (NEI, 1987). A quantidade de variação genética em uma população
24 é determinada tanto pelo número de *loci* em seu *pool* gênico, quanto pelo número
25 de alelos para cada *locus* polimórfico. A variabilidade genética possibilita que as
26 espécies se adaptem a um meio ambiente modificado (PRIMACK & RODRIGUES,
27 2001).

28 Nos animais de produção, a diversidade genética é a base para a seleção e pode
29 levar a mudanças nas características fenotípicas da população. Tais características
30 são classificadas como características de produção, que refletem quantidade e
31 qualidade, e características de *fitness*, que estão relacionadas à adaptação, conformação,

1 fertilidade e resistência às doenças (OLDENBROEK, 2007). A variedade de tipos e
2 raças reflete a diversidade genética dentro das espécies domésticas, sendo que a perda
3 de um único tipo ou raça compromete o acesso a seus genes e combinações genéticas
4 únicas que podem ser úteis na agropecuária no futuro.

5 Deste modo, procura-se manter a diversidade genética máxima de cada espécie
6 diante das necessidades imprevistas para o desenvolvimento de sistemas de produção
7 sustentáveis, visto que, não é possível definir quais características serão necessárias no
8 futuro (BARKER, 1994; HALL & BRADLEY, 1995).

9 Como produto da domesticação e dispersão, o frango doméstico desenvolveu
10 adaptações que os permitiu sobreviver e se reproduzir nos mais diversos ambientes, além
11 de ser submetido a uma seleção artificial, que acarretou em mudanças morfológicas,
12 fisiológicas e comportamentais (LIU et al., 2006; RUBIN et al. 2010; LAWAL &
13 HANOTTE, 2021). A criação preferencial de aves dotadas de características específicas
14 para atender a diferentes propósitos propiciou a diferenciação das populações, dando
15 origem às raças de galinhas (TIXIER-BOICHARD et al., 2011; BORTOLUZZI et al.,
16 2018). O tamanho efetivo histórico da população de galinhas era imenso antes do
17 estabelecimento das populações comerciais especializadas em corte e postura durante o
18 século XX, de modo que a diversidade genética atual do frango doméstico pode refletir
19 apenas uma pequena amostra de sua diversidade no passado (INTERNATIONAL
20 CHICKEN POLYMORPHISM MAP CONSORTIUM, 2004; TIXIER-BOICHARD et
21 al., 2011). A predileção por essas linhagens mais produtivas ocasionou na substituição
22 de raças de galinhas locais e, conseqüentemente, na extinção de várias raças no mundo
23 inteiro (GRANEVITZE et al. 2009; BORTOLUZZI et al., 2018). Embora tenham
24 sofrido redução em seus tamanhos populacionais, estudos apontam para uma alta
25 variabilidade genética dessas aves nativas (KHANYILE et al., 2015; ZHANG et al.,
26 2018; NIE et al., 2019; ZHANG et al., 2020).

27 A caracterização genética via marcadores do tipo microssatélites (*SSR- Simple Sequence*
28 *Repeat*) demonstrou que as aves nativas do Nordeste brasileiro Peloco, Caneludo do
29 Catolé e Canela Preta também são dotadas de alta diversidade genética (FIGUEIREDO,
30 2015; CARVALHO et al., 2016; CARVALHO et al., 2018; CARVALHO et al., 2020a),
31 entretanto, esses grupos ainda são carentes de estudos.

1 Desse modo, a caracterização genômica dessas aves pode prover informações
2 sobre a estrutura genética, bem como permitir acessar a história demográfica dessas
3 populações, que podem ser empregadas na utilização e conservação desses importantes
4 recursos genéticos animais (KHANYILE et al., 2015).

5

1

2 **Referências Bibliográficas**

3 ADAMS, D. C.; ROHLF, F. J.; SLICE, D. E. Geometric morphometrics: Ten years
4 of progress following the 'revolution'. **Italian Journal of Zoology**, v.71, p. 5-16, 2004.

5

6 ALBINO, L. F. T.; VARGAS J. R.; SILVA, J. H. V. **Criação de Frango e**
7 **Galinha Caipira - Avicultura Alternativa**. Viçosa: Aprenda Fácil Editora. 124 p,
8 2001.

9

10 ALMEIDA, E. C. J., P.L.S. CARNEIRO, A. A. WENCESLAU, R. V. FARIAS
11 FILHO AND C. H. M. MALHADO. Características de carcaça de galinha
12 naturalizada Pelococomparada a linhagens de frango caipira. **Pesquisa**
13 **Agropecuária Brasileira**. 48:1517-1523, 2013.

14

15 ALMEIDA, O. A. C.; MOREIRA, G. C. M.; REZENDE, F. M.; BOSCHIERO, C.; DE
16 OLIVEIRA PEIXOTO, J.; IBELLI.; A. M. G.; LEDUR, M. C.; NOVAIS, F. J.;
17 COUTINHO, L. L. Identification of selection signatures involved in performance traits
18 in a paternal broiler line. **BMC Genomics**, v.20, n.449, 2019.

19

20 AKEY, J. M.; ZHANG, G.; ZHANG, K. Interrogating a highdensity SNP map for
21 signatures of natural selection. **Genome Research**, v.12, p.1805-1814, 2002. BARKER,
22 J. S. F. A global protocol for determining genetic distance among domestic livestock
23 breeds. **Proceedings 5th World Congress Genetics Applied to Livestock Production**,
24 p.501-508, 1994.

25

26 ARCHER, J.A.; RICHARDSON, E. C.; HERD, R.M.; ARTHUR, P. Potential for
27 selection to improve efficiency of feed use in beef cattle. **Australian Journal of**
28 **Agricultural and Resource Economics**, v.50, n.2, 147-161, 1999.

29

30 BANGAR, Y. C.; MAGOTRA, A.; YADAV, A. S. Variance components and genetic
31 parameter estimates for pre-weaning and post-weaning growth traits in Jakhrana goat,
32 **Small Ruminant Research**, v.193, 2020.

33

34 BEAUMONT, M. A. Adaptation and speciation: what can Fst tell us? **Trends in**
35 **Ecology & Evolution**, v.20, n.8, p.435-440, 2005.

36

37 BERRY, D. P.; CROWLEY, J. J. Genetics of feed efficiency in dairy and beef cattle.
38 **Journal of Animal Science**, v. 91, p. 1594-613, 2013.

39

40 BOOKSTEIN, F. L. Principal warps-thin-plate spline and the decomposition of
41 deformation. **Pattern Analysis and Machine Intelligence**, v.11, p.567-585, 1989.

42

43 BOSSE, M.; MEGENS, H.-J.; MADSEN, O.; PAUDEL, Y.; FRANTZ, L.A.;
44 SCHOOK, L.B.; CROOIJMANS, R. P.; GROENEN, M. A. Regions of homozygosity

- 1 in the porcine genome: consequence of demography and the recombination landscape.
2 **PLoS Genetics**, v.8, 2012.
- 3
- 4 BONHOMME, M., CHEVALET, C. SERVIN, B.; BOITARD, S.; ABDALLAH, J.
5 Detecting selection in population trees: the Lewontin and Krakauer test extended.
6 **Genetics**, v.186, p.241-262, 2010.
- 7
- 8
- 9 CARVALHO, D. A., BONAFÉ, C. M., RODRIGUEZ-RODRIGUEZ, M. D. P.,
10 ALMEIDA, M. J. O., SARMENTO, J. L. R., BRITTO, F. B., & SILVA, M. A.
11 Variabilidade genética de 12 loci de microssatélites em galinhas crioulas Canela-Preta.
12 **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.70, n.4, p. 1275-1281,
13 2018.
- 14
- 15 CARVALHO, D. A.; BONAFÉ, C. M.; RODRIGUEZ-RODRIGUEZ, M. D. P.;
16 ALMEIDA, M. J. DE O.; SARMENTO, J. L. R.; BRITTO, F. B.; ALMEIDA E SILVA,
17 M. Caracterização genética e estrutura populacional de galinhas crioulas Canela-Preta.
18 **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.51, n.11, p.1899-1906, 2016.
- 19
- 20 CARVALHO, D. A; MARTÍNES, A. M.; CAROLINO, I.; BARROS, M. C.;
21 VALLEJO, M. E. C.; SANTOS-SILVA, F.; ALMEIDA, M. J. O.; CAROLINO, N.;
22 BERMEJO, J. V. D.; SARMENTO, J. L. R. Diversity and Genetic Relationship of Free-
23 Range Chickens from the Northeast Region of Brazil. **Animals**, v.10, p.1857, 2020a.
- 24
- 25 CARVALHO, D. A., SARMENTO, J. L. R., ALMEIDA, M. J. O. **Conservação, uso e**
26 **melhoramento de galinhas caipiras**. Organizadores: Débora Araújo de Carvalho,
27 José Lindenberg Rocha Sarmento, Marcos Jacob de Oliveira Almeida. – Ponta Grossa,
28 PR: Atena, 2020.
- 29
- 30 CHARLESWORTH, B. A hitch-hiking guide to the genome: a commentary on ‘The
31 hitch-hiking effect of a favourable gene’ by John Maynard Smith and John Haigh.
32 **Genetics Research**, v.89, p.389–390, 2007.
- 33
- 34 DANA, N.; DESSIE, T.; WAAIJ, L. H. et al. Morphological features of indigenous
35 chicken populations of Ethiopia. **Animal Genetic Resources**, v.46, p.11-23, 2010.
- 36
- 37 DE LIMA, A. O.; KOLTES, J. E.; DINIZ, W. J. S.; DE OLIVEIRA, P. S. N.; CESAR,
38 A. S. M.; TIZIOTO, P. C.; AFONSO, J.; DE SOUZA, M. M.; PETRINI, J.; ROCHA,
39 M. I. P.; CARDOSO, T. F.; NETO, A. Z.; COUTINHO, L. L.; MOURÃO, G. B.;
40 REGITANO, L. C. A. Potential Biomarkers for Feed Efficiency-Related Traits in Nelore
41 Cattle Identified by Co-expression Network and Integrative Genomics Analyses.
42 **Frontiers in Genetics**, v.11, n.189, 2020.
- 43
- 44 DE REZENDE, M. P. G.; FIGUEIREDO, G. C.; ARAUJO, J. I. M.; CAMPOS, B. M.;
45 MORETTI, R.; BOZZI, R.; MALHADO, C. H. M.; SOUZA JR, A. A. O.; CARNEIRO,

- 1 P. L. S. Growth curve, carcass traits and Kleiber ratio of Dorper crossbreed with hairless
2 native Brazilian sheep breeds. **Small Ruminant Research**, v.192, 2020.
- 3
- 4 ELFERINK, M. G.; MEGENS, H. J.; VEREIJKEN, A. et al. Signatures of selection
5 in the genomes of comercial and non-commercial chicken breeds. **Plos One**, v.7, 2012.
- 6
- 7 EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. **Agricultura familiar**.
8 2003. Disponível em: <http://sistemasdeproducao.cnptia.embrapa.br>. Acesso em: 15 de
9 junho de 2017.
- 10
- 11 EXCOFFIER, L.; LISCHER, H. E. L. Arlequin suite v. 3.5: A new series of programs
12 to perform population genetics analyses under Linux and Windows. **Molecular**
13 **Ecology Resources**, v.10, p.564-567, 2010.
- 14
- 15 FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to Quantitative Genetics, 4th**
16 **edn. Longman**, Essex, UK, 1996.
- 17
- 18 FAO. **In Vivo Conservation of Animal Genetic Resources** (FAO Animal Production
19 and Health Guidelines No. 14). FAO, Rome, 2013.
- 20
- 21 FARIELLO, M. I.; BOITARD, S.; NAYA, H.; SANCRISTOBAL, M.; SERVIN, B.
22 Detecting signatures of selection through haplotype differentiation among hierarchically
23 structured populations. **Genetics**, v.193, p.929-941, 2013.
- 24
- 25 FAY, J. C.; WU, C. I. Hitchhiking under positive Darwinian selection. **Genetics**, v.155,
26 p.1405-1413, 2000.
- 27
- 28 FIGUEIREDO, N. E. M. **Diversidade Genética e Avaliação de Crescimento da Raça**
29 **Peloco (*Gallus gallus domesticus*) Visando Sua Conservação e Utilização**. 2015, 86f.
30 Dissertação (Mestrado em Genética, Biodiversidade e Conservação), Universidade
31 Estadual do Sudoeste da Bahia, Jequié, Bahia.
- 32
- 33 FOLL, M.; GAGGIOTTI, O. A genome-scan method to identify selected loci
34 appropriate for both dominant and codominant markers: A Bayesian perspective.
35 **Genetics**, v.180, p.977-993, 2008.
- 36
- 37
- 38 FONTEQUE, G. V. **Investigação da variabilidade genética de quinze loci de**
39 **microsatélites em galinhas caipiras brasileiras de ovos azuis**. 2011. 51f.
40 Dissertação (Mestrado em Ciência Animal). Universidade do Estado de Santa
41 Catarina, Santa Catarina, 2011.
- 42
- 43 FRANCOY, T. M.; FONSECA, V. L. I. A Morfometria Geométrica de asas e a
44 identificação automática de espécies de abelhas. **Oecologia Australis**, v. 14, n. 1, p.
45 317-321, 2010.
- 46

- 1 FRANCO, D.; ROIS, D.; VAZQUEZ, J. A.; LORENZO, J. M. Comparison of growth
2 performance, carcass components, and meat quality between Mos rooster (Galician
3 indigenous breed) and Sasso T-44 line slaughtered at 10 months. **Poultry Science**,
4 v.91, p.1227-1239, 2012.
- 5
- 6 GIBSON, J.; NEWTON, E. M.; COLLINS, A. Extended tracts of homozygosity in
7 outbred human populations. **Human Molecular Genetics**, v.15, p.789-95, 2006.
- 8
- 9 GOUVEIA, J. J. S.; **Análise Genômica das principais raças de ovinos**
10 **brasileiras**. 2013. 156 f. Tese (Doutorado em Zootecnia). Universidade Federal do
11 Ceará, Ceará. 2013.
- 12
- 13 GRANEVITZE, Z.; HILLEL, J.; FELDMAN, M.; SIX, A.; EDING, H.; WEIGEND, S.
14 Genetic structure of a wide-spectrum chicken gene pool. **Animal Genetics**, v.40, n.5,
15 p.686-693, 2009.
- 16
- 17 GRIMAL, A. & GÓMEZ, E. A. Descripción y caracterización de una población de la
18 comunidad valenciana: la gallina de chullilla. **Archivos de Zootecnia**, v.56, n.1, p.523-
19 528, 2007.
- 20
- 21 GRION, A. L.; MERCADANTE, M. E. Z.; CYRILLO, J. N. S. G.; BONILHA, S. F.
22 M.; MAGNANI, E.; BRANCO, R. H. Selection for feed efficiency traits and correlated
23 genetic responses in feed intake and weight gain of Nelore cattle. **Journal of Animal**
24 **Science**, v.92, n.3, p.955-965, 2014.
- 25
- 26 HALL, S. J. G.; BRADLEY, D. G. Conserving livestock breed biodiversity. **Trends**
27 **Ecology and Evolution**, v.10, p.267-270, 1995.
- 28
- 29 HAMER, Ø. & HARPER, D. A. T. 2001. **PAST – Paleontological Estatistics**,
30 **version 1.81**. Disponível em <<http://folk.uio.no/ohammer/past/>>. Acessado em 23 de
31 Janeiro de 2017.
- 32
- 33 HERRERO-MEDRANO, J. M.; MEGENS, H.-J.; GROENEN, M. A. M.; RAMIS, G.;
34 BOSSE, M.; PEREZ-ENCISO, M.; CROOIJMANS, R. P. M. A. Conservation genomic
35 analysis of domestic and wild pig populations from the Iberian Peninsula. **BMC**
36 **Genetics**, v.14, n.106, 2013.
- 37
- 38 INTERNATIONAL CHICKEN POLYMORPHISM MAP CONSORTIUM. A
39 GENETIC VARIATION MAP FOR CHICKEN WITH 2.8MILLION SINGLE-
40 NUCLEOTIDE POLYMORPHISMS. **Nature**, v.432, p.717-722, 2004.
- 41
- 42 KAYA, M.; YILDIZ, M. A. Genetic diversity among Turkish native chickens, Denizli
43 and Gerze, estimated by microsatellite markers. **Biochemical Genetics**, v.46, p.480-491,
44 2008.
- 45
- 46 KHAN, N. N.; GANAI, N. A.; SAFEER ALAM, S.; SHANAZ, S.; HAMADANI, A.;

- 1 MUBASHIR, A.; RATHER, S.; BUKHARI, S.; SHAH, R. M.; JALAL, H.; WANI, N.
2 Genetic evaluation of growth performance in Corriedale sheep in J&K, India, **Small**
3 **Ruminant Research**, v. 192, 2020.
4
- 5 KHANYILE, K. S.; DZOMBA, E. F.; MUCHADEYI, F. C. Population genetic
6 structure, linkage disequilibrium and effective population size of conserved and
7 extensively raised village chicken populations of Southern Africa. **Frontiers in**
8 **Genetics**, v.6, n.13, 2015.
9
- 10 KIM, Y.; STEPHAN, W. Detecting a local signature of genetic hitchhiking along a
11 recombining chromosome. **Genetics**, v.160, p.765-777, 2002.
12
- 13 KIM, E. S.; COLE, J. B.; HUSON, H.; WIGGANS, G. R.; VAN TASSELL, C. P.;
14 CROOKER, B. A.; LIU, G.; DA, Y.; SONSTEGARD, T. S. Effect of Artificial
15 Selection on Runs of Homozygosity in US Holstein Cattle. **Plos One**, v.8, n.11, 2013.
16
- 17 KLEIBER, M. Problems involved in breeding for efficiency of food utilization. **Journal**
18 **of Animal Science**, v.29, p.247-258, 1936.
19
- 20 KREITMAN, M. Methods to detect selection in populations with applications to the
21 human. **Annual Review of Genomics and Human Genetics**, v.1, p.539-59, 2000.
22
- 23 KUMAR, B.; MANUJA, A.; AICH, P. Stress and its impact on farm animals. **Frontiers**
24 **in Bioscience**, v.4, p. 1759-1767, 2012.
25
- 26 LAWAL, R.; HANOTTE, O. Domestic chicken diversity: Origin, distribution, and
27 adaptation. **Animal Genetics**, v.52, p.385-394, 2021.
28
29
- 30 LEMPA, K.; MARTEL, J.; KORICHEVA, J.; HAUKIOJA, E.; OSSIPOV, V.;
31 OSSIPOVA, S.; PIHLAJA, K. Covariation of fluctuating asymmetry, herbivory and
32 chemistry during birch leaf expansion. **Oecologia**, v.122, n.3, p.354–360, 2000.
33
34
- 35 LIU, Y.P.; WU, G. S.; YAO, Y.G.; MIAO, Y. W.; LUIKART, G.; BAIG, M. Multiple
36 maternal origins of chickens: out of the Asian jungles. **Mol Phylogenet Evol**, v. 38,
37 p.12-19, 2006.
38
- 39 LUDWIG, W. **Das Rechts-links problem im Teirreich und beim Menschen**. Berlin:
40 Springer, 496p, 1932.
41
- 42 MACHADO, L. P. M. **Curva de crescimento e características de carcaças de**
43 **galinhas canela preta em diferentes sistemas de criação**. 2016. 67 f. Dissertação
44 (Mestrado) - Curso de Mestrado em Zootecnia, Universidade Federal do Piauí, Teresina,
45 2016.
46

- 1 MAHALA, S.; SAINI, S.; ARUN KUMAR, R.C.; SHARMA, G.R. Gowane, Genetic
2 trends for the growth rates and Kleiber ratio in Avikalin sheep, **Small Ruminant**
3 **Research**, v.189, 2020.
- 4
- 5 MANUEL, M.; CAVANI, L.; MILLEN, D. D.; ANDRIGHETTO, C.; LUPATINI, G.
6 C.; FONSECA, R. DA. Estimation of genetic parameters for weight traits and Kleiber
7 Index in a Brahman cattle population. **Scientia Agricola**, v.76, n.6, p.459-462, 2019.
- 8
- 9 MCMANUS, C.; MISERANI, M. G.; SANTOS, S. A. et al. Índices corporais do cavalo
10 Pantaneiro. **In: Reunião Anual da Sociedade Brasileira de Zootecnia**, v.38, p.559-
11 560, 2001.
- 12
- 13 MÉNDEZ, Y.; PONS, A.; FRANCESCH, A. Comparación de medidas zoométricas en
14 las gallinas Baleares. **Archivos de Zootecnia**, v.60, n.231, p.445-448, 2011.
- 15
- 16 MESQUITA, M. B. Subsídios para a história da avicultura no Brasil. **Avicultura**
17 **Industrial, Chácaras e Quintais**, v.61, p.726-729, 1970.
- 18
- 19 MITTEROECKER, P.; GUNZ, P. Advances in Geometric Morphometrics.
20 **Evolutionary Biology**, v.36, p.235–247, 2009.
- 21
- 22 MOKHTARI, M.; RAZMKABIR, M.; GHIASI, H.; MOHAMMADI, Y. Genetic
23 Evaluation of Growth Rate and Efficiency Related Traits in Raeini Cashmere
24 Goat. **Iranian Journal of Applied Animal Science**, v.9, n.2, p.275-282, 2019.
- 25
- 26 MONTEIRO, L. R.; REIS, S. F. **Princípios de morfometria geométrica**. Ribeirão
27 Preto: Holos, 1999. 188p.
- 28
- 29 NEI, M. Molecular evolutionary genetics. **Columbia University Press, New York**.
30 1987.
- 31
- 32 NEI, M. Selectionism and neutralism in molecular evolution. **Molecular Biology and**
33 **Evolution**, v.22, n.12, p.2318–2342, 2005.
- 34
- 35 NIE, C.; ALMEIDA, P.; JIA, Y.; BAO, H.; NING, Z.; QU, L. Genome-wide single
36 nucleotide polymorphism data unveil admixture of Chinese indigenous chicken breeds
37 with commercial breeds. **Genome Biology and Evolution**, v.11, n.7, p.1847-1856,
38 2019.
- 39
- 40 NUNES, L. A. **Estruturação populacional, variações fenotípicas e estudos**
41 **morfométricos em Apis mellifera (Hymenoptera: Apidae) no Brasil**. 2012. 85f. Tese
42 (Doutorado em Ciências), Universidade de São Paulo – Escola Superior de
43 Agricultura “Luiz Queiroz”. Piracicaba, 2012.
- 44
- 45 O’BRIEN, J. D.; MININ, V. N.; SUCHARD, M. A. Learning to count: Robust
46 estimates for labeled distances between molecular sequences. **Molecular Biology and**

- 1 **Evolution**, v.26, n.4, p.801-814, 2009.
- 2
- 3 **OLDENBROEK, K.** 2007. **Utilization and conservation of farm animal genetic**
4 **sources.** The Netherlands: Wageningen Academic Publishers, p.13-28, 2007.
- 5
- 6 **PIASSI, M.** Rendimento de cortes e qualidade da carne de frango para
7 atendimento das necessidades da indústria alimentícia atual e futura. In: VII
8 Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal, p.1-2, 2008.
- 9
- 10 **PRIMACK, R. B.; RODRIGUES, E.** **Biologia da Conservação.** Londrina. p.328. 2001.
- 11
- 12 **PURFIELD, D. C.; BERRY, D.; MCPARLAND, S.; BRADLEY, D. G.** Runs of
13 homozygosity and population history in cattle. **BMC Genetics**, v. 13, n.70, 2012.
- 14
- 15 **QANBARI, S., AND SIMIANER, H.** Mapping signatures of positive selection in the
16 genome of livestock. **Livestock Science**, v.166, p.133-143, 2014.
- 17
- 18 **ROBINSON, D. L.; ODDY, V. H.** Genetic parameters for feed efficiency, fatness, muscle
19 area and feeding behaviour of feedlot finished beef cattle. **Livestock Production**
20 **Science**, v.90, n.2-3, p.255-270, 2004.
- 21
- 22 **RODERO, E.; HERRERA, M.; GUTIÉRREZ, M. J.** Morphostructural evolution of the
23 Blanca Serrana caprine breed based of their crossing for milking aptitude. **Archivos de**
24 **Zootecnia**, v.41, p.519-530, 1992.
- 25
- 26 **RUBIN, C.; ZODY, M. C.; ERIKSSON, J.; MEADOWS, J. R. S., SHERWOOD, E.,**
27 **WEBSTER, M. T.; JIANG, L.; INGMAN, M.; SHARPE, T.; KA, S.; HALLBOOK, F.;**
28 **BESNIER, F.; CARLBORG, O.; BED'HOM, B.; TIXIER-BOICHARD, M.; JENSEN,**
29 **P.; SIEGEL, P.; LINDBLAD-TOH, K.; ANDERSSON, L.** Whole-genome
30 resequencing reveals loci under selection during chicken domestication. **Nature**, v.464,
31 p.587- 591, 2010.
- 32
- 33 **SABETI, P. C.; REICH, D. E.; HIGGINS, J. M. et al.** Detecting recent positive
34 selection in the human genome from haplotype structure. **Nature**, v.419, n.24, p.832-
35 837, 2002.
- 36
- 37 **SABETI, P. C.; SCHAFFNER, S. F.; FRY, B. et al.** Positive natural selection in the
38 human lineage. **Science**, v.312, p. 1614-1620, 2006.
- 39
- 40 **SARRE, S.; DEARN, J. D.; GEAORGES, A.** The application of fluctuating asymmetry
41 in the monitoring of animal populations. **Pacific Conservation Biology**, v.1, p.118- 122,
42 1994.
- 43
- 44 **SARMENTO, J. L. R.; CARVALHO, D. A.; BORGES, L. S.; CARVALHO, A. A.;**
45 **DARLAN ALVES EVANGELISTA, D. A.; SOUSA, P. R.; ALMEIDA, M. J. O.;**
46 **VIOLA, T. H.; SOBREIRA, R. S.** Galinha Caipira Da Raça Nativa Canela Preta.

- 1 Cartilha. Teresina: UFPI; Embrapa Meio Norte. 2017. 2p. Disponível em:
2 <http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/165709/1/Galinhaaipiraracanativ>
3 [a.pdf](#).
4
- 5 SCHEET, P.; STEPHENS, M. A fast and flexible statistical model for large-scale
6 population genotype data: applications to inferring missing genotypes and haplotypic
7 phase. **The American Journal of Human Genetics**, v.78, p.629-644, 2006.
8
- 9 STELLA, A.; AJOMENE-MARCSAN, P.; LAZZARI, B. et al. Identification of
10 Selection in Cattle Breeds Selected for Dairy Production. **Genetics**, v.185, p.1451-
11 1461, 2010.
12
- 13 TESEMA, Z., ALEMAYEHU, K., GETACHEW, T.; KEBEDE, D.; DERIBE, B.;
14 TAYE, M.; TILAHUN, M.; LAKEW, M.; KEFALE, A.; BELAYNEH, N.; ZEGEYE,
15 A. Estimation of genetic parameters for growth traits and Kleiber ratios in Boer x Central
16 Highland goat. **Tropical Animal Health and Production**, v.52, p.3195-3205, 2020.
17
- 18 TIXIER-BOICHARD, M.; BED'HOM, B.; ROGNON, X. Chicken domestication: from
19 archeology to genomics. **Comptes Rendus Biologies**, v.334, p.197-204, 2011
20
- 21 TOFILSKY, A. Using geometric morphometrics and standard morphometry to
22 discriminant three honeybee subspecies. **Apidologie**, v.38, p. 538-563, 2008.
23
- 24 VAN VALEN, L. A study of fluctuating asymmetry. **Evolution**, v. 16, p. 125-142, 1962.
25
- 26 VOIGHT, B. F.; KUDARAVALLI, S.; WEN, X.; PRITCHARD, J. K. A map of recent
27 positive selection in the human genome. **PLOS Biology**, v.4, n.3, p.446-458, 2006.
28
- 29 WRIGHT S. The genetical structure of populations. *Ann Eugenics*. v.15, p.323-54,
30 1951.
31
- 32 YANG, Z. Likelihood ratio tests for detecting positive selection and application to
33 primate lysozyme evolution. **Molecular Biology and Evolution**, v.15, n.5, p.568-573,
34 1998.
35
- 36 YOUSEFI, B.; GHOLIZADEH, M.; HAFEZIAN, H. Quantifying the effect of
37 inbreeding on average daily gain and Kleiber ratio in Mazandaran native chickens.
38 **Tropical Animal Health and Production**, v.52, p.3217-3223, 2020.
39
- 40 ZANETTI, E.; DE MARCHI, M.; DALVIT, C.; MOLETTE, C.; REMIGNON, H.;
41 CASSANDRO, M. Carcase characteristics and qualitative meat traits of three Italian
42 local chicken breeds. **British Poultry Science**, v.51, p.629- 634, 2010.
43
- 44 ZHANG, J.; NIE, C.; LI, X.; NING, Z.; CHEN, Y.; JIA, Y.; HAN, J.; WANG, L.; LV,
45 X.; YANG, W. QU, L. Genome-Wide Population Genetic Analysis of Commercial,
46 Indigenous, Game, and Wild Chickens Using 600K SNP Microarray Data. **Frontiers in**

1 **Genetics**, v.1, n. 543294, 2020.

2

3 ZHANG, M.; HAN, W.; TANG, H.; LI, G.; ZHANG, M.; XU, R.; LIU, Y.; YANG, T.;
4 LI, W.; ZOU, J.; WU, K. Genomic diversity dynamics in conserved chicken populations
5 are revealed by genome-wide SNPs. **BMC Genomics**, v.19, n.598, 2018.

1
2
3
4
5
6
7
8
9
10
11
12
13
14
15
16
17
18
19
20
21
22
23
24
25
26
27
28
29
30
31
32
33
34
35
36
37
38
39
40
41
42
43
44
45
46
47
48
49

4. CAPÍTULO I

CARACTERIZAÇÃO DE CARÇA E CRESCIMENTO DE DIFERENTES GRUPOS GENÉTICOS DE GALINHAS NATIVAS DO NORDESTE BRASILEIRO

RESUMO

Objetivou-se descrever o crescimento e características de carcaça dos grupos genéticos de aves Peloco, Caneludo do Catolé e Canela Preta, nativas do Nordeste brasileiro, em comparação à linhagem caipira comercial Caboclo (CBC). O modelo Gompertz foi considerado como o mais adequado para descrever o crescimento das aves em virtude dos avaliadores QMR, DPA e DMA. A taxa de crescimento absoluto (TCA) máxima foi de 29,98, 24,13, 44,46 e 22,75 gramas para os machos e 22,51 17,72, 33,49 e 17,53 gramas para as fêmeas dos grupos genéticos Caneludo do Catolé, Canela Preta, CBC e Peloco criadas em sistema intensivo. Para o sistema semi- intensivo, os valores de TCA foram 31,86, 24,75, 41,59 e 22,91 gramas para os machos e 22,27, 16,39, 35,52 e 14,07 gramas para as fêmeas dos respectivos grupos genéticos. Quanto ao índice de Kleiber (IK), as aves da linhagem CBC apresentaram valores mais elevados (0,080), seguidas pelas aves do grupo genético nativo Caneludo do Catolé (0,046), Canela Preta (0,043) e Peloco (0,043). As aves nativas dos grupos genéticos Peloco, Caneludo do Catolé e Canela Preta apresentam crescimento lento, maturidade tardia e menor eficiência alimentar quando comparadas à linhagem comercial CBC. Dentre os grupos genéticos nativos, as aves Caneludo do Catolé apresentaram uma maior aptidão para produção de carne, enquanto os grupos Peloco e Canela Preta caracterizam-se como aves de dupla aptidão, com potencial para criação em sistemas alternativos.

Palavras- chave: avicultura, desenvolvimento ponderal, recursos genéticos

ABSTRACT

Our goal was to describe the growth and carcass characteristics of birds from four distinct genetic groups. The breeds Peloco, Caneludo do Catolé, and Canela Preta, endemic from Northeast Brazil, were compared with the commercial line Caboclo (CBC). Based on MSE, ASD, and AMD values, the Gompertz model was the most adequate in describing the birds' growth. Maximum Absolute Growth Rate (AGR) was 29.98, 24.13, 44.46, and 22.75 grams for males and 22.51, 17.72, 33.49, and 17.53 grams for females respectively for the genetic groups Caneludo do Catolé, Canela Preta, CBC, and Peloco raised in the intensive system. In the semi-intensive system, AGR values were 31.86, 24.75, 41.59, and 22.91 grams for males and 22.27, 16.39, 35.52, and 14.07 grams for the females of the respective genetic groups. Regarding the Kleiber index (IK), birds from the CBC lineage presented higher values (0.080), followed by the endemic genetic groups Caneludo do Catolé (0.046), Canela Preta (0.043), and Peloco (0.043). Birds from the endemic genetic groups Peloco, Caneludo do Catolé, and Canela Preta grew slower, mature late, and had lower feed efficiency when compared to the commercial line CBC. Among the native genetic groups, the Caneludo do Catolé birds showed a higher aptitude for meat production. The Peloco and Canela Preta groups can be characterized as dual aptitude birds, with potential for breeding in alternative systems.

Keywords: poultry farming, ponderal development, genetic resources

4.1 Introdução

Um dos grandes desafios para a produção avícola mundial é a identificação e seleção de aves que sejam tolerantes ao calor, uma vez que a domesticação e o melhoramento genético para características de interesse produtivo têm gerado indivíduos mais suscetíveis ao estresse térmico. Nesse sentido, genótipos de aves nativas têm se mostrado mais resistentes a altas temperaturas, além de apresentarem rusticidade e adaptações que as permitem sobreviver e se reproduzir em ambientes adversos para as linhagens comerciais (SOLEIMANI et al., 2011; DUANGJINDA et al., 2017; CEDRAZ et al., 2017).

Na região Nordeste do Brasil, galinhas de raças/ grupos genéticos locais encontram-se em pequenos núcleos e apresentam pouca ou nenhuma informação, assim, suas potencialidades precisam ser avaliadas. Instituições de pesquisa e Universidades têm se esforçado em montar e estruturar Núcleos de Conservação de Aves Locais nessa região. Nos estados do Piauí e Bahia grupos de galinhas dos grupos genéticos Canela Preta, Peloco e Caneludo do Catolé são mantidos sob acompanhamento no intuito de realizar caracterização fenotípica, genética e produtiva, bem como ampliar os núcleos e distribuir aves a pequenos produtores.

As aves nativas Canela Preta foram identificadas no município de Curral Novo, no Piauí e municípios circunvizinhos. São criadas em comunidades rurais, indígenas e quilombolas desse estado e possivelmente em outros estados do Nordeste brasileiro. Apresentam como características marcantes a plumagem e coloração da canela predominantemente pretas (SARMENTO et al., 2017).

No estado da Bahia também existem grupos de galinhas locais, criadas em pequenos núcleos, em sistema extensivo e com pouco investimento tecnológico. Apesar de apresentarem menor desenvolvimento ponderal, são rústicas e muito resistentes a estresse térmico (CEDRAZ et al., 2017). As aves do grupo genético Peloco caracterizam-se pela ausência de penas durante longo período da fase de crescimento, carne de coloração mais escura e penas arrepiadas nas mais diversas plumagens quando adultas.

1 O grupo genético Caneludo do Catolé, por sua vez, compreende aves em processo inicial
2 de identificação e caracterização fenotípica (ALMEIDA et al., 2013).

3 Nesse contexto, estudos adicionais para avaliar o potencial produtivo dessas aves
4 são necessários para que sejam utilizadas de forma sustentável, incentivando seu uso,
5 multiplicação e reconhecimento como raça entre os produtores, a fim de que seu
6 potencial adaptativo e produtivo seja devidamente aproveitado na produção animal.
7 Dessa forma, objetivou-se descrever o crescimento, características de carcaça e
8 eficiência alimentar dos grupos de aves Peloco, Caneludo do Catolé e Canela Preta,
9 nativas do Nordeste brasileiro, criadas em sistema intensivo e semi- intensivo, em
10 comparação à linhagem caipira comercial Caboclo (CBC).

11 12 **4.2 Material e métodos**

13
14 O experimento foi conduzido no Laboratório Experimental de Avicultura- Labeave
15 da Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia (UESB), localizado na cidade de
16 Itapetinga, Bahia, Brasil, entre os meses de novembro de 2017 a abril de 2018. O
17 município de Itapetinga está situado na região Sudoeste da Bahia, e possui clima Aw-
18 tropical, com temperatura média de 27° C e pluviosidade média anual de 800 mm
19 (SANTOS et al., 2008).

20 As aves da raça Canela Preta e linhagem comercial caipira Caboclo (CBC) foram
21 obtidas de criadores comerciais sob a forma de pintainhos de um dia de vida. Os animais
22 dos grupos genéticos Peloco e Caneludo do Catolé, por sua vez, foram provenientes do
23 Núcleo de Aves Naturalizadas pertencente ao Setor de Avicultura da Universidade
24 Estadual do Sudoeste da Bahia (UESB). Os pintainhos foram identificados com
25 numeração individual na asa direita e posteriormente pesados em balança eletrônica. Até
26 os 15 dias de vida os animais foram mantidos em ambiente com temperatura controlada
27 em 36°C, com redução gradativa (fase inicial). A partir dos 16 dias de idade as aves
28 foram transferidas para o piso com cama de maravalha em galpão semi-aberto (fase
29 de crescimento). Aos 30 dias de vida as aves de cada grupo genético foram divididas em
30 dois diferentes sistemas de criação: intensivo e semi- intensivo. Os animais foram
31 mantidos em unidades experimentais de 1m², com lotação máxima de 12 aves por

1 unidade. Para as aves mantidas no galpão (sistema intensivo) foram fornecidos água e
2 ração *ad libitum* e iluminação por 23 horas, com uma hora de descanso.

3 As aves mantidas em piquete (sistema semi- intensivo) foram submetidas às
4 variações naturais de luminosidade e contaram com água, forragem de pastejo e ração
5 *ad libitum*. As rações utilizadas nas fases de criação foram à base de milho e farelo de
6 soja, com composição nutricional adequada às exigências de cada fase (ROSTAGNO et
7 al., 2011).

8 O arquivo utilizado nas análises foi composto de 4.406 observações de pesos
9 corporais de 230 aves, sendo 127 machos e 103 fêmeas dos quatro grupos genéticos
10 (Peloco: 22 machos e 20 fêmeas, Caneludo do Catolé: 28 machos e 28 fêmeas, Canela
11 Preta: 30 machos e 16 fêmeas, CBC: 47 machos e 39 fêmeas). As pesagens foram
12 realizadas semanalmente, desde o primeiro até os 150 dias de idade para os grupos
13 Peloco, Caneludo do Catolé e Canela Preta e 85 dias para a linhagem Caboclo (CBC).
14 Para o ajuste do peso a determinada idade foram utilizados cinco modelos não- lineares:
15 Von Bertalanffy, Logístico, Gompertz, Brody e Richards, utilizando o método dos
16 quadrados mínimos ordinários com algoritmo de Gauss- Newton por meio do
17 procedimento NLIN do *software* SAS (SAS INSTITUTE, 2003).

18 A qualidade de ajuste dos modelos ao crescimento das aves foi avaliada
19 considerando- se como avaliadores de ajuste o percentual de convergência (C%), o
20 quadrado médio do resíduo (QMR), o desvio padrão assintótico (DPA), o coeficiente
21 de determinação (R^2), e o desvio médio absoluto dos resíduos (DMA), estatística
22 proposta por Sarmiento et al., (2006) para avaliar a qualidade de ajuste, calculado como:
23

$$24 \quad DMA = \frac{\sum_{i=1}^n |Y_i - \hat{Y}_i|}{n}$$

25 Em que: Y_i é o valor observado, \hat{Y}_i o valor estimado e n o tamanho da amostra.

1 Depois de definido o melhor modelo, foi realizada análise de variância
2 (ANOVA) utilizando-se o software R (*R DEVELOPMENT CORE TEAM*, 2008), no
3 intuito de identificar a existência de diferenças significativas nas médias de peso
4 assintótico (a) e taxa de maturidade (k) quanto aos efeitos de sexo, sistema de criação e
5 grupo genético, bem como para as interações entre sexo*sistema, grupo
6 genético*sistema, sexo*grupo genético e sexo*grupo genético*sistema. As
7 comparações de médias foram feitas por meio do teste de Tukey utilizando-se o
8 software R (*R DEVELOPMENT CORE TEAM*, 2008). Posteriormente, foi calculada
9 a taxa de crescimento absoluta (TCA) para o modelo escolhido, obtida a partir da
10 primeira derivada do modelo ajustado, em relação ao tempo ($\partial Y / \partial t$).

11 Para a avaliação da diversidade entre os grupos genéticos utilizou-se
12 características de carcaça e peso de carcaça. Um total de 218 aves dos quatro grupos
13 genéticos (Peloco: 21 machos e 21 fêmeas, Caneludo do Catolé: 25 machos e 28
14 fêmeas, Canela Preta: 30 machos e 17 fêmeas, CBC: 38 machos e 38 fêmeas) foram
15 mantidas em jejum por oito horas e abatidas via deslocamento cervical, e, em
16 seguida, procedeu-se à sangria, escaldagem, depena e evisceração. A idade de abate
17 variou de 85 dias para a raça CBC, conforme recomendação do fornecedor e 150 dias
18 para os grupos genéticos Peloco, Caneludo do Catolé e Canela Preta, idade comumente
19 utilizada pelos criadores. O peso vivo das aves, bem como os pesos das carcaças
20 (PCAR) e pesos de perna (PPER), asa (PA) e peito (PP) foram mensurados
21 utilizando-se balança eletrônica. Para o cálculo de rendimento de carcaça (CAR) foi
22 usado como base o peso vivo obtido individualmente e para o rendimento de perna
23 (PER), asa (ASA) e peito (PEITO) foi utilizado o peso da carcaça eviscerada sem
24 pescoço e pés.

25 A fim de mensurar a eficiência alimentar das aves, o índice de Kleiber foi calculado
26 aos 85 dias para a linhagem comercial CBC e 150 dias de idade para as demais linhagens
27 utilizando-se o software SAS. O índice de Kleiber foi obtido dividindo-se o ganho médio
28 diário (GMD) pelo peso metabólico vivo ajustados às idades de 85 e 150 dias, conforme
29 descrito por Kleiber (1936). O GMD dos animais foi calculado a partir da fórmula:

$$30 \quad GMD = \frac{(PF - PI)}{N}$$

1
2 Em que PF é o peso final, PI é o peso inicial e N é o número de dias do período. O
3 peso metabólico, por sua vez, foi calculado a partir do peso vivo elevado a 0,75
4 (HEADY, 1975). Foi realizada uma análise de variância (ANOVA) a fim de avaliar a
5 influência dos efeitos de sexo, sistema de criação e grupo genético, bem como das
6 interações entre sexo*sistema, grupo genético*sistema, sexo*grupo genético e
7 sexo*grupo genético*sistema, sobre as médias de Índice de Kleiber (IK).
8 Posteriormente, foi realizado o teste de Tukey para comparação de médias, utilizando-
9 se o software R (*R DEVELOPMENT CORE TEAM*, 2008).

10 Os dados foram submetidos à análise de variância multivariada (MANOVA) e
11 análise de componentes principais (PCA) utilizando o *software* PAST 2.03
12 (HAMMER et al., 2001). Adicionalmente foi confeccionado um gráfico *heatmap*
13 utilizando-se o programa R (*R DEVELOPMENT CORE TEAM*, 2008) no intuito de
14 verificar a diversidade entre os grupos genéticos de aves, bem como a relação entre as
15 variáveis mensuradas.

16 O *heatmap* foi preparado a partir dos parâmetros da curva e características de
17 carcaça e cortes. Para a elaboração do dendrograma atrelado ao gráfico *heatmap*, foi
18 considerada a distância euclidiana média com agrupamento por meio de ligação
19 completa. Os grupos com valores de aproximação imparcial (AI) acima de 95% foram
20 considerados fortemente suportados pelos dados.

21 O experimento foi realizado com a aprovação do Comitê de Ética no Uso de
22 Animais – CEUA/UESB, Protocolo 166/2017.

24 **4.3 Resultados**

25
26 Dos cinco modelos ajustados para os quatro grupos genéticos, três deles (Von
27 Bertalanffy, Logístico e Gompertz) convergiram para 100% dos animais e com alto
28 valor de R^2 (0,99).

29 O modelo Gompertz apresentou o menor quadrado médio do resíduo (QMR) e
30 desvio padrão assintótico (DPA) para os grupos Peloco, Caneludo do Catolé e Canela
31 Preta, enquanto que o menor valor desses critérios para o grupo CBC foi verificado

1 para o modelo Von Bertalanffy, seguido do modelo Gompertz. Com relação ao desvio
2 médio absoluto dos resíduos (DMA), o modelo Logístico foi o que obteve o menor
3 valor para os quatro grupos genéticos, seguido pelo modelo Gompertz (Tabela 1).
4 Desse modo, o modelo Gompertz foi considerado como o mais adequado para
5 descrever o crescimento das aves, uma vez que apresentou melhores valores em
6 dois avaliadores (QMR e DPA) para três grupos genéticos e os segundos melhores
7 valores para o DMA em todos os grupos genéticos.

8 As estimativas dos parâmetros da curva de crescimento obtidos a partir do modelo
9 Gompertz demonstraram que houve diferença significativa para o peso assintótico (a)
10 para os efeitos de sexo em todos os grupos genéticos avaliados ($P < 0,01$), indicando
11 que os machos são mais pesados que as fêmeas. Também houve diferença
12 significativa quanto ao efeito de grupo genético ($P < 0,01$), demonstrando que a linhagem
13 CBC apresentou um maior potencial de crescimento, uma vez que o peso assintótico
14 ($a = 3850,82\text{g}$) foi superior quando comparado aos outros grupos. Dentre as aves
15 nativas, o grupo genético Caneludo do Catolé foi o que apresentou maior potencial ($a =$
16 $3099,06\text{g}$), com médias significativamente superiores quando comparadas às médias
17 das aves Canela Preta ($a = 2614,6\text{g}$) e Peloco ($a = 2499,77\text{g}$) (Tabela 2). Não foi
18 observada diferença significativa nos valores de peso assintótico (a) quanto ao efeito
19 de sistema de criação para nenhum dos grupos genéticos. Desse modo, machos e
20 fêmeas de mesmo grupo mantidos em diferentes sistemas de criação (intensivo e semi-
21 intensivo) não apresentaram diferença significativa quanto às médias de peso assintótico
22 (a). Em contrapartida, houve diferença significativa quanto à interação sexo*sistema, de
23 modo que machos de diferentes grupos genéticos mantidos em diferentes sistemas
24 apresentaram maior peso assintótico quando comparados às fêmeas.

25 Para a taxa de maturidade (k) houve diferença significativa quanto ao grupo
26 genético ($P < 0,01$), em que as aves da linhagem comercial CBC apresentaram maior
27 precocidade, com taxa de maturidade superior ($k = 0,03$) quando comparada aos grupos
28 genéticos nativos ($k = 0,02$). Para esse parâmetro, não houve diferença significativa
29 quanto aos efeitos de sexo e sistema de criação, bem como para as interações entre esses
30 efeitos.

31 A taxa de crescimento absoluta (TCA) máxima foi de 29,98, 24,13, 44,46 e 22,75

1 gramas para os machos e 22,35 17,72, 33,49 e 17,53 gramas para as fêmeas dos
2 grupos genéticos Caneludo do Catolé, Canela Preta, CBC e Peloco criadas em sistema
3 intensivo (Figura 3). Os valores de TCA foram 32,21, 24,75, 41,59 e 22,91 gramas
4 para os machos e 22,27, 16,39, 35,52 e 14,07 gramas para as fêmeas dos respectivos
5 grupos genéticos criados em sistema semi- intensivo (Figura 4).

6 O ponto de inflexão da curva para as aves criadas em sistema intensivo se deu aos
7 87, 76, 58 e 79 dias para os machos e 72, 72, 53 e 70 dias para as fêmeas dos grupos
8 genéticos Caneludo do Catolé, Canela Preta, CBC e Peloco, respectivamente. Para as
9 aves criadas em sistema semi- intensivo, ocorreu aos 78, 81, 64 e 87 dias para os machos
10 e 75, 62, 52 e 75 dias para as fêmeas dos grupos genéticos Caneludo do Catolé,
11 Canela Preta, CBC e Peloco, respectivamente. As aves da raça CBC atingiram o ponto
12 de inflexão com uma média de peso de 1.527,84 gramas no sistema intensivo (1.804,86
13 para os machos e 1250,82 para as fêmeas) e 1587,45 gramas no sistema semi- intensivo
14 (1.841,61 para os machos e 1.333,28 para as fêmeas), em idades mais precoces do que as
15 idades em que foram observados os pontos de inflexão para os grupos naturalizados
16 (Figuras 1 e 2). Esses resultados evidenciam o potencial desse grupo para uma maior
17 velocidade de crescimento quando comparadas às aves nativas.

18 As aves dos grupos genéticos Caneludo do Catolé e Peloco são caracterizadas pelo
19 crescimento mais lento e atingiram o ponto de inflexão mais tardiamente, com médias de
20 peso de 1.213,69 gramas (1.403,75 para os machos e 1.023,63 para as fêmeas) e 1.142,85
21 gramas (1.311,96 para os machos e 973,73 para as fêmeas) para as aves do grupo
22 Caneludo do Catolé criadas em sistema intensivo e semi-intensivo, respectivamente
23 e 936,68 (1.084,90 para os machos e 788,45 para as fêmeas) e 908,86 (1.158,40 para
24 os machos e 659,31 para as fêmeas) para as aves Peloco criadas em sistema semi-
25 intensivo, respectivamente. As aves do grupo Canela Preta atingiram o ganho máximo
26 com médias de peso de 927,64 gramas (1078,64 para os machos e 776,03 para as fêmeas)
27 e 921,16 gramas (1.182,36 para os machos e 659,96 para as fêmeas) nos sistemas
28 intensivo e semi- intensivo, respectivamente (Figuras 1 e 2). Com relação às médias de
29 pesos e rendimentos de carcaça e cortes, as aves da linhagem CBC apresentaram
30 maiores valores em ambos os sistemas, seguidas pelas aves dos grupos genéticos
31 Caneludo do Catolé, Canela Preta e Peloco.

Tabela 1. Estimativas dos parâmetros e avaliadores do ajuste para os modelos Von Bertalanffy, Logístico e Gompertz da curva de crescimento de aves dos grupos genéticos Caneludo do Catolé, Canela Preta, CBC e Peloco.

Grupo Genético	Modelos	Estimativa dos parâmetros				Avaliadores do Ajuste			
		<i>a</i>	<i>b</i>	<i>K</i>	<i>C</i>	QMR	DPA	R ²	DMA
Peloco	Von Bertalanffy	2968,06	0,95	0,01	100	1512,93	38,90	0,99	34,51
	Logístico	2071,12	31,47	0,04	100	1640,62	40,50	0,99	-29,17
	Gompertz	2499,77	5,013	0,02	100	1125,78	33,55	0,99	18,16
Caneludo	Von Bertalanffy	3225,82	1,04	0,02	100	6281,19	79,25	0,99	48,58
	Logístico	2648,44	41,61	0,04	100	5171,50	71,91	0,99	-35,13
	Gompertz	3099,06	5,93	0,02	100	5061,29	71,14	0,99	20,75
Canela Preta	Von Bertalanffy	2982,82	0,97	0,02	100	3685,59	60,71	0,99	35,20
	Logístico	2237,86	32,28	0,04	100	3443,03	58,68	0,99	-36,90
	Gompertz	2614,6	5,19	0,02	100	3068,44	55,39	0,99	15,14
CBC	Von Bertalanffy	4290,83	0,79	0,02	100	2550,60	50,50	0,99	0,57
	Logístico	2828,8	22,04	0,06	100	4111,61	64,12	0,99	83,70
	Gompertz	3850,82	4,01	0,03	100	2742,22	52,37	0,99	29,66

a = peso assintótico (g); *b* = constante de integração; *k* = taxa de maturidade; *C* = convergência (%); QMR = quadrado médio do resíduo; DPA = desvio padrão assintótico; R² = coeficiente de determinação; DMA = desvio médio absoluto.

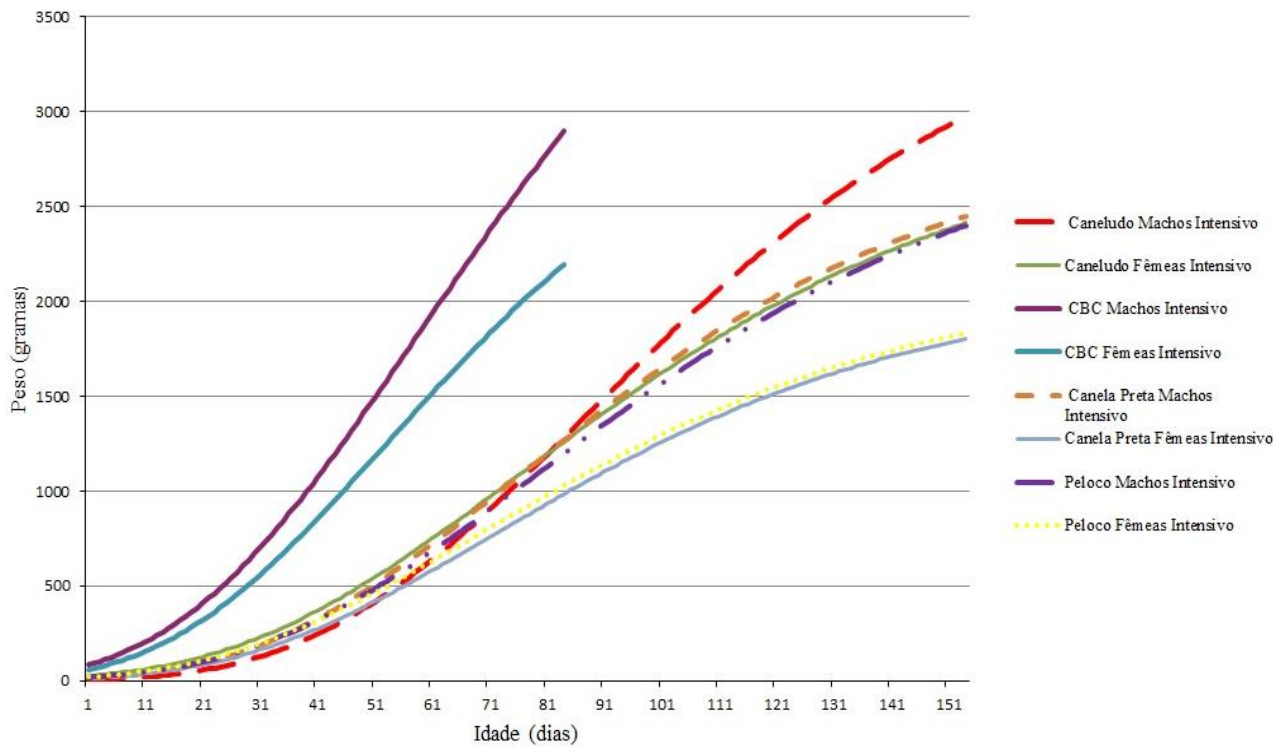


Figura 1. Estimativa do peso em função da idade, ajustado pelo modelo Gompertz em machos e fêmeas dos grupos genéticos Caneludo do Catolé, Canela Preta, CBC e Peloco criados em regime intensivo.

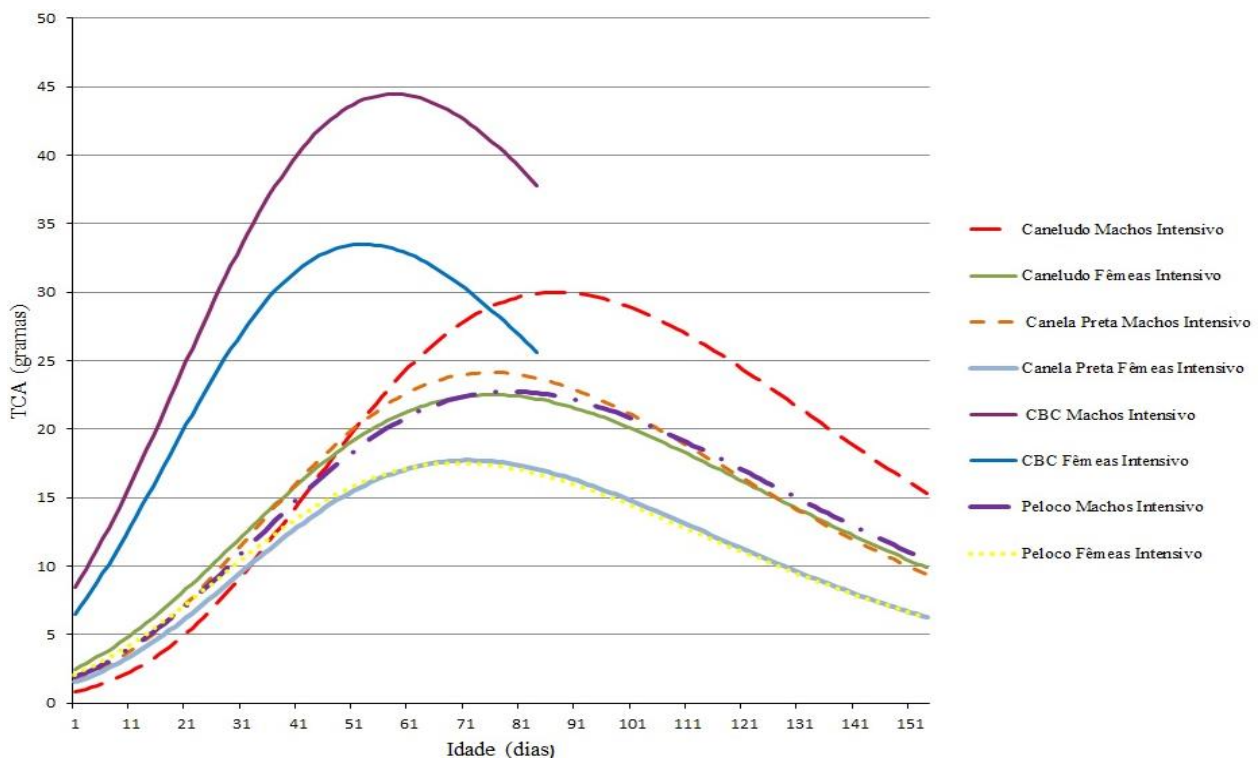
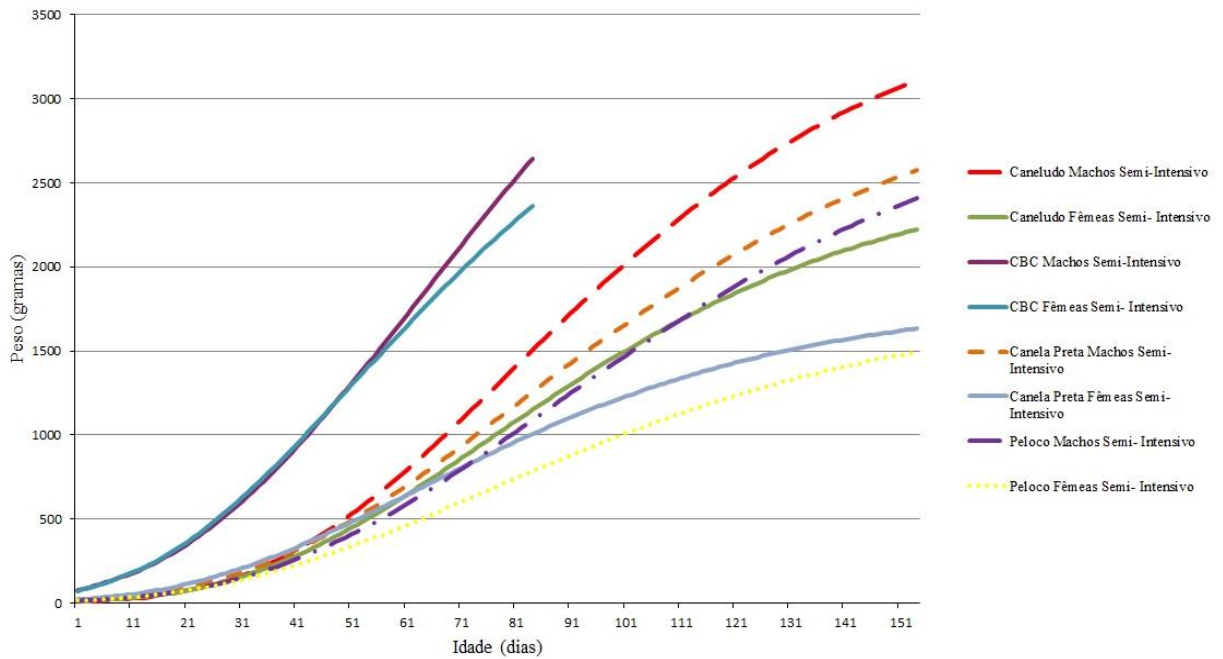


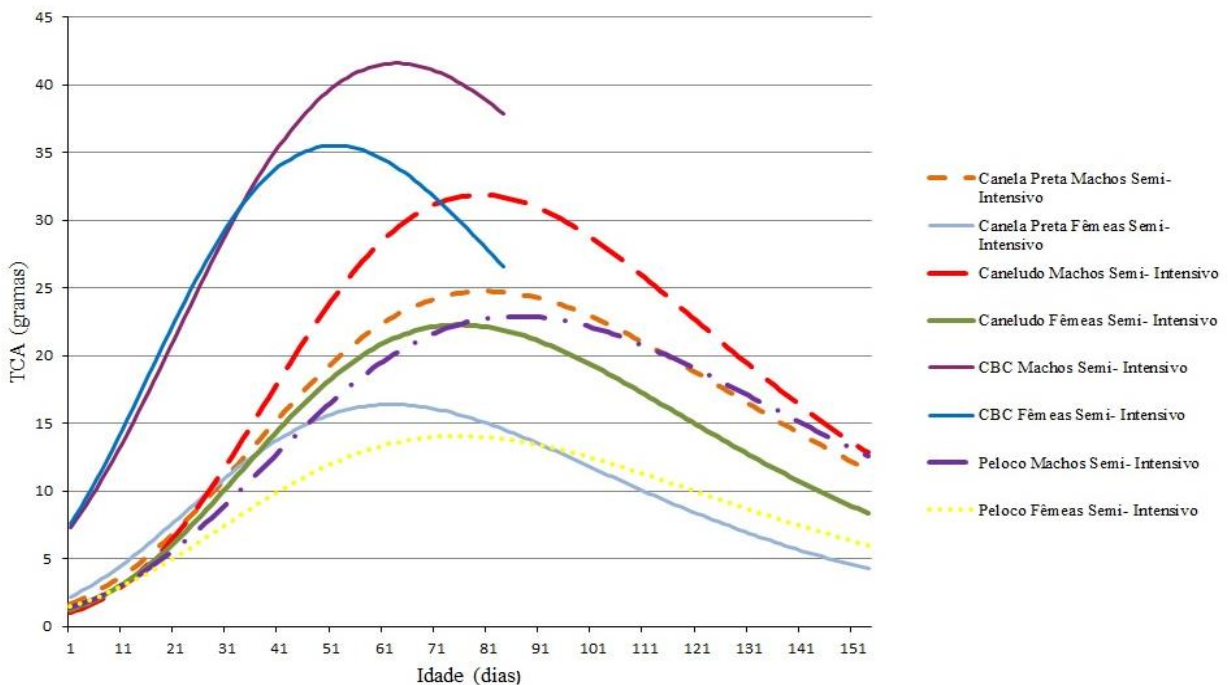
Figura 2. Estimativa do peso em função da idade, ajustado pelo modelo Gompertz em machos e fêmeas dos grupos genéticos Caneludo do Catolé, Canela Preta, CBC e Peloco criados em regime semi-intensivo.



1
2

3 **Figura 3.** Taxa de crescimento absoluto (TCA) estimado pela função Gompertz
4 em machos e fêmeas dos grupos genéticos Caneludo do Catolé, Canela Preta, CBC
5 e Peloco criados em sistema intensivo.

6
7



8
9

10 **Figura 4.** Taxa de crescimento absoluto (TCA) estimado pela função Gompertz
11 em machos e fêmeas dos grupos genéticos Caneludo do Catolé, Canela Preta, CBC
12 e Peloco criados em sistema semi-intensivo.

13

1 Quanto ao índice de Kleiber (IK), verificou-se diferenças significativas entre as
 2 médias obtidas para as aves dos diferentes grupos genéticos (Tabela 2), com valores
 3 superiores para as aves da linhagem CBC (0,080), seguidas pelas aves do grupo genético
 4 nativo Caneludo do Catolé (0,046), Canela Preta (0,043) e Peloco (0,043), sendo que
 5 não houve diferença significativa entre as médias de IK para esses dois últimos grupos
 6 (Figura 5). Observou-se também a existência do efeito de sexo, em que os machos dos
 7 quatro grupos genéticos apresentaram médias superiores às das fêmeas (machos Canela
 8 Preta: 0,045, fêmeas Canela Preta: 0,041, machos Caneludo do Catolé: 0,047, fêmeas
 9 Caneludo do Catolé: 0,044, machos Peloco: 0,045 e fêmeas Peloco: 0,041, machos CBC:
 10 0,084, fêmeas CBC: 0,080). Também verificou-se a existência da interação
 11 sexo*sistema sobre as médias de IK, em que os machos apresentaram valores mais
 12 elevados em ambos os sistemas de criação (Figura 6). Em contrapartida, não houve
 13 diferenças significativas para o efeito de sistema de criação e interações sexo*grupo
 14 genético, grupo genético*sistema e sexo*grupo genético*sistema.

15

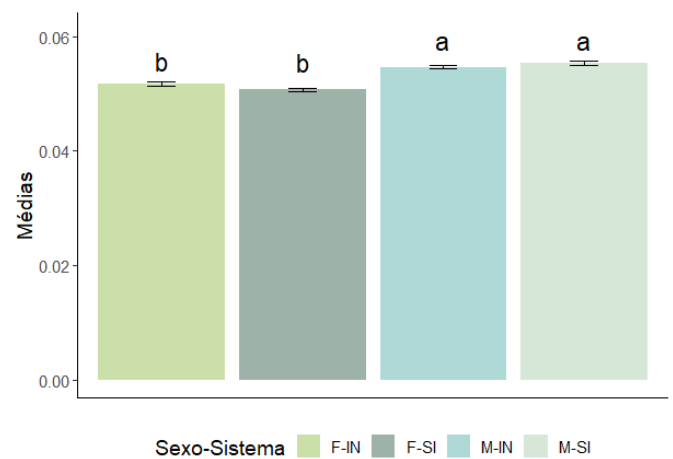
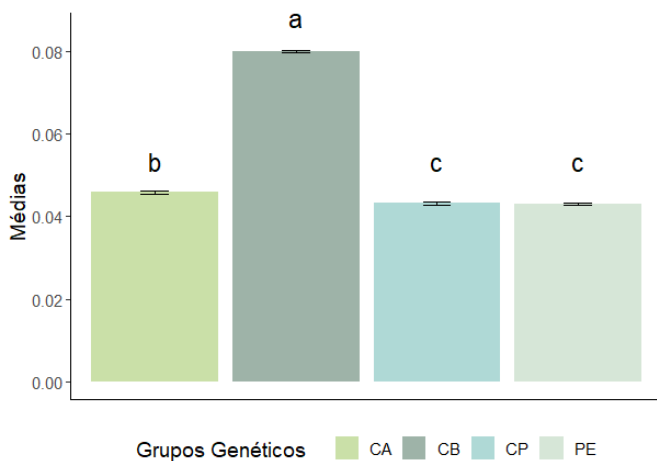


Figura 5. Comparação de médias de IK obtidas para aves dos grupos genéticos nativos Peloco, Caneludo do Catolé, Canela Preta e linhagem comercial caipira CBC, em que letras distintas representam valores significativamente diferentes.

Figura 6. Comparação de médias de IK obtidas para aves dos grupos genéticos nativos Peloco, Caneludo do Catolé, Canela Preta e linhagem comercial caipira CBC, para a interação sexo*sistema de criação, em que letras distintas representam valores significativamente diferentes.

20

21

22

23

Tabela 2. Médias e desvios-padrão dos parâmetros das curvas de crescimento, características de carcaça e cortes, ganho médio diário (GMD) e Índice de Kleiber (IK) em aves nativas dos grupos genéticos Peloco, Caneludo Catolé e Canela Preta e linhagem comercial caipira CBC.

Variáveis	Caneludo	Canela Preta	Peloco	CBC
a	3099,06	2614,60	2499,77	3850,82
	±812,85	±681,13	±729,41	±999,41
k	0,02	0,02	0,02	0,02
	±0,005	±0,005	±0,003	±0,005
PCAR	1847,51	1523,29	1454,52	1672,44
	±444,54	±366,97	±366,75	±295,62
PPER	560,37	475,00	457,14	535,57
	±143,68	±135,67	±132,35	±109,49
PA	207,54	180,62	169,52	203,53
	±48,42	±39,96	±42,58	±36,17
PP	463,96	362,33	348,10	454,23
	±110,04	±79,11	±85,68	±75,50
CAR	76,35	73,97	75,61	71,81
	±4,94	±1,81	±2,32	±2,52
PER	23,12	22,85	23,58	22,92
	±1,90	±1,71	±1,72	±1,60
ASA	8,60	8,81	8,83	8,75
	±0,73	±0,58	±0,69	±0,64
PEITO	19,22	17,74	18,15	19,56
	±2,33	±1,82	±1,11	±1,47
GMD	15,79	13,47	12,56	26,88
	±3,44	±3,16	±3,13	±4,35
IK	0,04	0,04	0,04	0,08
	±0,003	±0,003	±0,003	±0,004

A = peso assintótico (gramas), k = taxa de maturidade, PCAR = peso de carcaça, PPER = peso de perna, PA = peso de asa, PP = peso de peito, CAR = rendimento de carcaça, PER = rendimento de perna, ASA = rendimento de asa, PEITO = rendimento de peito, GMD = ganho médio diário, IK = índice de Kleiber.

1 A análise de variância multivariada (MANOVA) demonstrou a existência dos
2 efeitos da interação grupo genético*sistema*sexo sobre o peso assintótico (a), taxa de
3 maturidade (k), pesos e rendimentos de carcaça e cortes ($P < 0,05$).

4 Os três primeiros componentes explicaram 90,18% da variância do conjunto de
5 dados. O primeiro componente (PC1) foi descrito como: $+0,33*a - 0,006*k$
6 $+0,42*PCAR + 0,42*PPER + 0,42*PA + 0,37*PP + 0,099*CAR + 0,35*PER + 0,17*ASA$
7 $- 0,18*PEITO$. As variáveis a (peso assintótico), PCAR (peso da carcaça), PPER (peso
8 da perna), PA (peso da asa), PP (peso do peito) e PER (rendimento de perna)
9 apresentaram valores altos e positivos e foi responsável por 54,35% da variância.
10 O segundo componente (PC2) foi responsável por 23,80% da variância e foi descrito
11 como: $+0,31*a + 0,54*k + 0,02*PCAR + 0,03*PPER + 0,06*PA + 0,26*PP - 0,5*CAR -$
12 $0,24*PER - 0,22*ASA + 0,43*PEITO$, sendo que as variáveis mais importantes foram a
13 (peso assintótico), k (taxa de maturidade) e PEITO (rendimento de peito). O terceiro
14 componente (PC3) foi responsável por 12,03% da variância e foi descrito como: $-0,06*a$
15 $- 0,40*k + 0,15*PCAR + 0,08*PPER - 0,02*PA + 0,26*PP + 0,34*CAR - 0,02*PER -$
16 $0,67*ASA + 0,43*PEITO$, em que as variáveis mais importantes foram k (taxa de
17 maturidade), CAR (rendimento de carcaça), ASA (rendimento de asa) e PEITO
18 (rendimento de peito).

19 O gráfico tipo *heatmap* (Figura 5) demonstrou que as aves do sexo masculino e
20 feminino divergiram grandemente, sendo que os machos, de modo geral apresentaram
21 valores mais altos para as variáveis de peso e rendimentos de carcaça e cortes.

22

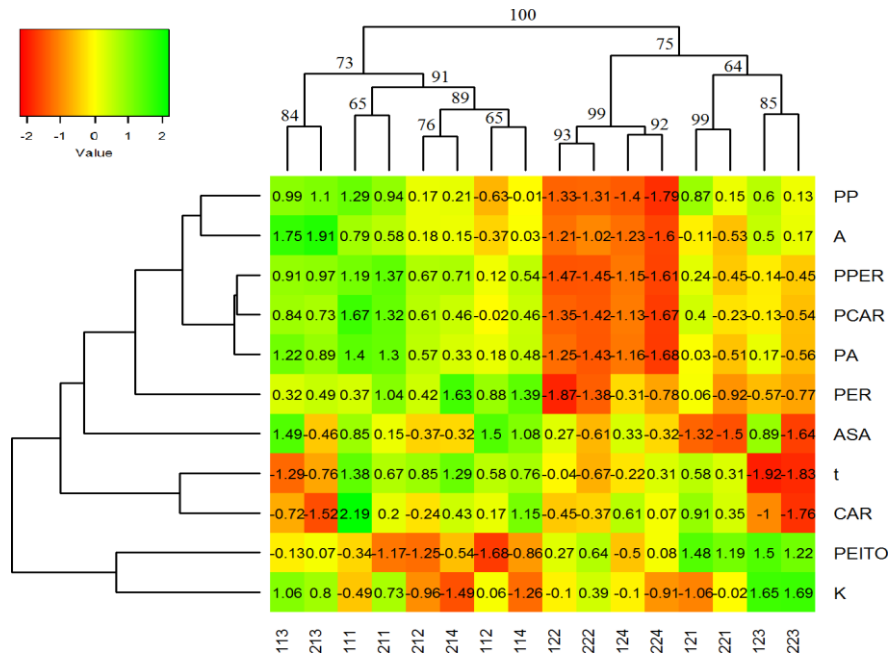


Figura 7. Heatmap considerando os parâmetros da curva e as características de carcaça e cortes das aves dos grupos genéticos Caneludo do Catolé, Canela Preta, CBC e Peloco criadas em sistema intensivo e semi- intensivo.

A= peso assintótico, K= taxa de maturidade, t= ponto de inflexão, PCAR= peso da carcaça, PPER= peso da perna, PA= peso da asa, PP= peso do peito, CAR=rendimento de carcaça, PER= rendimento de perna, ASA= rendimento de asa e PEITO= rendimento de peito. 113= Machos CBC criados em sistema intensivo, 213= Machos CBC criados em sistema semi intensivo, 111= Machos Caneludo do Catolé criados em sistema intensivo, 211= Machos Caneludo do Catolé criados em sistema semi- intensivo, 212= Machos Canela Preta criados em sistema semi- intensivo, 214= Machos Peloco criados em sistema semi-intensivo, 112= Machos Canela Preta criados em sistema intensivo, 114= Machos Peloco criados em sistema intensivo, 122= Fêmeas Canela Preta criadas em sistema intensivo, 222= Fêmeas Canela Preta criadas em sistema semi- intensivo, 124= Fêmeas Peloco criadas em sistema intensivo, 224= Fêmeas Peloco criadas em sistema semi- intensivo, 121= Fêmeas Caneludo do Catolé criadas no sistema intensivo, 221= Fêmeas Caneludo do Catolé criadas no sistema semi- intensivo, 123= Fêmeas CBC criadas em sistema intensivo, 223= Fêmeas CBC criadas em sistema semi- intensivo.

4.4 Discussão

Os valores elevados de R^2 (0,99) indicam que os modelos Von Bertalanffy, Logístico e Gompertz apresentaram bom ajuste ao crescimento das aves. Altos valores de R^2 também foram obtidos por Kuhl et al., (2003) em estudo utilizando os modelos Gompertz, Logístico, Von Bertalanffy, Richards e Lopez e por France e Firas Rashad Al-Samarai (2015) para os modelos Gompertz, Logístico e WLS. O modelo Gompertz também foi considerado o melhor em descrever o crescimento de aves nativas da Nigéria (ADENAIKE et al., 2017), África do Sul (NORRIS et al., 2007), China (ZHAO et al., 2015), Costa do Marfim (NDRI et al., 2018), Itália (SELVAGGI et al., 2015) e Portugal

1 (SOARES et al., 2015).

2 As aves da linhagem comercial CBC apresentaram uma maior taxa de maturidade
3 ($k=0,03$) quando comparadas às dos grupos genéticos nativos ($k=0,02$). A taxa de
4 maturidade (k) é um indicador da velocidade com que o peso do animal se aproxima
5 do peso assintótico, de modo que quanto maior o valor desse parâmetro, mais precoce
6 é o animal, e vice-versa (CARNEIRO et al., 2009).

7 A diferença nos parâmetros da curva de crescimento para machos e fêmeas é
8 uma consequência do dimorfismo sexual em aves. Diferenças de peso entre machos
9 e fêmeas tem sido relatadas em estudos com frangos de crescimento médio (NARINC
10 et al., 2010) e lento (ELEROĞLU et al., 2014; SOARES et al., 2015).

11 A taxa de crescimento absoluta (TCA) foi crescente até atingir o ponto de inflexão
12 da curva (Figuras 3 e 4), quando muda de crescente para decrescente e os animais
13 apresentam uma diminuição no ganho de peso diário (BRITO et al., 2021). O ponto de
14 inflexão indica a idade ideal em que as aves devem ser abatidas, pois a partir dessa
15 idade os animais apresentam uma diminuição no ganho de peso, elevando assim o
16 custo de produção. Desse modo, o grande desafio é obter aves que atinjam o peso
17 assintótico em uma idade próxima ao ponto de inflexão e com uma carcaça adequada
18 às exigências do mercado consumidor, no intuito de otimizar os ganhos.

19 Para todos os grupos genéticos, as fêmeas atingiram o ponto de inflexão mais
20 cedo que os machos (Figuras 3 e 4), o que pode ser explicado pelo fato de que em
21 aves, as fêmeas geralmente atingem a maturidade mais precocemente e,
22 consequentemente, apresentam peso assintótico inferior quando comparadas aos machos
23 do mesmo grupo genético (OSEI-AMPONSAH et al., 2011).

24 O crescimento mais rápido observado para as aves do grupo CBC é o resultado
25 da seleção empregada com o objetivo de aumentar o ganho de peso, processo pelo qual
26 os grupos nativos utilizados nesse estudo ainda não foram submetidos. As aves nativas
27 dos grupos genéticos Caneludo do Catolé, Canela Preta e Peloco não se adequam à
28 criação industrial, em que o intuito é obter-se uma maior produção no menor intervalo
29 de tempo possível. Em contrapartida, as aves naturalizadas, de crescimento mais lento,
30 apresentam potencial para serem empregadas em sistemas de produção alternativos,
31 uma vez que o mercado consumidor mostra-se cada vez mais preocupado com a forma

1 com que os animais de produção são criados, sobretudo com relação ao bem-estar
2 animal. Além disso, os consumidores consideram os produtos oriundos de aves criadas
3 soltas de qualidade superior, estando dispostos, inclusive, a pagar um valor mais alto
4 por esses produtos (AZEVEDO et al., 2015; SELVAGGI et al., 2015; BRAY &
5 ANKENY, 2017).

6 As aves Canela Preta são consideradas de dupla aptidão, isto é, têm potencial para
7 serem selecionadas para a produção de carne e ovos, iniciando a postura e atingindo
8 o peso médio para comercialização aos seis meses de idade quando criadas em sistema
9 semi-intensivo e aos oito meses em sistema extensivo (SARMENTO et al., 2017). O
10 mesmo se observa para as aves do grupo genético Peloco, comumente criadas em
11 sistema extensivo e com maturidade sexual e peso para comercialização alcançado por
12 volta dos 150 dias de idade. Apesar de mais tardias para atingir o ponto máximo de
13 crescimento e o ponto de inflexão quando comparadas às aves CBC, as aves do grupo
14 genético Caneludo do Catolé apresentam pesos assintóticos mais próximos dos
15 observados para a linhagem comercial CBC. Assim, possuem potencial para serem
16 criadas como aves de corte mantendo a qualidade da carne tipo caipira.

17 Quando comparadas aos grupos genéticos de aves nativas, as aves da linhagem
18 comercial caipira CBC apresentaram um melhor desempenho, com maiores valores de
19 peso vivo e peso de carcaça nos sistemas intensivo e semi-intensivo. Resultados
20 semelhantes também foram obtidos por Franco et al. (2012), que comparando
21 características de carcaça, crescimento e qualidade de carne entre galinhas nativas da
22 Espanha e aves da linhagem comercial Sasso T-44 verificaram maiores valores de peso
23 e peso de carcaça para a linhagem comercial.

24 As médias de IK para as aves dos grupos genéticos nativos foram inferiores
25 quando comparadas às obtidas por Yousefi et al. (2020), em que avaliaram o efeito
26 da endogamia sobre os ganhos médios diários e IK obtidos desde a eclosão até 8 semanas
27 (machos: 0,086, fêmeas: 0,080), de 8 a 12 semanas (machos: 0,081, fêmeas: 0,073) e da
28 eclosão até 12 semanas de idade (machos: 0,065, fêmeas: 0,062) em galinhas nativas
29 Mazandaran. Os valores mais baixos de IK obtidos para as aves dos grupos genéticos
30 nativos Peloco (machos: 0,045, fêmeas: 0,041), Caneludo do Catolé (machos: 0,047,
31 fêmeas: 0,044) e Canela Preta (machos: 0,045, fêmeas: 0,041), podem ser explicados

1 pelo fato de que para essas aves, o IK foi obtido aos 150 dias, visto que o abate dessas
2 aves é mais tardio. Em idades mais avançadas, há uma maior exigência do animal para
3 deposição de gordura e desenvolvimento muscular, enquanto animais em fase de
4 crescimento requerem uma menor quantidade de energia metabolizável para
5 manutenção (ARCHER et al., 1999; REZENDE et al., 2020). Assim como verificado
6 para os parâmetros da curva de crescimento, o dimorfismo sexual também exerceu
7 um papel decisivo na eficiência alimentar das aves, mensurada por meio do IK, em que
8 os machos de todos os grupos genéticos apresentaram valores mais elevados que as
9 fêmeas e desse modo, mais eficientes. Esses resultados também diferiram dos obtidos
10 por Yousefi et al. (2020), pois para as aves Mazandaran não houve diferenças
11 significativas nas médias de IK entre machos e fêmeas de mesma idade. Essa
12 divergência pode estar relacionada ao fato de que as aves dos grupos genéticos
13 nativos Peloco, Caneludo do Catolé e Canela Preta geralmente atingem a
14 maturidade sexual em torno dos 150 dias, de modo que, na idade em que o IK foi
15 calculado para essas aves, o dimorfismo sexual era bastante evidente.

16 Estudos utilizando o IK para mensurar a eficiência alimentar em aves ainda
17 são escassos (YOUSEFI et al., 2020), de modo que foi difícil encontrar dados na
18 literatura para que os resultados do presente estudo pudessem ser comparados.
19 Entretanto, a partir dos dados gerados, pôde-se verificar que as aves do grupo
20 genético Caneludo do Catolé apresentaram médias de IK superiores quando
21 comparadas aos demais grupos genéticos nativos, assim como para as demais
22 características avaliadas, o que demonstra o potencial dessas aves para a produção
23 de carne, de modo que o emprego de programas de melhoramento genético dentro
24 dessas populações nativas pode promover ganhos com relação à precocidade,
25 reduzindo-se assim a idade em que são abatidas e permitindo que os criadores obtenham
26 lucro com a atividade (OSEI-AMPONSAH et al., 2011). Nesse contexto, o IK pode ser
27 empregado no intuito de selecionar de forma prática animais que apresentem maior
28 eficiência de crescimento (REZENDE et al., 2020).

29 O primeiro componente principal representa aves com baixa precocidade, porém,
30 com peso assintótico (a), peso de cortes e rendimento de perna (PER) altos, o que
31 caracteriza as aves do grupo genético Caneludo do Catolé. O segundo componente

1 principal está relacionado aos animais com maior peso assintótico (a) e precocidade
2 (k), o que seria característico das aves CBC. O terceiro componente está relacionado
3 às aves menos precoces, com menor rendimento de asa (ASA) e maior rendimento de
4 carcaça (CAR) e peito (PEITO), o que poderia representar as aves dos grupos genéticos
5 Canela Preta e Peloco.

6 O *heatmap* (Figura 5) foi obtido pelo agrupamento dos animais do mesmo sistema
7 de criação, sexo e grupo genético utilizando-se os parâmetros da curva e características
8 de carcaça e cortes e demonstrou a separação das aves em decorrência do sexo. O
9 dimorfismo sexual favorecendo os machos para o peso corporal também foi relatado
10 por Adeleke et al., (2011) e Sola- Ojo et al., (2011) em estudo com aves nativas da
11 Nigéria. Foi possível observar uma maior proximidade entre as aves CBC e Caneludo
12 do Catolé e entre Peloco e Canela Preta. Isso pode ser explicado pelo fato de as aves
13 Caneludo do Catolé terem uma composição maior de carcaça e cortes, podendo ser
14 indicadas para criação com bom potencial para produção de carne com valor agregado.
15 As aves Peloco e Canela Preta, por sua vez, são mais leves à idade de abate, e essa
16 característica pode ser um diferencial desses animais, uma vez que estudos de análise
17 sensorial, na maioria das vezes demonstram uma predileção do consumidor por aves
18 de crescimento lento, em detrimento das linhagens comerciais de rápido crescimento
19 (ZANETTI et al., 2010).

20 A ausência de influência do sistema de criação sobre as médias de a, k, características
21 de carcaça e cortes e IK verificada para os grupos genéticos nativos demonstra o potencial
22 dessas aves para serem exploradas em sistemas de criação alternativos, uma vez que são
23 aves rústicas, adaptadas ao clima local e de crescimento lento, características que as
24 tornam adequadas para a criação com menor investimento financeiro e tecnológico.
25 Adicionalmente, possuem grande importância histórica e cultural nas localidades onde
26 são criadas, além de serem dotadas de carne com coloração, sabor e textura únicos, que
27 agradam o mercado consumidor mais exigente, que tem buscado produtos diferenciados
28 e de maior qualidade.

29 Uma outra alternativa para incentivar a criação e, conseqüentemente, a
30 conservação desses grupos genéticos seria o emprego de programas de melhoramento
31 genético participativo, visando melhorar o ganho de produtividade, porém, mantendo a

1 variabilidade genética e as suas características de adaptação local.

2 Desse modo, é necessário estabelecer como objetivo de seleção para as aves
3 nativas a uniformidade do crescimento, do ganho de peso e da conversão alimentar,
4 visando melhorar a padronização das carcaças, de forma que o produtor consiga
5 comercializá-las em um fluxo constante. Além disso, as aves nativas também podem ser
6 utilizadas em cruzamentos com as linhagens comerciais, no intuito de promover
7 melhoria no desempenho aliado a aumento da rusticidade e tolerância ao calor
8 (MACHADO et al., 2002; ALMEIDA et al., 2013).

10 **4.5 Conclusão**

11
12 As aves nativas dos grupos genéticos Caneludo do Catolé, Canela Preta e
13 Peloco apresentam crescimento lento, maturidade tardia e menor eficiência alimentar
14 quando comparadas à linhagem comercial CBC. Dentre os grupos genéticos nativos,
15 as aves Caneludo do Catolé apresentam uma maior aptidão para produção de carne,
16 enquanto os grupos Peloco e Canela Preta caracterizam-se como aves de dupla aptidão.
17 As aves nativas possuem potencial para criação em sistemas alternativos, visto que não
18 houve influência do sistema de criação sobre as características avaliadas. Ressalta-se
19 ainda que as aves dos grupos genéticos Caneludo do Catolé e Peloco são rústicas e
20 resistentes às altas temperaturas, caracterizando-se como importantes reservatórios
21 genéticos, com potencial para serem utilizadas em criações com baixo investimento
22 tecnológico e em cruzamentos com outras raças, haja vista às mudanças climáticas que
23 o planeta tem enfrentado. Além disso, o melhoramento genético participativo pode ser
24 empregado como estratégia para a obtenção de animais com melhores índices
25 produtivos e carcaças padronizadas, estimulando-se, assim, a criação, conservação e
26 difusão dessas aves.

27

28

29

30

31

32

1 Referências Bibliográficas

2
3
4 ADELEKE, M. A.; PETERS, S. O.; OZOJE, M. O.; IKEOBI, C. O. N.; BAMGBOSE,
5 A. M.; ADEBAMBO, O. A. Growth performance of Nigerian local chickens in crosses
6 involving an exotic broiler breeder. **Tropical Animal Health and Production**, v. 43,
7 n.3, p. 643-650, 2010.

8
9 ADENAIKE, A.; AKPAN, U.; UDOH, J. E.; WHETO, M.; DUROSARO, S. O.;
10 SANDA, A. J.; IKEOBI, C. O. N. Comparative evaluation of growth functions in three
11 broiler strains of Nigerian chickens. **Pertanika Journal of Tropical Agricultural
12 Science**, v. 40, p. 611-620, 2017.

13
14 ALMEIDA, E. C. J.; CARNEIRO, P. L. S.; WENCESLAU, A. A.; FARIAS
15 FILHO, R. V.; MALHADO, C. H. M. Características de carcaça de galinha
16 naturalizada Peloco comparada a linhagens de frango caipira. **Pesquisa Agropecuária
17 Brasileira**, v. 48, p. 1517-1523, 2013.

18
19 AL-SAMARAI, F. R. Growth Curve of Commercial Broiler as Predicted by
20 Different Nonlinear Functions. **American Journal of Applied Scientific Research**,
21 v.1, n.2, p. 6-9, 2015.

22
23 ARCHER, J. A.; RICHARDSON, E. C.; HERD, R. M.; ARTHUR, P. Potential for
24 selection to improve efficiency of feed use in beef cattle. **Australian Journal of
25 Agricultural and Resource Economics**, v.50, n.2, p.147-161, 1999.

26
27 AZEVEDO, G. S., SOUZA, J. P. L., CARDOSO, J. A., ARAÚJO, P. H. H.,
28 SANTOS NETA, E. R., NOVAS, M. P. Produção de Aves em Sistema Orgânico.
29 **PUBVET**, v.10, n. 4, p. 327-333, 2016.

30
31 BRAY, H. J.; ANKENY, R. A. Happy Chickens Lay Tastier Eggs: Motivations for
32 Buying Free-range Eggs in Australia. **Anthrozoös**, v.30, n.2, p. 213-226, 2017.

33
34 BRITO, C. O.; CUNHA-FILHO, O. G.; SILVA, C. M.; VIEIRA, J. S.; DEL-VESCO,
35 A. P.; FEITOSA, V. E. M.; BARBOSA, L. T.; RIBEIRO-JÚNIOR, V.; TAVERNARI,
36 F. C. Estimate of body growth curve and feed intake of free-range chickens receiving
37 different levels of digestible lysine. **Spanish Journal of Agricultural Research**, v.19,
38 n.1, 2021.

39
40 CARNEIRO, P. L. S.; MALHADO, C. H. M.; AFFONSO, P. R. A.; PEREIRA, M. D.
41 SUZART, G. J. C.; RIBEIRO JUNIOR, M.; ROCHA, J. L. Curva de crescimento em
42 caprinos, da raça Mambrina, criados na caatinga. **Revista Brasileira de Saúde e
43 Produção Animal**, v.10, p. 536-545, 2009.

44
45 CEDRAZ, H.; GROMBONI, J. G. G.; GARCIA JUNIOR, A. A. P.; FARIAS FILHO,

- 1 R. V.; SOUZA, T. M.; OLIVEIRA, E. R.; OLIVEIRA, E. B.; NASCIMENTO, C. S.;
2 MENEGHETTI, C.; WENCESLAU, A. A. Heat stress induces expression of HSP
3 genes in genetically divergent chickens. **PLoS ONE**, v.12, n.10, p. 1-15, 2017.
- 4
5 DUANGJINDA, M.; TUNIM, S.; DUANGDAEN, C.; BOONKUM, W. Hsp70
6 Genotypes and Heat Tolerance of Commercial and Native Chickens Reared in Hot
7 and Humid Conditions. **Revista Brasileira de Ciência Avícola**, v.19, n. 1, p.7-18, 2017.
- 8
9 ELEROĞLU, H.; YILDIRIM, A. ŞEKEROĞLU, A. ÇOKSÖYLER, F. N.; Duman, M.
10 Comparison of growth curves by growth models in slow-growing chicken genotypes
11 raised the organic system. **International Journal of Agriculture and Biology**, v. 16,
12 p. 529-535, 2014.
- 13
14 FRANCO, D.; ROIS, D.; VAZQUEZ, J. A.; LORENZO, J. M. Comparison of growth
15 performance, carcass components, and meat quality between Mos rooster (Galician
16 indigenous breed) and Sasso T-44 line slaughtered at 10 months, **Poultry Science**,
17 v.91, p.1227-1239, 2012.
- 18 HEADY, H. F. **Rangeland Management**. McGraw-Hill Book Company, USA, 1975.
- 19
20 KUHI, H. D.; KEBREAB E.; LOPEZ S.; FRANCE J. An evaluation of different growth
21 functions for describing the profile of live weight with time (age) in meat and egg strains
22 of chicken. **Poultry Science**, v.82, p.1536–1543, 2003.
- 23
24 MACHADO, A. T.; MACHADO C. T. T.; COELHO, C. H. M.; ARCANJO, J. N.
25 Manejo da diversidade genética do milho e melhoramento participativo em
26 **comunidades agrícolas nos estados do Rio de Janeiro e Espírito Santo**. Embrapa
27 Cerrados. Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento, 22. Planaltina, DF: Embrapa
28 Cerrados, 2002. 22p.
- 29
30 NARINC, D.; AKSOY, T.; KARAMAN, E.; ILASLAN CUREK, D. Analysis of fitting
31 growth models in medium growing chicken raised indoor system. **Trends in Animal
32 and Veterinary Sciences**, v.1, p. 12-18, 2010.
- 33
34 N'DRI, A. L.; KOUA, B. H. W.; AHOUCHE, V. S.; ADEPO-GOURÈNE, A. B. Body
35 weight and growths curve parameters evaluation of three chicken genotypes
36 (*Gallus gallus domesticus*) reared in claustration. **Journal of Advanced
37 Veterinary and Animal Research**, v.5, n.2, p.188-195, 2018.
- 38
39 NIKNAFS, S.; NEJATI-JAVAREMI, A.; MEHRABANI-YEGANEH, H.; FATEMI, S.
40 A. Estimation of genetic parameters for body weight and egg production traits in
41 Mazandaran native chicken. **Tropical Animal Health and Production**, v.44, n.7,
42 p.1437-1443, 2012.
- 43
44 NKRUMAH, J. D.; OKINE, E. K.; MATHISON, G. W.; SCHMID, K.; LI, C.;
45 BASARAB, J. A.; MOORE, S. S.; Relationships of feedlot feed efficiency,

1 performance, and feeding behavior with metabolic rate, methane production, and energy
2 partitioning in beef cattle. **Journal of Animal Science**, v.84, p.145-153, 2006.

3
4 NORRIS, D.; NGAMBI, J. W.; BENYI, K.; MAKGAHLELE, M. L.; SHIMELIS, H.
5 A.; NESAMVUNI, E. A. Analysis of growth curves of indigenous male Venda and
6 Naked Neck Chickens. **South African Journal of Animal Science**, v.37, p. 21-26,
7 2007.

8
9 OSEI-AMPONSAH, R.; KAYANG, B. B.; NAAZIE, A.; ARTHUR, P. F.; BARCHIA,
10 I. M. Characterisation of local Ghanaian chickens: growth performance
11 evaluation based on Richards growth model and genetic size scaling. **Tropical Animal**
12 **Health and Production**, v.43, n.6, p.1195-1201, 2011.

13
14 R Development Core Team. 2008 R: A language and environment for statistical
15 computing.

16
17 YOUSEFI, B.; GHOLIZADEH, M.; HAFEZIAN, H. Quantifying the effect of
18 inbreeding on average daily gain and Kleiber ratio in Mazandaran native
19 chickens. **Tropical Animal Health and Production**, v.52, 3217-3223, 2020.

20
21 ROSTAGNO, H. S. **Tabelas Brasileiras para aves e suínos: composição de alimentos**
22 **e exigências nutricionais**. 3. ed. Viçosa: UFV. 2011. 252p.

23
24 SANTOS, F. G.; CHAVES, M. A.; SILVA, M. W. R.; SOARES, R. D.; FRANCO, I.
25 L.; PINHO, B. D. Índice Climático de Crescimento para os Capins Brachiaria
26 Brizantha Cv. Marandu, Cynodon Dactylon Cv. Tifton 85 e Panicum Maximum Cv.
27 Tanzânia e Relação com a Produção de Massa Seca. **Ciência Animal Brasileira**,
28 v. 9, n.3, p.627-637, 2008.

29
30 SOARES, L. C.; LOPES, J. C.; BRITO, N. V.; CARVALHEIRA, J. Growth and
31 Carcass Traits of Three Portuguese Autochthonous Chicken Breeds: Amarela, Preta
32 Lusitânica and Pedrês Portuguesa. **Italian Journal of Animal Science**, v.14, n.1, p. 71-
33 76, 2015.

34
35 SARMENTO, J. L. R.; CARVALHO, D. A.; BORGES, L. S.; CARVALHO, A. A.;
36 EVANGELISTA, D. A.; SOUSA, P. R.; ALMEIDA, M. J. O.; VIOLA, T. H.;
37 SOBREIRA, R. S. **Galinha Caipira Da Raça Nativa Canela Preta**. Cartilha. UFPI.
38 Embrapa Meio Norte. Teresina, 2017. 2p. Disponível em:
39 [http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/165709/1/GalinhaCaipiraCanativa](http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/165709/1/GalinhaCaipiraCanativa.pdf)
40 [a.pdf](http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/165709/1/GalinhaCaipiraCanativa.pdf).

41
42 SELVAGGI M, LAUDADIO V, DARIO C, TUFARELLI V. Modelling Growth
43 Curves in a Nondescript Italian Chicken Breed: an Opportunity to Improve Genetic
44 and Feeding Strategies. **The Journal of Poultry Science**, v. 52, p. 288-294, 2015.

1 SOLA-OJO, F. E.; AYORINDE, K. L.; BOLU, S. A. O.; TOYE, A. A.;
2 KAYODE, R. M. O.; ALLI, O. I.; ADEYEMI, K. D.; GOMINA, P. Sexual
3 Dimorphism in Growth traits and Carcass characteristics in the Nigerian Fulani
4 Ecotype Chicken. **American-Eurasian Journal of Sustainable Agriculture**, v. 5, n.
5 3, p. 371-377, 2011.

6
7 SOLEIMANI, A. F.; ZULKIFLI, I.; OMAR, A. R.; RAHA, A. R. Physiological
8 responses of 3 chicken breeds to acute heat stress. **Poultry Science**, v.90, n.7, 1435-
9 1440, 2011.

10
11 ZANETTI, E.; MARCHI, M. D. E.; DALVIT, C.; MOLETTE, C.; REMIGNON, H.;
12 CASSANDRO, M. Carcase characteristics and qualitative meat traits of three Italian
13 local chicken breeds, **British Poultry Science**, v.51, n.5, p.629-634, 2010.

14
15 ZHAO, Z.; LI, S.; HUANG, H.; LI, C.; WANG, Q.; XUE, L. Comparative study on
16 growth and developmental model of indigenous chicken breeds in China. **Open**
17 **Journal of Animal Sciences**, v.5, p. 219-223, 2015.

18
19
20
21
22
23
24
25
26
27
28
29
30
31
32
33
34
35
36
37
38
39
40
41
42
43
44
45
46

1
2
3
4
5
6
7
8
9
10
11
12
13
14
15
16
17
18
19
20
21
22
23
24
25
26
27
28
29
30
31
32
33
34
35
36
37
38
39
40
41
42
43
44
45
46

5. CAPÍTULO II

DIVERSIDADE FENOTÍPICA DE GALINHAS NATIVAS DO NORDESTE BRASILEIRO VIA MORFOMETRIA GEOMÉTRICA

RESUMO

No Nordeste Brasileiro, aves nativas são mantidas em criações de quintal, com poucos recursos e ausência de controle sanitário. São consideradas importantes recursos genéticos devido ao apreciado sabor da carne e dos ovos, resistência, e adaptações ao clima local. Apesar dessas peculiaridades, as informações sobre esses recursos genéticos são raras, de modo que é necessário que as raças de galinhas locais sejam caracterizadas quanto à sua genética, produção e morfologia. A primeira etapa para realizar a caracterização seria a identificação via descritores morfológicos e nesse intuito utilizou-se a morfometria geométrica (MG) para caracterizar fenotipicamente as aves dos grupos genéticos Canela Preta, Caneludo do Catolé e Peloco com base na forma da cabeça, bem como realizar uma análise comparativa com as aves da linhagem comercial CBC. As aves dos três grupos genéticos nativos (Caneludo do Catolé, Canela Preta e Peloco), assim como as aves da linhagem comercial CBC apresentaram dissimilaridades quanto à forma da cabeça e as regiões proximal e terminal do bico, narinas e olhos foram as que apresentaram maior variação entre os grupos. Embora ainda exista uma grande diversidade fenotípica dentro das populações de aves nativas e tendo em vista as diferenças na forma devido aos diferentes sistemas de criação e sexos, ainda assim foi possível distinguir as aves a partir da variação da forma e tamanho da cabeça, fato que pode auxiliar no reconhecimento desses grupos genéticos como raças.

Palavras chave: caracterização racial, conservação, recursos genéticos

1
2
3
4 **ABSTRACT**
5
6
7

8 In the Brazilian Northeast, endemic chickens are raised in small farms as backyard
9 animals with little resources and limited, or absent, sanitary control. They are regarded
10 as important genetic resources due to their savory meat and eggs, resilience, and
11 adaptations to the local climate. Despite all of that, information about these genetic
12 resources is scarce, therefore, is crucial to characterize these endemic groups' genetics,
13 production, and morphology. The first step in this characterization is to identify those
14 breeds using morphological descriptors. For this reason, we used geometric
15 morphometrics to phenotypically characterize the head shape of birds from endemic
16 genetic groups Canela Preta, Caneludo do Catolé, and Peloco, while performing a
17 comparative analysis using the commercial line CBC. Birds from the three endemic
18 groups, as well as the commercial line, showed dissimilarities regarding the shape of the
19 head. Proximal and terminal regions of the beak, nostril, and eyes presented higher
20 variation between groups. Although a high phenotypical diversity within the endemic
21 populations exists and considering the differences in shape due to sex and raising
22 systems, it was still possible to distinguish the birds by head shape and size. This fact
23 can offer support to recognize these genetic groups as breeds.

24
25 **Keywords:** breed characterization, conservation, genetic resources

5.1 Introdução

As aves nativas são amplamente criadas em pequenas propriedades rurais de países tropicais e subtropicais. São mais rústicas, resistentes e menos exigentes quando comparadas às linhagens comerciais e representam, portanto, uma importante fonte de renda e subsistência para os pequenos agricultores, sobretudo nos países em desenvolvimento (AJAYI, 2010; MENGESHA & TSEGA, 2011).

No Nordeste Brasileiro, aves nativas são mantidas em criações de quintal, com poucos recursos e ausência de controle sanitário. Caracterizam-se como importantes recursos genéticos devido ao apreciado sabor da carne e dos ovos, resistência, e adaptações ao clima local, características desejáveis, principalmente tendo em vista as mudanças climáticas e o surgimento de novas doenças. Além disso, possuem grande valor econômico e cultural nas comunidades onde se desenvolveram e são criadas (HAUNSHI et al., 2011; ALMEIDA, 2016).

Apesar dessas peculiaridades, a escassez de informações sobre esses recursos genéticos nos países em desenvolvimento tem levado à subutilização, substituição dessas aves localmente adaptadas por linhagens mais produtivas e diluição por meio de cruzamentos (YAKUBU & UGBO, 2011). Desse modo, é necessário que as raças de galinhas locais sejam caracterizadas quanto à sua genética, produção e morfologia, possibilitando a criação de estratégias para nortear o melhoramento genético (HIRWA et al., 2019).

A primeira etapa para realizar a caracterização seria a identificação das populações a partir de descritores morfológicos. Dentre eles, as medidas morfométricas foram muito utilizadas no intuito de identificar as características inerentes às raças e obter informações úteis, bem como avaliar a diversidade e potencial para seleção (AJAYI et al., 2012; CARVALHO et al., 2020).

A morfometria geométrica é um tipo de análise morfológica que tem sido amplamente utilizada nos últimos anos. Essa técnica se utiliza de pontos específicos homólogos que são definidos na amostra, os chamados marcos e semimarcos. Esses marcos e semimarcos são transferidos para o sistema de coordenadas cartesianas, onde cada ponto terá suas coordenadas x e y com seus valores correspondentes. Essa

1 abordagem permite uma melhor visualização das variações anatômicas, assim como
2 maior obtenção de informações se comparada à morfometria geométrica convencional,
3 baseada nas distâncias lineares (MONTEIRO & REIS, 1999; ZELDITCH et al., 2004;
4 BERNAL, 2007).

5 A técnica de morfometria geométrica é considerada bastante resolutive e
6 demonstrou ser eficiente em estudos com aves selvagens (MORUGÁN-LOBÓN &
7 BUSCALIONI, 2006; ACOSTA & TAMBUSI, 2006; ACOSTA, 2009; DEGRANGE
8 & PICASSO, 2010; ELSHAER, 2019) e aves de produção (ALVES, 2017; STANGE
9 et al., 2018; ELSHAER, 2019; GÜNDEMIR et al., 2020), incluindo galinhas nativas
10 (ALMEIDA, 2016). Apesar disso, estudos de morfometria geométrica em aves ainda
11 são escassos (DEGRANGE & PICASSO, 2010).

12 Desse modo, o objetivo desse estudo foi caracterizar fenotipicamente as galinhas
13 nativas dos grupos genéticos Canela Preta, Caneludo do Catolé e Peloco com base na
14 forma da cabeça por meio de morfometria geométrica (MG), visando realizar a
15 caracterização racial desses grupos, bem como uma análise comparativa com as aves da
16 linhagem comercial CBC.

17

18 **5.2 Material e métodos**

19

20 As aves dos grupos genéticos Peloco e Caneludo do Catolé foram provenientes
21 do núcleo de criação de galinhas naturalizadas do Setor de Avicultura da Universidade
22 Estadual do Sudoeste da Bahia – UESB, localizado na cidade de Itapetinga – Bahia.
23 Os animais da raça Canela Preta foram adquiridos de núcleo de criação do estado do
24 Piauí, enquanto as aves da linhagem comercial Caboclo (CBC) foram adquiridas na
25 forma de pintainhos de um dia.

26 O experimento foi realizado no Laboratório Experimental de Avicultura da
27 UESB, onde os animais foram mantidos em unidades experimentais de 1m², com
28 lotação máxima de 12 aves por unidade. Aos trinta dias de vida, as aves foram
29 divididas em dois sistemas: intensivo e semi- intensivo.

30 Para os animais mantidos no galpão (sistema intensivo) foi fornecida água e
31 ração *ad libitum* e iluminação por 23 horas, com uma hora de descanso. As aves

1 mantidas em piquete (sistema semi- intensivo) foram submetidas às variações naturais
2 de luminosidade e contaram com água, forragem e ração *ad libitum*.

3 Para realização da caracterização fenotípica via MG, as aves foram fotografadas
4 nas respectivas idades de abate: 85 dias para a linhagem comercial CBC e 150 dias
5 para as aves dos grupos genéticos Canela Preta, Caneludo do Catolé e Peloco.

6 Foram capturadas imagens da cabeça de um total de 263 aves dos quatro grupos
7 genéticos (CBC: 53 machos e 45 fêmeas, Canela Preta: 28 machos e 23 fêmeas,
8 Caneludo do Catolé: 32 machos e 36 fêmeas e Peloco: 24 machos e 22 fêmeas),
9 utilizando-se uma câmera fotográfica Canon SX60HS 65x Zoom, com auxílio de um
10 tripé. Para obtenção das imagens da cabeça, cada ave teve o perfil direito fotografado
11 com a câmera posicionada frontalmente a aproximadamente 1m de distância. Todas
12 as aves foram contidas para assegurar que a cabeça estivesse alinhada e, para
13 obtenção da escala, foi utilizado papel milimetrado ao fundo da superfície em que
14 foram fotografadas.

15 A partir das imagens obtidas, foi criado um arquivo em formato tps utilizando o
16 *software* tpsUtil (ROHLF, 2013). A marcação dos *landmarks* foi feita por meio do
17 *software* tpsDig2 (ROHLF, 2017). Os *landmarks* (marcos anatômicos) podem ser
18 classificados em três tipos: marcos do tipo I ou justaposição de tecidos: são definidos
19 em pontos onde há o encontro de três estruturas; marcos do tipo II ou pontos de máxima
20 curvatura: são pontos situados nas extremidades de processos ou evaginação (são menos
21 confiáveis e devem ser evitados quando possível); e marcos do tipo III ou pontos
22 extremos: são ponto que se encontram a uma distância extrema de outro ponto, na maior
23 distância que pode ser medida na estrutura, mas são deficientes quanto à homologia
24 (BOOKSTEIN, 1991). Foram utilizados 13 marcos anatômicos (dos tipos I e II),
25 conforme definido por Almeida (2016), sendo cinco na estrutura do bico (considerando
26 a extensão do bico desde sua inserção na crista e contorno), seis no olho e dois na
27 narina (Figura 1).

28



1

2 **Figura 1.** Perfil direito da cabeça de macho do grupo genético Caneludo do Catolé,
3 evidenciando os marcos anatômicos.

4

5

6 As coordenadas cartesianas obtidas no *software* TpsDig2 foram analisadas por
7 meio do *software* Morpho J (KLINGENBERG, 2011). Foi realizada a sobreposição
8 de Procrustes para obtenção do ajuste da forma média das aves e em seguida, uma
9 análise de regressão linear multivariada com o intuito de identificar a existência do
10 efeito de tamanho sobre a forma (alometria), na qual a forma é a variável dependente
11 e o tamanho do centróide a variável independente (ZELDITCH et al., 2004). Uma
12 análise de variáveis canônicas seguida de função discriminante foi realizada
13 para verificar a separação das aves em grupos genéticos. Posteriormente, foi feita a
14 análise de validação cruzada a fim de averiguar o percentual de indivíduos
15 classificados corretamente em seus respectivos grupos genéticos. Em seguida foi feita
16 uma análise de agrupamento pelo método UPGMA (*Unweighted Pair Group Method*
17 *With Arithmetic Mean*) utilizando o programa PAST versão 2.03 (HAMER et al.,
2001).

18

19 Quanto às análises referentes ao tamanho, inicialmente foi feita a análise de
tamanho do centróide, que consiste no cálculo da raiz quadrada das distâncias somadas

1 entre cada um dos pontos de referência e o seu centróide (BOOKSTEIN, 1991). Obtidos
2 os valores referentes ao tamanho do centróide, foi performada uma análise de variância
3 (ANOVA) seguida pelo teste de Tukey para comparação de médias para verificar se há
4 diferença entre as médias de tamanho da cabeça para os machos e fêmeas dos quatro
5 grupos genéticos. O experimento foi realizado com a aprovação do Comitê de Ética
6 no Uso de Animais – CEUA/UESB, Protocolo 166/2017.

8 **5.3 Resultados**

9
10 A análise de regressão demonstrou a existência do efeito de alometria
11 ($R^2=22,50\%$, $p<0,01$) e para eliminar esse efeito, as análises subsequentes foram
12 realizadas utilizando-se os resíduos da regressão, associados apenas à forma. A função
13 discriminante permitiu identificar a existência de dimorfismo sexual sobre a forma da
14 cabeça das aves ($p<0,01$), o que implicou na separação das mesmas de acordo com o
15 sexo para realização das demais análises, assim como efeito do sistema de criação para
16 as fêmeas e machos ($p<0,01$). Para as fêmeas, as duas primeiras variáveis foram
17 responsáveis por 89,65% da variação. A primeira variável canônica explicou 78,23%
18 e a segunda variável canônica foi responsável por 11,42% da variação de forma
19 entre os grupos genéticos. Foi possível verificar a separação das aves da linhagem
20 CBC no eixo AVC1 e a separação das aves do grupo genético Canela Preta das aves
21 Caneludo do Catolé e Peloco pelo eixo AVC2 (Figura 2). Para os machos, as duas
22 primeiras variáveis canônicas explicaram 92,07% da variação, sendo que a primeira
23 variável canônica foi responsável por 73,72% e a segunda por 18,35% da variação. O
24 eixo AVC1 permitiu a separação das aves da linhagem CBC e pelo eixo AVC2 houve
25 a separação das aves do grupo genético Caneludo do Catolé das aves Canela Preta
26 e Peloco (Figura 3). Comparando os desenhos de contorno com relação ao contorno que
27 representa a forma consenso (gerado a partir da forma média dos indivíduos dos quatro
28 grupos genéticos), foi possível identificar variações, sobretudo na forma do bico, olho e
29 narina das aves (Figuras 2 e 3). A comparação par- a- par entre os grupos demonstrou a
30 existência de dissimilaridades entre as aves dos quatro grupos genéticos (Tabela 1) por
31 meio das distâncias de Mahalanobis ($p<0,01$).

O teste de validação cruzada (Tabela 2) foi realizado para ambos os sistemas de criação no intuito de avaliar a precisão com que os grupos foram classificados e demonstrou que 75,77% das fêmeas foram classificadas corretamente em seus respectivos grupos genéticos. O grupo genético Canela Preta obteve em média o menor percentual de acertos (65,21%), o grupo genético CBC o maior percentual (88,89%) e as aves dos grupos genéticos Caneludo do Catolé e Peloco obtiveram médias de percentual de acertos de 77,78 e 71,21, respectivamente.

Para os machos, o teste de validação cruzada (Tabela 3) mostrou que 77,37% foram classificados corretamente, sendo que o grupo genético CBC foi o que obteve o maior percentual de acertos (95,60%) e as aves Peloco o menor percentual (68,05%).

Tabela 1. Distâncias de Mahalanobis entre os machos (diagonal superior) e distâncias de Mahalanobis entre as fêmeas (diagonal inferior) de galinhas obtidas por meio da Análise de Variáveis Canônicas para as variáveis de forma da cabeça.

Grupo genético	CBC	Canela Preta	Caneludo	Peloco
CBC		3,2382*	3,6184*	2,4298*
Canela Preta	4,6818*		2,0093*	2,7072*
Caneludo	4,3731*	2,1884*		2,3528*
Peloco	3,8625*	2,7229*	2,4134*	

Em destaque, as menores distâncias obtidas. *P<0,01

Tabela 2. Validação cruzada entre fêmeas dos grupos genéticos Canela Preta, Caneludo do Catolé, Peloco e CBC criadas em sistema intensivo e semi-intensivo ressaltando o percentual de indivíduos corretamente classificados em seus respectivos grupos genéticos.

Grupo genético	CBC	Canela Preta	Caneludo	Peloco	Média
CBC		91,11%	91,11%	84,44%	88,89%
Canela Preta	69,56%		56,52%	69,56%	65,21%
Caneludo	94,44%	63,89%		75,00%	77,78%
Peloco	77,27%	68,18%	68,18%		71,21%

Os valores de classificação correta de cada grupo genético estão representados nas linhas (cada linha corresponde a um grupo genético), enquanto nas colunas tem-se o grupo com o qual foi comparado e a média de classificação correta de cada grupo.

Tabela 3. Validação cruzada entre machos dos grupos genéticos Canela Preta, Caneludo do Catolé, Peloco e CBC criados em sistema intensivo e semi-intensivo ressaltando o percentual de indivíduos corretamente classificados em seus respectivos grupos genéticos.

Grupo genético	CBC	Canela Preta	Caneludo	Peloco	Média
CBC		96,23%	96,23%	94,34%	95,60%
Canela Preta	92,86%		67,86%	64,29%	75,00%
Caneludo	84,38%	75,00%		53,13%	70,83%
Peloco	79,17%	66,67%	58,33%		68,05%

Os valores de classificação correta de cada grupo genético estão representados nas linhas (cada linha corresponde a um grupo genético), enquanto nas colunas tem-se o grupo com o qual foi comparado e a média de classificação correta de cada grupo.

Avaliando-se a dissimilaridade dentro dos grupos genéticos por meio das distâncias de Mahalanobis, observou-se que existe diferença significativa da forma da cabeça quanto ao sistema de criação para as fêmeas dos grupos genéticos CBC e Caneludo do Catolé. Para os machos, houve diferença significativa para as aves da linhagem CBC ($p < 0,01$).

A análise de agrupamento via UPGMA feita a partir da matriz de distâncias de

1 Mahalanobis mostrou que para as fêmeas, há maior similaridade entre grupos genéticos
2 CBC e Peloco e entre Caneludo do Catolé e Canela Preta (Figura 4). Para os machos,
3 há uma nítida separação entre as aves da linhagem comercial CBC das aves nativas,
4 sendo que os animais dos grupos genéticos Caneludo do Catolé e Peloco se mostraram
5 mais próximos (Figura 5).

6 Com relação à variação quanto ao tamanho da cabeça, a ANOVA realizada
7 entre as fêmeas dos quatro grupos genéticos demonstrou a existência de diferenças
8 significativas. Pelo teste de Tukey para comparação de médias verificou-se que há
9 diferenças significativas ($p < 0,01$) entre as aves: Canela Preta e CBC, Canela Preta e
10 Caneludo do Catolé, Peloco e CBC e Peloco e Caneludo do Catolé. As aves do grupo
11 genético CBC apresentaram maior tamanho ($7,20 \pm 0,31$), seguidas pelo grupo
12 Caneludo do Catolé ($6,99 \pm 0,42$), Canela Preta ($6,65 \pm 0,64$) e Peloco ($6,58 \pm 0,34$)
13 (Figura 6).

14 Para os machos, a ANOVA também demonstrou que houve diferenças
15 significativas para o tamanho e pelo teste de Tukey verificou-se que essas diferenças
16 ocorreram entre os grupos: Canela Preta e CBC, Caneludo do Catolé e CBC, Canela
17 Preta e Caneludo do Catolé, Peloco e CBC e Peloco e Caneludo do Catolé. Pelo gráfico
18 boxplot (Figura 7) é possível verificar que o maior tamanho foi obtido para os machos
19 Caneludo do Catolé ($8,31 \pm 0,53$), seguidos pelas aves CBC ($7,96 \pm 0,39$), Canela
20 Preta ($7,65 \pm 0,44$) e Peloco ($7,57 \pm 0,42$).

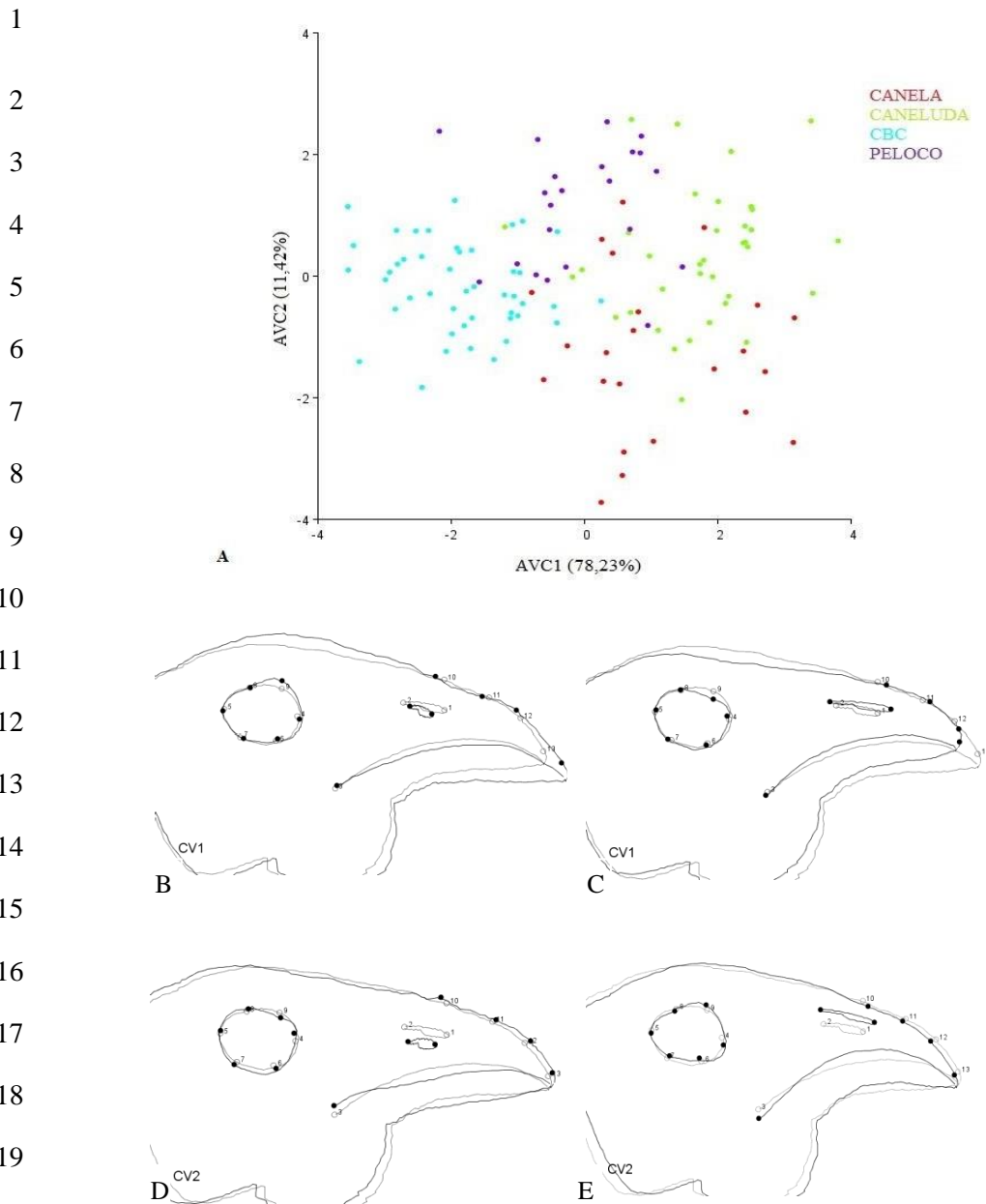


Figura 2. Representação de variáveis canônicas e representação dos *outlines* obtidos a partir de dados de forma da cabeça de fêmeas dos grupos genéticos Canela Preta, Caneludo do Catolé, Peloco e linhagem comercial CBC criadas em sistema intensivo e semi- intensivo.

(A) Dispersão gráfica representando os dois primeiros eixos canônicos; (B) Representação dos *outlines* associados ao extremo positivo da AVC1 (os contornos na cor cinza representam a forma média e os contornos em preto a variação associada a cada extremo dos eixos das variáveis canônicas); (C) Representação dos *outlines* associados ao extremo negativo da AVC1; (D) Representação dos *outlines* associados ao extremo negativo da AVC2; (E) Representação dos *outlines* associados ao extremo positivo da AVC2.

1
2
3
4
5
6
7
8
9
10
11
12
13
14
15
16
17
18
19
20
21
22
23
24
25
26
27
28
29
30
31
32
33
34
35
36
37
38
39
40
41
42
43
44
45
46
47
48
49
50
51
52

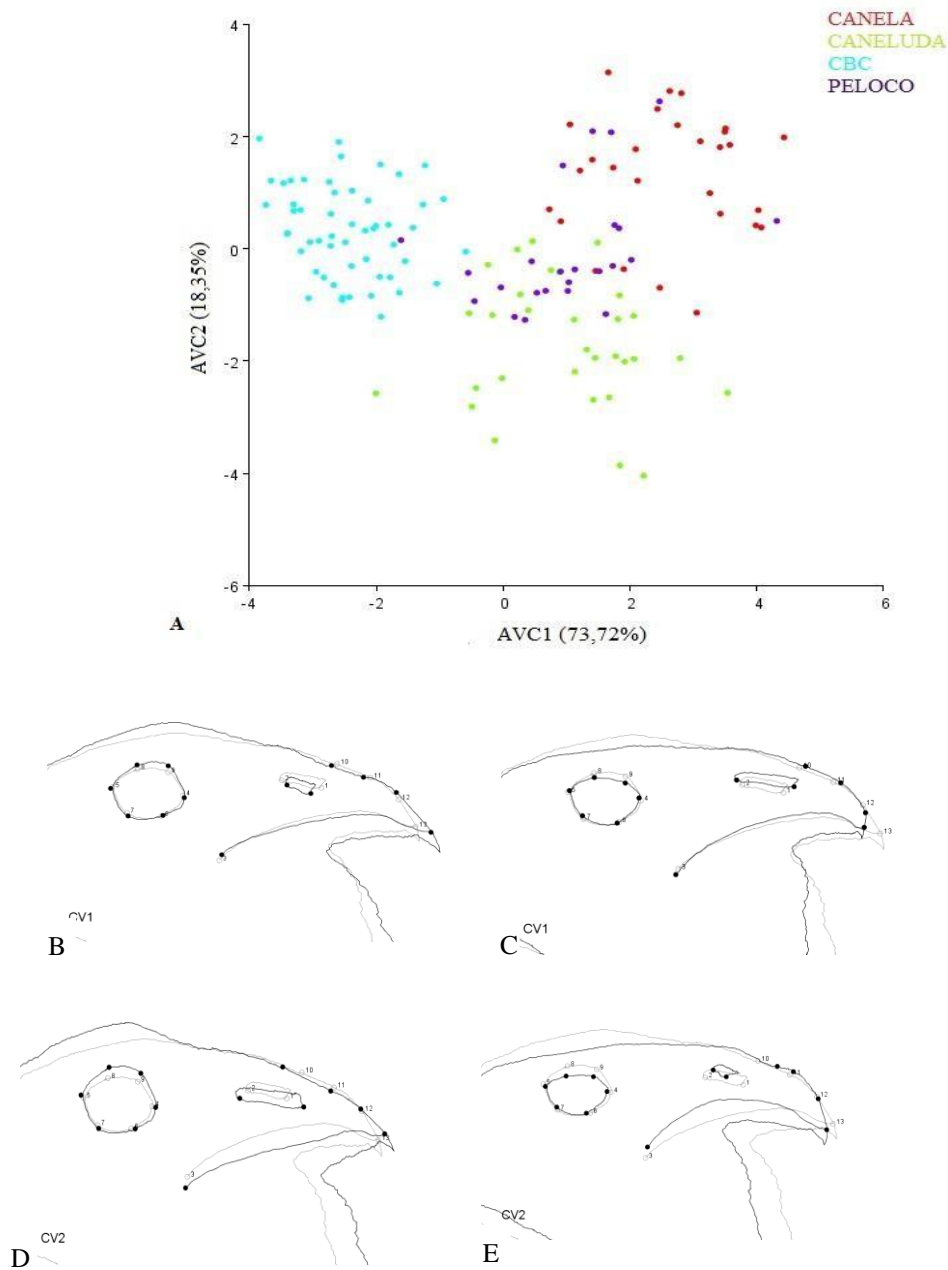


Figura 3. Representação de variáveis canônicas e representação dos *outlines* obtidos a partir de dados de forma da cabeça de machos dos grupos genéticos Canela Preta, Caneludo do Catolé, Peloco e linhagem comercial CBC criadas em sistema intensivo e semi- intensivo.

(A) Dispersão gráfica representando os dois primeiros eixos canônicos; (B) Representação dos *outlines* associados ao extremo positivo da AVC1 (os contornos na cor cinza representam a forma média e os contornos em preto a variação associada a cada extremo dos eixos das variáveis canônicas); (C) Representação dos *outlines* associados ao extremo negativo da AVC1; (D) Representação dos *outlines* associados ao extremo negativo da AVC2; (E) Representação dos *outlines* associados ao extremo positivo da AVC2.

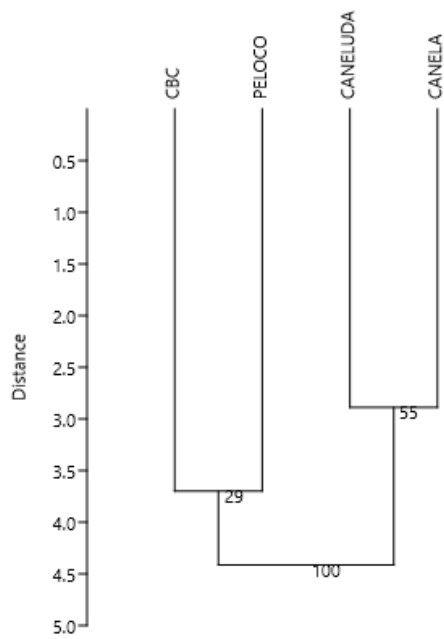


Figura 4. Dendrograma construído a partir da análise de agrupamento pelo método UPGMA (*Unweighted Pair Group Method With Arithmetic Mean*) baseado na forma da cabeça para as fêmeas de galinhas nativas Canela Preta, Caneludo do Catolé e Peloco e linhagem comercial CBC.

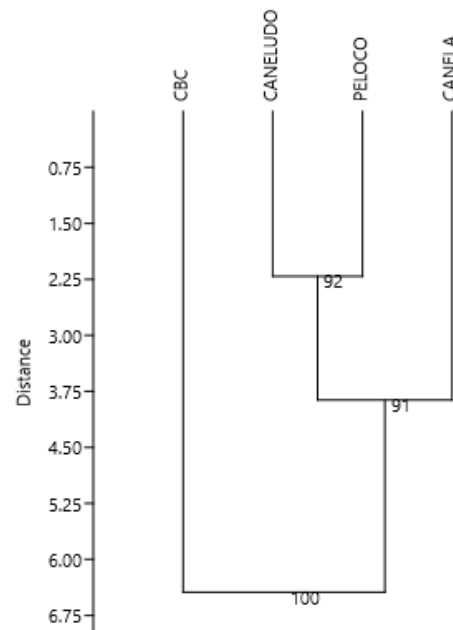


Figura 5. Dendrograma construído a partir da análise de agrupamento pelo método UPGMA (*Unweighted Pair Group Method With Arithmetic Mean*) baseado na forma da cabeça para os machos de galinhas nativas Canela Preta, Caneludo do Catolé e Peloco e linhagem comercial CBC.

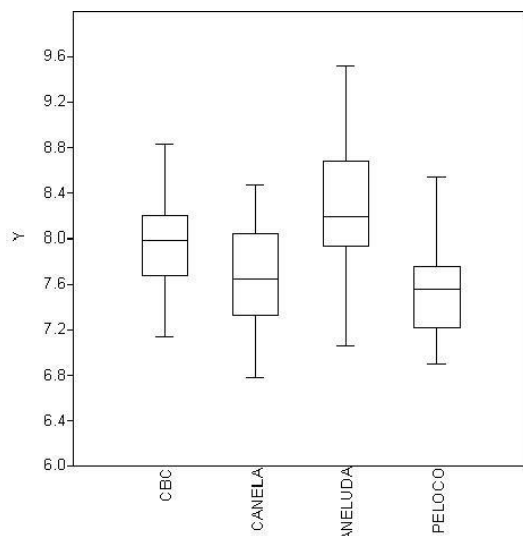


Figura 6. Boxplot representando a variação no tamanho do centróide para a cabeça das fêmeas dos grupos genéticos Canela Preta, Caneludo do Catolé e Peloco e linhagem comercial CBC.

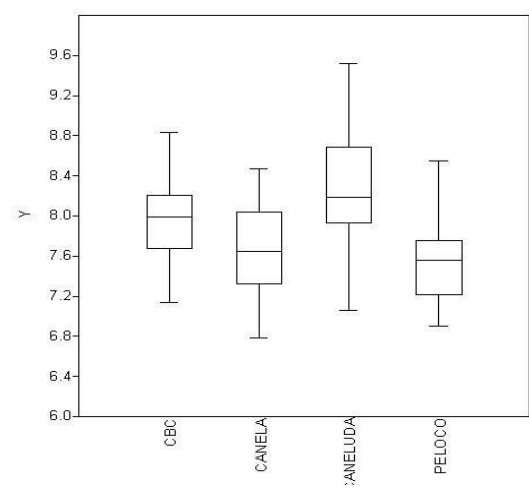


Figura 7. Boxplot representando a variação no tamanho do centróide para a cabeça dos machos dos grupos genéticos Canela Preta, Caneludo do Catolé e Peloco e linhagem comercial CBC.

1

2 **5.4 Discussão**

3

4 Indivíduos de diferentes tamanhos também possuem formas distintas e essa
5 associação entre o tamanho e a forma é dada pela análise de alometria (ADAMS et al.,
6 2013). O teste de alometria por meio da regressão da forma da cabeça pelo log do
7 tamanho do centróide mostrou a existência de alometria, com $R^2=22,50\%$ ($p<0,01$).
8 Esses resultados demonstram que 22,50% da variação da forma da cabeça é explicada
9 pela variação do tamanho, ou seja: pode haver alteração na forma da cabeça devido
10 ao aumento ou diminuição do tamanho. Esse efeito também foi observado por Stange
11 et al. (2018) em estudo de morfometria geométrica visando comparar a forma do
12 crânio de aves selvagens e raças de galinhas domesticadas ($R^2=6,5\%$, $p=0,021$).

13 A análise de função discriminante pode ser definida como um conjunto de
14 procedimentos que potencializam as diferenças entre os grupos, possibilitando
15 separar os grupos que inicialmente pareciam estar misturados entre si (AJAYI et al.,
16 2012) e permitiu identificar a existência de efeito de sexo sobre a forma da cabeça
17 nos quatro grupos genéticos. Em estudo de morfometria geométrica do crânio de perus
18 (*Meleagris gallopavo*), Gundemir et al. (2020) também verificaram diferenças
19 significativas entre machos e fêmeas. O dimorfismo sexual é muito comum em aves e
20 as diferenças morfológicas visíveis resultam dos diferentes propósitos fisiológicos
21 próprios de cada sexo (CHARUTA et al., 2013).

22 Os desenhos de contorno associados ao AVC1 em fêmeas (Figuras 1B e 1C)
23 demonstram que as principais variações ocorrem nas porções inicial e final do bico,
24 narina e região superior do olho. As fêmeas da linhagem comercial CBC ficaram
25 distribuídas no extremo negativo de AVC1, caracterizando-se por um maior
26 alongamento da narina e porção final do bico mais encurtada. As aves do grupo
27 genético Canela Preta, distribuídas em sua maioria no extremo positivo do eixo AVC1,
28 apresentam narina mais curta e porção final do bico mais alongada. As fêmeas dos
29 grupos genéticos Peloco e Caneludo do Catolé apresentaram uma distribuição mais
30 ampla, com indivíduos situados em ambos os extremos do eixo AVC1, o que caracteriza
31 a heterogeneidade fenotípica desses grupos quanto à forma da cabeça. No eixo AVC2,

1 foi possível separar as aves do grupo genético Canela Preta, que em sua maioria
2 ficaram distribuídas no extremo negativo do eixo. Por meio dos desenhos de contorno
3 foi possível identificar variações nas regiões superior direita e inferior do olho,
4 narina e porção inicial do bico. O desenho de contorno correspondente ao extremo
5 negativo, onde se situaram as aves do grupo genético Canela Preta, mostrou uma
6 expansão da região superior direita do olho e um achatamento da região inferior,
7 alongamento da narina e encurtamento do bico, mais pronunciado na porção inicial.
8 Para as aves com escores positivos para a AV2, o desenho de contorno associado
9 mostrou o oposto. As aves Peloco e Caneludo do Catolé apresentaram uma maior
10 diversidade, com aves situadas em ambos os extremos.

11 Para os machos, foi possível separar as aves da linhagem comercial CBC dos
12 demais grupos genéticos pelo eixo AVC1. As aves CBC foram distribuídas no extremo
13 negativo da AVC1, cujo contorno associado demonstrou o achatamento do olho,
14 encurtamento da porção final do bico, e narina mais alongada. Essas duas últimas
15 características também foram obtidas para as fêmeas da linhagem CBC. O desenho de
16 contorno relacionado com o extremo positivo da AVC1, onde se situaram a maioria
17 das aves dos demais grupos genéticos, mostrou expansão do olho no sentido vertical,
18 encurtamento da narina e da porção inicial do bico e alongamento da porção final.

19 O desenho de contorno associado ao extremo negativo do segundo eixo canônico
20 (AVC2), no qual se distribuíram as aves do grupo genético Caneludo do Catolé,
21 mostraram um achatamento na região superior do olho, encurtamento da narina e da
22 porção inicial do bico. Além disso, foi possível verificar que a curvatura do bico é
23 mais pronunciada nesse grupo. Os machos do grupo genético Canela Preta, em
24 contrapartida, ficaram situados em sua maioria no extremo positivo da AVC2, cujas
25 variações mais pronunciadas foram: expansão da região superior do olho (olhos mais
26 arredondados), alongamento da narina e da porção inicial do bico. Também foi
27 observada uma menor curvatura do bico. Assim como verificado para as fêmeas, os
28 machos do grupo genético Peloco apresentaram uma distribuição desuniforme, com
29 indivíduos situados tanto no extremo positivo quanto negativo do eixo AVC2. Essa
30 distribuição heterogênea quanto à forma da cabeça, observada principalmente para as
31 aves Peloco, é o reflexo da alta diversidade fenotípica das aves nativas. Acredita-se que

1 as aves nativas se originaram a partir do cruzamento de aves de diversos tipos, com
2 origens e características fenotípicas variadas. Esses cruzamentos deram origem a uma
3 população composta por indivíduos com diferentes graus de mestiçagem e a ausência
4 de seleção artificial permitiu que parte dessa variação fenotípica se mantivesse nas
5 populações atuais (ALMEIDA et al., 2013).

6 Foram verificadas dissimilaridades quanto à forma da cabeça para as fêmeas e
7 machos dos quatro grupos genéticos, com base nas distâncias de Mahalanobis
8 (Tabela 1). As menores distâncias obtidas foram entre os grupos genéticos Caneludo
9 do Catolé e Canela Preta para as fêmeas (2,1884) e machos (2,0093), de modo que pode-
10 se afirmar que esses grupos genéticos são mais similares quanto à forma da cabeça.
11 Além disso, observou-se uma maior dissimilaridade entre as aves da linhagem
12 comercial CBC e as aves nativas, de modo geral, evidenciando a diferença
13 morfológica existente entre as aves que passaram pelo processo de seleção artificial e
14 os animais que foram submetidos às pressões seletivas do ambiente onde se
15 desenvolveram (seleção natural).

16 O teste de validação cruzada permitiu classificar as aves com maior precisão e
17 demonstrou que 75,77% das fêmeas e 77,37% dos machos foram classificados
18 corretamente em seus respectivos grupos genéticos. Os maiores percentuais de acerto
19 foram obtidos para a linhagem comercial CBC tanto para fêmeas quanto para machos
20 (88,89 e 95,60%, respectivamente) e os menores percentuais para o grupo Canela
21 Preta para as fêmeas (65,21%) e Peloco para os machos (68,05%). Esses resultados
22 demonstram a existência de uma grande diversidade fenotípica dentro dos grupos
23 genéticos de aves nativas, ao passo que as linhagens comerciais (representadas pelas aves
24 CBC), fruto de intensa seleção para características de interesse zootécnico, são aves
25 padronizadas e com morfologia bem definida. Em contrapartida, as aves nativas, que
26 não sofreram processo de seleção artificial, ainda são pouco padronizadas e apresentam
27 uma maior heterogeneidade de fenótipos (ALMEIDA et al., 2013).

28 Dentre os grupos genéticos avaliados, as aves Canela Preta são uma raça
29 propriamente reconhecida, porém, o grupo é dotado de grande variabilidade fenotípica.
30 Essa diversidade demonstra que a população não tem sido intensamente selecionada
31 com base em características morfológicas, havendo a necessidade de seleção dessas aves

1 pelos produtores de acordo com a morfologia (CARVALHO et al., 2017). Em estudo de
2 caracterização fenotípica de ecótipos de aves nativas por meio de morfometria
3 geométrica, Almeida (2016) obteve 86,26% de classificação correta para as fêmeas do
4 grupo genético Peloco e 77,26% para as fêmeas do grupo genético Caneludo do Catolé
5 criadas em sistema semi-intensivo. No presente estudo, observou-se que existe diferença
6 significativa quanto ao sistema de criação para as fêmeas dos grupos genéticos CBC e
7 Caneludo do Catolé. Para os machos, houve diferença significativa para as aves da
8 linhagem CBC, de modo que as diferenças decorrentes do efeito do sistema de criação
9 podem ter influenciado para que houvesse uma redução do percentual de classificação
10 correta das aves Caneludo do Catolé.

11 Com relação à variação no tamanho, as aves do grupo genético CBC apresentaram
12 maior tamanho da cabeça, ($7,20 \pm 0,31$), seguidas pelo grupo Caneludo do Catolé
13 ($6,99 \pm 0,42$). Para os machos, foram obtidos resultados similares, onde o maior tamanho
14 foi verificado para o grupo genético Caneludo do Catolé ($8,31 \pm 0,53$), seguidos pelas
15 aves CBC ($7,96 \pm 0,39$), Canela Preta ($7,65 \pm 0,44$) e Peloco ($7,57 \pm 0,42$). O teste de
16 Tukey demonstrou que não há diferenças significativas entre as fêmeas dos grupos
17 genéticos CBC e Caneludo do Catolé e Canela Preta e Peloco. Para os machos, o
18 tamanho da cabeça não teve variação significativa entre as aves Canela Preta e
19 Peloco. As aves da linhagem comercial CBC passaram por intenso processo de seleção
20 para características de interesse produtivo, o que explica o maior porte das aves e,
21 consequentemente, o maior tamanho da cabeça. A origem do grupo genético Caneludo
22 do Catolé remete a aves pernaltas e de peito largo, de modo que se destacam pelo seu
23 maior tamanho corporal (ALMEIDA, 2016). Esses resultados evidenciam o potencial
24 que as aves do grupo genético Caneludo do Catolé apresentam para serem utilizadas
25 como aves de corte. As aves do grupo genético Canela Preta, por sua vez, são
26 consideradas de dupla aptidão e não sofreram seleção para precocidade e
27 características de carcaça. Aos 184 dias, os machos e fêmeas tem pesos médios de 2,898
28 e 2,059kg, respectivamente (SARMENTO et al., 2017; MACHADO, 2016), o que
29 justifica o menor tamanho de cabeça observado para machos e fêmeas dos grupos
30 genéticos. As galinhas Peloco também são aves menores e aos 150 dias de idade os
31 machos apresentam peso de carcaça médio de 1,81kg e as fêmeas de 1,57kg (ALMEIDA

1 et al., 2013). Resultados semelhantes também foram obtidos por Almeida (2016), onde
2 as fêmeas do grupo genético Peloco apresentaram o menor tamanho de cabeça quando
3 comparadas às fêmeas dos grupos genéticos Barbuda e Caneludo do Catolé.

4 A grande variação fenotípica presente em ecótipos e essa ausência de padrão
5 definido pode dificultar a caracterização racial dessas aves. No entanto, a caracterização
6 de raças é necessária para incentivar o seu reconhecimento, utilização e estabelecer
7 programas de conservação desses recursos genéticos. A detecção de variação na forma da
8 cabeça pode auxiliar na caracterização de aves e outras espécies de interesse zootécnico
9 (ALMEIDA, 2016; CARVALHO et al., 2017). Pode-se afirmar que mesmo havendo
10 variações quanto à forma da cabeça devido ao efeito do sistema de criação e tendo em
11 vista a alta variabilidade fenotípica inerente aos grupos genéticos nativos, ainda foi
12 possível identificar as aves de acordo com os seus respectivos grupos. Desse modo, o
13 estudo de morfometria geométrica com base nas variações da forma da cabeça
14 demonstrou ser efetivo para a separação das aves dos grupos genéticos nativos Canela
15 Preta, Caneludo do Catolé e Peloco e linhagem comercial CBC.

16

17 **5.5 Conclusão**

18

19 As aves nativas (Caneludo do Catolé, Canela Preta e Peloco), assim como as aves
20 da linhagem comercial CBC apresentaram dissimilaridades quanto à forma da cabeça.
21 Embora ainda exista uma grande diversidade fenotípica dentro das populações de aves
22 nativas e tendo em vista as diferenças na forma devido aos diferentes sistemas de
23 criação e sexos, ainda assim foi possível distinguir as aves a partir da variação da
24 forma da cabeça. A região proximal e terminal do bico, narinas e olhos foram as regiões
25 que apresentaram maior variação entre os grupos. Quanto ao tamanho, não foram
26 observadas diferenças significativas entre as fêmeas do grupo genético Caneludo do
27 Catolé e linhagem comercial CBC e para fêmeas e machos dos grupos genéticos Canela
28 Preta e Peloco. Desse modo, a morfometria geométrica mostrou-se efetiva para auxiliar
29 na caracterização de aves nativas.

1
2
3 **Referências Bibliográficas**
4
5

6 ACOSTA, C. H. Variation in the cranial morphometry of the Magel-
7 lanic Penguin (*Spheniscus magellanicus*). **Ornitología Neotropical**, v.20, p.19-26, 2009.

8
9 ADAMS, D. C.; ROHLF, F. J.; SLICE, D. E. Geometric morphometrics: Ten years
10 of progress following the ‘revolution’. **Italian Journal of Zoology**, v.71, p. 5-16, 2004.

11
12 AJAYI, O. O.; ADELEKE, M. A.; SANNI, M. T.; YAKUBU, A.; PETERS, S. O.;
13 IMUMORIN, I. G.; OZOJE, M. O.; OBIORA, C.; IKEOBI, N. Application of
14 principal component and discriminant analyses to morpho-structural indices of
15 indigenous and exotic chickens raised under intensive management system Frizzle
16 feathered. **Tropical Animal Health and Production**, p.1247-1254, 2012.

17
18 AJAYI, F. O. Nigerian indigenous chicken: a valuable genetic resource for meat and
19 egg production. **Asian Journal of Poultry Science**, v.4, p.164-172, 2010.

20
21 ALMEIDA, E. C. J. **Caracterização Fenotípica e Produtiva de Galinhas e Patos no**
22 **Estado na Bahia**. 2016. Tese (Doutorado em Zootecnia) - Universidade Federal da
23 Bahia, Bahia.

24
25 ALMEIDA, E. C. D. J.; CARNEIRO, P. L. S.; WENCESLAU, A. A.; FARIAS FILHO,
26 R. V.; MALHADO, C. H. M. Características de carcaça de galinha naturalizada Peloco
27 comparada a linhagens de frango caipira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 48, n.
28 11, p. 1517-1523, 2013.

29
30 ALVES, J. S. **Diversidade Fenotípica e Genética Em Linhagens de Patos Nativos**
31 **(Cairina moschata)**. 2017. Dissertação (Mestrado em Genética, Biodiversidade e
32 Conservação) – Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, Bahia.

33
34 BERNAL, V. Size and shape analysis of human molars: comparing traditional and
35 geometric morphometric techniques. **HOMO- Journal of Comparative Human**
36 **Biology**, v.58, n.4, p.279-296, 2007.

37
38 BOOKSTEIN, F. L. Principal warps-thin-plate spline and the decomposition of
39 deformation. **Pattern Analysis and Machine Intelligence**, v.11, p.567-585, 1989.

40
41 CARVALHO, D. A., SARMENTO, J. L. R., ALMEIDA, M. J. O. **Conservação, uso e**
42 **melhoramento de galinhas caipiras**. Organizadores: Débora Araújo de Carvalho,
43 José Lindenberg Rocha Sarmiento, Marcos Jacob de Oliveira Almeida. Ponta Grossa,
44 PR: Atena, 2020.

- 1 CARVALHO, D. A.; BONAFÉ, C. M.; ALMEIDA, M. J. O.; RODRIGUEZ-
2 RODRIGUEZ, M. P.; SARMENTO, J. L. R.; SILVA, M. A.; OLIVEIRA, M. B;
3 SOUSA, P. R.; CARVALHO, A. A. Padrão racial fenotípico de galinhas brasileiras da
4 raça Canela-Preta. **Archivos de Zootecnia**, v. 66, n. 254, p. 195-202, 2017.
5
- 6 CHARUTA, A.; DZIERZÊCKA, M.; KOMOSA, M.; KALINOWSKI, Ł.;
7 PIERZCHALA, M. Age-and sex-related differences of morphometric,
8 densitometric and geometric parameters of tibiotarsal bone in Ross broiler chickens.
9 **Folia Biologica**, v.61, p. 211-220, 2013.
10
- 11 DEGRANGE, F. J.; PICASSO, M. B. J. Geometric morphometrics of the skull
12 Tinamidae (Aves, Palaeognathae). **Zoology**, v.113, p. 334-338, 2010.
13
- 14 ELSHAER, F. M. Comparative Morphometric Studies of the Cranium in the Three
15 Types of Birds with Different Feeding Behaviors. **Egyptian Academic Journal of**
16 **Biological Sciences**, v. 11, n.1, p. 47-57, 2019.
17
- 18 GÜNDEMİR, O.; OZKAN, E.; AYDOĞDU, S.; DAYAN, M. Sexual analysis in turkey
19 (*Meleagris gallopavo*) neurocranium using geometric morphometric methods. **Turkish**
20 **Journal of Veterinary and Animal Sciences**, v. 44, p. 1-7, 2020.
21
- 22 HAMER, Ø.; HARPER, D. A. T. 2001. **PAST – Paleontological Estatistics,**
23 **version 1.81.** Disponível em: <http://folk.uio.no/ohammer/past>. Acesso em: 23 de Janeiro
24 de 2019.
25
- 26 HAUNSHI, S.; NIRANJAN, M.; SHANMUGAM, M.; PADHI, M. K.; REDDY, M.
27 R.; SUNITHA, R.; RAJKUMAR, U.; PANDA, A. K. Characterization of two Indian
28 native chicken breeds for production, egg and semen quality, and welfare traits.
29 **Poultry Science**, v.90, p.314-320, 2011.
30
- 31 HIRWA, C. D. A.; KUGONZA, D. R.; KAYITESI, A.; MUREKEZI, T.;
32 SEMAHORO, F.; UWIMANA, G.; HABIMANA, R. PHENOTYPES, production
33 systems and reproductive performance of indigenous chickens in contemporary
34 Rwanda. **International Journal of Livestock Production**, v.10, p. 213-231, 2019.
35
- 36 KLINGENBERG, C. P. MorphoJ: an integrated software package for geometric
37 morphometrics. **Molecular Ecology Resources**, v.11, p.353-357, 2011.
38
- 39 MACHADO, L. P. M. **Curva de crescimento e características de carcaças de**
40 **galinhas canela preta em diferentes sistemas de criação.** 2016. 67 f. Dissertação
41 (Mestrado) – Curso de Mestrado em Zootecnia, Universidade Federal do Piauí, Teresina,
42 2016.
43
- 44 MENGESHA, M.; TSEGA, W. Phenotypic and genotypic characteristics of indigenous
45 chickens in Ethiopia: A review. **African Journal of Agricultural Research**, v. 6, n.
46 24, p. 5398-5404, 2011.

1
2
3 MONTEIRO, L. R.; REIS, S. F. **Princípios de morfometria geométrica**. Ribeirão
4 Preto: Holos. 1999. 188p.

5
6 ROHLF, F. J. tpsDig2, digitize landmarks and outlines, version 2.10. Dept. Ecol. and
7 Evolution, State University of New York, Stony Brook, New York. 2017.

8
9 ROHLF, F. J. Tps Utility program, version 1.60. Department of Ecology and
10 Evolution, State University of New York, Stony Brook, New York. 2013.

11
12 ROSTAGNO, H. S. 2011. **Tabelas Brasileiras para aves e suínos: composição de**
13 **alimentos e exigências nutricionais**. 3. ed. Viçosa: UFV. 2011. 252p.

14
15 SARMENTO, J. L. R.; CARVALHO, D. A.; BORGES, L. S.; CARVALHO, A. A.;
16 EVANGELISTA, D. A.; SOUSA, P. R.; ALMEIDA, M. J. O.; VIOLA, T. H.;
17 SOBREIRA, R. S. **Galinha Caipira Da Raça Nativa Canela-Preta**. Cartilha. UFPI.
18 Embrapa Meio Norte. Teresina, 2017. 2p. Disponível em:
19 [http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/165709/1/Galinhacaipiraracativ](http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/165709/1/Galinhacaipiraracanativ)
20 [a.pdf](#).

21
22 STANGE, M.; NÚÑEZ-LEÓN, D.; SÁNCHEZ-VILLAGRA, M. R.; JENSEN, P.;
23 WILSON, L. A. B. Morphological variation under domestication: how variable are
24 chickens? **Royal Society Open Science**, v.5, n.8, 2018.

25
26 YAKUBU; UGBO, S. B. An assessment of biodiversity in morphological traits of
27 Muscovy ducks in Nigeria using discriminant analysis. **International Conference**
28 **on Biology, Environment and Chemistry**, v.1, p.389-391, 2011.

29
30 ZELDITCH, M. L, SWIDERSKI, D. L, SHEETS, H. D, FINK, W. L. **Geometric**
31 **Morphometrics for Biologists: A Primer**. 1. ed.: Elsevier, Waltham, MA, USA, 2004.

32
33
34
35
36
37
38
39
40
41
42
43
44
45
46

1
2
3
4
5
6
7
8
9
10
11
12
13
14
15
16
17
18
19
20
21
22
23
24
25
26
27
28
29
30
31

CAPÍTULO III

ASSIMETRIA FLUTUANTE COMO INDICADOR DE ESTRESSE AMBIENTAL EM GALINHAS CAIPIRAS BRASILEIRAS

RESUMO

A assimetria flutuante (AF) é uma técnica que, a partir da medição de características discretas ou contínuas em ambos os lados do indivíduo, tem o intuito de avaliar se o desenvolvimento ontogenético tem sido afetado por fatores estressantes externos. O estresse em frangos pode desencadear diversos problemas, desde o canibalismo até o término prematuro da postura, afetando o bem-estar animal e sua produtividade. Desse modo, objetivou-se investigar a existência de AF na forma e tamanho da cabeça das aves nativas dos grupos genéticos Peloco, Caneludo do Catolé e Canela Preta e linhagem comercial CBC, bem como identificar se o ambiente e o sistema de criação podem ser considerados fatores estressores para as aves. As aves dos três grupos genéticos nativos, bem como as aves da linhagem comercial CBC apresentaram AF na forma e tamanho da cabeça, provavelmente relacionado ao ambiente, especialmente ao estresse térmico crônico, dado as altas temperaturas do ambiente de criação. Quanto às aves do grupo genético Peloco, verificou-se uma maior sensibilidade ao estresse quando mantidas em confinamento, visto que os machos desse grupo criados em sistema intensivo apresentaram comportamentos sociais indesejados, tais como o canibalismo.

Palavras-chave: avicultura, galinhas nativas, formato, tamanho do centroide

ABSTRACT

1
2
3
4 Fluctuating Asymmetry (FA) is a technique in which measures of discrete or continuous
5 traits in both sides of an individual are taken to assess if the ontogenetic development is
6 affected by external stressors. In chickens, stress can trigger several problems, from
7 cannibalism to premature termination of laying, thus affecting animal welfare and
8 productivity. For that reason, we investigated the presence of AF in the shape and size of
9 the head of endemic genetic groups of birds Peloco, Caneludo do Catolé, and Canela
10 Preta, and the commercial lineage CBC. We also investigated if the environment and
11 raising system could be considered stressors to these birds. All genetic groups presented
12 AF for the shape and size of the head, probably related to the environment, more
13 particularly regarding the chronic thermal stress, given the high temperatures found in
14 the breeding environment. Regarding the endemic genetic group Peloco, a greater stress
15 sensitivity was identified when kept in confinement, since males from this group raised
16 in an intensive system showed undesired social behavior such as cannibalism.

17
18 **Keywords:** poultry, native chickens, shape, centroid size
19
20
21
22
23
24
25
26
27
28
29
30
31
32
33
34
35
36
37

1 **6.1 Introdução**

2
3 A assimetria flutuante (AF) via características morfológicas descreve a magnitude
4 dos desvios aleatórios da simetria perfeita e serve como uma medida para avaliar a
5 instabilidade no desenvolvimento de um órgão ou de um organismo bilateral (PALMER,
6 1994; PALMER, 1996). A técnica pode ser utilizada a partir dos princípios básicos da
7 morfometria geométrica para medição de características discretas ou contínuas em
8 ambos os lados do indivíduo, a fim de avaliar se o seu desenvolvimento ontogenético
9 está sendo afetado por um fator estressante externo (SILVA et al., 2007).

10 As flutuações assimétricas são mais prováveis de ocorrer em organismos cujo
11 desenvolvimento se deu sob condições de estresse, pois estes teriam uma maior
12 dificuldade em regular seu desenvolvimento. Uma vez que essas condições
13 estressantes no ambiente agem localmente e afetam apenas parte do corpo, seus efeitos
14 se acumulam no lado esquerdo e direito separadamente, ocasionando em fenótipos
15 assimétricos. Desse modo, a AF é uma ferramenta para mensurar o estresse de um
16 indivíduo em seu ambiente e auxiliar a entender a capacidade dos organismos em
17 responder às mudanças ambientais (LEMPA et al., 2000; DONGEN, 2006).

18 Nos últimos anos, a preocupação com o bem-estar animal aumentou, assim como
19 estudos sobre as consequências do estresse na produção animal (QUINTEIRO-FILHO
20 et al., 2010). Em frangos, o estresse pode acarretar em problemas diversos, desde
21 o canibalismo até o término prematuro da postura (VILLAGELIU & LYTE, 2017),
22 afetando o bem-estar animal e sua produtividade. O estresse térmico é relatado como
23 um dos fatores estressores, com consequências sobre os índices produtivos (diminuição
24 do consumo de ração, conversão alimentar e ganho de peso corporal) e sistema
25 imune dos animais (redução da atividade de macrófagos, diminuição do número de
26 linfócitos e produção de anticorpos) (BARTLETT & SMITH, 2003; KHAJAVI et al.,
27 2003; BORGES et al., 2004; MASHALY et al., 2004). Além disso, a exposição crônica
28 de frangos de corte ao calor também diminui a deposição de proteína muscular,
29 principalmente devido à redução da síntese protéica (TEMIM et al., 2000).

30 Em espécies sociais, como galinhas, interações agonísticas recorrentes ou
31 prolongadas podem acarretar em estresse crônico (MOBERG & MENCH, 2000). O

1 estresse social pode ter um impacto sobre a ocorrência de doenças, juntamente com
2 outros fatores (PROUDFOOT & HABING, 2015), uma vez que pode afetar a
3 imunidade, alterando, por exemplo, a citotoxicidade das células *natural killer* (NK)
4 (SUTHERLAND, et al., 2006), as concentrações e a proliferação de linfócitos
5 (HESSING et al., 1994; TUCHSCHERER, 2009), bem como a resposta à vacinação
6 (DE GROOT et al., 2001).

7 As aves nativas possuem várias características desejáveis, tais como rusticidade,
8 resistência a doenças e parasitas e adaptabilidade ao clima tropical, ausentes em
9 linhagens exóticas e comerciais (PADHI, 2016; HIRWA et al., 2019). Apesar de
10 menos produtivas que as aves de linhagens comerciais, os grupos genéticos de
11 galinhas nativas do Nordeste Brasileiro apresentam grande rusticidade, que as permite
12 sobreviver e se reproduzir em ambientes adversos. As aves nativas do grupo genético
13 Canela Preta são encontradas no estado do Piauí, onde são criadas de forma extensiva,
14 com pouco investimento tecnológico e controle zootécnico e sob altas temperaturas
15 (CARVALHO et al., 2017). As aves nativas dos grupos genéticos Caneludo do Catolé
16 e Peloco são criadas em condições semelhantes em pequenas fazendas no interior da
17 Bahia e se mostraram muito resistentes à altas temperaturas quando comparadas à
18 linhagem comercial Cobb 500 (ALMEIDA et al., 2013; CEDRAZ et al., 2017). Desse
19 modo, objetivou-se investigar a existência de AF na forma e tamanho da cabeça das
20 aves nativas dos grupos genéticos Canela Preta, Caneludo do Catolé e Peloco e
21 linhagem comercial CBC, bem como identificar se o sistema de criação pode ser
22 considerado um fator estressor para as aves, com base na mensuração da AF.

23

24 **6.2 Material e métodos**

25

26 O experimento foi conduzido no Laboratório Experimental de Avicultura da
27 Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia (UESB) durante o período de novembro
28 de 2017 a abril de 2018 e foi realizado com a aprovação do Comitê de Ética no Uso de
29 Animais – CEUA/UESB, Protocolo 166/2017.

30

31 Aos trinta dias de vida, as aves foram divididas em dois sistemas: intensivo e semi-

1 aberto dividido em unidades experimentais com área interna de 1m², forradas com
2 maravalha e lotação máxima de 12 animais/ unidade. A temperatura média do galpão
3 foi de 27,9° C (temperatura máxima registrada de 38,0°C e mínima de 14,0°C) e
4 as aves tiveram acesso a água e ração *ad libitum* e iluminação por 23 horas, com
5 uma hora de descanso.

6 As aves mantidas em sistema semi- intensivo foram criadas em piquetes de
7 5x16m² de dimensão total, compostos por uma área coberta, com piso de maravalha
8 e com livre acesso a área com cobertura vegetal (gramínea Tifton 85). Os animais
9 nesse sistema foram submetidos às variações naturais de luminosidade, com
10 temperatura média de 28,0°C (temperatura máxima registrada de 40,0°C e mínima de
11 14,0°C) e contaram com água, forragem e ração *ad libitum*.

12 Foi realizada uma análise de variância (ANOVA) a partir das temperaturas
13 máximas e mínimas medidas no sistema intensivo e semi- intensivo a fim de identificar
14 se houve diferença entre as temperaturas registradas em ambos os sistemas de criação,
15 bem como verificar se houve influência da temperatura sobre a AF da forma e tamanho
16 da cabeça das aves. Para verificar a existência de mudanças nos planos de simetria
17 dos indivíduos criados em sistema intensivo e semi- intensivo foi utilizado um total
18 de 263 aves, sendo 46 do grupo genético Peloco (24 machos e 22 fêmeas), 68 do grupo
19 genético Caneludo do Catolé (32 machos e 36 fêmeas), 51 da raça Canela Preta (28
20 machos e 23 fêmeas) e 98 da linhagem comercial CBC (53 machos e 45 fêmeas). As
21 rações utilizadas nas fases de criação foram à base de milho e farelo de soja e a
22 composição nutricional obedeceu às exigências de cada fase (ROSTAGNO et al.,
23 2011).

24 As fotografias foram feitas nas respectivas idades de abate: 85 dias para as aves
25 da linhagem CBC e 150 dias para as aves dos grupos genéticos Peloco, Caneludo
26 do Catolé e Canela Preta. Nas duas ocasiões, foram capturadas imagens da cabeça
27 das aves utilizando-se uma câmera fotográfica (Canon SX60HS 65x Zoom), com
28 auxílio de um tripé. Para obtenção das imagens, cada ave teve os perfis direito e
29 esquerdo fotografados frontalmente, utilizado-se papel milimetrado ao fundo da
30 superfície para obtenção da escala. A partir das imagens obtidas foi gerado um arquivo
31 com a extensão tps utilizando o *software* tpsUtil (ROHLF, 2013).

1 Para a plotagem dos marcos e semimarcos foi utilizada a versão 2.31 do
2 *software* tpsDig2 (ROHLF, 2017). Foram usados 13 marcos anatômicos, sendo cinco
3 na estrutura do bico (considerando a extensão do bico desde sua inserção na crista e
4 contorno), seis nos olhos e dois na narina (ALMEIDA, 2016). As marcações foram
5 realizadas duas vezes em cada lado da cabeça das aves, com intervalo de três dias
6 entre as medições e pelo mesmo mensurador, no intuito de minimizar o erro de
7 marcação. Os dados obtidos a partir das duas medições de cada um dos lados da cabeça
8 de cada ave foram analisados considerando a existência de um desvio bilateral normal
9 mais a diferença encontrada pelo efeito a ser analisado (PALMER, 1994). Uma análise
10 de variáveis canônicas seguida de função discriminante foi realizada para verificar a
11 separação das aves em grupos genéticos, bem como a existência de dimorfismo sexual.

12 A sobreposição de Procrustes foi feita no intuito de normalizar todas as
13 configurações a um único tamanho do centróide, sobrepor todos os centróides em uma
14 origem comum e ajustar a rotação de todas as configurações a partir da seleção um
15 ângulo de referência, de modo que os efeitos de escala, rotação e translação foram
16 eliminados (AYMONE, 2009).

17 Posteriormente, foi realizada a Procrustes ANOVA com o objetivo de verificar a
18 existência de assimetria flutuante quanto à forma e ao tamanho da cabeça nas aves de
19 cada grupo genético submetidas a diferentes sistemas (sistema intensivo e semi-
20 intensivo), utilizando o programa MorphoJ (KLINGENBERG, 2011). Para ambas as
21 análises de AF (quanto à forma e tamanho), cada lado da cabeça foi considerado efeito
22 fixo e os indivíduos efeitos aleatórios, de modo que o efeito do indivíduo consiste na
23 variação individual da forma e o efeito do lado corresponde à assimetria direcional.
24 A interação entre lado X indivíduo corresponde à assimetria flutuante (a variação
25 na diferença entre o lado esquerdo e direito dos indivíduos) e o resíduo, que
26 corresponde à variação entre as réplicas, foi tratado como a medida do erro
27 (KLINGENBERG & McINTYRE, 1998). Em seguida, foi realizada uma análise de
28 variância (ANOVA) para comparar o efeito da AF das aves de cada grupo genético
29 subdivididas por sexo e sistema de criação quanto à forma e ao tamanho, utilizando o
30 programa PAST versão 2.03 (HAMER et al., 2001). Para a ANOVA referente à AF
31 da forma, foram utilizados os dados dos *scores* de assimetria flutuante da forma e

1 a ANOVA correspondente à AF do tamanho foi performada com base nos dados
2 de assimetria do tamanho do centróide.

3

4 **6.3 Resultados**

5

6 A partir da análise de função discriminante foi possível identificar a existência de
7 dimorfismo sexual sobre a forma da cabeça das aves ($p < 0,01$), de modo que para
8 realização das análises subsequentes, as aves foram separadas de acordo com o sexo.

9 A Procrustes ANOVA demonstrou efeito significativo ($p < 0,05$) para a AF em
10 todos os subgrupos quanto à forma (Tabela 1). Também foi possível identificar a
11 presença de assimetria direcional para as fêmeas do grupo genético Canela Preta
12 criadas em sistema semi-intensivo ($p < 0,05$), para fêmeas e machos Caneludo do Catolé
13 criadas em sistema semi-intensivo ($p < 0,01$), para fêmeas CBC criadas em sistema
14 semi-intensivo ($p < 0,01$), para machos CBC criados em sistema intensivo e semi-
15 intensivo ($p < 0,01$), para fêmeas Peloco criadas no sistema semi-intensivo ($p < 0,01$)
16 e machos Peloco criados em sistema intensivo ($p < 0,01$) e semi-intensivo ($p < 0,05$).

17 A ANOVA performada a partir dos *scores* da AF da forma identificou a existência
18 de diferenças significativas entre os grupos genéticos. As comparações de médias feitas
19 por meio do teste de Tukey entre os subgrupos (formados pelas aves de cada grupo
20 genético, sexo e sistema) demonstraram que houve diferenças significativas ($p < 0,01$)
21 entre os subgrupos: machos Canela Preta intensivo e fêmeas CBC intensivo; aves
22 CBC (ambos os sexos e sistemas de criação) e machos Canela Preta intensivo; machos
23 Peloco criados no sistema semi-intensivo e machos Canela Preta intensivo. Também
24 houve efeito significativo quanto à AD para as fêmeas do grupo genético Canela
25 Preta criadas em sistema semi-intensivo ($p < 0,05$), fêmeas ($p < 0,01$) e machos ($p < 0,01$)
26 Caneludo do Catolé criados em sistema semi-intensivo, fêmeas CBC criadas em
27 sistema semi-intensivo ($p < 0,01$), machos CBC criados em sistema intensivo e semi-
28 intensivo ($p < 0,01$), fêmeas Peloco criadas em sistema semi-intensivo ($p < 0,01$) e
29 machos Peloco criados em sistema intensivo ($p < 0,01$) e semi-intensivo ($p < 0,05$).

30 Para o tamanho, a Procrustes ANOVA mostrou a existência de AF ($p < 0,05$) para
31 as aves de todos os grupos genéticos, de ambos os sexos e criadas nos dois sistemas

1 (Tabela 2).

2 Para a ANOVA feita com base na assimetria do tamanho do centróide, verificou-se
3 diferença significativa entre os subgrupos quanto aos níveis de AF para o tamanho. As
4 comparações de médias feitas por meio do teste de Tukey entre os subgrupos (formados
5 pelas aves de cada grupo genético, sexo e sistema) demonstraram que há diferenças
6 significativas ($p < 0,01$) entre: os machos Peloco criados em sistema intensivo e os
7 machos Caneludo do Catolé criados em sistema semi-intensivo, entre os machos Peloco
8 criados em sistema intensivo e semi-intensivo, machos CBC e machos Peloco criados
9 em sistema intensivo e entre os machos CBC criados em sistema semi-intensivo e os
10 machos Peloco criados em sistema intensivo. Desse modo, foi verificada uma diferença
11 significativa na AF do tamanho da cabeça entre os machos do grupo genético Peloco
12 criados em diferentes sistemas. Também foi possível identificar a ocorrência de AD para
13 as fêmeas Caneludo do Catolé criadas em sistema semi-intensivo ($p < 0,01$), para as
14 fêmeas ($p < 0,05$) e machos ($p < 0,01$) do grupo genético CBC criados em sistema semi-
15 intensivo, para as fêmeas ($p < 0,05$) e machos ($p < 0,01$) do grupo genético Peloco criados
16 em sistema intensivo e machos do grupo genético Peloco criados em sistema semi-
17 intensivo ($p < 0,05$).

18 Embora a ANOVA realizada a partir das temperaturas máximas e mínimas medidas
19 em ambos os sistemas, tenha demonstrado que para o mês de janeiro houve diferença
20 significativa ($p < 0,01$) nas médias de temperaturas máximas, com $33,3^{\circ}\text{C}$ para o sistema
21 intensivo e $35,1^{\circ}\text{C}$ para o sistema semi-intensivo, não houve diferenças significativas
22 nos níveis de AF para as aves de mesmo grupo genético e sexo criadas em sistemas
23 diferentes.

24

1 **Tabela 1.** ANOVA Procrustes para a forma da cabeça de aves nativas dos grupos genéticos Peloco, Caneludo do Catolé e Canela Preta
 2 e linhagem comercial cbc criadas em sistema intensivo e semi-intensivo.

Grupos genéticos	Indivíduo					Lado					Indivíduo * lado					Erro		
	SS	MS	df	F	P	SS	MS	df	F	P	SS	MS	df	F	P	SS	MS	df
Canela p. Fêmea int	0,05687373	0,0002350154	242	2,29	<.0001	0,00243714	0,0001107791	22	1,08	0,3678	0,02479291	0,0001024500	242	2,49	<.0001	0,02168968	0,0000410789	528
canela P. fêmea semi	0,05753255	0,0002615116	220	3,04	<.0001	0,00337145	0,0001532478	22	1,78	0,0201	0,01894097	0,0000860953	220	1,99	<.0001	0,02099090	0,0000433696	484
Canela P. Macho Int.	0,14174369	0,0006442895	220	4,08	<.0001	0,00243523	0,0001106924	22	0,70	0,8362	0,03472480	0,0001578400	220	5,11	<.0001	0,01494467	0,0000308774	484
Canela P. Macho semi	0,13551332	0,0003849810	352	3,75	<.0001	0,00349591	0,0001589050	22	1,55	0,0566	0,03616540	0,0001027426	352	2,77	<.0001	0,02770092	0,0000370333	748
Caneludo Fêmea Int.	0,05711817	0,0001854486	308	2,13	<.0001	0,00293748	0,0001335218	22	1,53	0,0621	0,02686292	0,0000872173	308	2,30	<.0001	0,02499794	0,0000378757	660
Caneludo Fêmea Semi.	0,07348539	0,0001758024	418	1,78	<.0001	0,00649343	0,0002951558	22	2,99	<.0001	0,04127453	0,0000987429	418	2,54	<.0001	0,03421383	0,0000388794	880
Caneludo Macho Int.	0,12073243	0,0003228140	374	3,23	<.0001	0,00237157	0,0001077985	22	1,08	0,3674	0,03736845	0,0000999156	374	2,23	<.0001	0,03543214	0,0000447375	792
Caneludo Macho Semi.	0,08119276	0,0002838908	286	3,25	<.0001	0,00554197	0,0002519078	22	2,89	<.0001	0,02496355	0,0000872851	286	2,79	<.0001	0,01925231	0,0000312538	616
Cbc Fêmea Int.	0,06103614	0,0001460195	418	2,39	<.0001	0,00209034	0,0000950157	22	1,56	0,0528	0,02551689	0,0000610452	418	1,61	<.0001	0,03334546	0,0000378926	880
Cbc Fêmea Semi.	0,08074567	0,0001529274	528	2,28	<.0001	0,00778142	0,0003537011	22	5,28	<.0001	0,03537313	0,0000669946	528	1,86	<.0001	0,03967876	0,0000360716	1100
Cbc Macho Int.	0,10921685	0,0001909386	572	3,44	<.0001	0,00374651	0,0001702960	22	3,07	<.0001	0,03175341	0,0000555130	572	2,61	<.0001	0,02522234	0,0000212309	1188
Cbc Macho Semi.	0,08768383	0,0001660679	528	2,74	<.0001	0,01185636	0,0005389256	22	8,90	<.0001	0,03197772	0,0000605639	528	2,23	<.0001	0,02981694	0,0000271063	1100
Peloco Fêmea Int.	0,03695130	0,0002099505	176	1,75	0,0001	0,00242091	0,0001100415	22	0,92	0,5727	0,02111702	0,0001199831	176	2,00	<.0001	0,02377425	0,0000600360	396
Peloco Fêmea Semi.	0,03597039	0,0001362515	264	1,96	<.0001	0,00369951	0,0001681595	22	2,42	0,0005	0,01836813	0,0000695763	264	2,08	<.0001	0,01916089	0,0000334981	572
Peloco Macho Int.	0,09759193	0,0003168569	308	3,64	<.0001	0,00654104	0,0002973201	22	3,42	<.0001	0,02680163	0,0000870183	308	2,65	<.0001	0,02168682	0,0000328588	660
Peloco Macho Semi.	0,04935661	0,0002804353	176	4,98	<.0001	0,00208321	0,0000946915	22	1,68	0,0350	0,00991523	0,0000563365	176	1,28	0,0240	0,01741381	0,0000439743	396

3 .

4

5

6

7

1 **Tabela 2.** ANOVA Procrustes para o tamanho da cabeça de aves nativas dos grupos genéticos Peloco, Caneludo do Catolé e Canela
 2 Preta e Linhagem comercial CBC criadas em sistema intensivo e semi- intensivo.

Grupos Genéticos	Indivíduo			Lado			Indivíduo * Lado			Erro								
	SS	MS	df	F	P	SS	MS	df	F	P	SS	MS	df					
Canela P. Fêmea Int	14,554724	1,323157	11	6,76	0,0018	0,070949	0,070949	1	0,36	0,5592	2,151528	0,195593	11	22,65	<.0001	0,207236	0,008635	24
Canela P. Fêmea Semi	16,359885	1,635988	10	28,22	<.0001	0,082470	0,082470	1	1,42	0,2605	0,579707	0,057971	10	9,10	<.0001	0,140145	0,006370	22
Canela P. Macho Int.	9,684228	0,968423	10	14,02	0,0001	0,020607	0,020607	1	0,30	0,5970	0,690940	0,069094	10	7,48	<.0001	0,203227	0,009238	22
Canela P. Macho Semi	11,436690	0,714793	16	5,59	0,0007	0,091504	0,091504	1	0,72	0,4099	2,044402	0,127775	16	12,22	<.0001	0,355607	0,010459	34
Caneludo Fêmea Int.	6,149499	0,439250	14	2,09	0,0900	0,054833	0,054833	1	0,26	0,6174	2,941741	0,210124	14	26,46	<.0001	0,238218	0,007941	30
Caneludo Fêmea Semi.	5,807294	0,290365	20	2,01	0,0639	1,270271	1,270271	1	8,78	0,0077	2,894188	0,144709	20	16,33	<.0001	0,372192	0,008862	42
Caneludo Macho Int.	17,407978	1,023999	17	7,52	<.0001	0,154111	0,154111	1	1,13	0,3023	2,315226	0,136190	17	7,25	<.0001	0,675800	0,018772	36
Caneludo Macho Semi.	17,787305	1,368254	13	5,69	0,0018	0,188165	0,188165	1	0,78	0,3926	3,128570	0,240659	13	29,38	<.0001	0,229394	0,008193	28
Cbc Fêmea Int.	4,379211	0,230485	19	1,65	0,1434	0,436891	0,436891	1	3,12	0,0935	2,661980	0,140104	19	11,79	<.0001	0,475179	0,011879	40
Cbc Fêmea Semi.	6,360109	0,265005	24	4,66	0,0002	0,290974	0,290974	1	5,11	0,0331	1,366164	0,056924	24	4,41	<.0001	0,645191	0,012904	50
Cbc Macho Int.	9,083137	0,349351	26	3,65	0,0008	0,312938	0,312938	1	3,27	0,0822	2,489727	0,095759	26	15,71	<.0001	0,329214	0,006097	54
Cbc Macho Semi.	13,300628	0,532025	25	7,25	<.0001	1,943981	1,943981	1	26,50	<.0001	1,833756	0,073350	25	4,13	<.0001	0,923815	0,017766	52
Peloco Fêmea Int.	1,595094	0,199387	8	4,33	0,0268	0,314082	0,314082	1	6,82	0,0311	0,368551	0,046069	8	9,06	<.0001	0,091532	0,005085	18
Peloco Fêmea Semi.	3,679711	0,306643	12	4,88	0,0051	0,185788	0,185788	1	2,96	0,1112	0,754312	0,062859	12	9,35	<.0001	0,174813	0,006724	26
Peloco Macho Int.	6,257689	0,446978	14	3,07	0,0221	1,300605	1,300605	1	8,93	0,0098	2,038474	0,145605	14	9,41	<.0001	0,464244	0,015475	30
Peloco Macho Semi.	8,091620	1,011452	8	18,48	0,0002	0,480841	0,480841	1	8,79	0,0180	0,437868	0,054734	8	4,11	0,0061	0,239732	0,013318	18

3
 4
 5
 6
 7
 8
 9

6.4 Discussão

A AF diz respeito à diferença entre os lados direito e esquerdo de características que sob condições ideais deveriam apresentar simetria bilateral, porém, são afetadas pelo estresse epigenético durante o desenvolvimento do indivíduo (ANCIÃES & MARINI, 2000). Acredita-se que a AF reflita a incapacidade dos organismos de minimizar o efeito de perturbações aleatórias sobre o seu desenvolvimento e, conseqüentemente, o nível de estresse a que são submetidos (POLAK, 2003). Dessa forma, a existência de AF em todos os grupos genéticos para aves de ambos os sexos e sistemas intensivo e semi-intensivo demonstrou que esses animais foram submetidos a estresse durante o desenvolvimento, fato que pode afetar a produtividade. A ANOVA, seguida pelo teste de médias, mostrou que não houve diferenças significativas na AF da forma quanto ao sistema de criação para as aves de mesmo grupo genético e sexo criadas em sistemas diferentes. Desse modo, pode-se afirmar que o sistema de criação não influenciou no nível de estresse desses animais (mensurado pelo nível de AF da forma da cabeça) e que nesse caso, o estresse ocorreu devido a fatores presentes em ambos os sistemas de criação. Muitos fatores que podem estar presentes na cadeia produtiva são considerados estressores abióticos para os animais de produção, tais como: interações sociais, manuseio brusco, alimentação inadequada, práticas de manejo, aglomeração e exposição a condições climáticas adversas (KUMAR et al., 2012).

As aves de ambos os sistemas de criação receberam ração *ad libitum*, com composição nutricional adequada às exigências de cada fase (ROSTAGNO et al., 2011), de modo que a AF na forma da cabeça observada para as aves de todos os grupos genéticos muito provavelmente não foi ocasionada por estresse devido à alimentação inadequada. Em contrapartida, as aves foram submetidas a condições climáticas adversas, visto que durante todo o período do experimento foram registradas altas temperaturas, com máxima de 38,0°C no sistema intensivo e 40,0°C no sistema semi-intensivo. Embora as temperaturas máximas registradas para o sistema semi-intensivo durante o mês de janeiro tenham sido as mais elevadas, o calor durante todo o período do experimento pode ser considerado um estressor para as aves em ambos os sistemas de criação. Em frangos de corte, temperaturas acima de 30,0°C diminuem a

1 ingestão de ração, o peso vivo e o peso de carcaça, além de ocasionarem o aumento da
2 mortalidade (DE BASILIO & PICARD, 2002). Em aves de postura, o estresse térmico
3 também reduz a produção e peso dos ovos, além de comprometer o peso e a espessura
4 da casca. O estresse térmico também causa danos ao sistema imune das aves, com
5 redução do número de glóbulos brancos, produção de anticorpos e da atividade de
6 macrófagos (BARTLETT & SMITH, 2003; MASHALY et al., 2004). A ANOVA
7 performada a partir dos dados da assimetria do tamanho do centróide seguida pelo
8 teste de Tukey permitiram identificar que existe diferença significativa quanto às
9 médias de AF de machos do grupo genético Peloco criados em sistema intensivo e
10 semi- intensivo. Para esse grupo genético, os machos criados em sistema intensivo
11 apresentaram um maior estresse com AF média de 0,29 ($\pm 0,38$), quando comparados
12 aos criados em sistema semi- intensivo, com média de AF de -0,23 ($\pm 0,23$). Esses
13 resultados indicam que além de fatores estressores presentes em ambos os sistemas
14 de criação (tal como as temperaturas elevadas), para os machos do grupo genético
15 Peloco houve também outros fatores estressores exclusivos ao sistema intensivo. Um
16 provável fator estressor é o estresse social, que ocorre devido às interações com outros
17 animais (PROUDFOOT & HABING, 2015), uma vez que devido às práticas de
18 manejo, os animais de produção de modo geral são comumente mantidos em grupos
19 artificiais, o que pode acarretar um comportamento social positivo ou ocasionar em
20 agressão, lesão e medo crônico (FRASER et al., 2013). Durante o período do
21 experimento, houve episódios de canibalismo entre machos do grupo genético Peloco
22 mantidos nas unidades experimentais em galpão (sistema intensivo). As galinhas
23 mantêm uma organização social hierárquica e embora comum, esse comportamento de
24 hierarquia, em que alguns animais são dominantes enquanto outros são subordinados,
25 é potencialmente prejudicial em frangos e amplifica o estresse social a partir de
26 interações que podem causar danos nas aves, como é o caso do canibalismo
27 (McBRIDE et al., 1969; VILLAGELFU & LYTE, 2017).

28 Apesar de não haver aglomeração e superlotação nas unidades experimentais
29 mantidas em galpão (sistema intensivo) e nos piquetes (sistema semi- intensivo),
30 observou-se efeitos estressores nas aves do experimento. Isso está relacionado ao fato
31 de que as aves do grupo genético Peloco são comumente criadas soltas em pequenas

1 fazendas e criações de quintal do estado da Bahia e se mostram bastante rústicas, uma
2 vez que são criadas com pouco investimento tecnológico e controle sanitário
3 (ALMEIDA et al., 2013). As aves Peloco não estão adaptadas a qualquer sistema de
4 criação mais sofisticado, de modo que o confinamento em galpão pode ter sido um fator
5 estressante, sobretudo para os machos criados em sistema intensivo, uma vez que as
6 aves desse grupo genético estão adaptadas à criação em sistema exclusivamente
7 extensivo. Essa adaptação pode ser considerada uma vantagem para a criação dessas
8 aves em pequenas propriedades, onde se dispõe de menos recursos, uma vez são pouco
9 exigentes quanto às instalações e investimento tecnológico.

10 A assimetria direcional (AD) pode ser definida como uma tendência média de
11 assimetria em uma direção, ou seja, um viés em uma característica que resulta em um
12 maior desenvolvimento em um lado do corpo que de outro (PALMER & STROBECK,
13 1986). Embora o presente estudo tenha demonstrado a existência de AD para a forma e
14 tamanho da cabeça em alguns subgrupos de aves avaliados, acredita-se que esse tipo de
15 assimetria tenha uma base genética, de modo que a simetria dos organismos não seria
16 influenciada pela instabilidade no desenvolvimento decorrente de perturbações
17 ambientais, mas por mudanças nas frequências dos genes (PALMER & STROBECK,
18 1992; PALMER et al., 1993).

19 As aves dos três grupos genéticos nativos Peloco, Caneludo do Catolé e Canela
20 Preta, bem como as aves da linhagem comercial CBC apresentaram AF na forma e
21 tamanho da cabeça, principalmente relacionado ao estresse térmico crônico, visto que
22 as menores médias de temperatura registradas foram de 27,9°C. É importante identificar
23 a existência de fatores estressores para que medidas de mitigação desses fatores
24 possam ser adotadas na tentativa de melhorar o bem-estar dos animais. Quanto às
25 aves do grupo genético Peloco, verificou-se uma maior sensibilidade ao estresse
26 quando mantidas em confinamento, visto que os machos desse grupo genético criados
27 em sistema intensivo apresentaram comportamentos sociais indesejados, tais como o
28 canibalismo. Desse modo, recomenda-se a criação dessas aves em sistema semi-
29 intensivo.

30

31

1

2 **6.5 Conclusão**

3

4 Não houve influência do sistema de criação sobre a AF da forma da cabeça e,
5 consequentemente, sobre o estresse das aves dos grupos genéticos nativos Peloco,
6 Caneludo do Catolé e Canela Preta e linhagem comercial CBC. Em contrapartida, as
7 temperaturas elevadas registradas durante os meses de experimento foram fatores
8 estressores para as aves de todos os grupos genéticos criadas em ambos os sistemas.
9 Também foi verificada a existência de AF quanto à forma da cabeça para os machos e
10 fêmeas dos quatro grupos genéticos criados em ambos os sistemas, o que
11 provavelmente também está relacionado às altas temperaturas registradas nesses
12 sistemas de criação. Além disso, houve diferença significativa quanto ao nível de AF
13 entre os machos Peloco criados em sistema intensivo e semi- intensivo. Esses
14 resultados demonstram que para os machos desse grupo genético, o sistema intensivo
15 acarretou um maior estresse, o que pode ter sido ocasionado pelo estresse social,
16 sobretudo para as aves criadas em confinamento.

1

2 **Referências Bibliográficas**

3

4 ALMEIDA, E. C. J. **Caracterização Fenotípica e Produtiva de Galinhas e Patos no**
5 **Estado da Bahia**. 2016. Tese (Doutorado em Zootecnia) - Universidade Federal da
6 Bahia, Bahia.

7

8 ALMEIDA, E. C. D. J.; CARNEIRO, P. L. S.; WENCESLAU, A. A.; FARIAS
9 FILHO, R. V.; MALHADO, C. H. M. Características de carcaça de galinha
10 naturalizada Peloco comparada a linhagens de frango caipira. **Pesquisa Agropecuária**
11 **Brasileira**, v. 48, n. 11, p. 1517-1523, 2013.

12

13 ANCIÃES, M., & MARINI, M. Â. The effects of fragmentation on fluctuating
14 asymmetry in passerine birds of Brazilian tropical forests. **Journal of Applied Ecology**,
15 v.37, n.6, p.1013-1028, 2000.

16

17 AYMONE, A. C. B. **Restrições ontogenéticas e filogenéticas na evolução da forma**
18 **da cápsula cefálica em oito espécies de Heliconíneos (Lepidoptera: Nymphalidae)**.
19 2009. Dissertação (Mestrado em Biologia Animal) - Universidade Federal do Rio
Grande do Sul, Rio Grande do Sul.

20

21 BARTLETT, J. R.; SMITH, M. O. Effects of different levels of zinc on the
22 performance and immunocompetence of broilers under heat stress. **Poultry Science**,
v.82, p.1580-1588, 2003.

23

24 BORGES, S. A.; FISCHER DA SILVA, A. V.; MAJORKA, A.; HOOGE, D. M.;
25 CUMMINGS, K. R. Physiological responses of broiler chickens to heat stress and
26 dietary electrolyte balance (sodium plus potassium minus chloride, milliequivalents per
27 kilogram). **Poultry Science**, v. 83, p.1551-1558, 2004.

28

29 CARVALHO, D. A.; BONAFÉ, C. M.; ALMEIDA, M. J. O.; RODRIGUEZ-
30 RODRIGUEZ, M. P.; SARMENTO, J. L. R.; SILVA, M. A.; OLIVEIRA, M. B.;
31 SOUSA, P. R.; CARVALHO, A. A. Padrão racial fenotípico de galinhas brasileiras da
32 raça Canela-Preta. **Archivos de Zootecnia**, v. 66, n. 254, p. 195-202, 2017.

33

34 CEDRAZ, H.; GROMBONI, J. G. G.; GARCIA JUNIOR, A. A. P.; FARIAS
35 FILHO, R.V.; SOUZA, T. M.; OLIVEIRA, E. R.; OLIVEIRA, E. B.;
36 NASCIMENTO, C. S.; MENEGHETTI, C.; WENCESLAU, A. A. Heat stress
37 induces expression of HSP genes in genetically divergent chickens. **PLoS ONE**, v.12,
38 n.10, p. 1-15, 2017.

39

40 DE BASILIO, V.; PICARD, M. La capacité de survie des poulets à un coup de chaleur
41 est augmentée par une exposition précoce à une température élevée. **INRA**
42 **Production Animales**, v. 15, n.4, 235-245, 2002.

43

44 DEGROOT, J., RUIS, M., SCHOLTEN, J., KOOLHAAS, J., & BOERSMA, W. Long-

- 1 term effects of social stress on antiviral immunity in pigs. **Physiology & Behavior**, v.73,
2 n.1-2, p. 145-158, 2001.
- 3
- 4 DONGEN, S. V. Fluctuating asymmetry and developmental instability in evolutionary
5 biology: past, present and future. **Journal of Evolutionary Biology**, v.19, n.6, p. 1727-
6 1743. 2006.
- 7
- 8 FRASER, D.; DUNCAN, I. J. H.; EDWARDS, S. A.; GRANDIN, T.;
9 GREGORY, N.; GUYONNET, V.; HEMSWORTH, P. H.; HUERTAS, S. M.;
10 HUZZEY, J. M.; MELLOR, D. J.; MENCH, J. A.; ŠPINKA, M.; WHAY, R. General
11 Principles for the welfare of animals in production systems: the underlying
12 science and its application. **Veterinary Journal**, v.198, p.19-27, 2013.
- 13
- 14 HAMER, O.; HARPER, D. A. T. 2008. **PAST – Paleontological Estatistics,**
15 **version 1.81.** Disponível em <http://folk.uio.no/ohammer/past/>. Acesso em 23 de
16 Janeiro de 2019.
- 17
- 18 HESSING, M. J. C., SCHEEPENS, C. J. M., SCHOUTEN, W. G. P., TIELEN, M. J.
19 M., & WIEPKEMA, P. R. Social rank and disease susceptibility in pigs. **Veterinary**
20 **Immunology and Immunopathology**, v. 43, n. 4, p. 373–387, 1994.
- 21
- 22 HIRWA, C. D. A.; KUGONZA, D. R.; KAYITESI, A.; MUREKEZI, T.; SEMAHORO,
23 F.; UWIMANA, G.; HABIMANA, R. Phenotypes, production systems and reproductive
24 performance of indigenous chickens in contemporary Rwanda. **International Journal**
25 **of Livestock Production**, v. 10, p. 213-231, 2019.
- 26
- 27 KHAJAVI, M.; RAHIMI, S.; HASSAN, Z. M.; KAMALI, M. A.; MOUSAVI, T. Effect
28 of feed restriction early in life on humoral and cellular immunity of two commercial
29 broiler strains under heat stress conditions. **British Poultry Science**, v. 44, p. 490-497,
30 2003.
- 31
- 32 KLINGENBERG, C. P. MorphoJ: an integrated software package for geometric
33 morphometrics. **Molecular Ecology Resources**, v.11, p.353-357, 2011.
- 34
- 35 KLINGENBERG, C. P.; MCINTYRE, G. S. Geometric morphometrics of
36 developmental instability: analyzing patterns of fluctuating asymmetry with Procrustes
37 methods. **Evolution**, v.52, n.5, p.1363-1375, 1998.
- 38
- 39 KUMAR, B.; MANUJA, A.; AICH, P. Stress and its impact on farm animals. **Frontiers**
40 **in Bioscience**, v.4, p. 1759-1767, 2012.
- 41
- 42 LEMPA, K.; MARTEL, J.; HORICHEVA, J.; HAUKIOJA, E.; OSSIPOV, V.;
43 OSSSIPOVA, S.; PIHLAJA, K. Covariation on fluctuating asymmetry, herbivory and
44 chemistry during birch leaf expansion. **Oecologia**, v. 122, p. 354-360, 2000.
- 45
- 46 MASHALY, M. M.; HENDRICKS, G. L.; KALAMA, M. A.; AGEHAD, A. E.;

- 1 ABBAS, A. O.; PATTERSON, P. H. Effect of heat stress on production parameters
2 and immune responses of commercial laying hens. **Poultry Science**, v.83, p.889-894,
3 2004.
- 4
- 5 MCBRIDE, G.; PARER, I. P.; FOENANDER, F. The social organization and behavior
6 of the feral domestic fowl. **Animal. Behaviour. Monographs**, v. 2, p.125-181,
7 1969.
- 8
- 9 MOBERG, G. P.; MENCH, J. A. **The Biology of Animal Stress: Basic Principles and**
10 **Implications for Animal Welfare**. CAB International, Wallingford, 2000.
- 11
- 12 PADHI, M. K. Importance of Indigenous Breeds of Chicken for Rural Economy and
13 Their Improvements for Higher Production Performance. **Hindawi Publishing**
14 **Corporation Scientifica**, v.2016 , p.1-9, 2016.
- 15
- 16 PALMER, A. R. Fluctuating asymmetry analyses: A primer. In: **Developmental**
17 **Instability: Its Origins and Evolutionary Implications**. Dordrecht, The Netherlands:
18 Kluwer Academic Publishers, p.335-364, 1994.
- 19
- 20 PALMER, A. R. Waltzing with asymmetry. **BioScience**, v.46, p.518-532, 1996.
- 21
- 22 PALMER, A. R.; STROBECK, C. Fluctuating asymmetry: measurement,
23 analysis, patterns. **Annual Review of Ecology, Evolution and Systematics**, v.17,
24 p.391-421, 1986.
- 25
- 26 PALMER, A. R; STROBECK, C. Fluctuating asymmetry as a measure of
27 developmental stability: implications of non-normal distributions and power of tests.
28 **Acta Zool Fennica**, v.191, p. 57-72, 1992.
- 29
- 30 PALMER, A. R; STROBECK, C; CHIPPINDALE, A. K. Bilateral variation and the
31 evolutionary origin of macroscopic asymmetries. **Genetica**, v.89, p.201-218,1993.
- 32
- 33 POLAK, M. **Developmental instability: causes and consequences**. Oxford: Oxford
34 University Press. 2003.
- 35
- 36 PROUDFOOT, K.; HABING, G. Social stress as a cause of diseases in farm
37 animals: current knowledge and future directions, **The Veterinary Journal**, v. 2015,
38 p. 1-29, 2015.
- 39
- 40 QUINTEIRO-FILHO, W. M.; RIBEIRO, A., FERRAZ-DE-PAULA, V., PINHEIRO,
41 M. L., SAKAI, M.; SA, L. R. M.; PALERMO-NETO, J. Heat stress impairs
42 performance parameters, induces intestinal injury, and decreases macrophage activity
43 in broiler chickens. **Poultry Science**, v.89, n.9, p. 1905-1914, 2010.
- 44
- 45 ROHLF, F. J. **tpsDig2, digitize landmarks and outlines, version 2.10**.
46 Department of Ecology and Evolution, State University of New York, Stony Brook,

- 1 New York. 2017.
- 2
- 3 ROHLF, F. J. **tps Utility program, version 1.60**. Department of Ecology and
4 Evolution, State University of New York , Stony Brook. 2013.
- 5
- 6 ROSTAGNO, H. S. 2011. **Tabelas Brasileiras para aves e suínos: composição de**
7 **alimentos e exigências nutricionais**. 3. ed. Viçosa: UFV. 2011, 252p.
- 8
- 9 SAPOLSKY, R. M. Cortisol concentrations and the social significance of rank
10 instability among wild baboons. **Psychoneuroendocrinology**, v.17, p.701-709, 1992.
- 11 SEMAHORO, F.; UWIMANA, G.; HABIMANA, R. Phenotypes, production systems
12 and reproductive performance of indigenous chickens in contemporary Rwanda.
13 **International Journal of Livestock Production**, v.10, n.10, 213-231, 2019.
- 14
- 15 SILVA, D. P.; VITAL, M. V. C.; MARCO, P. JR. Assimetria flutuante como ferramenta
16 de bioindicadção: os efeitos da cidade dde Manaus (AM) sobre *Erythemis peruviana*
17 (RAMBUR, 1842) (Insecta: Odonata) junto à bacia do Rio Amazonas, in: Anais C.E.B,
18 Caxambu-MG, v.118, p.1-2, 2007.
- 19
- 20 SUTHERLAND, M. A., NIEKAMP, S. R., RODRIGUEZ-ZAS, S. L., & SALAK-
21 JOHNSON, J. L. Impacts of chronic stress and social status on various physiological
22 and performance measures in pigs of different breeds1. **Journal of Animal Science**,
23 v.84, n.3, p. 588-596, 2006.
- 24
- 25 TEMIM, S.; CHAGNEAU, M.; PERESSON, R.; TESSERAUD, S. Chronic heat
26 exposure alters protein turnover of three different skeletal muscles in finishing broiler
27 chickens fed 20 or 25% protein diets. **The Journal of Nutrition**, v.130, p.813-819,
28 2000.
- 29
- 30 TUCHSCHERER, M., KANITZ, E., PUPPE, B., TUCHSCHERER, A., & VIERGUTZ,
31 T. Changes in endocrine and immune responses of neonatal pigs exposed to a
32 psychosocial stressor. **Research in Veterinary Science**, v. 87, n.3, p. 380-388, 2009.
- 33
- 34 VILLAGELTU, D. N.; LYTE, M. Microbial endocrinology: Why the intersection of
35 microbiology and neurobiology matters to poultry health. **Poultry Science**, v.96, p.1-8,
36 2017.

1
2
3
4
5
6
7
8
9
10
11
12
13
14
15
16
17
18
19
20
21
22
23
24
25
26
27
28
29
30
31
32
33
34
35
36
37
38
39
40
41
42
43
44
45
46

7. CAPÍTULO IV

DIVERSIDADE GENÔMICA E ESTRUTURA POPULACIONAL DE GALINHAS NATIVAS DO NORDESTE BRASILEIRO

RESUMO

1
2
3
4
5 As raças de aves domésticas nativas são dotadas de grande valor cultural e histórico e
6 caracterizam-se como um importante recurso genético, pois são resistentes e adaptadas
7 ao clima local, características desejáveis tendo em vista as mudanças climáticas e o
8 surgimento de novas doenças. No Nordeste brasileiro, os grupos genéticos de aves
9 nativas Canela Preta, Peloco e Caneludo do Catolé são criados em fazendas e criações
10 de quintais e representam uma fonte de renda, além de um importante recurso alimentar
11 para os produtores, entretanto, tem sido gradualmente substituídas por linhagens mais
12 produtivas. Desse modo, objetivou-se acessar a diversidade genética dentro e entre
13 populações de aves nativas do Nordeste Brasileiro da raça Canela Preta e grupos
14 genéticos Caneludo do Catolé e Peloco em comparação à linhagem comercial caipira
15 CBC e linhagem comercial industrial Cobb 500® no intuito de obter informações para
16 nortear a conservação e gestão futuras dessas populações nativas. Os valores de
17 heterozigosidade observada (H_o) foram superiores aos de heterozigosidade esperada
18 (H_E) em todos os grupos genéticos, de modo que as aves da linhagem comercial Cobb
19 500 apresentaram a maior H_o , com média de 0,43, seguidas pelas aves CBC (0,42) e
20 pelos grupos genéticos nativos Canela Preta (0,39), Caneludo do Catolé (0,39) e Peloco
21 (0,39). A análise de componentes principais (ACP) e a análise de agrupamento
22 demonstraram que as aves dos grupos genéticos nativos Caneludo do Catolé e Peloco
23 são intimamente relacionadas. A partir da análise de mistura foi possível observar que
24 todas as populações analisadas compartilham ancestrais em diferentes proporções de
25 contribuição, com maior grau de mistura nas populações Caneludo do Catolé, Peloco e
26 Canela Preta, enquanto as linhagens comerciais mostraram-se mais homogêneas.
27 Embora os coeficientes de endogamia tenham apontado valores negativos para todas as
28 populações avaliadas, o tamanho efetivo populacional (N_e) foi pequeno em todos os
29 grupos, sobretudo nas aves nativas, em que os valores na geração mais recente foram de
30 34 nas aves Canela Preta, 34 nas aves Caneludo do Catolé e 29 no grupo genético Peloco.
31 Esses achados reforçam a necessidade de conservação desses grupos, os quais são

- 1 adaptados às condições edafoclimáticas das regiões em que se formaram e podem ser
- 2 importantes para a nossa segurança alimentar.

3 **Palavras- chave:** conservação, recursos genéticos, SNP

4
5
6
7
8
9
10
11
12
13
14
15
16
17
18
19
20
21
22
23
24
25
26
27
28
29
30
31
32
33
34
35
36
37
38
39
40
41
42
43
44
45
46
47
48

ABSTRACT

1
2
3
4
5
6
7
8
9
10
11
12
13
14
15
16
17
18
19
20
21
22
23
24
25
26
27
28
29
30

Native poultry breeds own great cultural and historical value and are characterized as an important genetic resource, as they are resistant and adapted to the local climate, desirable characteristics in view of climate change and the emergence of new diseases. In northeastern Brazil, the genetic groups of native birds Canela Preta, Peloco and Caneludo do Catolé are raised on farms and backyards and represent a source of income, as well as an important food resource for producers, however, they have been gradually replaced by more productive strains. Therefore, the aim was to access the genetic diversity within and between populations of native birds in Northeast Brazil of the Canela Preta breed and Caneludo do Catolé and Peloco genetic groups compared to the commercial rustic line CBC and the commercial industrial line Cobb 500® in order to obtain information to guide the future conservation and management of these native populations. The observed heterozygosity (H_o) values were higher than the expected heterozygosity (H_E) values in all genetic groups, so that the birds of the commercial lineage Cobb 500 had the highest H_o , averaging 0.43, followed by the CBC birds (0.42) and by the native genetic groups Canela Preta (0.39), Caneludo do Catolé (0.39) and Peloco (0.39). Principal component analysis (PCA) and cluster analysis demonstrated that birds from the native gene groups Caneludo do Catolé and Peloco are closely related. From the admixture analysis, it was possible to verify that all populations analyzed share ancestors in different proportions of contribution, with a greater degree of mixture in Caneludo do Catolé, Peloco and Canela Preta populations, while commercial strains were more homogeneous. Although the inbreeding coefficients showed negative values for all populations evaluated, the effective population size (N_e) was small in all groups, especially in native birds, where the values in the most recent generation were 34 in Canela Preta birds, 34 in Caneludo do Catolé birds and 29 in the Peloco genetic group. These findings reinforce the need for conservation of these groups, which are adapted to the edaphoclimatic conditions of the regions in which they were formed and can be important for our food security.

1 **Keywords:** conservation, genetic resources, SNP

2

3

4

5

6

7

8

9

10

11

12

13

14

15

16

17

18

19

20

21

22

23

24

25

26

27

28

29

30

1 7.1 Introdução

2 A avicultura tem sofrido uma significativa perda de recursos genéticos locais,
3 sobretudo em decorrência de erosão genética, em que os genótipos são cruzados
4 indiscriminadamente ou substituídos por linhagens comerciais de alto desempenho
5 (CASTILLO et al., 2021). Estima-se que somente cerca de 8,5% das raças conhecidas
6 de aves em todo o mundo não estejam extintas, ameaçadas ou criticamente ameaçadas
7 de extinção (FAO, 2019). Para as galinhas, das 1.641 raças conhecidas no mundo inteiro
8 em 2.018, 40,04% possuem algum grau de ameaça de extinção e 59,96% não possuem
9 *status* de risco conhecido, de modo que apenas 9,38% são consideradas fora de perigo
10 (FAO, 2019).

11 Existe uma variação genética altamente valiosa em raças não comerciais, mas que
12 ainda não é bem documentada, de modo que essa perda de diversidade genética
13 representa a perda de características importantes para a adequação dos sistemas de
14 produção às necessidades futuras, o que é crucial para garantir a segurança alimentar a
15 longo prazo (REXROAD et al., 2019; CAO et al., 2021). As raças de aves domésticas
16 nativas possuem grande valor cultural e histórico e caracterizam-se como um importante
17 recurso genético, pois são resistentes e adaptadas ao clima local, que são características
18 desejáveis tendo em vista as mudanças climáticas e o surgimento de novas doenças
19 (HAUNSHI et al., 2011; ALMEIDA, 2016; BREKKE et al., 2020). Além disso, a
20 transferência de alelos entre raças de galinhas nativas e comerciais, bem como a
21 introgressão de alelos desejáveis auxiliará na validação de polimorfismos genéticos
22 responsáveis por diversas características e, conseqüentemente, na produção sustentável
23 de alimentos (BALLANTYNE et al., 2020; BALLANTYNE et al., 2021).

24 A revolução nas metodologias de sequenciamento de genoma que ocorreu na
25 última década propiciou o desenvolvimento de protocolos para a genotipagem de
26 polimorfismos de nucleotídeos únicos (SNPs) em espécies com genomas previamente
27 sequenciados a um custo relativamente baixo (PAIM et al., 2018). Essas tecnologias
28 estão sendo implementadas na avicultura com diversos propósitos, tais como: acelerar
29 os ganhos genéticos em frangos de corte e postura (REXROAD et al., 2019), identificar
30 aves mais resistentes ao estresse por calor (MONSON & ANGELICA, 2018), identificar

1 regiões cromossômicas relacionadas a características de eficiência alimentar
2 (MARCHESI et al., 2021) e produção de ovos (LIU et al., 2019), bem como auxiliar a
3 promover a conservação de animais de produção que encontram-se em populações
4 pequenas e ameaçadas (MASTRANGELO et al., 2020).

5 No Nordeste brasileiro, grupos genéticos de aves nativas são criados em fazendas
6 e criações de quintais e representam uma fonte de renda e um importante recurso
7 alimentar para os produtores. As aves dos grupos genéticos Canela Preta, Peloco e
8 Caneludo do Catolé são mantidas em pequenos núcleos de criação, uma vez que tem
9 sido gradualmente substituídas por linhagens mais produtivas (CARVALHO et al.,
10 2017; ALMEIDA et al., 2019). As aves da raça Canela Preta são criadas em
11 comunidades rurais, indígenas e quilombolas do estado do Piauí e possivelmente em
12 outros estados da região Nordeste (CARVALHO et al., 2017). São aves dóceis e
13 apresentam como características marcantes a plumagem e coloração da canela
14 predominantemente pretas (SARMENTO et al., 2017; CARVALHO et al., 2020). No
15 estado da Bahia também existem grupos de galinhas locais criadas em sistema extensivo
16 e com pouco investimento tecnológico. Apesar de apresentarem menor
17 desenvolvimento ponderal, as aves dos grupos genéticos Peloco e Caneludo do Catolé
18 são rústicas e muito resistentes a estresse térmico (CEDRAZ et al., 2017). Embora sejam
19 dotadas de características desejáveis, essas aves ainda são pouco difundidas e
20 informações fenotípicas, genéticas e produtivas desses grupos são escassas. Além disso,
21 é necessário avaliar a diversidade de populações de aves de diferentes linhagens em
22 nível molecular, no intuito de obter informações para nortear a conservação e gestão
23 futuras dessas populações (HILLEL et al., 2003).

24 Desse modo, objetivou-se acessar a diversidade genética dentro e entre populações
25 de aves nativas do Nordeste Brasileiro da raça Canela Preta e grupos genéticos Caneludo
26 do Catolé e Peloco em comparação à linhagem comercial caipira CBC e linhagem
27 comercial industrial Cobb 500®.

28

29 **7.2 Material e Métodos**

30 **7.2.1 Obtenção das Aves e Coleta de Material Biológico**

1 O experimento foi realizado com a aprovação do Comitê de Ética no Uso de
2 Animais – CEUA/UESB, Protocolo 166/2017. As aves nativas da raça Canela Preta,
3 linhagem comercial caipira Caboclo (CBC) e linhagem comercial industrial Cobb 500
4 foram obtidas de criadores sob a forma de pintainhos de um dia de vida. Os animais
5 dos grupos genéticos nativos Peloco e Caneludo do Catolé, por sua vez, foram
6 provenientes do Núcleo de Aves Naturalizadas pertencente ao Setor de Avicultura da
7 Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia (UESB), Bahia, Brasil.

8 As aves da linhagem Cobb 500® foram criadas em sistema intensivo, enquanto as
9 aves da linhagem CBC e grupos nativos Canela Preta, Peloco e Caneludo do Catolé
10 foram criadas em sistema semi-intensivo. Os animais criados em sistema intensivo
11 foram mantidos em unidades experimentais de 1m², com lotação máxima de 12 aves
12 por unidade. Foram fornecidos água e ração *ad libitum* e iluminação por 23 horas, com
13 uma hora de descanso. As aves criadas em sistema semi-intensivo foram mantidas em
14 piquetes de 5 x 16m², onde foram submetidas às variações naturais de luminosidade
15 e contaram com água, forragem de pastejo e ração *ad libitum*. As aves criadas em ambos
16 os sistemas de criação foram alimentadas com a mesma ração, à base de milho e farelo de
17 soja, com composição nutricional adequada às exigências de cada fase (ROSTAGNO
18 et al., 2011).

19 As aves foram abatidas por deslocamento cervical, aos 42 dias de idade para as
20 aves Cobb 500®, 85 dias para a raça CBC (conforme recomendação do fabricante) e
21 150 dias para os grupos genéticos Peloco, Caneludo do Catolé e Canela Preta (idade
22 normalmente utilizada pelos criadores).

23 Foram coletados 5mL de sangue a partir da veia ulnar de cada ave em tubos do
24 tipo *vacuteiner* contendo o anticoagulante EDTA. O material foi acondicionado em
25 freezer a -20°C para processamento posterior.

26

27 **7.2.2 Genotipagem e Controle de Qualidade**

28 Foram utilizados 186 animais para a análise genômica, sendo 22 aves Canela Preta
29 (13 machos e 9 fêmeas), 31 aves Peloco (14 machos e 17 fêmeas), 46 aves Caneludo do
30 Catolé (21 machos e 25 fêmeas), 67 aves CBC (32 machos e 35 fêmeas) e 20 aves Cobb

1 500® (13 machos e 7 fêmeas). A extração de DNA foi realizada a partir do sangue das
2 aves utilizando-se o *Wizard® Genomic DNA Purification Kit (Promega)* de acordo com
3 as recomendações do fabricante. A concentração, pureza e integridade do DNA foram
4 avaliadas utilizando-se o quantificador L- Quant (*Loccus Biotecnologia*) e em seguida
5 as amostras foram coradas com *GelRed* e submetidas à eletroforese em gel de agarose a
6 1%. A genotipagem foi realizada por meio do *Infinium iSelect Custom BeadChip Kit*
7 (Illumina) que inclui ~50K SNP (53.313 marcadores).

8 Os genótipos foram obtidos a partir do *software* GenomeStudio (Illumina) e
9 processados utilizando o software PLINK v. 1.9 (PURCELL et al. 2007), que também
10 foi utilizado para o controle de qualidade (CQ).

11 Foram mantidos para as análises apenas os SNPs situados nos cromossomos
12 autossômicos, com posição definida de acordo com a versão mais recente do genoma da
13 galinha (GRCg6a) e genotipados em mais de 90% dos animais (*--mind 0,10*). Além
14 disso, foram excluídos os SNP que apresentaram frequência do alelo menos frequente
15 (MAF) menor que 0,05 considerando o conjunto total de indivíduos genotipados (*maf*
16 0,05), sucesso de genotipagem (*call rate*) para os SNP menor que 0,95 (*--geno 0,95*) e
17 que apresentaram desvio extremo do Equilíbrio de Hardy- Weinberg com $p < 10^{-6}$ (*--*
18 *hwe 1e-60*). Com o objetivo de eliminar marcadores altamente correlacionados, foi
19 realizado o *pruning* dos SNP de acordo com o desequilíbrio de ligação (DL), utilizando
20 a medida r^2 das frequências gênicas (HILL & ROBERTSON, 1968) com o limite de
21 0,90, em janelas de 15kb com intervalo de 2 marcadores.

22

23 **7.2.3 Diversidade genética dentro de população**

24 **7.2.3.1 Proporção de Loci Polimórficos, Frequências Alélicas, Frequência do Alelo** 25 **Menos Frequente, Heterozigosidade Observada e Esperada**

26 As análises de diversidade genética dentro de população foram realizadas
27 utilizando o software PLINK v. 1.9 (PURCELL et al. 2007) por meio de indicadores de
28 diversidade.

29 As heterozigosidades observada (H_O) e esperada (H_E) foram obtidas por meio da

1 *flag --hardy*, a proporção de *loci* polimórficos (PP), a distribuição das frequências
 2 alélicas e a frequência do alelo menos frequente (MAF) dos SNP polimórficos foram
 3 obtidos com *bash scripts* após o uso da *flag --freq*. Os SNP foram considerados
 4 polimórficos quando apresentaram MAF superior a 1%.

6 **7.2.3.2 Coeficientes de Endogamia**

8 Foram avaliados quatro coeficientes de endogamia utilizando o software PLINK
 9 v. 1.9 (PURCELL *et al.* 2007). O coeficiente de endogamia baseado na diferença entre
 10 o número observado e esperado de genótipos homozigotos (F_{HOM}) foi obtido a partir da
 11 *flag --het*. Os outros coeficientes de endogamia foram obtidos com a *flag --ibc*, sendo o
 12 primeiro deles baseado na relação padronizada da variância aditiva -1 (F_{hat1}), o segundo
 13 no excesso de homozigosidade (F_{hat2}) e o terceiro na correlação da união de gametas
 14 (F_{hat3}).

16 **7.2.3.3 Distâncias Genéticas**

18 As distâncias genéticas (D) entre indivíduos foram estimadas com base na
 19 proporção de *loci* idênticos por estado (IBS, do inglês *identical by state*) compartilhados
 20 entre indivíduos dentro de cada uma das populações utilizando o software PLINK v. 1.9
 21 (PURCELL *et al.* 2007) por meio da *flag --genome*. A proporção média de alelos
 22 compartilhados entre dois indivíduos (D_{ST}) foi calculada por meio da fórmula:

$$D_{\text{ST}} = \frac{IBS2 + 0,5 * IBS1}{m}$$

25
 26 Em que, *IBS1* representa o número de *loci* que compartilham 1 alelo (IBS), *IBS2*
 27 o número de *loci* que compartilham 2 alelos (IBS) e *m* é o número de *loci* testados. A
 28 distância genética (D) par a par entre todas as combinações de pares de indivíduos foi
 29 calculada como:

$$D = 1 - D_{ST}$$

7.2.4 Desequilíbrio de Ligação e Tamanho Efetivo Populacional

Para estimar o desequilíbrio de ligação (DL), foi usada a métrica r^2 (HILL & ROBERTSON 1968), de acordo com a fórmula:

$$r^2 = \frac{(f_{A1B1} * f_{A2B2} - f_{A1B2} * f_{A2B1})}{f_{A1} * f_{A2} * f_{B1} * f_{B2}}$$

Sendo que f_{A1_B1} , f_{A2_B2} , f_{A1_B2} e f_{A2_B1} representam as frequências dos haplótipos entre os *loci* A e B, f_{A1} e f_{A2} são as frequências dos alelos do *locus* A e f_{B1} e f_{B2} são as frequências dos alelos do *locus* B. O cálculo do DL foi feito utilizando a *flag --r2* do *software* PLINK v. 1.9 (PURCELL et al., 2007).

Todos os SNPs após o CQ desconsiderando o *pruning* foram utilizados para calcular o DL médio entre pares de SNP adjacentes e todos os pares de marcadores (*pairwise*).

Também foi estimado o DL em intervalos de janelas variando de 1kb a 5.000 kb para obtenção dos decaimentos do DL por meio do *software* PLINK v. 1.9 (PURCELL et al. 2007).

A taxa de declínio no desequilíbrio de ligação (DL), como uma função da distância entre os marcadores, medida por r^2 pode ser utilizada para estimar o tamanho efetivo populacional (N_e), bem como a sua variação ao longo do tempo (HAYES et al., 2003). Desse modo, o N_e foi calculado utilizando-se a fórmula sugerida por Corbin et al (2012) com base no DL ajustado para o tamanho amostral usando o estimador proposto por Sved (1971), que teve a seguinte fórmula:

$$N_{T(t)} = (4f(c_t))^{-1}(E[r^2_{adj} | C_t]^{-1} - a)$$

Em que N_T representa o tamanho efetivo populacional, a t gerações atrás, c_t é a

1 taxa de recombinação a t gerações atrás, $E(r_{adj}^2)$ é a estimativa do DL ajustado
2 considerando o viés da amostragem (ou seja, corrigido para o tamanho da população em
3 que o DL foi calculado) e a é uma constante que vale 1 quando a mutação não é levada
4 em consideração e 2 quando é contabilizada, tendo sido utilizado $a = 2$ nesta pesquisa.

6 **7.2.5 Diversidade Genética Entre Populações**

7
8 A análise de componentes principais (PCA, de *principal component analysis*) foi
9 realizada utilizando o software PLINK 1.9 (PURCELL et al., 2007) a partir da matriz
10 de parentesco do conjunto de dados após o *pruning*. Depois disso, um dendrograma foi
11 construído a partir dos valores médios dos escores dos componentes principais
12 utilizando 10.000 amostras *bootstrap*. O teste aproximadamente não viesado (AU, de
13 *approximate unbiased test*) foi utilizado para avaliar o suporte dos nós no dendrograma,
14 considerando 95% como o mínimo para a formação de grupos.

15 A análise de mistura foi realizada utilizando o *software* ADMIXTURE
16 (ALEXANDER et al., 2009), com o objetivo de identificar a proporção de ancestrais na
17 composição dos indivíduos de cada uma das populações. O número de populações
18 ancestrais (K) foi definido pelo método de validação cruzada (VC), conforme proposto
19 por Alexander et al. (2011), tendo sido testados valores de K de um a 18. Esse
20 procedimento foi realizado no intuito de identificar o valor de K a partir do menor erro
21 de VC, que representa o número mais parcimonioso de ancestrais (BORTOLUZZI et
22 al., 2018).

24 **7.3 Resultados**

25 De acordo com os critérios estabelecidos para CQ, três aves foram excluídas das
26 análises subsequentes, devido à baixa taxa de genotipagem. Uma dessas aves pertencia
27 à linhagem comercial Cobb 500®, uma à linhagem comercial CBC e a última ao grupo
28 genético Peloco, de modo que o número de indivíduos após o CQ, foi de 19, 66 e 30,
29 respectivamente, nesses grupos genéticos.

1 Dos 53.313 marcadores inicialmente presentes no painel, nenhum foi removido
2 por não estar em equilíbrio de Hardy-Weinberg (EHW). Em contrapartida 4.423 SNP
3 foram removidos devido à baixa MAF (menor que 0,05) nas aves da linhagem Cobb
4 500® (8,29%), 5.598 nas aves CBC (10,50%), 6.579 nas aves do grupo genético Peloco
5 (12,34%), 6.746 nas aves Caneludo do Catolé (12,65%) e 7.691 nas aves da raça Canela
6 Preta (14,43%).

7 A taxa de genotipagem foi superior a 0,96 para todos os grupos. Após o *pruning*
8 de DL, 9,95% dos marcadores (4.555) foram retirados das aves da linhagem Cobb 500®,
9 6,31% (2.848 marcadores) das aves da linhagem CBC, 8,17% (3.576 marcadores) do
10 grupo genético Peloco, 6,79% (2.974 marcadores) do grupo genético Caneludo do
11 Catolé e 7,56% (3.232 marcadores) das aves da raça Canela Preta. Desse modo, após o
12 CQ e *pruning* de desequilíbrio de ligação (DL), um total de 41.245 SNP foi mantido nas
13 aves Cobb 500®, 42.279 nas aves CBC, 40.202 para as aves do grupo genético Peloco,
14 40.841 nas aves Caneludo do Catolé e 39.538 nas aves Canela Preta.

15 A proporção de *loci* polimórficos (PP) variou de 92,18% para as aves do grupo
16 genético Canela Preta a 94,19% para as aves da linhagem comercial caipira CBC (Tabela
17 1). As médias de MAF para os SNP polimórficos foram de 0,30 para a linhagem Cobb
18 500®, 0,28 para CBC, 0,26 para raça nativa Canela Preta e 0,27 para os grupos genéticos
19 Caneludo do Catolé e Peloco (Tabela 1).

20
21
22
23
24
25
26
27
28
29

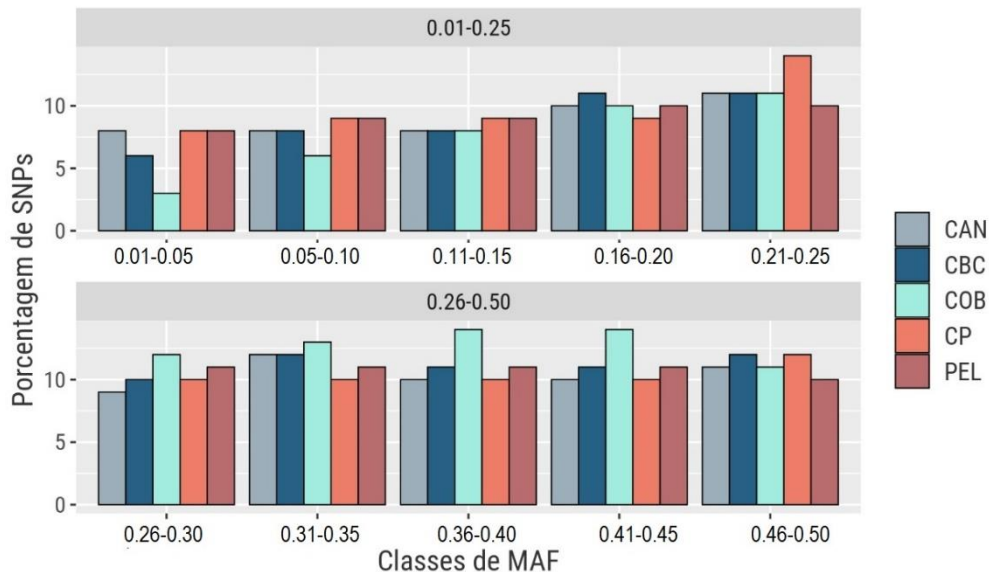
1 **Tabela 1.** Número de indivíduos, proporção de *loci* polimórficos, frequência do alelo
 2 menos frequente, heterozigosidade observada e esperada, distâncias genéticas,
 3 distâncias entre marcadores, coeficientes de endogamia e desequilíbrio de ligação nos
 4 grupos genéticos nativos Peloco, Caneludo do Catolé e Canela Preta e linhagens
 5 comerciais CBC e Cobb 500®.

Grupos Genéticos	Peloco	CBC	Cobb 500®	Caneludo	Canela Preta
Núm. Ind.	30	66	19	46	22
Núm. Machos	14	32	12	21	13
Núm. Fêmeas	16	34	7	25	09
H_O	0,39 (±0,15)	0,42 (±0,15)	0,43 (±0,16)	0,39 (±0,14)	0,39 (±0,15)
H_E	0,37 (±0,12)	0,38 (±0,11)	0,39 (±0,11)	0,38 (±0,11)	0,38 (±0,11)
PP (%)	92,44	94,19	93,55	93,96	92,18
MAF	0,27 (±0,14)	0,28 (±0,14)	0,30 (±0,13)	0,27 (±0,14)	0,26 (±0,14)
F_{HOM}	-0,056 (±0,05)	-0,104 (±0,01)	-0,107 (±0,01)	-0,036 (±0,07)	-0,031 (±0,08)
D	0,29 (±0,03)	0,28 (±0,11)	0,30 (±0,00)	0,30 (±0,04)	0,30 (±0,03)
DL SNP Adj.	0,22 (±0,25)	0,22 (±0,25)	0,26 (±0,27)	0,21 (±0,24)	0,22 (±0,25)
Dist. Marc. Adj. (kb)	21,74 (±26,64)	21,09 (±25,96)	20,78 (±25,91)	21,73 (±26,65)	22,26 (±27,46)
DL SNP <i>p_w</i>	0,06 (±0,08)	0,03 (±0,05)	0,07 (±0,09)	0,05 (±0,07)	0,07 (±0,09)
Dist. Marc. <i>p_w</i> (kb)	45.512,46 (±42.033,15)	45.240,16 (±41.890,10)	45.407,61 (±42.156,23)	45.368,08 (±42.013,63)	44.876,12 (±41.762,31)
Fhat1	-0,054 (±0,13)	-0,094 (±0,13)	-0,101 (±0,02)	-0,037 (±0,11)	-0,030 (±0,11)
Fhat2	-0,055 (±0,08)	-0,094 (±0,03)	-0,101 (±0,01)	-0,037 (±0,08)	-0,030 (±0,10)
Fhat3	-0,054 (±0,05)	-0,094 (±0,05)	-0,101 (±0,01)	-0,037 (±0,06)	-0,030(± 0,06)

6 Núm. Ind.=Número de indivíduos, Núm. Machos = Número de machos, Núm. Fêmeas= Número de fêmeas, H_O=
 7 Heterozigosidade observada, H_E = Heterozigosidade esperada, PP (%) = Proporção de *Loci* Polimórficos, MAF =
 8 frequência do alelo menos frequente, F_{HOM} = coeficiente de endogamia baseado na diferença entre o número
 9 observado e esperado de genótipos homozigotos, D= Distância genética, DL SNP Adj.= Desequilíbrio de ligação
 10 médio entre marcadores adjacentes, Dist. Marc. Adj. (kb)= Distância entre marcadores adjacentes, DL SNP *p_w*=
 11 Desequilíbrio de ligação médio entre os pares de marcadores, Dist. Marc. *p_w* (kb)= Distância entre os pares de
 12 marcadores, Fhat1= Coeficiente de endogamia baseado na relação padronizada da variância aditiva -1, Fhat2=
 13 Coeficiente de endogamia baseado no excesso de homozigosidade, Fhat3= Coeficiente de endogamia baseado na
 14 correlação da união de gametas.

15 As aves CBC e Canela Preta foram os grupos que apresentaram maiores números
 16 de SNP (12%) em MAF mais elevadas (0,46-0,50), enquanto as aves Caneludo do

1 Catolé, Peloco e Canela Preta Canela foram os grupos com maior percentual de SNPs
 2 (8%) em menor intervalo de MAF (0,01-0,05) (Figura 1). O grupo genético Caneludo
 3 do Catolé apresentou maior número de marcadores (12%) no intervalo de MAF de 0,31-
 4 0,35, enquanto o grupo genético Peloco apresentou maiores e iguais proporções (11%)
 5 em intervalos de 0,26-0,30, 0,31-0,35, 0,36-0,40 e 0,41-0,45. A raça nativa Canela Preta,
 6 por sua vez, apresentou maior proporção de SNP (14%) no intervalo de MAF de 0,21-
 7 0,25. A heterozigosidade esperada (H_E) foi mais elevada para as aves da linhagem
 8 comercial Cobb 500® (0,39), seguida pelas aves da linhagem CBC, Caneludo do Catolé
 9 e Canela Preta (0,38) e Peloco (0,37) (Tabela 1). Os valores médios de heterozigosidade
 10 observada (H_o) foram superiores aos de H_E para todos os grupos genéticos (Tabela 1),
 11 sendo que as aves da linhagem comercial Cobb 500® apresentaram a maior H_o (0,43),
 12 seguidas pelas aves CBC (0,42) e pelos grupos genéticos nativos Canela Preta (0,39),
 13 Caneludo do Catolé (0,39) e Peloco (0,39).



14

15 **Figura 1.** Distribuição da frequência do alelo menos frequente (MAF) em galinhas dos
 16 grupos genéticos nativos Caneludo do Catolé (CAN), Peloco (PEL) e Canela Preta (CP)
 17 e linhagens comerciais CBC (CBC) e Cobb® (COB).
 18

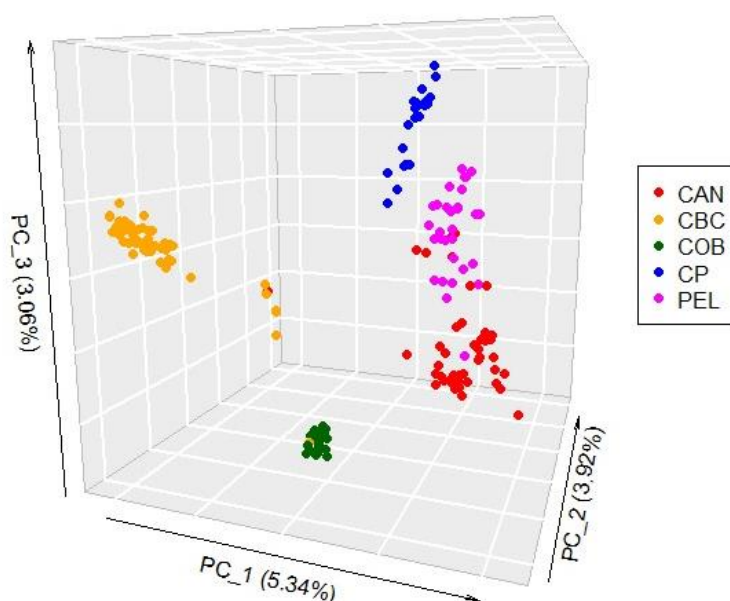
19 Quanto ao F_{HOM} , foram observados valores negativos em todas as populações
 20 (Tabela 1), com médias variando de -0,107 na linhagem Cobb 500® a -0,031 na raça

1 Canela Preta. Os coeficientes de endogamia F_{hat1} , F_{hat2} e F_{hat3} (Tabela 1)
2 apresentaram médias similares, variando de -0,101 para as aves da linhagem industrial
3 Cobb 500® a -0,030 para as aves da raça Canela Preta.

4 A distância genética média (D) entre os indivíduos de cada um dos grupos
5 genéticos foi de 0,28 para as aves da linhagem CBC, 0,29 para as aves do grupo genético
6 Peloco e 0,30 para as aves da linhagem comercial industrial Cobb 500® e grupos
7 genéticos nativos Canela Preta e Caneludo do Catolé (Tabela 1). Esses resultados
8 demonstram que os indivíduos dos três últimos grupos apresentam menor proporção de
9 *loci* IBS.

10 Os três primeiros componentes explicaram 12,32% da variação dos dados (Figura
11 2). O primeiro componente (CP1) foi responsável por 5,34% da variação, o segundo
12 (CP2) por 3,92% e o terceiro (CP3) por 3,06% da variação. O CP1 evidenciou a
13 diversidade entre as aves da linhagem comercial Cobb 500® e linhagem comercial
14 caipira CBC e dos grupos genéticos nativos Canela Preta, Caneludo do Catolé e Peloco,
15 semelhante ao CP2. O CP3 permitiu identificar a diversidade da raça Canela Preta e dos
16 grupos genéticos Caneludo do Catolé e Peloco, evidenciando também estruturação
17 nessas populações. A partir dos valores de AU (Figura 3), apenas as aves dos grupos
18 genéticos nativos Caneludo do Catolé e Peloco foram alocadas em um mesmo grupo,
19 sugerindo a distinção entre esse grupo e as demais populações de aves.

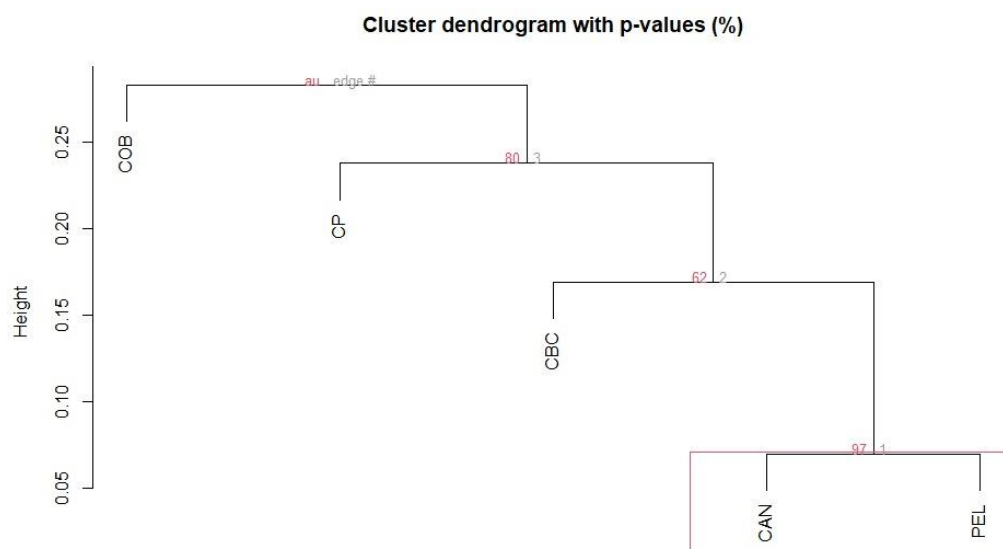
20



1

2 **Figura 2.** Gráfico do primeiro componente principal (CP1) contra o segundo (CP2) e
 3 terceiro componente principal (CP3) obtidos a partir da matriz de parentesco genômica
 4 entre de aves dos grupos genéticos nativos Caneludo do Catolé, Peloco e Canela Preta,
 5 linhagem comercial caipira CBC e linhagem comercial industrial Cobb 500®.

6



7

8 **Figura 3.** Dendrograma construído a partir dos valores médios dos escores dos três
 9 primeiros componentes principais da matriz de parentesco genômica para as aves dos
 10 grupos genéticos nativos Peloco, Caneludo do Catolé e Canela Preta e linhagens
 11 comerciais Cobb 500® e CBC.

12

1 As aves da linhagem comercial COBB 500® apresentaram o maior valor médio de
2 DL entre marcadores adjacentes (0,26), seguidas pelas aves da linhagem comercial
3 caipira CBC e grupos genéticos nativos Peloco e Canela Preta (0,22) e grupo genético
4 nativo Caneludo do Catolé (0,21)(Tabela 1). Quanto ao DL entre todos os pares de SNP
5 (*pairwise*), os valores médios variaram de 0,07 (Cobb 500® e Canela Preta) a 0,03
6 (CBC). Em uma distância inferior a 100kb, as aves da linhagem comercial Cobb 500
7 apresentaram valores de DL mais elevados, seguidas pelas aves dos grupos genéticos
8 nativos Canela Preta, CBC, Peloco e Caneludo do Catolé (Figura 4).

9 Quanto ao decaimento do DL, a magnitude do decaimento foi maior nas janelas
10 entre 1 e 100 kb para todas as populações. Entretanto, esse decaimento foi menos
11 acentuado na linhagem comercial Cobb 500 comparada às demais populações. Quando
12 os valores de DL em uma mesma janela foram comparados entre as classes de
13 cromossomos, verificou-se que os microcromossomos apresentaram menores valores de
14 DL (Figura 4D), seguidos pelos cromossomos intermediários (Figura 4C) e
15 macrocromossomos (Figura 4B). Quanto ao decaimento do DL entre as classes de
16 cromossomos, a magnitude do decaimento foi maior nas janelas entre 1 a 100kb para
17 todas as classes e menos acentuada nos macrocromossomos.

18

19

20

21

22

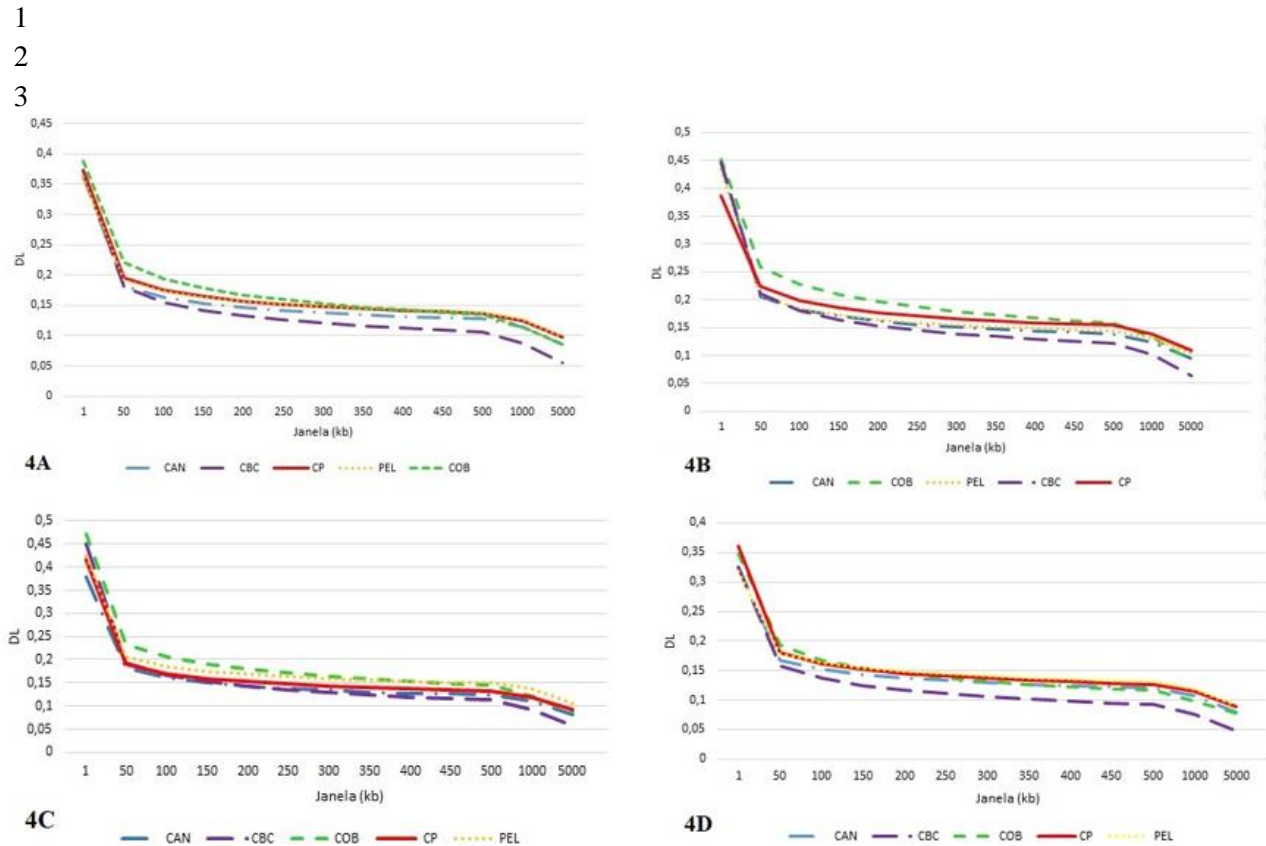
23

24

25

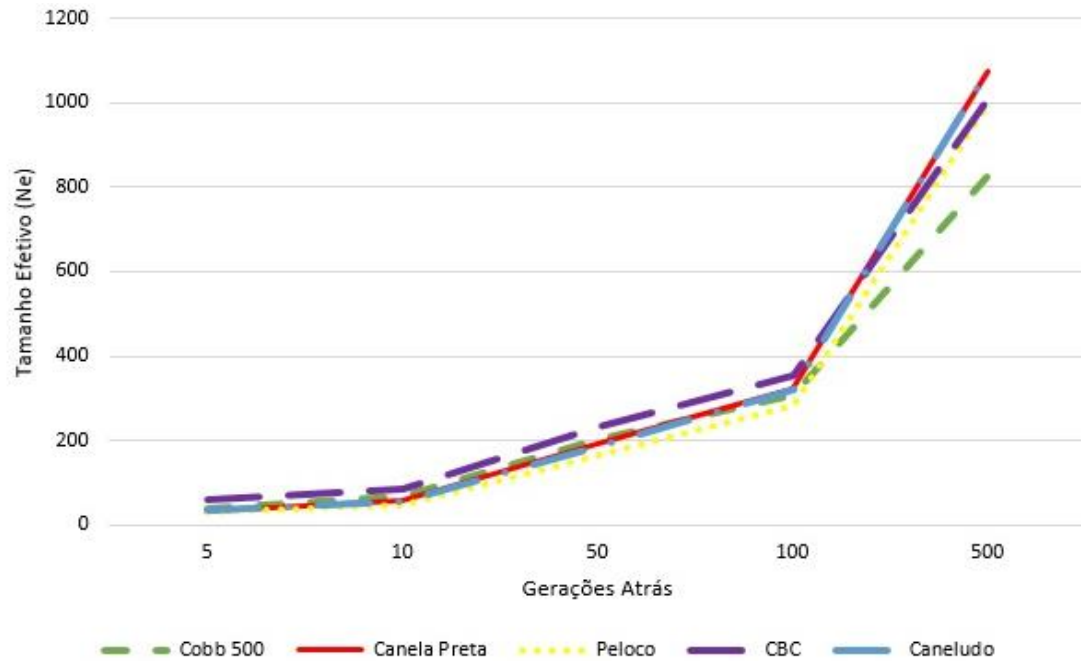
26

27



5
6 **Figura 4.** Decaimento do desequilíbrio de ligação (DL) em galinhas dos grupos
7 genéticos Caneludo do Catolé (CAN), Peloco (PEL) e Canela Preta (CP) e linhagens
8 comerciais Cobb 500® (COB) e CBC (CBC) nos cromossomos autossômicos 1-28 (4A),
9 macrocromossomos (4B), cromossomos intermediários (4C) e microcromossomos
10 (4D).

11
12 O tamanho efetivo populacional (N_e) diminuiu ao longo das gerações para as
13 populações dos cinco grupos genéticos (Figura 5). O N_e estimado variou de 824 (500
14 gerações atrás), para 41 na geração mais recente (5 gerações atrás) na linhagem Cobb
15 500®, de 1.007 para 58 na linhagem CBC, 1.073 para 34 para Canela Preta, 1.071 para
16 34 nas aves Caneludo do Catolé e de 992 para 29 no grupo genético Peloco. O maior N_e
17 nas últimas 10 gerações (que corresponde a aproximadamente cinco anos atrás,
18 considerando um intervalo de geração de seis meses para as aves) foi obtido para as aves
19 da linhagem CBC ($N_e = 87$) e menor no grupo genético Peloco ($N_e = 47$) (Figura 6).

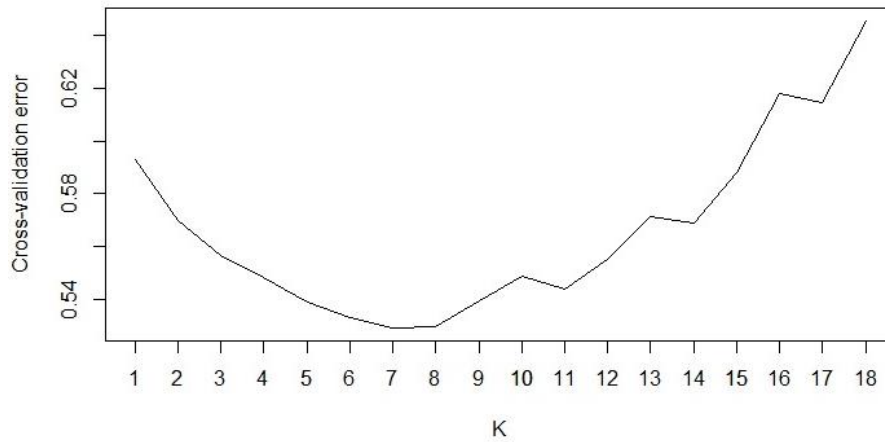


1

2 **Figura 5.** Tamanho efetivo populacional nas aves dos grupos genéticos nativos Peloco,
 3 Caneludo do Catolé e Canela Preta e linhagens comerciais Cobb 500® e CBC a 500,
 4 100, 50, 10 e 5 gerações atrás.

5

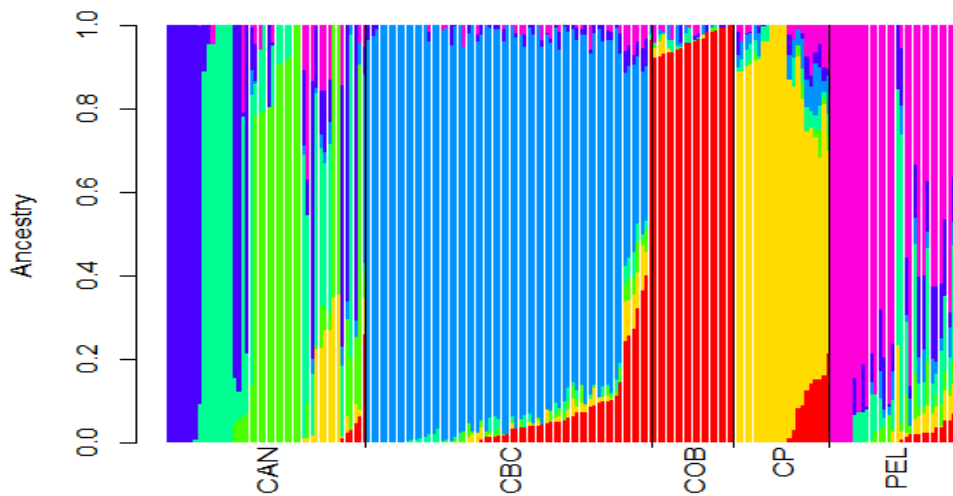
6 Com o procedimento de validação cruzada foi possível identificar que $K = 7$ foi o
 7 número de ancestrais mais provável, com o menor erro (0,52927) nas análises de
 8 admixture (Figura 6). Todos os grupos genéticos possuem ancestrais compartilhados
 9 (Figura 7). As linhagens comerciais Cobb 500® e CBC mostraram-se mais homogêneas
 10 quando comparadas aos grupos genéticos nativos, em que observou-se um maior grau
 11 de mistura. Nas aves CBC há uma predominância do ancestral 6, enquanto nas aves
 12 Cobb 500® observou-se predominância do ancestral 7. Entre os grupos genéticos
 13 nativos, as aves da raça Canela Preta mostraram-se mais homogêneas, observando-se
 14 menor grau de mistura quando comparadas às aves dos grupos genéticos Caneludo do
 15 Catolé e Peloco. Observou-se predominância do ancestral 5 nas aves da raça Canela
 16 Preta, enquanto para as aves Caneludo do Catolé pôde-se identificar uma maior
 17 heterogeneidade quanto aos ancestrais predominantes, com indivíduos com
 18 predominância do ancestral 1, 3 e 4. O ancestral 2 foi predominante na maioria dos
 19 indivíduos nas aves do grupo genético Peloco.



1

2 **Figura 6.** Erros de validação cruzada (VC, do inglês *cross-validation error*), obtidos ao
 3 se assumir diferentes números de ancestrais (K) em aves dos grupos genéticos nativos
 4 Caneludo do Catolé, Canela Preta e Peloco e linhagens comerciais CBC e Cobb 500®.

5



6

7 **Figura 7.** Estimativas de ancestralidade individual para as aves dos cinco grupos
 8 genéticos considerando K (numero de ancestrais) = 7.

9 Cada barra representa um indivíduo e os grupos genéticos, identificados na parte inferior do gráfico, são separados
 10 por linhas pretas. As cores correspondem aos diferentes ancestrais estabelecidos (roxo = ancestral 1, rosa =
 11 ancestral 2, azul turquesa = ancestral 3, verde = ancestral 4, amarelo = ancestral 5, azul royal = ancestral 6,
 12 vermelho = ancestral 7). CAN= Caneludo do Catolé CBC= Caboclo COB= Cobb 500® CP= Canela Preta PEL=
 13 Peloco

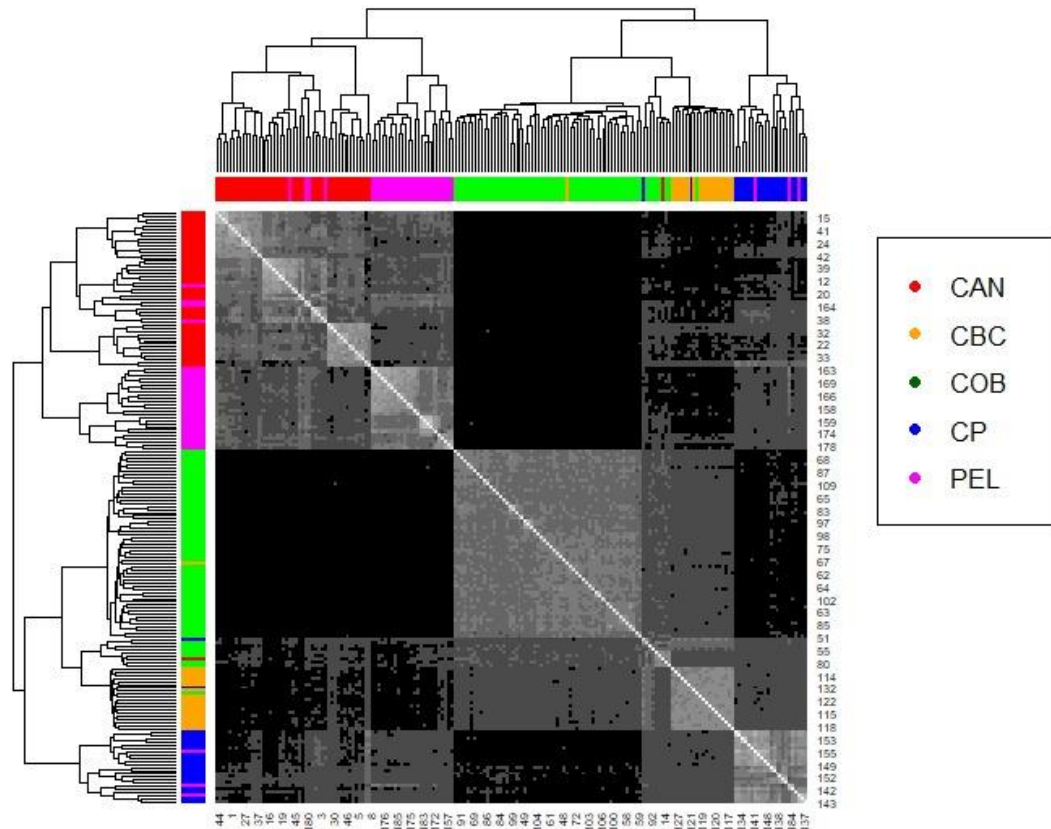
14

15 Observou-se a formação de quatro blocos principais predominantes na matriz de
 16 parentesco genômica de acordo com o primeiro método de VanRaden (2008) (Figura 8).

17 O primeiro bloco (à esquerda do gráfico) constituído pelas aves dos grupos genéticos

1 Caneludo do Catolé e Peloco, um segundo grupo composto pelas aves da linhagem
 2 comercial Cobb 500®, seguido pelo terceiro bloco com as aves CBC e um quarto grupo
 3 constituído pelas aves da raça nativa Canela Preta.

4



5

6 **Figura 8.** Matriz de parentesco genômica entre as aves dos grupos genéticos Caneludo
 7 do Catolé, Peloco, Canela Preta, linhagem comercial caipira CBC e linhagem comercial
 8 industrial Cobb 500®.

9

10 7.4 Discussão

11 Apresentamos o primeiro estudo sobre a diversidade, estrutura populacional e
 12 demografia de galinhas nativas da região Nordeste do Brasil utilizando dados
 13 genômicos. Acessar a diversidade genética dentro e entre as populações de aves
 14 Caneludo do Catolé, Peloco e Canela Preta auxiliará na obtenção de informações para
 15 direcionar a conservação, gestão futura e uso dessas populações, uma vez que a ausência
 16 de registros e de controle de acasalamentos são uma realidade das pequenas criações em

1 que essas aves são criadas. Desse modo, a utilização de dados genômicos é a única forma
2 confiável para se obter informação a respeito da endogamia e parentesco dessas
3 populações na ausência de dados de pedigree (BORTOLUZZI et al., 2018).

4 As aves nativas são comumente criadas em sistema extensivo, populações com
5 número reduzido de indivíduos e baixo tamanho efetivo, o que as tornam mais propensas
6 às oscilações aleatórias nas frequências alélicas (deriva genética) (WAPLES et al., 2016;
7 CARVALHO et al., 2018). A deriva genética, por sua vez, pode ocasionar redução da
8 frequência de alelos de determinados *loci*, o que explicaria o maior número de
9 marcadores com MAF menor que 0,05 verificado nas populações nativas.

10 As populações de galinhas nativas da região Nordeste do Brasil ainda são pouco
11 difundidas e estudadas, de modo que os parâmetros genéticos e aspectos demográficos
12 que compõem a estrutura genética dessas aves ainda são pouco conhecidos.

13 Estudos anteriores utilizando marcadores do tipo microsatélites (SSR) realizados
14 com aves da raça Canela Preta (CARVALHO et al., 2016; CARVALHO et al., 2018;
15 CARVALHO et al., 2020) e dos grupos genéticos Peloco (FIGUEIREDO, 2015;
16 CARVALHO et al., 2020) e Caneludo do Catolé apontaram alta variabilidade genética
17 nesses grupos nativos (CARVALHO et al., 2020).

18 A proporção de SNP polimórficos (PP) compreende a fração de SNPs que
19 apresentaram os dois alelos em cada uma das populações (BRITO et al., 2017) e foi
20 igual ou superior a 92% nas 5 populações analisadas. Os valores de heterozigosidade
21 observada (H_O) foram iguais ou superiores a 0,39 e os de heterozigosidade esperada (H_E)
22 iguais ou superiores a 0,37. Valores que foram semelhantes aos obtidos por Wragg et al.
23 (2012), que estudaram galinhas criadas em aldeias do Chile, Quênia e Etiópia (com
24 média de $H_O = 0,31$) e superiores aos obtidos por Zhang et al. (2018) em estudo com três
25 raças de galinhas indígenas chinesas sob conservação (com média de $H_O = 0,23$ e média
26 de $H_E = 0,22$). O fato da H_O ter sido superior à H_E para todos os grupos genéticos indica
27 excesso de indivíduos heterozigotos em relação ao esperado em EHW para todas as
28 populações, ou seja, que esses grupos mantiveram parte da diversidade genética original
29 (RIZTYAN et al., 2011). No caso dos grupos genéticos nativos, esse resultado pode ser
30 devido a essas aves serem provenientes de núcleos de conservação, nos quais a

1 manutenção da variabilidade genética é priorizada (CARVALHO et al., 2020). Além
2 disso, deve-se considerar que essas aves nativas foram identificadas e resgatadas
3 recentemente (Peloco e Canela Preta em 2008 e Caneludo do Catolé em 2010) (FARIAS
4 FILHO et al., 2008). Esse material nativo é resultado da mistura de outras raças e
5 conserva parte da diversidade original, apresentando razoável nível de variabilidade.

6 Quanto às aves das linhagens comerciais, a linhagem comercial industrial Cobb®
7 500 é um duplo híbrido, resultado do cruzamento entre híbridos de duas raças puras
8 diferentes, selecionadas para propósitos distintos e complementares: machos Cornish e
9 fêmeas White Rock (ABREU et al., 2002; COBB VANTRESS BRASIL, 2021), o que
10 pode ter ocasionado no aumento da frequência dos *loci* heterozigotos.

11 Os valores médios de MAF nos grupos genéticos nativos Caneludo do Catolé e
12 Peloco (0,27) e na raça nativa Canela Preta (0,26), foram semelhantes aos obtidos por
13 Bortoluzzi et al. (2018) em estudo com raças tradicionais de galinhas holandesas e por
14 Khanyile et al. (2015) em galinhas de aldeia e sob conservação da África Austral.
15 Entretanto, os grupos genéticos Caneludo do Catolé, Peloco e Canela Preta também
16 apresentaram um maior percentual de marcadores no intervalo de MAF entre 0,01- 0,05,
17 comparado com a linhagem comercial Cobb 500®, sugerindo que a perda de alelos
18 estaria mais próxima nessas populações. Pequenas populações sob conservação
19 geralmente estão mais vulneráveis à ocorrência de deriva genética devido ao baixo
20 tamanho efetivo, de modo que os alelos que contribuem para as características
21 intrínsecas desses grupos podem ser perdidos (ZHANG et al., 2020).

22 Em pequenas criações familiares, a seleção dos reprodutores por vezes ocorre
23 devido ao porte físico ou beleza (CARVALHO et al., 2018), resultando na subutilização
24 de reprodutores e, conseqüentemente, na contribuição de poucos animais para a
25 formação das próximas gerações. Por sua vez, as populações Peloco e Caneludo do
26 Catolé são produto de efeito fundador recente, uma vez que as aves mantidas no núcleo
27 de conservação do Labeave descendem de poucos indivíduos inicialmente identificados
28 e resgatados em fazendas e criações de quintal da região Sul da Bahia e da Chapada
29 Diamantina.

1 A população do grupo genético Peloco mantida no núcleo do Labeave descende
2 de 15 aves oriundas de Uruçuca, Itacaré e Ilhéus e do município de Rio de Contas
3 (FARIAS FILHO et al., 2008). A formação do núcleo de conservação das aves Caneludo
4 do Catolé no Labeave também ocorreu a partir de apenas 15 aves recolhidas de fazendas
5 do município de Itapetinga. Posteriormente, foram identificadas aves com características
6 semelhantes nos municípios de Macarani e Itarantim, totalizando 50 indivíduos no
7 plantel.

8 O uso de gerações sobrepostas nos sistemas extensivos utilizados na avicultura
9 familiar facilitam o acasalamento entre aves aparentadas e essa prática é uma das causas
10 do aumento nos níveis de endogamia (KHANYILE et al., 2015). Entretanto, esse efeito
11 negativo não foi observado nos grupos genéticos nativos avaliados. O coeficiente de
12 endogamia com base na diferença entre o número observado e esperado de genótipos
13 homozigotos (F_{HOM}) foi negativo (-0,107 a -0,031) para todos os grupos, sugerindo que
14 o número de homozigotos é menor do que seria esperado em EHW. Os coeficientes de
15 endogamia F_{hat1} , F_{hat2} e F_{hat3} também foram baixos e apresentaram valores muito
16 semelhantes aos obtidos para F_{HOM} em cada uma das populações. Todos demonstraram
17 a existência de maior endogamia para as aves do grupo genético nativo Canela Preta e
18 menor para as aves da linhagem comercial industrial Cobb 500®. Essa menor
19 endogamia observada para as linhagens comerciais Cobb 500® e CBC muito
20 provavelmente se deve ao maior tamanho efetivo (N_e) verificados nessas populações
21 nas gerações mais recentes (Figura 5). Em estudo com aves Peloco, Caneludo do Catolé
22 e Canela Preta utilizando marcadores do tipo microssatélites, Carvalho et al. (2020)
23 obtiveram valores negativos para os índices de fixação de Wright, sugerindo uma
24 tendência na fixação de heterozigosidade e que são populações dotadas de variabilidade
25 genética.

26 Os baixos valores dos coeficientes de endogamia genômicos obtidos no presente
27 estudo indicam que as estratégias adotadas nos núcleos de conservação têm sido efetivas
28 na redução do impacto do baixo tamanho efetivo.

29 A maior proximidade entre as aves dos grupos genéticos Peloco e Caneludo do
30 Catolé, identificada por meio da ACP e do agrupamento (Figuras 2 e 3), também foi

1 verificada por Carvalho et al. (2020) em estudo com marcadores do tipo microssatélites.
2 A seleção natural pode ser um fator especialmente importante em populações de
3 galinhas criadas em sistemas extensivos, em que as principais características são os
4 baixos níveis de produção e pressões seletivas humanas ínfimas (MTILENI et al., 2010).
5 Portanto, é possível que essas aves tenham sido submetidas a pressões seletivas similares
6 ao longo do tempo, o que pode ter acarretado na seleção de determinadas características
7 (tais como rusticidade e resistência a temperaturas elevadas, presentes em ambos os
8 grupos) e, conseqüentemente, em mudanças nas frequências alélicas dos *loci* sob
9 seleção. Esse resultado também pode ser explicado pela formação desses grupos
10 genéticos, que ocorreu no estado da Bahia, de modo que essas populações podem ter
11 compartilhado fundadores.

12 A seleção para melhoria de índices produtivos que a linhagem Cobb 500® foi
13 submetida pode ser um dos motivos para a redução do número de marcadores devido ao
14 *pruning* de DL, quando comparada às outras populações. A seleção positiva contínua,
15 seja natural ou artificial, pode, indiretamente, ocasionar mudanças nas frequências dos
16 alelos, levando ao aumento nas frequências dos *loci* que codificam as características sob
17 seleção, fazendo com que *loci* adjacentes entrem em desequilíbrio de ligação (SMITH
18 & HAIGH, 1974). O DL a uma determinada distância de pares de bases pode ser
19 utilizado para reconstruir a história evolutiva das populações (HAYES et al., 2003;
20 ANDREESCU et al., 2007; WRAGG et al., 2012), e está relacionado ao tamanho efetivo
21 populacional (SVED, 1971; DEMENTIEVA et al., 2020). A redução do DL à medida
22 que se aumentam as distâncias entre os marcadores é esperada, uma vez que quanto
23 maior a distância entre os marcadores, maior é a probabilidade de ocorrência de
24 recombinação, mecanismo responsável por quebrar o DL (SVED, 1971; HAYES et al.,
25 2003). O padrão de decaimento de LD observado para os grupos genéticos nativos e as
26 linhagens Cobb 500® e CBC foram semelhantes aos observados por Khanyile et al.
27 (2015) em populações de galinhas de aldeia e sob conservação da África Austral. Essa
28 variação no DL entre as populações indica a ocorrência de diferentes histórias
29 populacionais, bem como a influência de mecanismos evolutivos distintos, tais como
30 mutações, deriva genética e seleção (KHANYILE et al., 2015).

1 Desse modo, os valores mais elevados de DL verificados para as aves da linhagem
2 comercial Cobb 500® podem ter sido ocasionados pela seleção a que essas aves foram
3 submetidas. Tanto a seleção natural quanto artificial alteram os níveis de DL entre alelos
4 situados em regiões genômicas sob seleção, ocasionando no aumento da frequência de
5 determinados haplótipos (PÉREZ O'BRIEN et al., 2014). Além disso, as aves da
6 linhagem comercial Cobb 500® apresentaram um decaimento de DL menos acentuado
7 quando comparado ao decaimento das outras populações. Em populações locais ou que
8 não foram submetidas a programas de seleção, o decaimento do DL à medida que se
9 aumenta a distância entre marcadores ocorre mais rapidamente do que em populações
10 comerciais (QANBARI, 2020), semelhante ao observado nessa pesquisa.

11 Além do par de cromossomos sexuais, o genoma da galinha é composto por
12 macrocromossomos (cromossomos 1-5, com comprimento de 50-200Mb),
13 cromossomos intermediários (cromossomos 6-10, com comprimento de 20-40Mb) e
14 microcromossomos (11-38, com comprimento de ~12Mb) (HILLIER et al. 2004). Os
15 microcromossomos apresentam taxas de recombinação muito mais elevadas que os
16 macrocromossomos (~50-100kb/cM e ~300kb/cM, respectivamente) (AERTS et al.,
17 2007; GROENEN et al., 2009), o que explica os menores valores de DL obtidos para os
18 microcromossomos no presente estudo e em outros estudos com galinhas (QANBARI
19 et al., 2010; SEO et al., 2018).

20 O DL possibilita estimar o tamanho efetivo (N_e) das populações na ausência de
21 dados genealógicos, o que é especialmente útil em populações criadas extensivamente,
22 uma vez que obter essa estimativa quando não há controle de acasalamentos e
23 informação de pedigree é um desafio (KHANYILE et al., 2015). Estimar o N_e é de
24 extrema importância para acessar a história evolutiva das populações, uma vez que
25 auxilia a identificar o nível de variabilidade, os efeitos de deriva e os padrões de seleção
26 a que essas populações foram submetidas (CHARLESWORTH, 2009). O N_e
27 geralmente é atribuído como uma das causas do DL e, na maioria das espécies
28 domésticas, tem sofrido um intenso declínio nessa medida (QANBARI, 2020). Foi
29 verificado drástico declínio do N_e nas cinco populações, que foi bastante acentuado no
30 intervalo de 500 a 100 gerações atrás (aproximadamente de 250 a 50 anos atrás). Esse

1 declínio mais acentuado coincide com o emprego de linhagens comerciais
2 especializadas na produção de carne e ovos na segunda metade do século XX (TIXIER-
3 BOICHARD et al., 2011) o que ocasionou a substituição das aves locais por essas
4 linhagens mais produtivas em todo o mundo (BORTOLUZZI et al., 2018). Esse fato
5 reduziu os efetivos dessas aves, o que explicaria a drástica redução do N_e nas populações
6 de aves nativas Caneludo do Catolé, Peloco e Canela Preta. Em contrapartida, a redução
7 mais acentuada do N_e nas linhagens comerciais de 500 a 100 gerações atrás pode estar
8 relacionada à maior intensidade de seleção empregada nesses grupos visando a obtenção
9 de melhores índices produtivos.

10 As aves nativas Caneludo do Catolé, Peloco e Canela Preta apresentaram N_e muito
11 baixos nas gerações mais recentes (34, 29 e 34, respectivamente), devido à substituição
12 desses grupos por linhagens comerciais, com melhores índices produtivos
13 (CARVALHO, 2016). Essa redução do tamanho efetivo das populações de aves nativas
14 é preocupante, uma vez que esses animais são adaptados às condições edafoclimáticas
15 das regiões em que se formaram (CARVALHO et al, 2020).

16 Desse modo, a perda dessa variabilidade genética representa a perda de
17 características inerentes a esses grupos, tais como rusticidade e adaptabilidade climática.
18 Essas características tornam essas aves essenciais para a manutenção da avicultura
19 familiar na região Nordeste do Brasil, bem como para atender às necessidades futuras,
20 tendo em vista a demanda crescente do mercado consumidor por produtos que priorizem
21 o bem-estar animal, o surgimento de novas doenças e as mudanças climáticas que o
22 planeta tem sofrido.

23 A análise de mistura demonstrou a existência de ancestrais compartilhados entre
24 as aves Peloco e Caneludo do Catolé, (Figura 7), de modo que é possível que os mesmos
25 grupos de aves tenham contribuído na formação de ambos os grupos genéticos. Carvalho
26 et al. (2020) avaliaram a influência recente de raças crioulas e linhagens comerciais
27 provenientes da Europa, Chile e Nigéria (dados do consórcio *Biochicken*) na formação
28 das aves nativas do Nordeste Brasileiro Caneludo do Catolé, Peloco e Canela Preta. Esse
29 estudo demonstrou que as aves nativas do Nordeste brasileiro possuem múltiplas origens
30 genéticas, apontando para a contribuição de aves do Chile, Portugal, Nigéria e alguns

1 grupos genéticos espanhóis, o que remete à colonização do Brasil. No presente estudo,
2 a análise de mistura demonstrou que as aves nativas e linhagens comerciais
3 compartilham ancestrais. Embora em proporções bastante distintas, a presença dos 7
4 ancestrais nas 5 populações pode estar relacionada à contribuição europeia na formação
5 dos grupos nativos brasileiros, uma vez que a raça Cornish (uma das duas raças
6 formadoras da linhagem Cobb 500®) tem origem na Inglaterra e a linhagem Redbro, da
7 qual se originou a linhagem Caboclo (CBC), é oriunda da França.

8 A maior heterogeneidade nas proporções de ancestrais identificada para as
9 populações nativas pode ser explicada pela origem desses grupos, que se deu a partir da
10 criação extensiva, em que aves de várias raças eram criadas soltas e sem controle de
11 acasalamentos. As aves da linhagem comercial Cobb 500® mostraram-se mais
12 homogêneas, o que demonstra a contribuição predominante do ancestral 7 na formação
13 dessa linhagem. Esses resultados são condizentes com o fato de que essas aves foram
14 formadas a partir do cruzamento das raças puras Cornish e White Rock (COBB
15 VANTRESS BRASIL, 2021). Quando comparadas aos demais grupos genéticos
16 nativos, as aves Canela Preta mostraram-se mais homogêneas. Essa maior
17 homogeneidade pode se dever ao fato de que os produtores da raça Canela Preta são
18 recomendados a evitar acasalamento com aves de outros grupos genéticos.

19 Embora as aves Caneludo do Catolé e Peloco utilizadas no estudo sejam
20 provenientes do núcleo de conservação do Laboratório Experimental de Avicultura da
21 Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia em Itapetinga, esses plantéis são oriundos
22 de pequenas criações particulares, em que as aves são mantidas soltas juntamente com
23 aves de outros grupos.

24 A predominância de diferentes ancestrais em cada uma das populações corroboram
25 os achados de Carvalho et al. (2020), que verificaram que as aves Caneludo do Catolé,
26 Peloco e Canela Preta apresentam ancestrais comuns, porém, com diferentes percentuais
27 de contribuição em cada grupo genético. Esses achados demonstram que as aves nativas
28 Caneludo do Catolé, Peloco e Canela Preta são dotadas de combinações alélicas únicas,
29 caracterizando-se como importantes recursos genéticos, o que reforça a necessidade de
30 conservação desses grupos, os quais podem ser importantes para a segurança alimentar.

1 E tendo em vista que a conservação desses grupos é implementada em pequenas
2 populações, é necessário que sejam monitoradas em intervalos de tempo, no intuito de
3 avaliar se as estratégias de conservação adotadas para manutenção da diversidade
4 genética nos núcleos estão sendo eficientes (ZHANG et al., 2018; ZHANG et al., 2020).

6 **7.5 Conclusão**

7
8 Existe variabilidade genética e baixos níveis de endogamia para todos os grupos
9 genéticos nativos analisados apesar do baixo tamanho efetivo. As aves nativas são mais
10 semelhantes entre si e diferem grandemente das raças comerciais. Entre as nativas,
11 Caneludo do Catolé e Peloco são mais próximas e divergem da Canela Preta. Por meio
12 da análise de mistura foi possível identificar que embora compartilhem ancestrais, as
13 aves nativas são dotadas de combinações alélicas únicas, demonstrando a importância
14 desses recursos genéticos.

1 Referências Bibliográficas

- 2 AERTS, J.; MEGENS, H. J.; VEENENDAAL, T.; OVCHARENKO, I.;
3 CROOIJMANS, R.; GORDON, L.; STUBBS, L.; GROENEN, M. Extent of linkage
4 disequilibrium in chicken. **Cytogenet Genome Research**, v.117, p.338- 345, 2007.
5
- 6 ALEXANDER, D. H.; NOVEMBRE, J.; LANGE, K. Fast model-based estimation of
7 ancestry in unrelated individuals. **Genome Research**, v.19, p.1655-1664, 2009.
8
- 9 ALEXANDER, D. H.; LANGE, K. Enhancements to the ADMIXTURE algorithm for
10 individual ancestry estimation. **BMC Bioinformatics**, 12, n.246, 2011.
11
- 12 ALMEIDA, E. C. J.; CARNEIRO, P. L. S.; NUNES, L. A.; PEREIRA, A. H. R.;
13 FARIAS FILHO, R. V.; MALHADO, C. H. M.; BITTENCOURT, T. C. B. S. C.
14 Características físicas de ovos de galinhas nativas comparadas a linhagem de postura.
15 **Archivos de Zootecnia**, v.68, p. 82-87, 2019.
16
- 17 ALMEIDA, E. C. J. **Caracterização Fenotípica e Produtiva de Galinhas e Patos**
18 **no Estado da Bahia**. 2016. Tese (Doutorado em Zootecnia) - Universidade Federal da
19 Bahia, Bahia.
20
- 21 ANDREESCU, C.; AVENDANO, S.; BROWN, S. R.; HASSEN, A.; LAMONT, S. J.;
22 DEKKERS, J. C. Linkage disequilibrium in related breeding lines of chickens.
23 **Genetics**, v.177, p.2161-2169, 2007.
24
- 25 BALLANTYNE, M.; WOODCOCK, M.; DODDAMANI, D.; HU, T.; TAYLOR, L.;
26 HAWKEN, R.; MCGREW, M. J. Single generation allele introgression into pure
27 chicken breeds using Sire Dam Surrogate (SDS) mating. **Nature Communications**, v.
28 12, n.659, 2021.
29
- 30 BALLANTYNE, M.; DODDAMANI, D; MCGREW, M. in **Advances in poultry**
31 **genetics and genomics**. Eds. AGGREY, S.; ZHOU, H.; TIXIER-BOICHARD, M.
32 RHOADS, D. Burleigh Dodds Science Publishing, 2020.
33
- 34 BORTOLUZZI, C.; CROOIJMANS, R. P. M. A.; BOSSE, M.; HIEMSTRA, S. P;
35 GROENEN, M. A. M.; MEGENS, H. –J. The effects of recent changes in breeding
36 preferences on maintaining traditional Dutch chicken genomic diversity. **Heredity**,
37 v.121, p.564-578, 2018.
38
- 39 BREKKE, C.; GROENEVELD, L. F.; MEUWISSEN, T. H. E.; SÆTHER, N.;
40 WEIGEND, S.; BERG, P. Assessing the genetic diversity conserved in the Norwegian
41 live poultry genebank. **Acta Agriculturae Scandinavica, Section A - Animal Science**,
42 v.69, n.1-2, p.68-80, 2020.
43

- 1 CARVALHO, D.A.; BONAFÉ, C.M.; ALMEIDA, M.J.O.; RODRIGUEZ-
2 RODRIGUEZ, M.P.; SARMENTO, J.L.R.; SILVA, M.A.; OLIVEIRA, M.B.; SOUSA,
3 P.R.; CARVALHO, A.A. Padrão racial fenotípico de galinhas brasileiras da raça
4 Canela-Preta. **Archivos de Zootecnia**, v.66, p.195-202, 2017.
5
- 6 CARVALHO, D. A.; BONAFÉ, C. M.; RODRIGUEZ-RODRIGUEZ, M. D. P.;
7 ALMEIDA, M. J. O.; SARMENTO, J. L. R.; BRITTO, F. B.; SILVA, M.
8 A..Variabilidade genética de 12 loci de microssatélites em galinhas crioulas Canela-
9 Preta. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.70, n.4, 1275-1281,
10 2018.
11
- 12 CARVALHO, D. A.; BONAFÉ, C. M.; RODRIGUEZ-RODRIGUEZ, M. D. P.;
13 ALMEIDA, M. J. DE O.; SARMENTO, J. L. R.; BRITTO, F. B.; ALMEIDA E SILVA,
14 M. Caracterização genética e estrutura populacional de galinhas crioulas Canela-Preta.
15 **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.51, n.11, p.1899-1906, 2016.
16
- 17 CARVALHO, D. A; MARTÍNES, A. M.; CAROLINO, I.; BARROS, M. C.;
18 VALLEJO, M. E. C.; SANTOS-SILVA, F.; ALMEIDA, M. J. O.; CAROLINO, N.;
19 BERMEJO, J. V. D.; SARMENTO, J. L. R. 2020. Diversity and Genetic Relationship
20 of Free-Range Chickens from the Northeast Region of Brazil. **Animals**, v.10, n.1857,
21 2020.
22
- 23 CASTILLO, A.; GARIGLIO, M.; FRANZONI, A.; SOGLIA, D.; SARTORE, S.;
24 BUCCIONI, A.; MANNELLI, F.; CASSANDRO, M.; CENDRON, F.; CASTELLINI,
25 C.; MANCINELLI, A.C.; IAFFALDANO, N.; IORIO, M.D.; MARZONI, M.;
26 SALVUCCI, S.; CEROLINI, S.; ZANIBONI, L.; SCHIAVONE, A. Overview of Native
27 Chicken Breeds in Italy: Conservation Status and Rearing Systems in Use. **Animals**, v.11,
28 n.490, p. 1-21, 2021.
29
- 30 CEDRAZ, H.; GROMBONI, J. G. G.; GARCIA JUNIOR, A. A. P.; FARIAS FILHO,
31 R. V.; SOUZA, T. M.; OLIVEIRA, E. R.; OLIVEIRA, E. B.; NASCIMENTO, C. S.;
32 MENEGHETTI, C.; WENCESLAU, A. A. Heat stress induces expression of HSP
33 genes in genetically divergent chickens. **PLoS ONE**, v.12, n.10, p. 1-15, 2017.
34 BRITO, L. F.; KIJAS, J. W.; VENTURA, R. V.; SARGOLZAEI, M.; PORTO-NETO,
35 L. R.; CÁNOVAS, A.; FENG, Z.; JAFARIKIA, M.; SCHENKEL, F. S. Genetic
36 diversity and signatures of selection in various goat breeds revealed by genome-wide
37 SNP markers. **BMC Genomics**, v.18, n.229, p.1-20, 2017.
38
- 39 CHARLESWORTH, B. Effective population size and patterns of molecular evolution
40 and variation. **Nature Reviews Genetics**, v.10, n.3, 195-205, 2009.
41
- 42 COBB VANTRESS BRASIL. A empresa. Disponível em:
43 <https://redcombgenetics.co.nz/cobb-vantress/>. Acesso em: 17 de junho de 2021.
44
- 45 CORBIN, L. J.; LIU, A. Y. H.; BISHOP, S.C.; WOOLLIAMS, J. A. Estimation of

- 1 historical effective population size using linkage disequilibria with marker data. **Journal**
2 **of Animal Breeding and Genetics**, v.129, n.4, 257-270, 2012.
- 3
- 4 DANECEK, P.; AUTON, A.; ABECASIS, G.; ALBERS, C. A.; BANKS, E.;
5 DEPRISTO, M. A.; HANDSAKER, R. E.; LUNTER, G.; MARTH, G. T.; SHERRY,
6 S. T.; MCVEAN, G.; DURBIN, R. The variant call format and VCFtools.
7 **Bioinformatics**, v.27, n.15, p.2156-2158, 2011.
- 8
- 9 DELANY, M. E. Genetic variants for chick biology research: from breeds to mutants.
10 **Mechanisms of Development**, v.121, n.9, 1169-1177, 2004.
- 11
- 12 FAO. Status and trends of Animal Genetic Resources. Commission on Genetic
13 Resources for Food and Agriculture. 2019. Disponível em:
14 <http://www.fao.org/3/my867en/my867en.pdf>. Acesso em: 5 de dezembro de 2020.
- 15
- 16 FARIAS FILHO, R. V.; SILVA FILHA, O. L.; PEREIRA, K. O.; ALMEIDA, E. C. J.;
17 OLIVEIRA, R. J. F. Descrição do Agrupamento Genético Denominado Peloco (*Gallus*
18 *gallus*) nas Regiões Agrícolas do Estado da Bahia. IX Simposio Iberoamericano sobre
19 Conservación y Utilización de recursos Zoogenéticos. 2008.
- 20
- 21 FARIELLO, M. I.; BOITARD, S.; NAYA, H.; SANCRISTOBAL, M.; SERVIN, B.
22 Detecting Signatures of Selection Through Haplotype Differentiation Among
23 Hierarchically Structured Populations. **Genetics**, v.193, n.3, 929-941, 2013.
- 24
- 25 FIGUEIREDO, N. E. M. **Diversidade Genética e Avaliação de Crescimento da Raça**
26 **Peloco (*Gallus gallus domesticus*) Visando Sua Conservação e Utilização**. 2015, 86f.
27 Dissertação (Mestrado em Genética, Biodiversidade e Conservação), Universidade
28 Estadual do Sudoeste da Bahia, Jequié, Bahia.
- 29
- 30 GABRIEL, S. B. The Structure of Haplotype Blocks in the Human Genome. **Science**,
31 v.296, p.5576, 2225-2229, 2002.
- 32
- 33 HAUNSHI, S.; NIRANJAN, M.; SHANMUGAM, M.; PADHI, M. K.; REDDY, M.
34 R.; SUNITHA, R.; RAJKUMAR, U.; PANDA, A. K. Characterization of two Indian
35 native chicken breeds for production, egg and semen quality, and welfare traits.
36 **Poultry Science**, v.90, p.314-320, 2011.
- 37
- 38 HILL, W. G.; ROBERTSON, A. Linkage disequilibrium in finite populations.
39 **Theoretical and Applied Genetics**, v.38, n.6, 226-231, 1968.
- 40
- 41 HILLEL, J.; GROENEN, M.; TIXIER-BOICHARD, M.; KOROL, A. B.; DAVID, L.;
42 KIRZHNER, V. M. BURKE, T.; BARRE-DIRIE, A.; CROOIJMANS, R. P. M. A.;
43 ELO, K.; FELDMAN, M. W.; FREIDLIN, P. J.; MÄKI-TANILA, A.; OORTWIJN, M.;
44 THOMSON, P.; VIGNAL, A.; WIMMERS, K.; WEIGEND, S. Biodiversity of 52
45 chicken populations assessed by microsatellite typing of DNA pools. **Genetics**

1 **Selection Evolution**, v.35, n.6, p.533-557, 2003.

2
3 INTERNATIONAL CHICKEN GENOME SEQUENCING CONSORTIUM. Sequence
4 and comparative analysis of the chicken genome provide unique perspectives on
5 vertebrate evolution. **Nature**, v. 432, p.695-716, 2004.

6
7 KHANYILE, K. S.; DZOMBA, E. F.; MUCHADEYI, F. C. Population genetic
8 structure, linkage disequilibrium and effective population size of conserved and
9 extensively raised village chicken populations of Southern Africa. **Frontiers in**
10 **Genetics**, v.6, 2015.

11
12 LEWONTIN, R. C. The interaction of selection and linkage. I. General considerations;
13 Heterotic models. **Genetics**, v.49, p.49-67, 1964.

14
15 LIU, Z.; YANG, N.; YAN, Y.; LI, G.; LIU, A.; WU, G.; SUN, C. Genome-wide
16 association analysis of egg production performance in chickens across the whole laying
17 period. **BMC Genetics**, v.20, n.67, 2019.

18
19 MARCHESI, J. A. P.; ONO, R. K.; CANTÃO, M. E.; IBELLI, A. M. G.; PEIXOTO,
20 J.O.; MOREIRA, G. C. M.; GODOY, T.F.; COUTINHO, L. L.; MUNARI, D. P.;
21 LEDUR, M. C. Exploring the genetic architecture of feed efficiency traits in chickens.
22 **Scientific reports**, v.11, n.4622, p.1-12, 2021.

23
24 MASTRANGELO, S.; CENDRON, F.; SOTTILE, G.; NIERO, G.; PORTOLANO, B.;
25 BISCARINI, F.; CASSANDRO, M. Genome-Wide Analyses Identifies Known and
26 New Markers Responsible of Chicken Plumage Color. **Animals**, v.10, n.493, 2020.

27
28 MEGENS, H-J.; CROOIJMANS, R. P. M. A.; BASTIAANSEN, J. W. M.; KERSTENS,
29 H. H. D.; COSTER, A. JALVING, R.; VEREIJKEN, A.; SILVA, P.; MUIR, W. M.;
30 CHENG, H. H.; OLIVIER HANOTTE, O.; GROENEN, M. A. M. Comparison of
31 linkage disequilibrium and haplotype diversity on macro- and microchromosomes in
32 chicken. **BMC Genetics**, v.10, n. 86, 2009.

33
34 MONSON, M. S.; ANGELICA, V. G. Immunomodulatory effects of heat stress and
35 lipopolysaccharide on the bursal transcriptome in two distinct chicken lines. **BMC**
36 **Genomics**, v.19, n. 643, p.1-15, 2018.

37
38 PAIM, T. DO P.; IANELLA, P.; PAIVA, S. R.; CAETANO, A. R.; PIMENTEL, C. M.
39 M. Detection and evaluation of selection signatures in sheep. **Pesquisa Agropecuária**
40 **Brasileira**, v.53, n.5, p.527-539, 2018.

41
42 PÉREZ O'BRIEN, A. M.; MÉSZÁROS, G., UTSUNOMIYA, Y. T., SONSTEGARD,
43 T. S., GARCIA, J. F., VAN TASSELL, C. P.; CARVALHEIRO, R.; SILVA, M. V. B.;
44 SÖLKNER, J. Linkage disequilibrium levels in *Bos indicus* and *Bos taurus* cattle using
45 medium and high density SNP chip data and different minor allele frequency

1 distributions. **Livestock Science**, v.166, p.121-132, 2014.

2
3 PURCELL, S.; NEALE, B.; TODD-BROWN, K.; THOMAS, L.; FERREIRA, M. A.;
4 BENDER, D. PLINK: a tool set for whole-genome association and population-based
5 linkage analyses. **The American Journal of Human Genetics**, v.81, p.559-575, 2007.

6
7 QANBARI, S. On the Extent of Linkage Disequilibrium in the Genome of Farm
8 Animals. **Frontiers in Genetics**, v.10, n.1304, 2020.

9
10 QANBARI, S.; HANSEN, M.; WEIGEND, S.; PREISINGER, R.; SIMIANER, H.
11 Linkage disequilibrium reveals different demographic history in egg laying chickens.
12 **BMC Genetics**, v.11, n.103, 2010.

13 QIN, Z. S.; NIU, T.; LIU, J. S. Partition-Ligation-Expectation-Maximization Algorithm
14 for Haplotype Inference with Single-Nucleotide Polymorphisms. **The American**
15 **Journal of Human Genetics**, v.71, n.5, p.1242-1247, 2002.

16
17 REXROAD, C.; VALLET, J.; MATUKUMALLI, L. K.; REECY, J.; BICKHART, D.;
18 BLACKBURN, H.; BOGGESS, M.; CHENG, H.; CLUTTER, A.; COCKETT, N.;
19 ERNST, C.; FULTON, J. E.; LIU, J.; LUNNEY, J.;
20 NEIBERGS, H.; PURCELL, C. SMITH, T. P. L.; SONSTEGARD, T.;
21 TAYLOR, J.; TELUGU, B.; EENENNAAM, A.; TASSEL, C.P. WELLS, K. **Frontiers**
22 **in Genetics**, v.10, 2019.

23
24 SARMENTO, J. L. R.; CARVALHO, D. A.; BORGES, L. S.; CARVALHO, A. A.;
25 EVANGELISTA, D. A.; SOUSA, P. R.; ALMEIDA, M. J. O.; VIOLA, T. H.;
26 SOBREIRA, R. S. **Galinha Caipira Da Raça Nativa Canela-Preta**. Cartilha. UFPI.
27 Embrapa Meio Norte. Teresina, 2017. 2p. Disponível em:
28 <http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/165709/1/Galinhacaipiraracanativ>
29 [a.pdf](#). Acesso em: 18 de março de 2019.

30
31 SEO, D.; LEE, D. H. CHOI, N.; SUDRAJAD, P.; LEE, S-H.; LEE, J-H. Estimation of
32 linkage disequilibrium and analysis of genetic diversity in Korean chicken lines. **PLoS**
33 **ONE**, v.13, n.2, 2018.

34
35 SVED, J. A. Linkage disequilibrium and homozygosity of chromosome segments in
36 finite populations. **Theoretical Population Biology**, v.2, p. 125-141, 1971.

37
38 PURCELL, S.; NEALE, B.; TODD-BROWN, K.; THOMAS, L.; FERREIRA, M. A.
39 R.; DAVID BENDER; MALLER, J.; SKLAR, P.; BAKKER, P. I. W.; DALY, M. J.;
40 SHAM, P. C. PLINK: A Tool Set for Whole-Genome Association and Population-Based
41 Linkage Analyses. **The American Journal of Human Genetics**, v.81, n.3, p. 559-575,
42 2007.

43
44 RIZTYAN, K. T.; SHIMOGIRI, T.; KAWABE, K.; OKAMOTO, S. Genetic diversity
45 and population structure of Indonesian native chickens based on single nucleotide

1 polymorphism markers. **Poultry Science**, v.90, n.11, p.2471-2478, 2011.

2
3 SCHEET, P.; STEPHENS, M. A fast and flexible statistical model for large-scale
4 population genotype data: applications to inferring missing genotypes and haplotypic
5 phase. **The American Journal of Human Genetics**, v.78, p.629-644, 2006.

6
7 SMITH, J. M.; HAIGH, J. The hitch-hiking effect of a favourable gene. **Genetics
8 Research**, v.23, 23-35, 1974.

9
10 STOREY, J. D.; TIBSHIRANI, R. Statistical significance for genomewide studies.
11 **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**,
12 v.100, p.9440-9445, 2003.

13
14 VANRADEN, P. M. Efficient Methods to Compute Genomic Predictions. **Journal of
15 Dairy Science**, v.91, n.11, 4414-4423, 2008.

16
17 RISCHKOWSKY, B.; PILLING, D. The State of the World's Animal Genetic
18 Resources for Food and Agriculture. In Food & Agriculture Org. FAO Document:
19 Rome, Italy, 2007.

20
21 WAPLES, R. K.; LARSON, W. A.; WAPLES, R. S. Estimating contemporary effective
22 population size in non-model species using linkage disequilibrium across thousands of
23 loci. **Heredity (Edinb)**, n.117, p.233-240, 2016.

24
25 WEIR, B. S.; COCKERHAM, C. C. Estimating F-Statistics for the Analysis of
26 Population Structure. **Evolution**, v.38, n.6, 1358-1370, 1984.

27
28 WRAGG, D.; MWACHARO, J.; ALCALDE, J.; HOCKING, P.; HANOTTE, O.
29 Analysis of genome-wide structure, diversity and fine mapping of Mendelian traits in
30 traditional and village chickens. **Heredity**, v.109, p.6-18, 2012.

31 ZHANG, M.; HAN, W.; TANG, H.; LI, G.; ZHANG, M.; XU, R.; LIU, I.; YANG, T.;
32 LI, W.; ZOU, J.; WU, K. Genomic diversity dynamics in conserved chicken populations
33 are revealed by genome-wide SNPs. **BMC Genomics**, v.19, n. 598, 2018.

34
35 ZHANG, M.; LIU, Y.; WANG, S.; ZHANG, H.; SUN, M.; WANG, J.; WU, K.
36 Conservation of genomic diversity and breed-specific characteristics of domestic
37 chickens in China. **Authorea**, 2020.

38
39
40
41
42
43
44
45

8. Considerações Finais

Realizou-se uma análise abrangente, que contemplou aspectos produtivos, fenotípicos e genômicos das aves nativas Caneludo do Catolé, Canela Preta e Peloco em comparação às linhagens comerciais Cobb 500® e CBC. Os resultados aqui apresentados reforçam achados anteriores e fornecem informações inéditas a respeito do potencial produtivo e da demografia dessas populações, que auxiliarão no estabelecimento de estratégias de conservação e uso sustentável desses importantes recursos genéticos.

Além da importância histórica e cultural, as aves nativas do Nordeste brasileiro são dotadas de características como rusticidade e resistência a altas temperaturas. Essas características são altamente desejáveis, tendo em vista a busca dos consumidores por produtos oriundos de uma criação que priorize o bem-estar animal, as mudanças climáticas que o planeta tem sofrido, além de favorecerem a criação dessas aves em sistemas alternativos, compatíveis à realidade das pequenas criações familiares brasileiras.

Tendo em vista a importância desses grupos genéticos nativos para a segurança alimentar e também para atender às necessidades futuras, ressalta-se a necessidade de apoio financeiro aos núcleos de conservação, a fim de permitir a sua ampliação, monitoramento da variabilidade genética, coleta de dados genotípicos e fenotípicos, bem como a implementação das anotações de pedigree, que podem fomentar ações de uso sustentável dos recursos genéticos. Além disso, estudos adicionais visando identificar regiões genômicas sujeitas à seleção fornecerão informações mais detalhadas a respeito da história evolutiva e do potencial dessas aves para a produção avícola.

