

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA - UNESP

CÂMPUS DE JABOTICABAL

**ANÁLISE DA ESTRUTURA POPULACIONAL E DA
ENDOGAMIA NA RAÇA CARACU INTEGRANDO DADOS
GENEALÓGICOS E GENÔMICOS: COMPARAÇÃO ENTRE A
POPULAÇÃO GERAL E UMA SUBPOPULAÇÃO
SELECIONADA PARA PESO CORPORAL**

Gustavo Henrique Carvalho Borges

Médico Veterinário

**D
I
S
S.**

/

**B
O
R
G
E
S**

**G.
H.
C.**

**2
0
2
6**

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**ANÁLISE DA ESTRUTURA POPULACIONAL E DA
ENDOGAMIA NA RAÇA CARACU INTEGRANDO DADOS
GENEALÓGICOS E GENÔMICOS: COMPARAÇÃO ENTRE A
POPULAÇÃO GERAL E UMA SUBPOPULAÇÃO
SELECIONADA PARA PESO CORPORAL**

Discente: Gustavo Henrique Carvalho Borges

Orientadora: Profa. Dra. Lenira El Faro Zadra

Coorientadora: Profa. Dra. Eula Regina Carrara

Coorientadora: Profa. Dra. Sirlene Fernandes Lázaro

**Dissertação apresentada à Faculdade de Ciências Agrárias
e Veterinárias – UNESP, Câmpus de Jaboticabal, como parte
das exigências para obtenção do título de Mestre em Ciência
Animal.**

B732a

Borges, Gustavo Henrique Carvalho

Análise da estrutura populacional e da endogamia na raça Caracu integrando dados genealógicos e genômicos: comparação entre a população geral e uma subpopulação selecionada para peso corporal / Gustavo Henrique Carvalho Borges. -- Jaboticabal, 2026
107 p. : tabs., fotos

Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista (UNESP),
Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal
Orientadora: Lenira El Faro Zadra

1. Estrutura Populacional. 2. Genética de Populações. 3. Raça Caracu. 4. Bovinocultura. 5. Conservação Genética. I. Título.

Impacto potencial desta pesquisa

Esta dissertação contribui para ampliar o conhecimento sobre a diversidade genética e a estrutura populacional da raça bovina Caracu, uma raça de importância histórica e produtiva para a pecuária brasileira. Ao investigar os efeitos da seleção para peso corporal e os níveis de endogamia na população, o estudo gera informações científicas que podem apoiar futuras pesquisas em melhoramento genético animal e conservação de recursos genéticos. Além da contribuição científica, os resultados podem auxiliar criadores, associações de raça e instituições de pesquisa na definição de estratégias de manejo genético que favoreçam o progresso genético sem comprometer a diversidade genética da população. A longo prazo, esse conhecimento pode contribuir para o fortalecimento da pecuária e para a manutenção de populações bovinas adaptadas às condições de produção no Brasil.

Potencial impacto f this research

This dissertation contributes to expanding knowledge about the genetic diversity and population structure of the Caracu cattle breed, a breed of historical and productive importance for Brazilian livestock production. By investigating the effects of selection for body weight and the levels of inbreeding within the population, the study generates scientific information that may support future research in animal breeding and the conservation of genetic resources. In addition to its scientific contribution, the results may also provide useful information for breeders, breed associations, and research institutions to support genetic management strategies that promote genetic progress while maintaining genetic diversity. In the long term, this knowledge may contribute to strengthening livestock production and maintaining cattle populations adapted to Brazilian production conditions.

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO DA DISSERTAÇÃO: ANÁLISE DA ESTRUTURA POPULACIONAL E DA ENDOGAMIA NA RAÇA CARACU INTEGRANDO DADOS GENEALÓGICOS E GENÔMICOS: COMPARAÇÃO ENTRE A POPULAÇÃO GERAL E UMA SUBPOPULAÇÃO SELECIONADA PARA PESO CORPORAL

AUTOR: GUSTAVO HENRIQUE CARVALHO BORGES

ORIENTADOR: LENIRA EL FARO ZADRACORIENTADORA: SIRLENE FERNANDES LÁZARO

COORIENTADORA: EULA REGINA CARRARA

Aprovado como parte das exigências para obtenção do Título de Mestre em Ciência Animal, área: Genética e Melhoramento Animal pela Comissão Examinadora:

Documento assinado digitalmente
 **LENIRA EL FARO ZADRA**
Data: 27/02/2026 13:48:59-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Pesquisadora Dra. LENIRA EL FARO ZADRA (Participação Presencial)
Instituto de Zootecnia / Sertãozinho/SP

ASSINADO DIGITALMENTE
MARIO LUIZ SANTANA JUNIOR
A conformidade com a assinatura pode ser verificada em:
<http://serpro.gov.br/assinador-digital>


Prof. Dr. MÁRIO LUIZ SANTANA JÚNIOR (Participação Virtual)
Departamento de Zootecnia / Universidade Federal de Rondonópolis (UFR) - Rondonópolis/MT

Documento assinado digitalmente
 **DANISIO PRADO MUNARI**
Data: 27/02/2026 10:50:41-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Prof. Dr. DANISIO PRADO MUNARI (Participação Presencial)
Departamento de Ciências Exatas / FCAV UNESP Jaboticabal

Jaboticabal, 25 de fevereiro de 2026.

DADOS CURRICULARES DO AUTOR

Gustavo Henrique Carvalho Borges, nasceu em 26 de setembro de 2000, em Nossa Senhora das Graças, PR, é filho de Ildete Carvalho da Silva e Eliziel Borges da Silva. Em fevereiro de 2019, iniciou o curso de Bacharelado em Medicina Veterinária pelo Centro Universitário do Ingá – UNINGÁ, em Maringá, PR. Durante a graduação, realizou estágio curricular obrigatório na Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária em Gado de Leite (EMBRAPA), em Juiz de Fora - MG, obtendo o título de Bacharel em Medicina Veterinária no ano de 2023, com orientação do Prof. Dr. Isaac Romani. Desde março de 2024, vem realizando o curso de pós-graduação, modalidade Mestrado em Ciência Animal, pela Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias (UNESP/FCAV), em Jaboticabal, São Paulo, Brasil, com orientação da Prof^a. Dr^a Lenira El Faro Zadra.

EPIGRAFE

“Nossos passos vêm de longe.”
(Conceição Evaristo)

“Quem divide o que tem é que vive para sempre.”
(Emicida)

“É preciso acreditar no futuro, se não a gente sucumbe.”
(Conceição Evaristo)

“Não fui eu que lhe ordenei? Seja forte e corajoso!”
(Josué 1:9)

DEDICATÓRIA

Àqueles que vieram antes de mim, cuja história tornou possível este caminho, e àqueles que ainda hão de vir.

AGRADECIMENTOS

A Deus, por me dar forças nos dias difíceis e mostrar que nunca estive sozinho.

Aos meus pais, por todo o amor, apoio, atenção e incentivo. Saber que tenho um lugar para sempre voltar, repleto de amor, felicidade e cumplicidade, me dá forças para continuar.

Ao meu irmão e às minhas sobrinhas, que sonham comigo e acreditam em mim. Vocês são um dos motivos que me fazem querer ir sempre um pouco mais além.

À minha família, avós, tios, tias, primos e primas, que sempre me apoiaram.

Aos meus amigos, que sempre ouviram minhas lamentações e me aconselharam em todos os momentos. Em especial, à Júlia, Gustavo, Suelen, Luiz, Emili, Camila, Tainara, Karolini, Viviane, Mayne e Karine. Estendo meu agradecimento à República Xic Nu Último, que me acolheu como uma família em Jaboticabal.

À minha orientadora, Profa. Dra. Lenira, pela orientação, paciência, confiança e ensinamentos.

Às minhas coorientadoras, Dra. Eula e Dra. Sirlene, pelos ensinamentos, apoio, paciência e carinho.

Ao Prof. Dr. Mário, por me ensinar, com muita paciência e didática, as análises, bem como por me auxiliar na escrita. Agradeço também por ter participado da minha banca de defesa contribuindo para o enriquecimento deste trabalho

Ao Prof. Dr. Danísio Prado Munari, por ter aceitado participar da minha banca de defesa, pelo apoio, atenção, ajuda e sugestões que contribuíram para o enriquecimento deste trabalho.

Ao Instituto de Zootecnia e ao Centro Avançado de Pesquisa de Bovinos de Corte, em Sertãozinho, São Paulo, em especial aos funcionários e alunos, por me ensinarem, apoiarem e acolherem com tanto afeto.

À Universidade Estadual Paulista – UNESP e ao Programa de Pós-graduação em Ciência Animal, pela oportunidade, em especial aos professores com quem tive a chance de aprender e me tornar um profissional e uma pessoa melhor.

Ao meu orientador de graduação, Prof. Dr. Isaac Romani, por ter me apresentado ao Melhoramento Genético e me dado a primeira oportunidade de contato com a pesquisa. Agradeço também por todo o apoio, empatia e amizade.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES, Código de Financiamento 001), pela concessão da bolsa.

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001.

A todos vocês, muito obrigado!

SUMÁRIO

CAPÍTULO 1 – CONSIDERAÇÕES GERAIS.....	1
1. INTRODUÇÃO	1
2. Objetivo Geral.....	2
2.1 Objetivos Específicos	2
3. REVISÃO DE LITERATURA.....	3
3.1 Raça Caracu.....	3
3.2 Análise Genealógica	7
3.3 Análise Genômica.....	9
4. CONCLUSÃO	12
5. REFERÊNCIAS.....	14
CAPÍTULO 2 - Dinâmica da Estrutura Populacional, da Endogamia e da Diversidade Genética em Bovinos Caracu: comparação entre a população geral e uma subpopulação fechada	18
RESUMO.....	18
1. Introdução.....	18
2. Material e Métodos	21
2.1 Animais e coleta de dados.....	21
2.2 Análise do pedigree	21
2.2.1 Gerações equivalentes.....	22
2.2.2 Intervalo de geração	22
2.2.3 Parâmetros de endogamia, coancestralidade e acasalamento não aleatórios.....	23
2.2.4 Tamanho efetivo populacional	24
2.2.5 Número efetivo de fundadores, ancestrais, genomas fundadores e perda da diversidade genética.....	24
2.2.6 Rede de Parentesco	26
3. Resultados	28
4. Discussão	39
5. Conclusão	46
6. Referências.....	48
Capítulo 3- EFEITOS DA SELEÇÃO PARA PESO CORPORAL NA HOMOZIGOSIDADE E NA MANUTENÇÃO Da HETEROZIGOSIDADE EM PEQUENAS POPULAÇÕES	53
Resumo	53

1. Introdução.....	54
2. Material e Métodos	56
2.1 Animais e coleta de dados.....	56
2.2 Parâmetros para a análise das ROHs	57
2.3 Cálculo de Endogamia baseada nas ROHs	57
2.4 Parâmetros para a análise das Regiões Ricas Heterozigose (HRRs).....	58
2.5 Cálculo de Diversidade baseada nas HRRs.....	59
2.5 Anotação dos Genes	59
3. Resultados	59
4. Discussão	69
5. Conclusão.....	81
6. Referências	83
7. Material Suplementar	89

ANÁLISE DA ESTRUTURA POPULACIONAL E DA ENDOGAMIA NA RAÇA CARACU INTEGRANDO DADOS GENEALÓGICOS E GENÔMICOS: COMPARAÇÃO ENTRE A POPULAÇÃO GERAL E UMA SUBPOPULAÇÃO SELECIONADA PARA PESO CORPORAL

RESUMO – A crescente demanda por proteína animal, aliada aos desafios impostos pelas mudanças climáticas, tem reforçado a importância do uso e da conservação de raças bovinas localmente adaptadas ao ambiente tropical. Nesse contexto, a raça Caracu destaca-se por reunir características produtivas desejáveis, típicas de bovinos taurinos, associadas à elevada adaptação às condições tropicais, tornando-se um modelo estratégico para sistemas de produção extensivos, predominantes no Brasil. Entretanto, a história da raça inclui períodos de redução populacional e seleção direcionada, o que levanta preocupações quanto à manutenção da diversidade genética e ao aumento da endogamia ao longo do tempo. O presente estudo teve como objetivo avaliar a estrutura populacional, a diversidade genética e os padrões de endogamia da raça Caracu, considerando tanto a população geral quanto uma subpopulação fechada submetida à seleção para peso corporal por mais de 40 anos. Para isso, foram adotadas abordagens complementares baseadas em dados genealógicos e genômicos, permitindo uma análise integrada e comparativa entre metodologias e populações. No segundo capítulo, a diversidade genética e a estrutura populacional da raça Caracu foram avaliadas por meio de análises genealógicas, com ênfase em parâmetros de endogamia, número efetivo populacional, parâmetros de diversidade genética e rede de parentesco. A comparação entre a população geral e a subpopulação fechada evidenciou diferenças importantes na dinâmica da endogamia, refletindo o impacto das estratégias do programa de acasalamento realizado na subpopulação, que apresentou o coeficiente médio de endogamia menor (2,35%) que a população geral (2,6%), mesmo sendo um rebanho com restrições de entrada de material genético externo. A análise de rede de parentesco também evidenciou a distribuição da contribuição genética na subpopulação, ao contrário da população geral que mostrou uma formação de subgrupos externos mais intensa, sendo esse um dos fatores responsáveis pelo aumento da endogamia na população. Apesar das limitações inerentes aos dados de pedigree, os resultados forneceram informações relevantes sobre a evolução histórica da população, o risco de gargalos genéticos e a necessidade de estratégias de manejo reprodutivo para preservar a diversidade da raça, como também demonstrou a eficiência dos acasalamentos feitos na subpopulação. No terceiro capítulo, a endogamia e a diversidade foram avaliadas por meio de dados genômicos com um painel de SNP (*Bovine GGP 100k*), com foco na identificação de corridas de homozigose (ROHs) e regiões ricas em heterozigosidade (HRRs), bem como na estimativa da endogamia genômica baseada em ROHs (FROH) e da diversidade genética baseada em HRRs (DHRR). Os resultados indicaram níveis moderados de endogamia genômica, com predominância de ROHs curtas, sugerindo que grande parte da homozigose observada está associada a eventos ancestrais, e não exclusivamente à endogamia recente. A classe de ROHs mais frequente foi a de 2–4 Mb de comprimento, e foram identificadas ilhas de ROHs compartilhadas, incluindo uma região expressiva no cromossomo 20, contendo genes previamente associados à adaptação ao ambiente tropical. As HRRs

foram detectadas em todos os cromossomos, evidenciando a manutenção de regiões genômicas com elevada heterozigosidade, possivelmente associadas à seleção balanceadora e à vantagem do heterozigoto. Embora nenhuma ilha de HRR tenha atingido o critério de frequência em mais de 50% dos animais, a maior concentração foi observada no cromossomo 14, região que abriga genes relacionados à resposta imune, fertilidade e adaptação ao estresse térmico. Esses achados reforçam que, mesmo em um rebanho fechado e sob intensa pressão de seleção para uma única característica produtiva, os animais da raça Caracu do rebanho fechado mantêm assinaturas genômicas importantes relacionadas à adaptação ambiental e à diversidade genética. De forma integrada, os resultados demonstram que a combinação entre análises genealógicas e genômicas fornece uma visão mais robusta da estrutura populacional e da diversidade genética da raça Caracu. Enquanto os dados de pedigree permitem compreender a dinâmica histórica da endogamia e orientar o manejo de acasalamento de forma mais barata e acessível, as ferramentas genômicas possibilitam a identificação direta de regiões sob seleção, a caracterização temporal da endogamia e a avaliação da heterozigosidade ao longo do genoma. Assim, este estudo contribui para o entendimento dos impactos de mais de quatro décadas de seleção sobre a homozigose e a heterozigosidade em uma raça taurina tropicalmente adaptada, fornecendo subsídios importantes para estratégias futuras que conciliem progresso genético, conservação da diversidade e adaptação às condições ambientais.

Palavras-chave: Conservação genética, diversidade genética, parentesco, pedigree, raças locais.

ANALYSIS OF POPULATION STRUCTURE AND INBREEDING IN THE CARACU BREED INTEGRATING GENEALOGICAL AND GENOMIC DATA: COMPARISON BETWEEN THE GENERAL POPULATION AND A SUBPOPULATION SELECTED FOR BODY WEIGHT

ABSTRACT – The growing demand for animal protein, combined with the challenges imposed by climate change, has reinforced the importance of using and conserving cattle breeds locally adapted to tropical environments. In this context, the Caracu breed stands out for combining desirable productive traits typical of taurine cattle with a high level of adaptation to tropical conditions, making it a strategic model for extensive production systems, which predominate in Brazil. However, the breed's history includes periods of population reduction and directional selection, raising concerns about the maintenance of genetic diversity and the increase of inbreeding over time. The objective of this study was to evaluate the population structure, genetic diversity, and inbreeding patterns of the Caracu breed, considering both the general population and a closed subpopulation subjected to selection for body weight for more than 40 years. To this end, complementary approaches based on genealogical and genomic data were adopted, allowing an integrated and comparative analysis between methodologies and populations. In the second chapter, the genetic diversity and population structure of the Caracu breed were evaluated using genealogical analyses, with emphasis on inbreeding parameters, effective population size, genetic diversity indicators, and kinship network analysis. The comparison between the general population and the closed subpopulation revealed important differences in inbreeding dynamics, reflecting the impact of the mating strategies adopted in the closed subpopulation. Despite restrictions on the introduction of new genetic material, this subpopulation presented a lower mean inbreeding coefficient (2.35%) than the general population (2.6%). Network analysis further highlighted a more homogeneous distribution of genetic contributions in the closed subpopulation, whereas the general population showed a more pronounced formation of external subgroups, which may contribute to the increase of inbreeding. Despite the inherent limitations of pedigree data, these results provided relevant information on the historical evolution of the population, the risk of genetic bottlenecks, and the need for reproductive management strategies to preserve breed diversity, as well as demonstrating the efficiency of the mating practices applied in the closed subpopulation. In the third chapter, analyses were performed using genomic data from a SNP panel (*Bovine GGP 100k*), focusing on the identification of Runs of Homozygosity (ROHs) and Heterozygosity-Rich Regions (HRRs), as well as on the estimation of genomic inbreeding based on ROHs (FROH) and genetic diversity based on HRRs (DHRR). The results indicated moderate levels of genomic inbreeding, with a predominance of short ROHs, suggesting that most of the observed homozygosity is associated with ancestral events rather than exclusively with recent inbreeding. The most frequent ROH length class was 2–4 Mb, and shared ROH islands were identified, including a prominent region on chromosome 20 containing genes previously associated with adaptation to tropical environments. HRRs were detected on all chromosomes, indicating the maintenance of genomic regions with high heterozygosity, possibly associated with balancing selection and heterozygote advantage. Although no HRR island reached the 50% frequency criterion, the highest concentration was observed on chromosome 14, a region

harboring genes related to immune response, fertility, and adaptation to thermal stress. These findings reinforce that, even in a closed herd under strong selection pressure for a single productive trait, the Caracu breed maintains important genomic signatures related to environmental adaptation and genetic diversity. Taken together, the results demonstrate that the combination of genealogical and genomic analyses provides a more robust understanding of the population structure and genetic diversity of the Caracu breed. While pedigree data allow the assessment of historical inbreeding dynamics and support cost-effective mating management, genomic tools enable the direct identification of regions under selection, the temporal characterization of inbreeding, and the evaluation of heterozygosity across the genome. Thus, this study contributes to the understanding of the impacts of more than four decades of selection on homozygosity and heterozygosity in a tropical-adapted taurine breed, providing important insights for future strategies that reconcile genetic progress, conservation of diversity, and adaptation to environmental conditions.

Keywords: Genetic conservation, genetic diversity, kinship, local breeds, pedigree.

CAPÍTULO 1 – CONSIDERAÇÕES GERAIS

1. INTRODUÇÃO

A demanda global por proteína de origem animal tem aumentado nas últimas décadas, acompanhando o crescimento populacional e as mudanças nos padrões de consumo (Henchion *et al.*, 2021). Nesse contexto, o Brasil ocupa posição de destaque, sendo um dos maiores produtores e exportadores de carne bovina do mundo. Em 2023, a produção nacional atingiu aproximadamente 11,16 milhões de toneladas, representando cerca de 16% da produção mundial (FAO, 2025). Paralelamente a esse crescimento, as mudanças climáticas impõem desafios crescentes à pecuária, afetando diretamente o desempenho produtivo, reprodutivo e adaptativo dos rebanhos, especialmente em sistemas de produção extensivos predominantes no país.

Diante desse cenário, a utilização de recursos genéticos adaptados às condições tropicais torna-se estratégica para a manutenção da produtividade e da resiliência dos sistemas pecuários. Raças bovinas localmente adaptadas concentram um conjunto de características relacionadas à tolerância ao calor, à resistência a parasitas e à capacidade de produção em ambientes adversos, atributos que podem ser decisivos frente às pressões ambientais atuais e futuras (Verardo *et al.*, 2021). Além disso, estudos recentes têm demonstrado que essas raças também podem abrigar variantes genéticas associadas a características produtivas, reprodutivas e de qualidade de carne, ampliando seu potencial de uso em programas de melhoramento (Campos *et al.*, 2017; Verardo *et al.*, 2021).

A raça Caracu destaca-se como um modelo de grande relevância. Trata-se da maior raça taurina localmente adaptada ao ambiente tropical brasileiro (Abduch *et al.*, 2022), que reúne características típicas de bovinos taurinos, como qualidade de carne (Bonilha *et al.*, 2008), aliadas à rusticidade e adaptação ao clima tropical (Abduch *et al.*, 2022), características comumente associadas a bovinos zebuínos. Diferente das raças taurinas especializadas, que frequentemente apresentam desempenho comprometido sob condições tropicais, a Caracu demonstra boa eficiência produtiva e adaptativa, tornando-se uma alternativa estratégica para a pecuária nacional.

Entretanto, a história da raça Caracu envolve eventos que podem ter impactado sua variabilidade genética, incluindo períodos de redução populacional e adoção de

programas de seleção direcionados, especialmente para peso corporal, ao longo de várias décadas (Lima *et al.*, 1992). Populações fechadas submetidas à seleção intensa podem apresentar aumento da endogamia, alterações na estrutura populacional e redistribuição da diversidade genética ao longo do genoma, com possíveis implicações para a sustentabilidade genética da raça (FAO, 2007).

Apesar de sua importância zootécnica e adaptativa, ainda são escassos os estudos que avaliam de forma integrada a diversidade genética, a endogamia e a estrutura populacional da raça Caracu, especialmente sob a perspectiva genômica. O conhecimento de como a diversidade genética se organiza em rebanhos selecionados é fundamental para compreender os efeitos de longo prazo da seleção artificial e para subsidiar estratégias que conciliem progresso genético e conservação dos recursos genéticos animais (Bem *et al.*, 2024).

Com isso, a exploração da diversidade, da estrutura populacional e da endogamia na raça se torna uma ferramenta importante, tanto para fomentar as avaliações genéticas quanto para a interpretação de resultados e manutenção da diversidade genética dentro da raça, visto que populações localmente adaptadas e com um número populacional reduzido estão mais susceptíveis a gargalos genéticos e até mesmo à extinção (FAO 2015; Verardo *et al.*, 2021).

2. OBJETIVO GERAL

Avaliar parâmetros relacionados a estrutura populacional, a diversidade genética, a homozigiosidade e a heterozigiosidade da raça Caracu, por meio de análises genealógicas e genômicas.

2.1 Objetivos Específicos

- Caracterizar a estrutura populacional da raça Caracu com base em dados genealógicos, considerando a população geral e uma subpopulação fechada submetida à seleção para peso corporal.
- Estimar e comparar os coeficientes de endogamia, o incremento individual de endogamia e o número efetivo populacional entre a população geral e a subpopulação fechada.
- Avaliar parâmetros de diversidade genética e contribuição genética dos

fundadores, identificando possíveis sinais de gargalos genéticos e núcleos de parentesco.

- Identificar e caracterizar Corridas de Homozigose (ROHs) e Regiões Ricas em Heterozigosidade (HRRs) na população analisada, avaliando número, comprimento, distribuição genômica e classes de tamanho.
- Calcular a endogamia genômica baseada em ROHs (FROH) e a diversidade genética baseada nas HRRs (DHRR), avaliando suas distribuições entre indivíduos, cromossomos e classes.
- Identificar ilhas de ROHs e HRRs compartilhadas, investigando regiões genômicas possivelmente associadas à seleção natural e artificial.

3. REVISÃO DE LITERATURA

3.1 Raça Caracu

A raça Caracu foi formada no período colonial a partir do cruzamento de raças taurinas (Algariviano, Alentejana, Minhota, Arouquesa, Barrosã e Mirandesa), trazidas pelos portugueses no início do século XVI para a capitania de São Vicente acompanhada de Anna Pimental esposa de Affonso de Souza (Lima *et al.*, 1992). Esses animais vieram principalmente da Ilha da Madeira, no Arquipélago da Madeira em Portugal e Cabo Verde, no noroeste da África, acompanhados por escravos, e foram utilizados como animais de trabalho, escambo e alimento. Com o tempo, a raça se espalhou para outras regiões do país, como Minas Gerais, Goiás, Bahia, Ceará e Piauí (Abduch, *et al.*, 2022; Lima *et al.*, 1992; McManus *et al.*, 2010).

Submetida a uma intensa pressão de seleção natural, a raça Caracu desenvolveu características adaptativas ao ambiente tropical, como pelo curto, resistência ao calor e a endoparasitas e ectoparasitas, facilidade de locomoção, cascos resistentes e ausência de prolapso umbilical (Figura 1) (McManus *et al.*, 2010; Abduch, *et al.*, 2022). Além do Caracu, outras raças foram formadas a partir da seleção natural, como a Patuás, Pantaneiro, Franqueiro, Curraleiro Pé duro, Criolo Lageano, entre outras (Lima *et al.*, 1992).



Figura 1- Exemplar mocho da raça Caracu, macho, com três anos de idade, fotografado na Fazenda Diamante, Orlândia, estado de São Paulo, Brasil.

Em 1908 houve o estabelecimento de um programa de melhoramento genético da raça Caracu pelo Instituto de Zootecnia (IZ), da Secretaria da Agricultura e Abastecimento do Estado de São Paulo, iniciado com 16 vacas e 2 touros. Em 1916, foi criado o livro de registros (*Herd Book*), e com esses incentivos, o programa de melhoramento da raça foi se estabelecendo no IZ na cidade de Nova Odessa (Lima *et al.*, 1992). O ápice da raça ocorreu em 1940, tornando-se uma das raças mais expressivas da pecuária brasileira naquele período (Trovo e Duarte, 1981; Mercadante, 2005).

No entanto, a raça quase foi extinta na década de 60 devido à alta endogamia dos rebanhos. A endogamia pode ter sido exacerbada pelo uso excessivo de animais com características desejáveis, com o intuito de promover padronização racial e aumento da produtividade, realizados sem conhecimento adequado sobre os efeitos potenciais na perda de variabilidade genética e endogamia na raça (Trovo e Duarte, 1981; Mercadante, 2005; Pereira, *et al.*, 2005; Abduch, *et al.*, 2022). Lima *et al.* (1992)

apontaram a existência de uma linhagem conhecida como Caracu Caldeano, cujos animais tem sido selecionados há décadas para aptidão leiteira e tinham uma proximidade maior de parentesco com bovinos da linhagem evolutiva Batavicus (*tronco Ibericus batavicus*). A maioria desses animais foi criado em Poços de Caldas, Minas Gerais. Em 1938 os animais começaram a ser acasalados de maneira endogâmica com o objetivo de se aperfeiçoar características fenotípicas na raça, o que levou a um grande problema de perda de diversidade e depressão endogâmica na raça, sendo que em 1959 um levantamento mostrou que a linhagem Caldeana daquele presente momento era descendente de apenas dois touros chamados Tenor e Jatobá e uma vaca chamada Tijuca (Lima *et al.*, 1992).

Em 1965 houve o fechamento do livro de registro da raça, impulsionado também pela maior procura da raça Holandesa para finalidade leiteira e das raças zebuínas para o corte. No mesmo período, as fêmeas Caracu eram utilizadas para cruzamentos triplo (*tricross*), o que fez com que não houvesse renovação progressiva dos rebanhos com animais puros da raça Caracu (Lima *et al.*, 1992). Em 1970, o IZ em Nova Odessa encerrou suas atividades com a raça, mas dada a importância da manutenção e preservação da raça, o programa foi retomado em 1976 na Divisão Avançada de Pesquisa e Desenvolvimento de Bovinos de Corte em Sertãozinho – SP (Figura 2) (Pereira *et al.*, 2005). Neste programa, os touros tem sido avaliados com base no peso ajustado para 378 dias de idade, obtido ao final de um teste de desempenho de 168 dias em confinamento (Bonilha *et al.*, 2008).



Figura 2 – Rebanho de fêmeas da raça Caracu, em diferentes idades, do programa de melhoramento genético conduzido pelo Instituto de Zootecnia, em Sertãozinho, São Paulo, Brasil.

A partir de 1980, houve um crescimento substancial no número de rebanhos da raça Caracu no Brasil, que levou, no mesmo ano, à fundação da Associação Brasileira de Criadores da Raça Caracu em Palmas, Paraná, com cerca de 12.386 animais distribuídos em 28 rebanhos naquele período (Lima *et al.*, 1992; Trovo e Duarte, 1981). Em 2022, a raça Caracu alcançou o maior rebanho efetivo entre as raças crioulas brasileiras, com um total estimado de 30.000 animais (Abduch *et al.*, 2022). Estudos sobre essa raça são essenciais para evidenciar suas qualidades e garantir sua conservação. Apesar de ser uma raça taurina (*Bos taurus taurus*), os animais Caracu demonstram excelente adaptação aos climas tropicais e subtropicais do Brasil, possuindo características de qualidade de carne típicas das raças taurinas, como maciez e deposição de gordura intramuscular, além da capacidade de se desenvolver em locais desfavoráveis, uma característica geralmente associada aos zebuínos (McManus *et al.*, 2010).

Adicionalmente, a raça Caracu possui um alto potencial para cruzamento com a raça Nelore, ou mesmo, sobre a F1 Angus x Nelore. Favero *et al.* (2019)

compararam animais puros e cruzados e observaram que os cruzamentos Caracu x Nelore apresentaram bezerros com maior peso a desmama quando comparados aos bezerros puros Nelore e maior ganho médio diário no período da seca, em comparação aos filhos de touros Braford com vacas Nelore, refletindo sua adaptação a ambientes com limitações atreladas a fisiologia e a nutrição. Dessa forma, os animais Caracu podem contribuir, significativamente, para o aumento de heterose e complementariedade entre raças nos rebanhos, por meio de cruzamentos, promovendo melhorias na produtividade, resistência e adaptabilidade das gerações subsequentes.

3.2 Análise Genealógica

A endogamia e a exogamia são temas que têm sido discutidos há muito tempo, com importantes contribuições publicadas na literatura. Charles Darwin foi um dos pioneiros a investigar os efeitos da endogamia e as estratégias evolutivas que evitam a autofecundação, o que confere uma vantagem evolutiva. Darwin observou que as proles de plantas autofecundadas eram menores, pesavam menos, floresciam mais tarde e produziam menos sementes do que as proles de plantas não autofecundadas (Doekes, Bijma, Windig, 2021; Darwin, 1968; 1976). Alfred Russel Wallace estudou uma população de coelhos na ilha do Porto e destacou que, apesar de a população ter se originado de apenas dois fundadores, os coelhos mantinham boa saúde devido à seleção natural, que eliminava indivíduos menos adaptados, um processo conhecido como 'purgação' (Hasselgren, 2019). Desde então, a quantificação da endogamia e seus efeitos têm sido um foco importante na biologia evolutiva. Com o tempo, as abordagens para compreender as causas e consequências da depressão endogâmica evoluíram significativamente, abrangendo áreas como agricultura, saúde humana, biologia evolutiva e conservação biológica (Hasselgren, 2019).

Em 1920, o geneticista Sewall Wright introduziu o conceito de coeficiente de endogamia, que expressa a probabilidade de um indivíduo apresentar alelos idênticos por descendência e ajudou a controlar a endogamia em animais domésticos e de laboratório. A formulação de Wright influenciou profundamente as discussões subsequentes sobre a depressão endogâmica (Wright, 1921; 1922).

Na década de 1940, Wright sugeriu que a estrutura populacional e a deriva

genética interagem com a endogamia e desenvolveu as estatísticas F para descrever a variação genética dentro e entre populações, acelerando a medição dos efeitos da endogamia (Hasselgren, 2019). Falconer e Mackay (1996) propuseram o nível de endogamia na geração t F_t , a equação tinha o propósito de descrever a evolução da endogamia ao longo das gerações. Posteriormente, Gutiérrez et al. (2009), com base nas abordagens previamente descritas por González et al. (2007) e Gutiérrez et al. (2008), reformularam a expressão do incremento individual de endogamia (ΔF_i) para corrigir o atraso de uma geração que ocorre em populações diploides de animais nas quais a autofecundação não é possível. A expressão ajustada é dada por:

$$\Delta F_{*i} = 1 - {}^{t_i-1}\sqrt{1 - F_i}$$

Essa modificação consiste em usar $t_i - 1$ no expoente, reconhecendo que a endogamia é atrasada em uma geração em relação a coancestria dos pais. Na autofecundação, a endogamia é gerada dentro da própria geração t_i , enquanto na ausência de autofecundação, ela depende da endogamia acumulada na geração anterior $t_i - 1$.

Além do coeficiente de endogamia e do incremento individual de endogamia outra medida muito importante que analisa o tamanho e a estrutura da população é o número efetivo populacional (N_e), ele está fortemente ligado a endogamia e é considerado uma medida de avaliação de risco de extinção pela FAO (FAO, 2007; Groeneveld *et al.*, 2010).

Inicialmente o N_e foi baseado no primeiro método proposto por González *et al.* (2007) e Gutiérrez *et al.* (2008) para o ΔF_i por meio da equação:

$$\overline{N_e} = \frac{1}{2\overline{\Delta F}}$$

No entanto, o cálculo necessitou ser corrigido para o ΔF_{*i} por Gutiérrez et al. (2009) para que o método se ajustasse ao atraso de geração, dessa forma a equação foi dada como:

$$\overline{N_{e*}} = \frac{1}{2\overline{\Delta F_{*}}}$$

Esse atraso fazia com que a estimativa original do tamanho efetivo populacional (N_e) não se aproximasse imediatamente do valor real, sendo necessário aguardar a estabilização da estimativa. No entanto, esse comportamento possui utilidade limitada em populações pecuárias com pedigree finito, nas quais estimativas mais

representativas de N_e podem ser obtidas apenas após aproximadamente cinco gerações.. A modificação garante que o cálculo do N_e^* seja preciso e útil desde as primeiras gerações analisadas.

Dessa forma medidas que elucidam a estrutura populacional de um rebanho se torna uma informação importante para o conhecimento da realidade da diversidade genética de uma população permitindo que medidas para controle de acasalamentos possam ser aplicadas nos momentos oportunos evitando prejuízos futuros de perda de diversidade genética para a uma raça ou até mesmo sua extinção.

3.3 Análise Genômica

Antes da difusão dos painéis de polimorfismos de nucleotídeo único (SNP), a análise do pedigree era a principal ferramenta para estimar os coeficientes de endogamia e de parentesco, e marcadores do tipo microssatélite eram utilizados para validar e complementar essas estimativas (Wang, 2016). Contudo, o advento dos marcadores SNP trouxe grandes avanços para os estudos sobre estrutura populacional.

Estudos recentes demonstraram que marcadores SNP podem fornecer estimativas mais precisas dos coeficientes de endogamia genômica (FG) e de parentesco genômico (rG) do que os respectivos coeficientes obtidos via pedigree (Schiavo *et al.*, 2022). Wang (2016) mostrou, através de simulações, que a utilização de um grande número de SNPs pode superar os métodos baseados apenas na informação do pedigree, especialmente em situações realistas com tamanho de genoma e população variados. Os SNPs capturam a recombinação real ao longo das gerações, enquanto o pedigree considera a probabilidade das recombinações, que podem redistribuir alelos de forma única entre os descendentes. Isso permite que os SNPs sejam utilizados para identificar regiões do genoma que são transmitidas de maneira distinta entre os indivíduos. Além disso, eles podem oferecer diferentes resoluções dependendo do tamanho do painel escolhido e podem detectar a depressão por endogamia com uma precisão superior, especialmente em espécies com genomas menores onde as expectativas dos pedigrees podem ser significativamente desviadas (Wang, 2016).

Os coeficientes de endogamia genômicos apresentam vantagens em relação

às estimativas baseadas em pedigree, as quais frequentemente são limitadas por informações incompletas, além de não considerarem o parentesco entre os indivíduos fundadores de uma população nem a estocasticidade dos eventos de recombinação ao longo das gerações (Zhao *et al.*, 2021; Schiavo *et al.*, 2022). Nesse contexto, métodos baseados na avaliação da homozigosidade *multilocus* têm sido amplamente utilizados para estimar a endogamia genômica. Entre esses métodos, destacam-se as Corridas de Homozigose (*Runs of Homozygosity* – ROHs), inicialmente descritas em humanos por Broman e Weber (1999).

As ROHs são definidas como segmentos contínuos do genoma em estado homozigoto, herdados de um ancestral comum recente ou herdado por estado, caracterizando também como regiões autozigóticas. Por refletirem diretamente a herança por descendência e captarem os efeitos cumulativos dos eventos de recombinação, as ROHs são consideradas excelentes preditores de endogamia genômica (McQuillan *et al.*, 2008) e de segmentos idênticos por descendência (IBD; Wæge *et al.*, 2025). Estudos recentes em bovinos demonstram ampla aplicação desses coeficientes, evidenciando correlações variáveis com parâmetros genealógicos, as quais refletem diferenças na estrutura populacional, intensidade de seleção e completude dos dados de pedigree (Bem *et al.*, 2024; Peripolli *et al.*, 2018). Dessa forma, os coeficientes baseados em ROHs oferecem uma abordagem mais precisa e detalhada para o estudo da endogamia, superando limitações inerentes aos métodos tradicionais baseados em pedigree (Schiavo *et al.*, 2022).

Além de permitir a estimativa da endogamia, as ROHs possibilitam a sua caracterização temporal por meio do comprimento dos segmentos em homozigose. A extensão das ROHs pode ser interpretada como um indicador do momento em que ocorreram os eventos de endogamia na população (Falchi *et al.*, 2024). ROHs mais curtas estão associadas à endogamia mais antiga, uma vez que os eventos de recombinação, ao longo de sucessivas gerações, fragmentam os segmentos longos em blocos menores. Em contrapartida, ROHs longas refletem eventos de endogamia mais recentes, nos quais houve menor tempo para que a recombinação atuasse (Falchi *et al.*, 2024; Peripolli *et al.*, 2017). Tanto a seleção natural quanto a seleção artificial podem promover o compartilhamento recorrente de ROHs entre indivíduos, indicando regiões genômicas sob influência seletiva. Entretanto, a ocorrência, a

distribuição e o tamanho das ROHs são influenciados por múltiplos fatores, como intensidade de seleção, recombinação, desequilíbrio de ligação, estrutura populacional, taxa de mutação e nível de endogamia da população (Peripolli *et al.*, 2017).

A partir das ROHs, é possível estimar a endogamia genômica por meio do coeficiente FROH, definido como a proporção do genoma coberta por ROH. Segundo a revisão de Peripolli *et al.* (2017), o FROH apresenta maior acurácia quando comparado às estimativas baseadas em pedigree, pois avalia diretamente o genoma do indivíduo, considerando a real proporção de homozigose. Em contraste, a endogamia estimada por pedigree representa apenas uma expectativa probabilística, não incorporando a variabilidade estocástica dos eventos de recombinação, nem o parentesco existente entre os indivíduos fundadores, podendo resultar em estimativas viesadas (Bem *et al.*, 2024).

Estudos conduzidos em bovinos taurinos e zebuínos demonstram que o aumento da endogamia, diretamente associado à homozigose, pode favorecer a manifestação de haplótipos letais e efeitos deletérios (Gebreyesus *et al.*, 2020; Rodrigues *et al.*, 2025). Rodrigues *et al.* (2025) relataram que o bovino da raça Nelore com maior coeficiente de endogamia apresentou cinco haplótipos letais identificados na análise. Adicionalmente, revisões sobre depressão endogâmica em bovinos indicam impactos negativos sobre características reprodutivas, produtivas, imunológicas e de longevidade (Doekes *et al.*, 2021; Gutiérrez *et al.*, 2022).

Em contrapartida às ROHs, as regiões ricas em heterozosidade (HRR) não podem ser caracterizadas como corridas, pois não apresentam continuidade ou densidade de marcadores homozigotos ao longo do genoma, não configurando regiões verdadeiras (Falchi *et al.*, 2024). As HRRs foram descritas pela primeira vez em bovinos por Williams *et al.* (2016), na raça Chillingham, estando associadas a genes relacionados a mecanismos de resistência e adaptação. A presença dessas regiões pode diminuir os efeitos deletérios da homozigose e favorecer a vantagem do heterozigoto, especialmente em genes ligados à imunidade, bem como a características produtivas e reprodutivas (Falchi *et al.*, 2024; Mulim *et al.*, 2024).

Mulim *et al.* (2024) destacam que as HRRs podem indicar regiões genômicas com alta variabilidade genética, frequentemente associadas à seleção balanceadora.

Ao analisarem animais da raça Holandesa e compararem com dados das raças Angus, Jersey e Vermelho Norueguês, os autores identificaram cinco ilhas de HRR compartilhadas entre as quatro raças, sugerindo a atuação de seleção balanceadora nessas regiões. Parte dessas ilhas foi localizada em regiões de baixo desequilíbrio de ligação, caracterizadas por altas taxas de recombinação, frequentemente próximas a regiões teloméricas. Além disso, foram identificadas ilhas contendo genes comuns entre as raças Holandesa e Jersey relacionados à imunidade e reprodução, reforçando a hipótese de vantagem do heterozigoto.

De maneira geral, estudos indicam que ROHs tendem a ser mais abundantes em populações com elevados níveis de endogamia e alta pressão de seleção, enquanto HRRs são mais frequentes em populações exogâmicas e raças locais, nas quais a intensidade de seleção é menor (Falchi *et al.*, 2024). Neste contexto, compreender como a endogamia, a homozigose e a heterozigose se estabelecem em um rebanho fechado, submetido à seleção para peso corporal por mais de quatro décadas, em uma raça taurina localmente adaptada ao ambiente tropical, torna-se fundamental. Essa abordagem permite identificar regiões genômicas associadas tanto à seleção natural, possivelmente relacionadas a características adaptativas, quanto à seleção artificial para peso corporal. Além disso, contribui para a caracterização da diversidade genética e da estrutura populacional do rebanho, fornecendo subsídios para o desenvolvimento de estratégias que conciliem progresso genético e conservação da variabilidade genética da raça.

4. CONCLUSÃO

A manutenção da diversidade genética e o monitoramento da estrutura populacional da raça Caracu configuram-se como aspectos centrais para sua preservação e seu uso sustentável em sistemas de produção adaptados ao ambiente tropical. Nesse contexto, a avaliação da endogamia e do parentesco constitui uma ferramenta indispensável para compreender a dinâmica genética de rebanhos submetidos a longos períodos de seleção e restrição na introdução de material genético.

A análise de pedigree representa uma abordagem importante para o estudo da endogamia, especialmente por seu baixo custo, ampla aplicabilidade e capacidade de

fornecer uma perspectiva histórica da população. Entretanto, sua eficiência está diretamente condicionada à profundidade e à completude dos registros de pedigree. Mesmo em situações ideais, os métodos baseados em pedigree não são capazes de estimar o parentesco real entre os indivíduos fundadores da população, nem de capturar a estocasticidade dos eventos de recombinação ao longo das gerações. Dessa forma, embora sejam ferramentas essenciais para o controle de acasalamentos e para o acompanhamento da estrutura populacional, as estimativas obtidas por meio do pedigree representam valores esperados, probabilísticos.

Em contraste, o uso de marcadores genéticos, particularmente os SNPs, permite a avaliação da endogamia a partir da informação real do genoma dos indivíduos. Entre as metodologias genômicas disponíveis, as ROHs destacam-se por fornecerem estimativas mais precisas da endogamia genômica, uma vez que refletem diretamente a herança por descendência e capturam, de forma efetiva, os eventos de recombinação acumulados ao longo do tempo. Além disso, a análise do comprimento e da distribuição das ROHs possibilita a caracterização temporal da endogamia, permitindo inferir a contribuição relativa de eventos recentes e ancestrais para a homozigose observada na população. Adicionalmente, a incorporação da análise das HRRs amplia a compreensão da arquitetura genômica das populações, possibilitando a identificação de regiões potencialmente associadas à manutenção da variabilidade genética e à atuação de mecanismos como a seleção balanceadora. Em conjunto, essas abordagens permitem não apenas a quantificação mais acurada da endogamia, mas também a identificação de regiões do genoma sob influência de processos seletivos naturais e artificiais.

Dessa forma, a integração entre análises de pedigree e genômicas, aliada ao reconhecimento das vantagens e limitações de cada abordagem, constitui uma estratégia importante para a compreensão aprofundada da estrutura populacional, da diversidade genética e dos efeitos de longos períodos de seleção na raça Caracu. Esse conhecimento é essencial para subsidiar estratégias futuras que conciliem progresso genético, conservação da variabilidade e valorização de uma raça taurina localmente adaptada às condições tropicais.

5. REFERÊNCIAS

- Abduch NG, Pires BV, Souza LL, Vicentini RR, Zadra LEF, Fragomeni BO, Silva RMO, Baldi F, Paz CCP, Stafuzza NB. 2022 Effect of thermal stress on thermoregulation, hematological and hormonal characteristics of Caracu beef cattle. **Animals** 12:3473. <https://doi.org/10.3390/ani12243473>
- Bem RD, Benfica LF, Silva DA, Carrara ER, Brito LF, Mulim HA, Borges MS, Cyrillo JNSG, Canesin RC, Bonilha SFM, Mercadante MEZ. 2024 Assessing different metrics of pedigree and genomic inbreeding and inbreeding effect on growth, fertility, and feed efficiency traits in a closed-herd Nellore cattle population. **BMC Genomics** 25:738.
- Bonilha SFM, Tedeschi LO, Packer IU, Razook AG, Alleoni GF, Nardon RF, Resende FD. 2008 Evaluation of carcass characteristics of *Bos indicus* and tropically adapted *Bos taurus* breeds selected for postweaning weight. **Journal of Animal Science** 86:1770-1780. <https://doi.org/10.2527/jas.2007-0507>
- Broman KW, Weber JL. 1999 Long homozygous chromosomal segments in reference families from the Centre d'Étude du Polymorphisme Humain. **The American Journal of Human Genetics** 65:1493-1500.
- Campos BM, Carmo AS do, Silva TBR da, Verardo LL, Gouveia JJ de S, Malhado CHM, Silva MVGB, Carneiro PLS. 2017 Identification of artificial selection signatures in Caracu breed lines selected for milk and meat production. **Livestock Science** 206:82-87.
- Darwin C 1868 The variation of animals and plants under domestication. London: John Murray, 2 v.
- Darwin CR 1876 The effects of cross and self fertilisation in the vegetable kingdom. London: John Murray.
- Doebley J 1989 Molecular evidence for a missing wild relative of maize and the introgression of its chloroplast genome into *Zea perennis*. **Evolution** 43:1555-1559.
- Doekes HP, Bijma P, Windig JJ 2021 How depressing is inbreeding? A meta-analysis of 30 years of research on the effects of inbreeding in livestock. **Genes** 12:926.
- Falchi L, Cesarani A, Criscione A, Hidalgo J, Garcia A, Mastrangelo S, Macciotta NPP 2024 Effect of genotyping density on the detection of runs of homozygosity and heterozygosity in cattle. **Journal of Animal Science** 102:skae147.
- Falconer DS, Mackay TFC 1996 Introduction to quantitative genetics. 4 ed. London: Pearson Education, 464 p.

- Favero R, Menezes GDO, Torres Jr RAA, Silva LOC, Bonin MN, Feijó GLD, Altrak G, Niwa MVG, Kazama R, Mizubuti IY, Gomes RC. 2019 Crossbreeding applied to systems of beef cattle production to improve performance traits and carcass quality. **Animal** 13:2679-2686.
- FAO 2007 **World livestock 2007: a changing landscape**. Rome: FAO, 112 p.
- FAO 2015 **The second report on the state of the world's animal genetic resources for food and agriculture**. Rome: FAO, 606 p.
- FAO (2025) FAOSTAT: **Production quantities – Meat of cattle with the bone, fresh or chilled**. Rome: Food and Agriculture Organization of the United Nations. (Last updated: June 21, 2025). FAO. Retrieved November 4, 2025, from <https://www.fao.org/faostat/en/#data/QCL/visualize>
- Gebreyesus G, Sahana G, Sørensen AC, Lund MS, Su G. 2020 Novel approach to incorporate information about recessive lethal genes increases the accuracy of genomic prediction for mortality traits. **Heredity**, v. 125, n. 3, p. 155-166.
- González-Recio O, De Maturana EL, Gutiérrez JP. 2007 Inbreeding depression on female fertility and calving ease in Spanish dairy cattle. **Journal of Dairy Science** 90:5744-5752.
- Groeneveld LF, Lenstra JA, Eding H, Toro MA, Scherf B, Pilling D, Negrini R, Finlay EK, Jianlin H, Groeneveld, Weigend S. 2010 Genetic diversity in farm animals – a review. **Animal Genetics** 41:6-31.
- Gutiérrez JP, Cervantes I, Molina A, Valera M, Goyache F. 2008 Individual increase in inbreeding allows estimating effective sizes from pedigrees. **Genetics Selection Evolution** 40:359-378.
- Gutiérrez JP, Cervantes I, Goyache F. 2009 Improving the estimation of realized effective population sizes in farm animals. **Journal of Animal Breeding and Genetics** 126:327-332.
- Gutiérrez-Reinoso MA, Aponte PM, García-Herreros M. (2022). A review of inbreeding depression in dairy cattle: current status, emerging control strategies, and future prospects. **Journal of Dairy Research**, 89(1), 3-12.
- Hasselgren M, Norén K 2019 Inbreeding in natural mammal populations: historical perspectives and future challenges. **Mammal Review** 49:369-383.
- Henchion M, Moloney AP, Hyland J, Zimmermann J, McCarthy S. (2021). Trends for meat, milk and egg consumption for the next decades and the role played by livestock systems in the global production of proteins. **Animal**, 15, 100287.
- Lima MLP, Bonilha Neto LM, Figueiredo LA de, Razook AG 1992 Os bovinos da raça Caracu. **Zootecnia** 30:1-12.

- McManus, C., Krewer, C. C., Seixas, L., Melo, C., Rolo, J. J., & Pimentel, F. (2010). **A Raça Caracu**. Universidade de Brasília (UnB).
- McQuillan R, Leutenegger AL, Abdel-Rahman R, Franklin CS, Pericic M., Barac-Lauc L, Smolej-Narancic N, Janicijevic B, Polasek O, Tenesa A, MacLeod AK, Farrington SM, Rudan P, Hayward C, Vitart V, Rudan I, Wild SH, Dunlop MG, Wright AF, Campbell H, Wilson JF. (2008). Runs of homozygosity in European populations. **The American Journal of Human Genetics**, 83(3), 359-372
- Mercadante MEZ 2005 Caracu, o Bos taurus brasileiro adaptado aos trópicos: Experiências de um programa de seleção para peso ao sobreano. **Agrociencia** 9:485-494.
- Pereira MC, Mercadante MEZ, Albuquerque LG, Razook AG. 2005. Estimativa de ganho genético a partir de diferenciais de seleção e parâmetros populacionais em um rebanho Caracu. **Revista Brasileira de Zootecnia** 34:2245-2252.
- Rebelato AB, Caetano AR. (2018). Runs of homozygosity for autozygosity estimation and genomic analysis in production animals. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 53, 975-984. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2018000900001>
- Rodrigues GRD, Cyrillo JNSG, Mota LFM, Schmidt PI, Valente JPS, Oliveira ES, Albuquerque LG, Brito LF, Mercadante MEZ. (2025). Effect of genomic regions harboring putative lethal haplotypes on reproductive performance in closed experimental selection lines of Nellore cattle. **Scientific Reports**, 15(1), 4113
- Schiavo G, Bovo S, Ribani A, Moscatelli G, Bonacini M, Prandi M, Mancin E, Mantovani R, Dall'Olio S, Fontanesi, L. (2022). Comparative analysis of inbreeding parameters and runs of homozygosity islands in 2 Italian autochthonous cattle breeds mainly raised in the Parmigiano-Reggiano cheese production region. **Journal of Dairy Science**, 105(3), 2408-2425. <https://doi.org/10.3168/jds.2021-20915>
- Trovo JBF, Duarte FAM. (1981). Levantamento de núcleos de criação de bovinos da raça Caracu no Brasil. **Zootecnia**, 19(4), 245–263.
- Verardo LL, Silva FF, Machado MA, do Carmo Panetto JC, de Lima Reis Faza DR, Otto PI, Regitano LCA, Silva LOC, Egito AA, Albuquerque MSM, Zanella R, da Silva MVGB. (2021). Genome-wide analyses reveal the genetic architecture and candidate genes of indicine, taurine, synthetic crossbreds, and locally adapted cattle in Brazil. **Frontiers in Genetics**, 12, 702822. <https://doi.org/10.3389/fgene.2021.702822>
- Waege OB, Druet T, Berg P, Meuwissen T. (2025). Properties of Runs of Homozygosity as a Measure of Identity by Descent. **Journal of Animal Breeding and Genetics**. 26. <https://doi.org/10.1111/jbg.70013>

- Wang J. (2016). Pedigrees or markers: Which are better in estimating relatedness and inbreeding coefficient?. **Theoretical population biology**, 107, 4-13. <https://doi.org/10.1016/j.tpb.2015.08.006>
- Williams JL, Hall SJ, Del Corvo M, Ballingall KT, Colli LICIA, Ajmone Marsan PAOLO, Biscarini F. (2016). Inbreeding and purging at the genomic Level: the Chillingham cattle reveal extensive, non-random SNP heterozygosity. **Animal genetics**, 47(1), 19-27.
- Wright S. (1921). Systems of mating. II. The effects of inbreeding on the genetic composition of a population. **Genetics**, 6(2), 124.
- Wright S. (1922). Coefficients of inbreeding and relationship. *The American Naturalist*, 56(645), 330–338.
- Zhao G, Liu Y, Niu Q, Zheng X, Zhang T, Wang Z, Xu L, Zhu B, Gao X, Zhang L, Gao H, Li J, Xu, L. (2021). Runs of homozygosity analysis reveals consensus homozygous regions affecting production traits in Chinese Simmental beef cattle. **BMC genomics**, 22(1), 678. <https://doi.org/10.1186/s12864-021-07992-6>

CAPÍTULO 2 - DINÂMICA DA ESTRUTURA POPULACIONAL, DA ENDOGAMIA E DA DIVERSIDADE GENÉTICA EM BOVINOS CARACU: COMPARAÇÃO ENTRE A POPULAÇÃO GERAL E UMA SUBPOPULAÇÃO FECHADA

RESUMO

Este estudo avaliou a estrutura genealógica, a endogamia e a diversidade genética da raça bovina Caracu por meio de análises de pedigree, considerando uma população geral (183.326 animais; 1900–2023) e uma subpopulação fechada, selecionada para peso corporal, mantida pelo Instituto de Zootecnia (4.892 animais; 1977–2023), em Sertãozinho, São Paulo. A população geral apresentou coeficiente médio de endogamia de 2,6%, superior ao observado na subpopulação (2,35%), com valores máximos de 44,3% e 25%, respectivamente. A subpopulação apresentou maior completude de pedigree, maior média de coancestria e menor diversidade genética, refletindo perdas acumuladas por deriva e contribuições desiguais de fundadores. A análise da rede de parentesco na população geral revelou indivíduos altamente conectados, sugerindo uso intensivo de alguns reprodutores e formação de núcleos familiares distintos, enquanto a subpopulação apresentou distribuição mais uniforme entre os indivíduos. Os resultados indicaram que tanto a população geral quanto a subpopulação sob seleção possuem baixa endogamia média, o que contribuiu para a preservação da variabilidade genética. Estes achados forneceram subsídios para estratégias de acasalamento e programas de conservação e melhoramento da raça Caracu.

1. INTRODUÇÃO

A conservação dos recursos genéticos animais é uma preocupação global frente à crescente perda observada em diversas raças e populações locais. Programas de conservação têm sido desenvolvidos com o objetivo de evitar a extinção e preservar a variabilidade genética essencial aos sistemas de produção e à conservação animal. De acordo com a Organização das Nações Unidas para a Alimentação e a Agricultura (FAO, 2021), cerca de 174 raças bovinas foram extintas, enquanto aproximadamente 22% das raças conhecidas em 2021 estavam em risco de extinção. O status de risco de 48,9% permanece desconhecido, principalmente em

razão da escassez de dados confiáveis sobre a estrutura populacional e diversidade genética das mesmas (Pezzini *et al.*, 2018; FAO, 2021).

A avaliação da estrutura populacional e controle da endogamia são alguns dos principais desafios nos programas de melhoramento genético de bovinos. A seleção intensiva, embora fundamental para o progresso genético, pode comprometer a diversidade genética dentro de uma raça. Essa prática leva ao aumento da homozigose, reduzindo o tamanho efetivo da população, favorecendo a ocorrência de gargalos genéticos e aumento da presença de alelos deletérios (Bosse *et al.*, 2019; Rebelato e Caetano, 2018). A longo prazo, tais efeitos podem impactar negativamente a adaptabilidade, a saúde reprodutiva e o desempenho produtivo dos animais, sendo particularmente preocupantes em raças locais ou rebanhos de tamanho reduzido. O manejo racional da diversidade genética, portanto, deve ser prioridade em qualquer estratégia de seleção, especialmente em raças em conservação ou com histórico de restrição populacional (Baes *et al.*, 2019).

Nesse contexto, compreender a estrutura populacional de raças locais é essencial para direcionar programas de conservação e melhoramento genético. A raça Caracu (*Bos taurus*) é considerada uma raça bovina formada por meio de diferentes cruzamentos de animais introduzidos pelos colonizadores europeus no Brasil entre os séculos XVI e XVII. Sob ambientes tropicais e subtropicais distintos foram originadas as raças autóctones brasileiras, também conhecidas como raças localmente adaptadas de origem Ibérica (Verardo *et al.*, 2021). Historicamente, a raça Caracu teve papel relevante na pecuária nacional devido à sua rusticidade, docilidade e versatilidade, sendo amplamente utilizada em tração animal, produção leiteira, produção de carne e como base para cruzamentos. O ápice da raça ocorreu nas décadas de 1940 e 1950, sendo considerada uma das mais importantes da bovinocultura brasileira naquela época (Trovo e Duarte, 1981; Mercadante, 2005).

Apesar de sua relevância zootécnica, a raça Caracu sofreu um declínio expressivo a partir da década de 1960, associado ao fechamento do livro de registros (*Herd Book*) e à introdução do Zebu no Brasil. Além disso, o uso intensivo de endocruzamentos para padronização racial, aliado ao número reduzido de reprodutores disponíveis e à ausência de políticas de controle de acasalamentos, podem ter contribuído para o aumento da endogamia nos rebanhos. Essa elevação

da homozigose e perda de diversidade genética, contribuíram para depressão endogâmica em características reprodutivas dos animais e redução do número de indivíduos da raça (Lima *et al.*, 1992; Pereira *et al.*, 2005; Abduch *et al.*, 2022).

Em resposta a esse cenário crítico, o Instituto de Zootecnia (IZ) do Estado de São Paulo implementou o programa de melhoramento genético da raça Caracu em 1976, com foco na preservação do material genético e no incremento do desempenho produtivo, contribuindo para a reestruturação da base populacional (Pereira *et al.*, 2005). Neste programa, os animais foram e são avaliados com base em um diferencial de seleção para peso aos 378 dias de idade em condições de confinamento em machos. Para as fêmeas a seleção tem sido baseada no peso aos 550 dias obtido em condições de pastagem (Bonilha *et al.*, 2008; Liori *et al.*, 2025). Além disso, medidas de carcaça, eficiência alimentar, pesos em diferentes fases de vida, medidas reprodutivas, entre outras características fazem parte das avaliações realizadas pelo IZ (Abduch *et al.*, 2022; Abduch *et al.*, 2024; Liori *et al.*, 2025; Rodrigues *et al.*, 2024).

A partir da década de 1980, observou-se crescimento no número de rebanhos da raça Caracu no Brasil, com cerca de 12.386 animais distribuídos em 28 rebanhos (Trovo e Duarte, 1981), chegando atualmente a aproximadamente 30 mil animais (Abduch *et al.*, 2022). Apesar dos avanços, ainda persistem desafios relacionados à endogamia na raça Caracu, especialmente pela limitada disponibilidade de touros em centrais de inseminação, de acordo com as informações da Associação Brasileira de Criadores da Raça Caracu (ABC CARACU, 2024). É fundamental que estratégias de manejo sejam implementadas para garantir a manutenção da diversidade genética sem comprometer os avanços obtidos em desempenho produtivo. Dessa forma, os objetivos dos programas de melhoramento genético devem levar em consideração a manutenção da diversidade genética, especialmente em raças localmente adaptadas, pois elas podem auxiliar em desafios futuros, como as mudanças climáticas.

Considerando a relevância zootécnica e histórica da raça Caracu no Brasil e a limitada informação sobre sua estrutura populacional, este trabalho teve como objetivo avaliar a estrutura populacional da raça com base em dados de pedigree, analisando a população geral e uma subpopulação fechada mantida pelo IZ. Buscando caracterizar a dinâmica da endogamia e de outros parâmetros populacionais ao longo

do tempo, visando estabelecer estratégias de acasalamento, seleção e conservação da diversidade genética da raça.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Animais e coleta de dados

Os dados foram obtidos do arquivo de pedigree da população geral de bovinos da raça Caracu, pertencentes à Associação Brasileira de Criadores da Raça Caracu (ABC CARACU) e mantidos pelo Programa Embrapa de Melhoramento Genético de Gado de Corte – Geneplus (Programa Geneplus-Embrapa), contendo 183.326 animais nascidos entre 1900 e 2023. Adicionalmente, foi analisado separadamente o arquivo de pedigree do rebanho Caracu do IZ contendo 4.892 animais nascidos entre 1977 e 2023, que também estão contidos no banco de dados pertencente a ABC CARACU.

Os rebanhos utilizados para a população geral estavam distribuídos nos estados do Acre, Amazonas, Bahia, Ceará, Distrito Federal, Espírito Santo, Goiás, Maranhão, Minas Gerais, Mato Grosso do Sul, Mato Grosso, Pará, Pernambuco, Paraná, Rio de Janeiro, Rondônia, Rio Grande do Sul, Santa Catarina, São Paulo e Tocantins, além de rebanhos localizados no Paraguai. A seleção dos animais foi direcionada, em sua maioria, para a produção de carne, embora alguns poucos rebanhos tenham sido selecionado para a produção de leite ou duplo propósito, conforme os objetivos de seleção de cada rebanho.

Na subpopulação mantida pelo IZ, mantida em uma fazenda experimental no município de Sertãozinho – São Paulo, o programa de melhoramento genético foi delineado para a produção de carne. Atualmente, a subpopulação IZ é constituída de 180 vacas e 8 touros. Metade dos touros possui 2 anos (1º monta) e a outra metade possui 3 anos (2º monta). O descarte de fêmeas é de 20% ao ano, enquanto de machos é de 50%, com reposição feita a partir dos machos selecionados na prova de ganho de peso realizada anualmente pelo IZ. Neste rebanho foram introduzidos 31 animais mochos (2 machos e 29 fêmeas), entre os anos de 2016 à 2018.

2.2 Análise do pedigree

As informações de pedigree consistiram na identificação do animal e de seus

progenitores, ano de nascimento e sexo. O controle de qualidade do arquivo de pedigree foi realizado utilizando-se o software CFC (Sargolzaei et al., 2006) para identificar e corrigir possíveis inconsistências.

O intervalo de gerações (IG), definido como a média de idade dos pais ao nascimento da progênie mantida para reprodução, foi calculado utilizando o programa RelaX2 (Strandén, 2014). Com base no IG médio calculado, foi definida a população de referência, que incluiu os animais nascidos no período correspondente ao último intervalo de geração (6.16 para a população geral e 5.12 para a subpopulação). As demais métricas foram estimadas por meio dos programas RelaX2 (Strandén, 2014) e PEDIG (Boichard, 2002), considerando, para ambas as populações, a respectiva população de referência como base das análises dos parâmetros.

2.2.1 Gerações equivalentes

Uma das maneiras de se caracterizar a profundidade das informações de um pedigree é o cálculo do número de gerações completas equivalentes (ECG), definido pela soma da proporção de ancestrais conhecidos em todas as gerações rastreadas. O ECG neste caso, foi calculado como a soma do número de $\left(\frac{1}{2}\right)^n$, onde n é o número de gerações que separam os indivíduos de cada ancestral comum conhecido. O ECG para cada indivíduo i (t_i) foi obtido por meio da equação (Maignel *et al.*, 2009):

$$t_i = \sum_{j=1}^{k_i} \left(\frac{1}{2}\right)^{n_{ij}},$$

onde k_i é número de ancestrais do animal i e n_{ij} é o número de gerações entre o animal i e seu ancestral j .

2.2.2 Intervalo de geração

Os intervalos de geração foram calculados ao longo das quatro vias gaméticas: pai para filho (l_{ss}), pai para filha (l_{sd}), mãe para filho (l_{ds}) e mãe para filha (l_{dd}). Os quatro intervalos de geração foram baseados nas datas de nascimento registradas dos animais, juntamente com as de seus pais e mães. O intervalo médio de geração ($\bar{l}$) foi calculado como:

$$\bar{l} = \frac{l_{ss} + l_{sd} + l_{ds} + l_{dd}}{4}.$$

2.2.3 Parâmetros de endogamia, coancestralidade e acasalamento não aleatórios

O coeficiente médio de endogamia (F) foi calculado por uma versão modificada do coeficiente de Wright, 1969, por Meuwissen e Luo (1992). Os incrementos individuais de endogamia (ΔF_i) foram calculados conforme descrito por Falconer e Mackay (1996) e modificado por González-Recio *et al.* (2007) e Gutiérrez *et al.* (2009):

$$\Delta F_i = 1 - \sqrt[t-1]{1 - F_i},$$

onde F_i é o coeficiente de endogamia individual e t é o número equivalente de gerações completas para este indivíduo (Maignel *et al.*, 1996; Boichard *et al.*, 1997). A expressão que relaciona a endogamia na geração t (F_t) com a taxa de endogamia (ΔF) proposta por Gutiérrez *et al.* (2009) é:

$$F_t = 1 - (1 - \Delta F)^{t-1}.$$

A endogamia também pode ser relacionada à coancestralidade média dentro de uma população, uma vez que populações com maior coancestralidade tendem a apresentar maiores probabilidades de acasalamentos entre indivíduos aparentados. Assim, o aumento da coancestralidade média está diretamente associado ao incremento esperado da endogamia nas gerações subsequentes, mesmo sob acasalamento aleatório, enquanto esquemas de acasalamento não aleatório podem intensificar essa conversão.

O grau de acasalamento não aleatório (α) foi estimado como a correlação de genes dentro dos indivíduos em relação à correlação de genes escolhidos aleatoriamente da população, conforme proposto por Caballero e Toro (2000). Esse coeficiente indica o grau de desvio em relação às proporções de Hardy–Weinberg e está relacionado aos coeficientes de endogamia e coancestralidade de acordo com Wright (1969):

$$1 - F = (1 - C)(1 - \alpha),$$

em que C é a média do coeficiente de coancestria de todos os indivíduos, que é dado por pares (Cervantes *et al.*, 2011), no qual é representado por:

$$C_{ba} = 1 - \sqrt{\frac{tb+ta}{2}} \sqrt{1 - C_{ba}}$$

onde tb e ta são o número de gerações completas equivalentes nos indivíduos a e b , e C_{ba} é o C para os indivíduos b e a . Além disso o F dos animais foi dividido em duas classes chamadas de endogamia antiga (F_{old}) e endogamia nova (F_{new}) como sugerido por Santana *et al.*, (2016). A F_{new} foi definida como o período das três gerações mais próximas dos indivíduos avaliados e a F_{old} resultou da diferença do F total subtraído pelo F_{new} :

$$F_{old} = F_{total} - F_{new}$$

2.2.4 Tamanho efetivo populacional

O tamanho efetivo populacional (N_e) foi estimado conforme proposto por Gutiérrez *et al.* (2009), com base no incremento individual do coeficiente de endogamia (ΔF_i):

$$N_e F_i = \frac{1}{2\Delta F}$$

em que $\overline{\Delta F}$ é a média do ΔF_i .

2.2.5 Número efetivo de fundadores, ancestrais, genomas fundadores e perda da diversidade genética

O número de fundadores (f_e) e ancestrais (f_a) foi obtido para avaliar a concentração da origem de ambas as populações (Geral e subpopulação). O parâmetro f_e foi definido como o número de fundadores que contribuem igualmente e que se esperaria produzir a mesma diversidade genética observada na população em estudo (Lacy, 1989). Quando os fundadores contribuem de maneira mais equitativa para a população de referência, o número efetivo de fundadores é maior. Este parâmetro foi calculado como:

$$f_e = \frac{1}{\sum_{i=1}^f q_k^2},$$

onde q_k é a probabilidade de origem genética do fundador k .

O parâmetro f_a é o número mínimo de ancestrais, que explica a diversidade genética de uma população. Este parâmetro complementa as informações fornecidas pelo número efetivo de fundadores ao contabilizar as perdas de variabilidade genética

causadas pelo uso desigual de indivíduos reprodutores que produzem gargalos genéticos. Este parâmetro foi calculado como:

$$f_a = \frac{1}{\sum_{j=1}^a q_j^2},$$

onde q_j é a contribuição marginal do ancestral j , que é a contribuição genética feita por um ancestral que não é explicada por outros ancestrais escolhidos anteriormente. O número efetivo de genoma fundador (f_g) pode ser definido como o número de fundadores que se esperaria produzir a mesma diversidade genética observada na população em estudo se os fundadores fossem igualmente representados e não houvesse perda de alelos (Ballou e Lacy, 1995). Seguindo Caballero e Toro (2000), o parâmetro f_g foi obtido pela inversa do dobro da média do parentesco dos indivíduos incluídos em uma população de referência pré-definida. O número efetivo de não-fundadores (f_n) leva em conta os efeitos da deriva genética em gerações não fundadoras. Este parâmetro foi computado pela seguinte expressão proposta por Caballero e Toro (2000):

$$\frac{1}{f_g} = \frac{1}{f_e} + \frac{1}{f_n}.$$

A diversidade genética (GD) na população referência foi calculada como (Lacy, 1989, 1995):

$$GD = 1 - \frac{1}{f_g}.$$

Em populações domésticas, gargalos e derivas genéticas ocorrem frequentemente e levam à perda de diversidade genética. A perda de diversidade genética na população desde a geração fundadora pode ser estimada por $1 - GD$. A perda de diversidade genética devido a contribuições desiguais dos fundadores foi estimada por $1 - GD^*$ (Caballero e Toro, 2000):

$$GD^* = 1 - \frac{1}{f_e}$$

em que GD^* é diversidade genética devido a contribuições desiguais dos fundadores.

A diferença entre GD e GD^* indica a perda de diversidade genética devido à deriva genética que se acumulou desde a fundação da população (Lacy, 1995). Assim,

essa diferença pode ser expressa como:

$$GD^* - GD = \frac{1}{2fn}$$

As contribuições dos ancestrais comuns nodais para a endogamia, ou seja, que formam laços de endogamia, foram calculadas de acordo com Colleau e Sargolzaei (2008). A contribuição marginal esperada de cada ancestral principal j foi calculada como sua contribuição genética esperada, independente das contribuições dos outros ancestrais (Boichard *et al.*, 1997).

2.2.6 Rede de Parentesco

A análise foi fundamentada na matriz de numeradores de parentesco, matriz A , (Henderson, 1976) da população geral e da subpopulação da raça Caracu, ambas embasadas nas populações de referência. Dessas populações, um subconjunto de animais, previamente identificados como ancestrais-chave, que explicam 50% da diversidade genética dentro da população, foram utilizados como animais referência na rede.

Para modelar a influência dos ancestrais-chave sobre a população, foi construída uma rede de grafos não-direcionada. Primeiramente, as relações de parentesco entre os ancestrais-chave e todos os indivíduos da população foram extraídas da matriz A . Uma conexão (aresta) entre um ancestral-chave e outro indivíduo foi estabelecida se o coeficiente de parentesco entre eles fosse igual ou maior que 0,0625. Esse valor corresponde a um parentesco relativamente próximo, como primos de primeiro grau ou trisavô. Relações com coeficiente de parentesco inferior tendem a ter menor impacto prático na gestão da diversidade genética e, quando representadas graficamente, contribuem para uma rede excessivamente densa e de difícil interpretação. Assim, esse limite permite balancear a relevância biológica dos vínculos de parentesco com a clareza da visualização. Adicionalmente, as relações de um indivíduo consigo mesmo foram desconsideradas.

A estrutura interna da rede foi investigada por meio de um algoritmo de detecção de comunidades. Para isso, foi utilizado o método de Louvain, proposto por Blondel *et al.* (2008), que identifica grupos de nós (famílias) que apresentam maior conexão entre si do que com o restante da rede. Dessa forma, o método permite

reconhecer subconjuntos de indivíduos mais fortemente relacionados dentro da população.. A modularidade, Q , é um valor escalar entre -1 e 1 que mede a densidade de conexões dentro das comunidades em comparação com as conexões entre as comunidades. Para redes ponderadas, o valor da modularidade foi calculado pela seguinte equação (Albert & Barabási, 2002):

$$Q = \frac{1}{2m} \sum_{ij} [A_{ij} - \frac{k_i k_j}{2m}] \delta(c_i c_j)$$

onde m apresenta o somatório dos pesos de todas as arestas na rede, A_{ij} é o peso da aresta entre os nós i e j , k_i e k_j são as somas dos pesos das arestas conectadas aos nós i e j , c_i e c_j são as comunidades as quais os nós i e j pertencem, e $\delta(c_i c_j)$ é a função delta de Kronecker.

O algoritmo de Louvain se baseia em uma abordagem hierárquica. Inicialmente, cada vértice é atribuído a uma comunidade independente. Em cada etapa, os vértices são reatribuídos às comunidades de forma local e precisa: cada vértice é movido para a comunidade com a qual atinge a maior contribuição para a modularidade. A variação da modularidade, ΔQ , ao mover um nó i para uma comunidade C é calculada de forma eficiente da seguinte forma (Barabási, Watts & Newman, 2006):

$$\Delta Q = [\frac{\Sigma_{in} + 2k_{i,in}}{2m} - (\frac{\Sigma_{tot} + k_i}{2m})^2] - [\frac{\Sigma_{in}}{2m} - (\frac{\Sigma_{tot}}{2m})^2 - (\frac{k_i}{2m})^2].$$

Nesta equação, Σ_{in} é a soma dos pesos das arestas dentro de C , Σ_{tot} é a soma dos pesos das arestas incidentes aos nós em C , k_i é a soma dos pesos das arestas incidentes ao nó i , e $k_{i,in}$ é a soma dos pesos das arestas do nó i para os nós em C . O processo para quando nenhum vértice pode ser realocado de forma a aumentar a modularidade. Posteriormente, cada comunidade é agregada em um único nó, e o processo se repete com a nova rede, buscando uma otimização hierárquica. Tais comunidades foram interpretadas como representando famílias ou linhagens genéticas estruturadas em torno dos ancestrais-chave.

A análise da rede foi conduzida com o pacote *igraph* (Blondel *et al.*, 2008) e a visualização da topologia da rede foi gerada utilizando o pacote *ggraph*, ambos do programa R. Para a disposição espacial dos nós, foi empregado o algoritmo de direcionamento de força Fruchterman-Reingold, que posiciona os nós de forma a minimizar o cruzamento de arestas e agrupar visualmente os nós mais conectados.

3. RESULTADOS

A estrutura genética e os parâmetros de endogamia da raça Caracu foram avaliados com base na análise genealógica da população geral e da subpopulação selecionada para características de crescimento. A população de referência, definida como os animais nascidos no último intervalo de geração, foi composta por 33.391 animais na população geral e 1.239 na subpopulação (Tabela 1). A profundidade média do pedigree, expressa pelo ECG, teve um valor máximo de 7,39 em 2023 para a população geral. Na subpopulação, o valor máximo foi 8,40. Embora a subpopulação tenha apresentado maiores valores de ECG, indicando maior completude genealógica, os valores não foram muito distantes da população geral. O número máximo de gerações (MAXG) para a população geral e para a subpopulação foi de 22 e 17, respectivamente, reforçando a diferença de profundidade entre os grupos, com a subpopulação apresentando um valor menor.

Os primeiros registros de nascimentos na população geral datam do início do século XX, mas somente a partir da década de 1940 foi observada uma maior frequência de indivíduos (69 em 1944; 70 em 1950). O crescimento anual foi expressivo a partir da década de 1970, alcançando valores superiores a 5.000 nascimentos anuais a partir de 1992, com máximo de 9.087 em 2002. Após esse pico, ocorreu redução gradual, com cerca de 4.000 registros anuais entre 2010 e 2015 e queda mais acentuada nos anos recentes, atingindo 2.200 em 2023. Para a subpopulação, o número de nascimentos registrados apresentou grande variação ao longo do período analisado. Entre 1977 e o início da década de 1980, o número de indivíduos por ano foi baixo (3 em 1977; 27 em 1978; 53 em 1979) comparado à população geral. A partir da década de 1990, houve incremento consistente, com valores próximos ou superiores a 100 nascimentos anuais, atingindo picos em 1996 (129), 1999 (133) e 2005 (149).

O F foi maior na população geral, sendo que dos 33.391 animais da população de referência, 24.646 (aproximadamente 74%) foram endogâmicos, tendo como valor máximo de F 44,33%. Por sua vez, na subpopulação, dos 1.239 animais na população de referência, 867 indivíduos (aproximadamente 70%), apresentaram algum nível de F, com valor máximo de 25%. Quando considerados apenas os indivíduos

endogâmicos, as médias de F foram próximas em ambos os grupos analisados (Tabela 1). A distribuição dos indivíduos por classes de endogamia mostrou que a maioria se encontrou nas classes de intervalo de endogamia com menores valores tanto na população geral (55,57%) quanto na subpopulação (62,9%). A proporção de indivíduos altamente endogâmicos foi de 3,66% na população geral, mas apenas 0,88% na subpopulação (Tabela 1).

Em relação aos parâmetros derivados da variabilidade genética, a 1-GD foi 4 vezes maior na subpopulação, assim como a $GD^* - GD$ (população geral 0,81% vs. subpopulação 4,07%). A $1-GD^*$ também foi maior na subpopulação (subpopulação 0,85 vs. população geral 0,34%), porém em uma proporção menor em relação à demais perdas de diversidade analisadas (Tabela 1).

Tabela 1. Estrutura populacional e endogamia nas populações referência de bovinos Caracu avaliadas

Parâmetros	População Geral	Subpopulação
População total	183.326	4.892
Intervalo de Geração	6,16	5,05
População referência	33.391	1.239
Número de animais endogâmicos	24.646	867
ECG	5,94	7,54
MAXG	22	17
F (%)	2,60	2,35
ΔFi (%)	0,51	0,52
F médio dos animais endogâmicos (%)	3,52	3,36
GD^*-GD (%)	0,81	4,07
$1-GD^*$ (%)	0,34	0,85
$1-GD$ (%)	1,15	4,92
$F=0$ (%)	26,19	30
$0<F\leq 5$ (%)	55,57	62,90
$5<F\leq 10$ (%)	14,58	6,21
$F>10$ (%)	3,66	0,88
F máximo (%)	44,34	25,00

ECG= gerações completas equivalentes; MAX= número máximo de gerações rastreadas; F = coeficiente médio de endogamia; ΔFi = média do incremento de endogamia; GD^*-GD = Perda de diversidade por deriva genética acumulada ao longo de gerações não fundadoras; $1-GD^*$ = perda de diversidade genética devido às contribuições desiguais dos fundadores; $1-GD$ = $\frac{1}{4}$ diversidade genética perdida nas populações desde a geração fundadora.

Os resultados dos parâmetros de C , α e os relacionados a perda diversidade

genética evidenciaram diferenças entre a população geral e a subpopulação selecionada da raça Caracu e estão apresentados na Tabela 2. A subpopulação apresentou valores mais elevados de C e maiores perdas de diversidade genética, com redução nos fe, fa e fg.

Os valores de α indicam padrões distintos de acasalamento entre os grupos. As proporções Fa/Fe e Fg/Fe, bem como o número acumulado de ancestrais necessários para explicar 25%, 50%, 75% e 95% da diversidade genética atual foram menores na subpopulação.

Tabela 2. Parentesco, acasalamento, diversidade genética e contribuições ancestrais nas populações referência de bovinos Caracu avaliadas

Parâmetros	População Geral	Subpopulação
C médio (%)	1,2	4,9
α	0,0132	-0,0268
NeFi	92,90	86,68
Ne	2.907	197
fe	146,55	58,83
fa	106,22	31,87
fg	43,60	10,17
fa/fe	0,73	0,54
fg/fe	0,30	0,17
A25%	13	4
A50%	46	11
A75%	159	23
A95%	1000	58

C= média de coancestralidade; α = grau de acasalamento não aleatório; NeFi= número efetivo populacional baseado no incremento individual de endogamia; Ne= número de fundadores; fe= número efetivo de fundadores; fa= número efetivo de ancestrais; fg= número efetivo de genomas fundadores; A25%, A50%, A75%, A95%= números de ancestrais que explicam determinada diversidade genética da população.

A tendência anual dos parâmetros F, C e α na população geral e na subpopulação selecionada da raça Caracu, entre os anos de 1990 e 2023 (Figura 1), indicam diferenças consistentes entre a população geral e a subpopulação selecionada da raça Caracu, tanto em níveis médios quanto na variação ao longo dos anos. A subpopulação apresentou a C mais elevada e valores negativos de α , ao passo que os níveis de F mantêm-se relativamente estáveis em ambas as populações.

Essa tendência foi acompanhada por um aumento irregular no C, que mede a probabilidade de dois alelos de indivíduos diferentes serem idênticos por descendência, com o valor máximo em 2010 com 15,03%. O α se manteve negativo acompanhando as oscilações do F e do C.

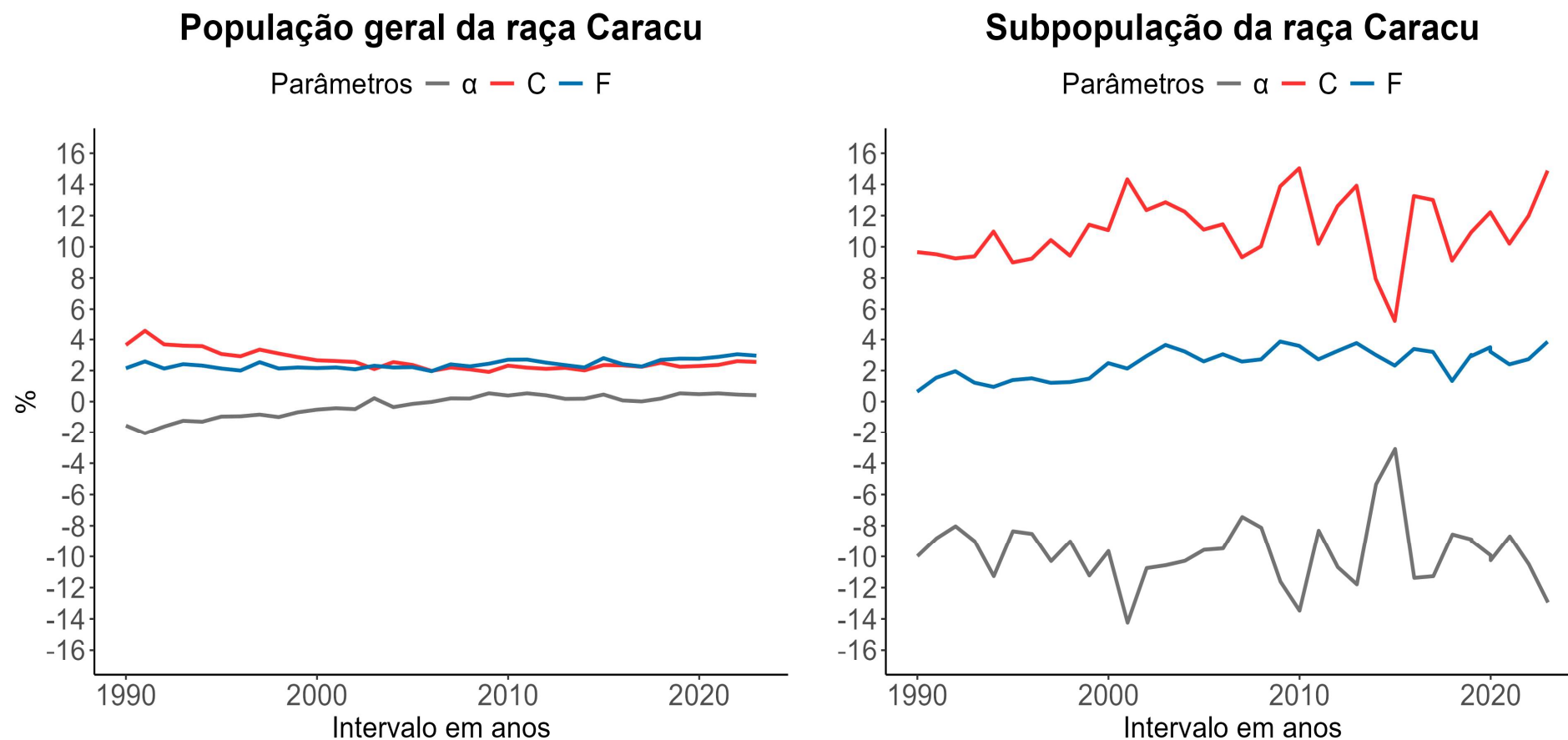


Figura 1. Média anual da endogamia (F), coeficiente de coancestria (C) e grau de acasalamento não aleatório (α), nas populações referência (geral e subpopulação) da raça Caracu avaliada, entre 1990 e 2023.

Na Figura 2 foi detalhada a composição da endogamia total em cada grupo, discriminando as contribuições genéticas para a F de ancestrais mais antigos (F_{old}) e recentes (F_{new}), bem como a taxa de aumento no ΔFi . Para a subpopulação, o ΔFi aumentou de 0,21% em 1990 para 0,51% em 2023, e a endogamia foi majoritariamente composta por contribuições F_{old} , com baixa participação de F_{new} , o que reflete em padrões mais elevados de F_{old} ao longo dos anos. Na população geral o ΔFi se manteve estável, oscilando entre 0,44% e 0,70%, com valor de 0,43% em 2023. O que se destaca é a mudança na composição dessa endogamia, onde a porcentagem de F_{new} , demonstrou um crescimento importante, partindo de 11,52% em 1990 e para 27,59% em 2023. Em contraste, a porcentagem de F_{old} , diminuiu de 88,48% para 72,41% no mesmo período.

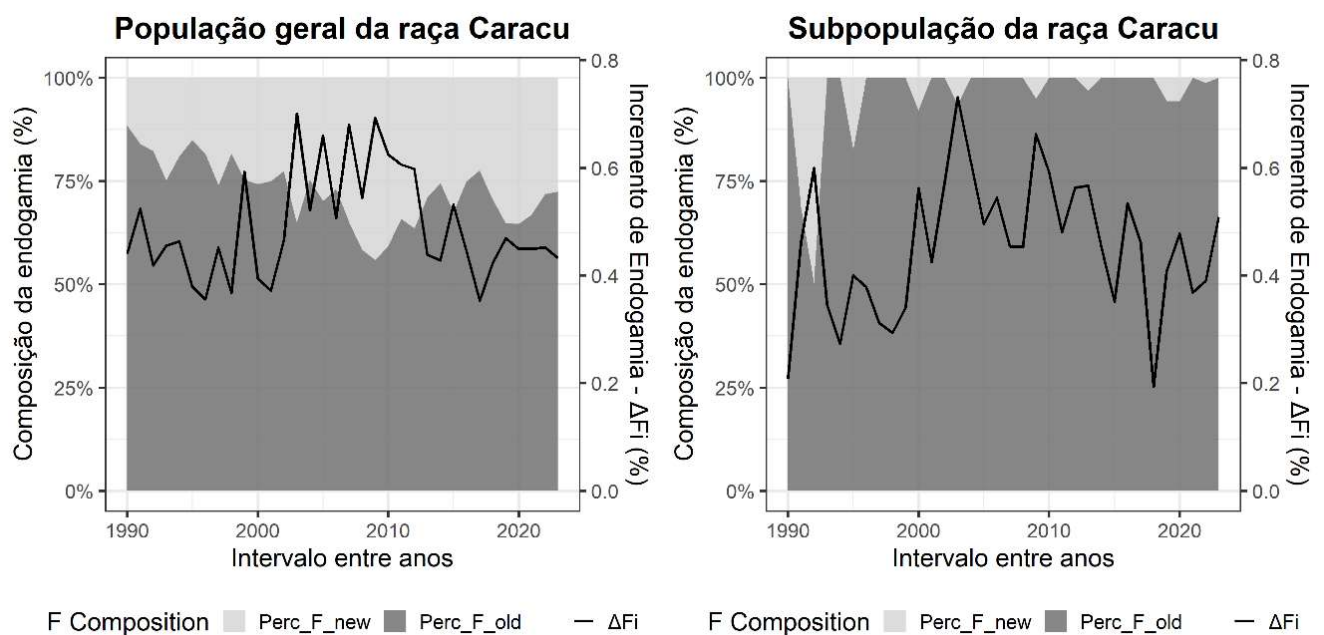


Figura 2. Composição do coeficiente de endogamia (F) por contribuições antigas ($Perc_F_old$) e recentes ($Perc_F_new$), expressas em porcentagem da endogamia total, e variação individual média do incremento de endogamia (ΔFi) ao longo do tempo, nas populações referência (geral e subpopulação) da raça Caracu avaliada, entre 1990 e 2023.

Para a população geral, o IG médio foi de aproximadamente 6,2 anos (Tabela 3). Observou-se ausência de distinção dos IG entre os grupos parentais, tanto de pai

para filho ou filha, quanto de mãe para ambos também, com IG variando de 6,2 a 6,5. Na subpopulação, o IG médio foi menor (5 anos), em comparação com a população geral. Nesta subpopulação, a diferença entre o IG paterno e IG materno foi evidente, com os pais contribuindo para um IG consideravelmente mais curto. O IG de pai para filho e de pai para filha apresentou valores semelhantes (4,15 e 4,12, respectivamente). Por outro lado, o IG de mãe para filho foi o mais elevado na subpopulação (6,66), superando inclusive o valor observado na população geral (6,45). O IG de mãe para filha (6,21), por sua vez, foi menor e mais próximo ao valor médio da subpopulação.

Tabela 3. Intervalo médio de geração e número de observações para diferentes grupos parentais nas populações referência (geral e subpopulação) da raça Caracu avaliada.

Grupo	IG População	N _p	IG	N _s
	geral		Subpopulação	
Médio	6,20	50.802	5,05	1974
Pai	6,16	30.763	3,95	987
Mãe	6,25	29.039	6,14	987
Pai para filho	6,20	2.096	4,15	122
Pai para filha	6,19	14.143	4,12	455
Mãe para filho	6,45	1.798	6,66	127
Mãe para filha	6,21	12.840	6,21	450

IG = intervalo de geração; N_p = número de observações para a população geral; N_s = número de observações para a subpopulação.

Para a população geral houve um aumento notável de fe, fa e fg entre 1990 e 2023, de 45,3 para 133,3, de 35,23 para 93,67, e de 16,06 para 38,58, respectivamente. Essas medidas apresentaram seus maiores valores no ano de 2019 com 146,1 de fe, 105,94 de fa e 43,24 para fg. Consequentemente, a 1-GD mostrou uma queda contínua, passando de 0,0311 em 1990 para 0,0129 em 2023.

Para a subpopulação o fe aumentou de forma leve e irregular ao longo dos anos, saindo de 41,9 em 1990, passando por 38,4 em 2017 e atingindo seu pico de 64,7 em 2020 (Figura 3). Apesar disso, o valor final em 2023 foi de 51,9, indicando uma variação considerável. De forma similar, o fa apresentou um leve aumento ao longo do tempo. Com valor inicial de 15,35, alcançou o valor máximo de 24,74 em 2019, antes de diminuir levemente para 16,19 em 2023. O fg mostrou uma tendência

de queda leve. Com o valor inicial de 9,16, atingiu seu pico de 10,59 em 1993 e depois reduziu gradualmente, com valor final de 6,38 em 2023 (Figura 3). Já a 1-GD, teve um aumento expressivo, iniciando em 5,46% em 1990 e aumentando de forma oscilatória ao longo dos anos, atingindo seu ponto máximo de 7,84% em 2023.

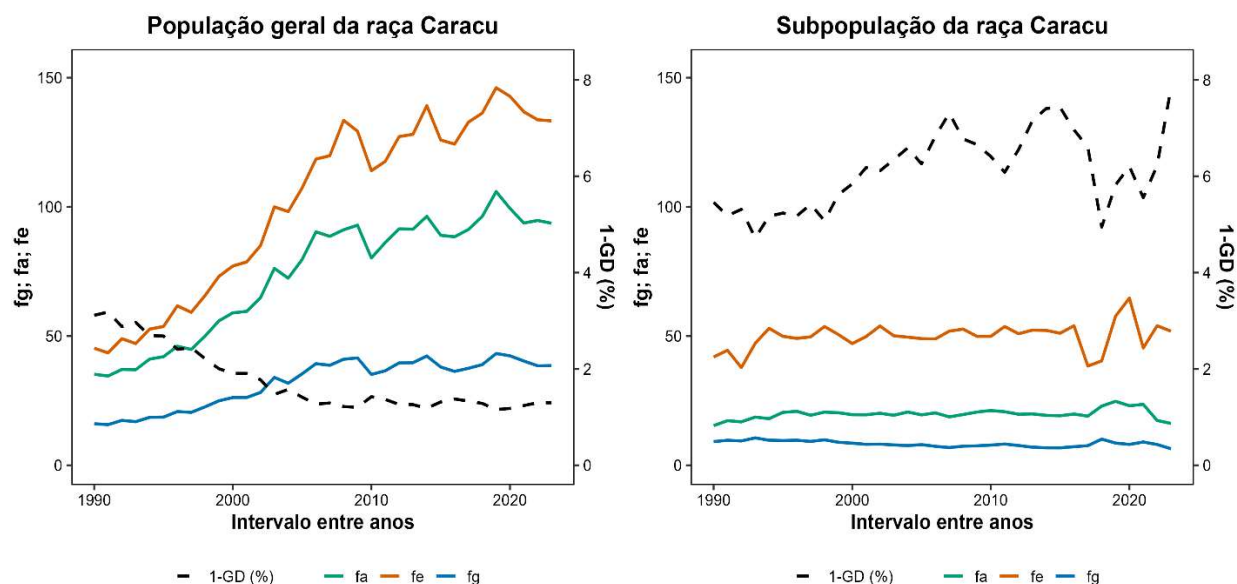


Figura 3. Número efetivo de genomas fundadores (fg), número efetivo de ancestrais (fa) e número efetivo de fundadores (fe), e perda de diversidade genética na população desde a geração fundadora (1-GD), nas populações referência (geral e subpopulação) da raça Caracu avaliada.

Os resultados da análise de contribuição genética para a população geral (Tabela 4) mostram que de um total de 46 animais que explicaram 50% da diversidade genética da população geral, a maioria foi composta por machos, que representaram 73,91%. É notável que a maioria desses animais faz parte de gerações antigas. O animal de ID 32423, nascido em 2016, teve contribuição considerável pois é um animal jovem que se destacou dentre os demais.

Tabela 4. Animais que explicaram 50% da diversidade genética na população geral de referência da raça Caracu avaliada.

Posição	ID	Sexo	Ano de nascimento	Contribuição Marginal (%)	Contribuição Acumulada (%)
---------	----	------	-------------------	---------------------------	----------------------------

1	25534	macho	1951	5,68	5,68
2	31802	macho	1957	2,81	8,49
3	32476	macho	1996	2,10	10,59
4	7279	macho	2008	2,07	12,67
5	25749	fêmea	1960	2,01	14,68
6	26494	macho	1965	1,65	16,33
7	11249	macho	2012	1,64	17,96
8	28610	macho	1978	1,53	19,50
9	1546	macho	2001	1,51	21,00
10	7121	macho	2006	1,42	22,43
11	25666	fêmea	1950	1,39	23,82
12	2165	macho	2002	1,32	25,14
13	27136	macho	1982	1,31	26,45
14	25615	fêmea	1956	1,27	27,72
15	25509	macho	1940	1,25	28,97
16	24582	fêmea	1937	1,20	30,17
17	28662	macho	1985	1,12	31,29
18	33187	fêmea	1998	1,02	32,31
19	25519	macho	1940	0,99	33,30
20	3017	macho	2003	0,90	34,20
21	26053	fêmea	1961	0,89	35,10
22	27826	macho	1985	0,88	35,98
23	5038	macho	2005	0,88	36,87
24	5538	macho	2003	0,80	37,66
25	31057	macho	1994	0,76	38,42
26	32423	macho	2016	0,75	39,17
27	25514	macho	1945	0,72	39,89
28	8544	macho	2009	0,71	40,60
29	29109	macho	1985	0,68	41,27
30	3786	macho	2004	0,65	41,92
31	26464	macho	1961	0,61	42,53
32	7148	fêmea	2008	0,60	43,13
33	212	macho	1998	0,59	43,72
34	29070	macho	1990	0,57	44,29
35	6665	macho	2007	0,56	44,84
36	33389	fêmea	1997	0,55	45,40
37	25885	fêmea	1955	0,55	45,95
38	2488	macho	1999	0,54	46,49
39	31664	macho	1955	0,54	47,03
40	3454	macho	2003	0,53	47,56
41	25614	fêmea	1950	0,52	48,09
42	26496	macho	1965	0,51	48,60
43	27071	macho	1978	0,51	49,11
44	25555	fêmea	1943	0,51	49,61
45	6919	macho	2006	0,50	50,12
46	1877	fêmea	2002	0,49	50,61

ID= número recodificado do animal.

A Tabela 5 contém os animais responsáveis por contribuir com 50% da diversidade genética para a subpopulação, um número aproximadamente 4 vezes menor que os apresentados para a população geral. Do total de 11 animais, 10 foram machos (90,91%). O grupo de ancestrais mais influentes incluiu animais nascidos de 1978 a 2014.

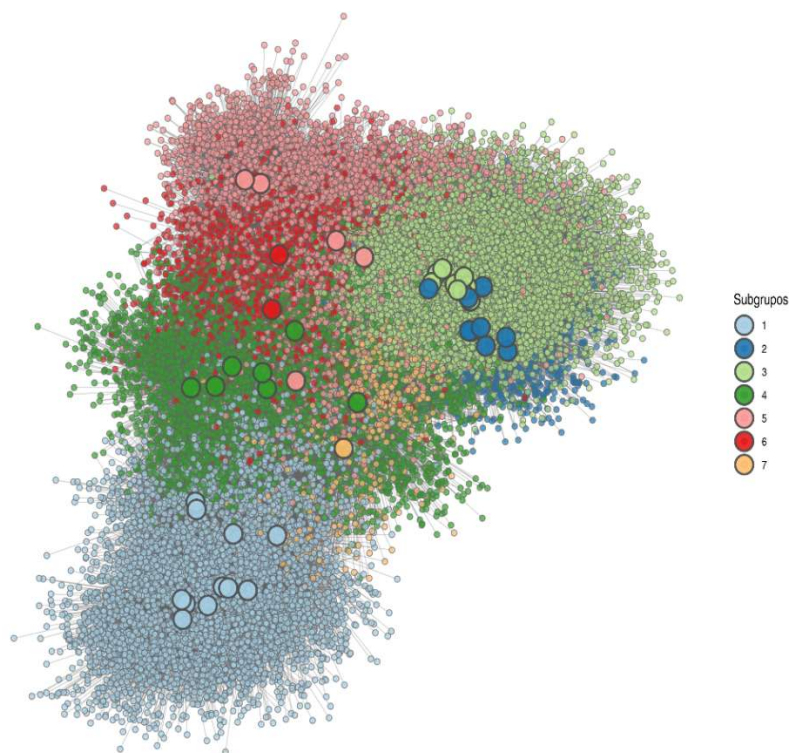
Tabela 5. Animais que explicaram 50% da diversidade genética da subpopulação referência da raça Caracu avaliada

Posição	ID	Sexo	Ano de nascimento	Contribuição Marginal (%)	Contribuição Acumulada (%)
1	1007	macho	1985	6,54	6,54
2	1084	macho	1991	6,12	12,66
3	903	macho	1978	5,37	18,02
4	1025	macho	1986	5,35	23,37
5	199	macho	2011	5,25	28,62
6	937	macho	1978	4,99	33,61
7	998	fêmea	1983	4,71	38,32
8	871	macho	1978	4,03	42,35
9	1023	macho	1986	3,83	46,19
10	272	macho	2014	3,48	49,67
11	161	macho	2008	3,00	52,67

ID= número recodificado do animal.

A rede de parentesco da população geral evidenciou um padrão de clusterização, com os indivíduos agrupando-se em famílias específicas identificadas pelos subgrupos detectados (Figura 4). Entre os ancestrais-chave, observou-se forte centralidade em determinados núcleos, como o grupo 3 (verde-claro), no qual se destacaram os indivíduos 25534 (15.768 interações), 27071 (12.843 interações), 31802 (12.152 interações) e 24582 (10.592 interações), tendo relação com aproximadamente 50% da população referência, indicando ampla influência dentro da população. Outros grupos também apresentaram ancestrais relevantes para a estrutura populacional, como o grupo 4 (verde-escuro) com o indivíduo 28610 (2.884 interações) e o grupo 5 (rosa), no qual se destacaram 31057 (6.492 interações) e 25749 (8.784 interações). Esses resultados reforçam a presença de famílias bem delimitadas e a atuação de ancestrais centrais na manutenção da conectividade e organização da rede.

População geral da raça Caracu



Subpopulação da raça Caracu

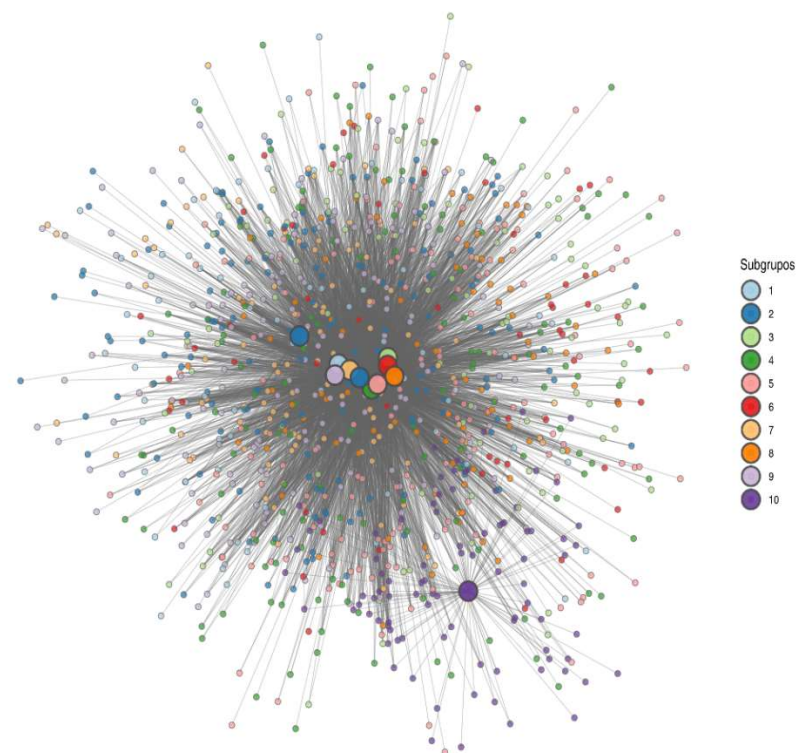


Figura 4. Rede de relações de parentesco nas populações de referência (geral e subpopulação) da raça Caracu avaliadas, em que os círculos maiores representam os animais responsáveis por 50% da diversidade genética, os círculos menores correspondem aos demais indivíduos da população de referência e as arestas em cinza indicam as relações de parentesco.

Na subpopulação, a rede de parentesco não evidenciou um padrão de clusterização bem definido entre os indivíduos, exceto por um agrupamento mais distante. Os indivíduos 272 (877 interações), 1025 (860 interações) e 1084 (835 interações) destacaram-se como os ancestrais mais conectados, posicionando-se no centro da rede e exercendo papel de nós de ligação fundamentais entre diferentes famílias. Em contraste, o indivíduo 199 (roxo), com apenas 90 interações, apresentou baixo nível de conectividade e ficou mais distante da região central do grafo.

4. DISCUSSÃO

Embora a comparação entre a população geral e a subpopulação permita identificar diferenças nos padrões de endogamia e diversidade genética, é importante considerar que essas populações apresentam diferenças estruturais relevantes, como tamanho populacional, profundidade do pedigree, período histórico de formação dos registros, objetivos de seleção e regime de entrada de fundadores. Essas características podem influenciar diretamente os parâmetros genealógicos estimados. Assim, parte das diferenças observadas pode refletir não apenas o efeito do regime de seleção, mas também fatores demográficos e estruturais associados ao tamanho populacional e ao grau de fechamento da população.

A subpopulação apresentou maior completude do pedigree, com valores próximos aos encontrados por Leroy *et al.* (2013) em raças locais francesas como Aubrac, com ECG de 7,8. Em raças zebuínas criadas no Brasil, Santana *et al.* (2016) encontraram valores próximos para a raça Brahman com ECG de 7,23. Oliveira *et al.* (2011), analisaram um rebanho fechado da raça Nelore, denominado linhagem Lemgruber e obtiveram cobertura de 83,8% na sexta geração em 2007. Já a população geral da raça Caracu teve um ECG menor, porém foi maior que os encontrados por Martínez *et al.* (2008) para raças locais colombianas, Costeño com Cuernos (3,7), Sanmartinero (3,8), Blanco Orejinegro e Romosinuano (4,8). O controle genealógico em populações fechadas é mais facilitado do que em populações maiores, como a população geral, que depende das informações de várias subpopulações e as suas possíveis conexões.

O crescimento no número de nascimentos da população geral (décadas de

1970–2000) pode estar relacionado a maior adoção da raça, programas de multiplicação ou expansão geográfica do rebanho. A redução recente no número de nascimentos (2.200/população geral e 56/subpopulação em 2023) merece atenção, pois pode limitar a diversidade genética e aumentar problemas relacionados à endogamia. Carolino *et al.* (2020) também observaram crescimento no número de bezerros registrados da raça local portuguesa Mertolenga dos anos 1990 a 2007 e com queda progressiva até 2019. Em contrapartida Santana *et al.* (2016) reportaram um aumento no número de animais de 2006 a 2012 para as raças Nelore, Guzerá e Brahman no Brasil. Isso pode sugerir uma tendência dos produtores em adquirir determinadas raças, como mencionado por McManus *et al.* (2010), que reforçam sobre a predileção dos produtores pelas raças zebuínas no Brasil. Tavares e Almeida (2024) também relataram a diminuição do número de animais para a raça autóctone portuguesa Mertolenga, sendo um dos motivos da diminuição a entrada de animais não autóctones como a Limousine e Charolês.

A F foi muito próxima tanto na população geral (2,60%) quanto na subpopulação (2,35%) e, embora sejam valores maiores que os encontrados por Martinez *et al.* (2008) para as raças autóctones colombianas como a Conteño com Cuernos (1,3%), a Sanmartinero (1,4%) e a Blanco Orejinegro (0,5%), é importante destacar que a F se manteve relativamente baixa, mesmo se tratando de uma população pequena, sendo um valor menor que o encontrado para a raça Romosinuano (3,1%) (Martinez *et al.*, 2008). Pereira *et al.* (2005), avaliaram essa mesma subpopulação até o ano de 2002 e obtiveram um F de 1,95%. Assim sendo, em 10 anos de seleção o F aumentou apenas 0,4% dentro da subpopulação mostrando a eficiência dos manejos de acasalamentos promovidos pelo programa de melhoramento genético empregado.

Apesar de a subpopulação apresentar o F inferior ao da população geral, esse indicador isoladamente não garante uma condição genética mais favorável. O coeficiente de endogamia médio reflete a endogamia acumulada até o momento, mas não necessariamente o risco futuro de perda de variabilidade genética. Em populações pequenas e fechadas, outros indicadores, como o ΔF_i , N_e e as medidas de perda de diversidade genética, podem fornecer uma avaliação mais sensível da dinâmica genética da população. O F máximo foi maior também na população geral

(44,34%), resultado próximo ao encontrado por Santana *et al.* (2016) para a raça Sindi (44,14%) no Brasil, que também possui um tamanho populacional menor. Faria *et al.* (2002) encontraram valores de F máximo próximos para a raça Nelore mocho (42,18%) que, historicamente, enfrentou desafios devido ao número reduzido de animais.

Na raça Caracu, os resultados sugerem a ocorrência de acasalamentos endogâmicos em rebanhos específicos dentro da população geral, possivelmente devido à existência de linhagens distintas voltadas à produção de leite (Campos *et al.*, 2017; El Faro e Albuquerque, 2003) e de carne (Bonilha *et al.*, 2012). A utilização de poucos reprodutores, especialmente nos rebanhos leiteiros, pode ter contribuído para esse padrão, como também observado por Santana *et al.* (2014) na raça Gir.

A maior C observada na subpopulação (4,9%) indica uma maior probabilidade de acasalamentos entre indivíduos aparentados, mesmo sob condições de acasalamento ao acaso. Esse resultado é esperado, uma vez que a subpopulação corresponde a um rebanho fechado, em que a introdução de novos animais é limitada, reduzindo progressivamente as possibilidades de acasalamento entre indivíduos não aparentados a cada geração. Por outro lado, a população geral apresentou menor C (1,2%), mas exibiu um F superior ao da subpopulação. Esse comportamento pode estar associado ao uso recorrente de determinados indivíduos dentro de grupos familiares específicos (Figura 4). Tal padrão sugere que alguns animais e seus descendentes são empregados de forma mais intensiva em determinados rebanhos, promovendo o aumento da F mesmo em uma população com menor nível médio de C. Esse cenário pode estar relacionado à tentativa de fixação de características fenotípicas e à ausência de estratégias de controle de acasalamentos visando reduzir a endogamia em alguns rebanhos. Carolino *et al.* (2020), ao analisarem a raça autóctone portuguesa Mertolenga em uma população de referência avaliada entre 2015 e 2019, observaram um coeficiente de parentesco de 2,05%, valor superior ao estimado para a população geral da raça Caracu. Esse resultado sugere que, em comparação com outras raças autóctones, a Caracu apresenta menor grau de parentesco entre os indivíduos, o que constitui um aspecto relevante para a preservação da variabilidade genética.

No ano de 2018, na subpopulação analisada, observou-se uma redução no

valor de C, acompanhada por uma discreta diminuição do F, o que resultou em um aumento do valor de α . Esse comportamento está associado ao nascimento de animais descendentes de indivíduos introduzidos na população, os quais foram incorporados com o objetivo de promover a fixação da característica mocha na subpopulação. Esses resultados indicam que, apesar da incorporação de novos animais na população, o que promoveu a redução do C entre os reprodutores nessa estação de monta, o F não apresentou uma diminuição proporcional, não acompanhando a redução observada no C.

O F_{new} , também corrobora com os resultados anteriores, evidenciando os acasalamentos endogâmicos na população geral que mostrou um padrão com contribuições de F_{new} relevantes em relação ao F_{old} , indicando que em vários momentos ocorreram acasalamentos endogâmicos com um ancestral comum recente de até três gerações anteriores, resultados semelhantes foram encontrados para a raça Brahman (Santana *et al.*, 2016). Já a subpopulação apresentou baixa contribuição do F_{new} , com maior proporção da endogamia explicada por um ancestral comum antigo dentro da população. Resultados semelhantes foram obtidos por Verardo *et al.* (2021), que empregaram dados de genotipagem e análises de corridas de homozigose na raça Caracu utilizando animais pontuais de diferentes rebanhos e relataram que mais de 50% das corridas eram menores que 5MB, caracterizando uma endogamia histórica, associada a ancestrais mais distantes. Isso sugere que a endogamia na subpopulação é um resultado cumulativo de um programa de seleção intensiva de longo prazo, ao invés de acasalamentos endogâmicos recentes.

Os valores anuais do α indicaram padrões um pouco diferentes nas duas populações. Na população geral, os resultados mostraram oscilações com valores iniciais negativos, indicando um possível direcionamento dos acasalamentos para evitar a endogamia. Porém ele se torna positivo em 2003 (0,0021), volta a ser negativo e depois se torna positivo novamente em 2007. Embora essas variações tenham sido observadas, os valores se mantiveram próximos de zero. Na subpopulação os valores de α oscilaram negativamente, sendo este um fator benéfico para a manutenção da diversidade genética. Tal resultado mostra que, para a subpopulação, os acasalamentos estão sendo direcionados para evitar a endogamia, uma vez que mesmo com o aumento do C, o F não seguiu a mesma crescente. Santana *et al.*

(2016), também reportaram oscilações em α , porém com valores positivos, para as raças zebuínas Brahman, Gir, Guzerá, Indubrasil, Nelore, Sindi e Tabapuã. Stachowicz *et al.*, (2011), também observaram resultados positivos para a raça Jersey e para a raça Holstein Canadense, com leve inclinação negativa após 1988. Isso reforça a ideia que os criadores e programas de melhoramento da raça Caracu estão conseguindo manter um bom direcionamento dos acasalamentos para evitar a endogamia de maneira geral, comparado a outras raças.

O ΔFi médio foi similar em ambas as populações, porém foi possível observar oscilações expressivas durante os anos. Gonzales *et al.* (2022) encontraram resultados menores para a raça Braford, com vários outros aspectos endogâmicos menores também. A população avaliada total foi de 358.041 e a de referência foi de 115.757 animais, permitindo mais possibilidades de acasalamentos não endogâmicos, quando comparado a raça Caracu que apresenta um número de animais menor e com um C maior (população geral da raça Caracu 1,2% vs. população da raça Braford 0,002%).

O NeFi foi similar nas duas populações, com valores inferiores a 100, o que segundo a FAO (2021), pode indicar aumento dos riscos de perda de diversidade genética dentro de uma população. Um dos motivos do NeFi ser baixo nas populações avaliadas pode ser explicado pelo fato de que a raça Caracu foi formada a partir de poucos indivíduos introduzidos durante a colonização do Brasil e que deram origem a raça (McManus *et al.*, 2010; Verardo *et al.*, 2021). O número de fundadores foi expressivamente maior na população geral, o que é esperado uma vez que a subpopulação está presente dentro dela. Valores semelhantes do número de fundadores foram reportados por Piccoli *et al.* (2014), para a raça Devon, que apresentou um tamanho populacional duas vezes maior que a raça Caracu. Contudo, a população da raça Devon apresentou o número de fundadores com 3,22% da população, enquanto na raça Caracu esse valor foi igual a 8,7%. Dessa forma sob uma perspectiva de proporção, a raça Caracu apresentou um valor maior que outras raças descritas na literatura.

O IG médio foi de 6,2 anos para a população geral e de 5,05 anos para a subpopulação, sendo um bom indicativo de que há uma renovação rápida das gerações dentro da população, pois em algumas populações estudadas tal valor tem

sido mais elevado, como por exemplo os IG obtidos por Carolino *et al.* (2020) para a raça autóctone portuguesa Mertolenga de 7,05 anos e por Santana *et al.* (2016), para raças zebuínas brasileiras, variando de 6,95 a 9,78 anos. O aumento do IG pode acontecer pela utilização de sêmen de animais famosos e, conseqüentemente muito antigos, em inseminação artificial. Santana *et al.* (2014) relataram essa situação para a raça Gir, com IG médio de 9 anos e concluíram que isso era devido a uma intensa utilização de touros de elite mais antigos. Na população geral, o IG entre machos e fêmeas com progênie foi similar, ambos com média próxima de 6,20 anos. Na subpopulação, os machos apresentaram IG menor que as fêmeas, devido à renovação anual de 50% dos reprodutores, que entram no rebanho com média de 2 a 3 anos de idade. Além disso, fatores como o uso de poucos reprodutores, a utilização de sêmen de animais falecidos e a maior permanência das fêmeas nos rebanhos influenciam no aumento dos valores médios, como observado em estudos anteriores (Santana *et al.* 2014; González *et al.*, 2022).

As relações de fe, fa e fg, que correspondem, respectivamente ao número de fundadores, ancestrais e de genomas fundadores, também foram diferentes entre as populações. Na população geral, as tendências foram crescentes, indicando o aumento de fundadores, ancestrais e genomas fundadores durante os anos, sugerindo que animais mais jovens estão sendo incluídos no pedigree durante o tempo, sem inserção de informação que os conecte aos demais animais, isso pode ser devido a maior adoção pelos produtores aos programas de melhoramento, o que faz com que o número de animais registrados nos arquivos de pedigree aumentem. Por sua vez, foi verificada uma constância dos valores nesses parâmetros para a subpopulação, provavelmente devido à realização de acasalamentos direcionados para evitar a perda de diversidade genética.

As médias de fe para a população geral foram menores que as demonstradas por Piccoli *et al.* (2014), nas raças taurinas britânicas Angus, Hereford e Shorthorn, exceto para a raça Devon que apresentou uma média menor. Para a raça Gir Santana *et al.* (2014) encontraram fe próximo (143) ao da população geral da raça Caracu. Essa raça traz a mesma problemática que a raça Caracu, em que poucos indivíduos deram origem a população, sendo isso um fator de alerta para o controle de diversidade genética (McManus *et al.*, 2010). Comparado com a subpopulação da

raça Caracu, todas as raças descritas por Piccoli *et al.*, (2014) e Santana *et al.*, (2014), apresentaram resultados de f_e maiores, o que era esperado por ser um rebanho fechado que é uma pequena parte da população geral. Para o f_a , a população geral apresentou valores superiores aos observados em diversas raças, como Angus, Devon, Hereford, Shorthorn (Piccoli *et al.*, 2014), Gir (Santana *et al.*, 2014; 2016), Brahman, Guzerá, Indubrasil, Nelore, Sindi, Tabapuã (Santana *et al.*, 2016), Bonsmara e Marchigiana (Santana *et al.*, 2012), indicando que, apesar da população estudada apresentar um número efetivo de fundadores menor que o de outras raças, houve menor perda da contribuição desses fundadores ao longo das gerações. Esse resultado sugere que a Caracu manteve uma estrutura de acasalamentos que reduziu o impacto de gargalos genéticos intermediários quando comparada a outras raças. Contudo, é importante considerar que todas as raças mencionadas possuem populações e sistemas de produção mais amplamente difundidos, o que naturalmente favorece maior número de fundadores e diversidade inicial.

As medidas relacionadas a perda de diversidade genética, como a 1-GD, 1-GD* e GD*-GD foram mais expressivas na subpopulação, o que é esperado em rebanhos fechados que estão sob seleção genética (FAO, 2021). A redução observada na perda de diversidade genética na população geral ao longo dos anos pode estar associada ao estabelecimento mais recente das avaliações genéticas para essa população. Ainda que o uso dessas ferramentas pelos produtores seja crescente, grande parte deles ainda não as utiliza de forma sistemática para orientar a escolha de reprodutores, e alguns rebanhos ainda não participam dos programas de avaliação. Contudo, a adesão gradual de novos produtores a esses programas tem ampliado o número de animais incluídos nos arquivos de dados genealógicos, promovendo maior conectividade entre rebanhos e diluindo a perda de diversidade genética observada nas gerações mais recentes. Dessa forma, análises que incluam informações genômicas, como no estudo realizado por Verardo *et al.* (2021), utilizando um maior número de animais de diferentes rebanhos, poderiam gerar resultados mais acurados. Isso porque levam em conta a segregação mendeliana e a conectividade desses indivíduos com os demais, mesmo sem informação de pedigree (Bem *et al.*, 2024; Carrara *et al.*, 2024).

A organização dos indivíduos conforme o grau de parentesco (Figura 4),

mostrou resultados que convergem com os resultados das análises de endogamia realizadas. Isso evidencia que, dentro de cada população, há a utilização de animais em grupos específicos, nos quais indivíduos influentes estabelecem altos graus de centralidade. Esses animais estão sendo utilizados de forma excessiva, sem considerar as perdas de diversidade genética. Dessa forma, explica-se por que, mesmo apresentando menor nível de parentesco médio, a população geral apresenta um coeficiente de endogamia mais elevado. Resultados semelhantes foram observados por Verardo *et al.* (2021), que analisaram os genótipos de um número limitado de animais selecionados para carne e outro grupo para leite da raça Caracu. Na análise de Componentes Principais realizada pelos autores foi possível perceber que os diferentes direcionamentos de seleção resultaram em agrupamentos distintos de animais. De forma similar, Reverter (2019), ao analisar dados de pedigree de animais das raças Brahman, Composição Tropical, Angus e Nelore, observou diferentes estruturas de rede, variando conforme a localização dos animais, possivelmente associadas a objetivos de seleção distintos. Na subpopulação analisada observou-se uma distribuição mais uniforme dos animais, com a maioria dos indivíduos influentes apresentando seu grau de centralidade considerando a população como um todo. Apenas um indivíduo apresentou grau de centralidade mais afastado, devido ao fato de ter sido adquirido de outra propriedade para a introdução da característica mocho na subpopulação e por não apresentar informações de genealogia impedindo a conexão de parentesco com os animais que estavam no pedigree anteriormente a sua chegada. Mesmo sem essas conexões anteriores com a população, esse indivíduo contribuiu para a diversidade genética do grupo por meio dos seus descendentes.

5. CONCLUSÃO

Este estudo evidenciou diferenças entre a população geral e a subpopulação fechada de animais Caracu. A população geral apresentou maior diversidade genética, porém acompanhada de valores mais elevados de endogamia máxima, sugerindo o uso concentrado de determinados reprodutores em alguns rebanhos. Para a subpopulação, apesar de apresentar um maior C e perdas de diversidade genética mais acentuadas, o manejo criterioso de acasalamento foi eficaz no controle

da homozigose, refletindo na manutenção de parâmetros médios de endogamia estáveis ao longo do tempo.

Apesar dos desafios identificados, a raça Caracu ainda apresenta diversidade genética relevante sob ponto de vista geral, o que reforça seu potencial como recurso zootécnico adaptado e produtivo em ambientes tropicais. Entretanto, é necessário adotar medidas adicionais de manejo e incorporação de ferramentas genômicas para assegurar a manutenção desse equilíbrio no longo prazo. De forma geral, os resultados sugerem que, embora a subpopulação apresente níveis médios de endogamia semelhantes aos da população geral, sua estrutura populacional mais restrita favorece maior perda de diversidade genética ao longo do tempo. Assim, a interpretação dos parâmetros genealógicos deve considerar não apenas os níveis médios de endogamia, mas também indicadores relacionados à dinâmica da diversidade genética e à contribuição ancestral dentro da população..

6. REFERÊNCIAS

- Abduch NG, Pires BV, Souza LL, Vicentini RR, Zadra LEF, Fragomeni BO, Silva RMO, Baldi F, Paz CCP, Stafuzza NB. Effect of thermal stress on thermoregulation, hematological and hormonal characteristics of Caracu beef cattle. **Animals**, v. 12, n. 24, p. 3473, 2022. <https://doi.org/10.3390/ani12243473>
- Abduch NG, Reolon HG, Ligor VA, Silva RMO, Veríssimo CJ, Paz CCP, Stafuzza NB. (2024). Resistance to natural tick infestation varies with age and coat and hair traits in a tropically adapted beef cattle breed. **Veterinary Parasitology: Regional Studies and Reports**, 50, 101017. <https://doi.org/10.1016/j.vprsr.2024.101017>
- Albert R, Barabási AL. (2002). Statistical mechanics of complex networks. **Reviews of modern physics**, 74(1), 47. <https://doi.org/10.1103/RevModPhys.74.47>
- Amadeu RR, Garcia AAF, Munoz PR, Ferrão LFV. (2023). AGHmatrix: genetic relationship matrices in R. **Bioinformatics**, 39(7), btad445. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btad445>
- Baes CF, Mekanjuola BO, Miglior F, Marras G, Howard JT, Fleming A, Maltecca C. (2019). Symposium review: The genomic architecture of inbreeding: How homozygosity affects health and performance. **Journal of dairy science**, 102(3), 2807-2817.
- Barabási, A. L., Watts, D. J., & Newman, M. (Eds.). (2006). The structure and dynamics of networks. Princeton University Press. 587p.
- Bem RD, Benfica LF, Silva DA, Carrara ER, Brito LF, Mulim HA, Borges MS, Cyrillo JNSG, Canesin RC, Bonilha SFM, Mercadante ME. (2024). Assessing different metrics of pedigree and genomic inbreeding and inbreeding effect on growth, fertility, and feed efficiency traits in a closed-herd Nellore cattle population. **BMC genomics**, 25(1), 738.
- Blondel VD, Guillaume JL, Lambiotte R, Lefebvre E. (2008). Fast unfolding of communities in large networks. **Journal of statistical mechanics: theory and experiment**, 2008(10), P10008. doi:10.1088/1742-5468/2008/10/P10008
- Boichard D, Maignel L, Verrier E. (1997). The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. **Genetics Selection Evolution**, 29(1), 5-23.
- Bonilha S, Tedeschi L, Figueiredo L, Branco RH, Cyrillo JNSG, Mercadante MEZ. 2012. **Características de carcaça de bovinos Nelore, Caracu, Guzará e Gir selecionados para peso pós-desmame**. Boletim De Indústria Animal, 69(1):63-69.
- Bosse M, Megens HJ, Derks MF, Cara ÁM, Groenen MA. (2019). Deleterious alleles in the context of domestication, inbreeding, and selection. **Evolutionary applications**, 12(1), 6-17.

- Campos BM, Carmo AS, Silva TBR, Verardo LL, Gouveia JJS, Malhado CHM, Silva MVGB, Carneiro PLS. (2017). Identification of artificial selection signatures in Caracu breed lines selected for milk production and meat production. **Livestock Science**, 206, 82-87.
- Carrara ER, Lopes PS, Veroneze R, Pereira RJ, Zadra LEF, Peixoto MGCD. (2024). Assessment of runs of homozygosity, heterozygosity-rich regions and genomic inbreeding estimates in a subpopulation of Guzará (*Bos indicus*) dual-purpose cattle. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, 141(2), 207-219.
- Carolino N, Vitorino A, Carolino I, Pais J, Henriques N, Silveira M, Vicente, A. (2020). Genetic diversity in the Portuguese mertolenga cattle breed assessed by pedigree analysis. **Animals**, 10(11), 1990.
- Cervantes I, Goyache F, Gutiérrez JP. (2008). Ratio between inbreeding and coancestry rates as a measure of population subdivision. Preliminary results. **ITEA-Información Técnica Económica Agraria**.
- Cervantes I, Goyache F, Molina A, Valera M, Gutiérrez JP. (2011). Estimation of effective population size from the rate of coancestry in pedigreed populations. **Journal of animal breeding and genetics**, 128(1), 56-63. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.2010.00881.x>
- Doebley J. Molecular evidence for a missing wild relative of maize and the introgression of its chloroplast genome into *Zea perennis*. **Evolution**, p. 1555-1559, 1989.
- Faro LE, Albuquerque LGD. (2003). Estimaco de parâmetros genéticos para produo de leite no dia do controle e produo acumulada até 305 dias, para as primeiras lactaoes de vacas da raa Caracu. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 32, 284-294.
- Falconer DS, Mackay TFC. (1996). Introduction to quantitative genetics (4th ed.). Harlow, Essex, UK: Longmans Green.
- FAO 2021 Status and trends of animal genetic resources. Rome: Food and Agriculture Organization of the United Nations.
- González ARM, González FJN, Crudeli GÁ, Bermejo JVD, Vallejo MEC, Quirino CR. (2022). Process of introduction of australian braford cattle to south america: Configuration of population structure and genetic diversity evolution. **Animals**, 12(3), 275.
- Gutiérrez JP, Cervantes I, Molina A, Valera M, Goyache F. (2008). Individual increase in inbreeding allows estimating effective sizes from pedigrees. **Genetics Selection Evolution**, 40, 359–378.

- Gutiérrez JP, Cervantes I, Goyache F. (2009). Improving the estimation of realized effective population sizes in farm animals. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, 126(4), 327-332.
- Henderson CR. (1976). A simple method for computing the inverse of a numerator relationship matrix used in prediction of breeding values. **Biometrics**, 69-83.
- Leroy, G., Mary-Huard, T., Verrier, E., Danvy, S., Charvolin, E., & Danchin-Burge, C. (2013). Methods to estimate effective population size using pedigree data: Examples in dog, sheep, cattle and horse. **Genetics Selection Evolution**, 45(1), 1.
- Ligori VA, Malheiros JM, Carrara ER, Dominguez-Castano P, Silva JBN, Cyrillo JNSG, Mercadante Zadra, LEF. (2025). Is it possible to select body weight without compromising carcass traits and reproductive efficiency in Caracu cattle?. **Journal of Applied Genetics**, p11.
- Maignel LBDVE, Boichard D, Verrier EJIB. (1996). **Genetic variability of French dairy breeds estimated from pedigree information**. INTERBULL bulletin, (14), 49-49.
- McManus C, Krewer CC, Seixas L, Melo C, Rolo JJ, Pimentel, F. (2010). **A Raça Caracu**. Universidade de Brasília (UnB).
- Martínez RA, García D, Gallego JL, Onofre G, Pérez J, Cañón J. (2008). Genetic variability in Colombian Creole cattle populations estimated by pedigree information. **Journal of animal science**, 86(3), 545-552.
- Mercadante, M.E.Z. Caracu, o Bos taurus brasileiro adaptado aos trópicos: experiências de um programa de seleção para peso ao soberano. **Agrociencia** (Montecillo), Montevideo - Uruguay, v. 9, n.1 y 2, p. 485-494, 2005.
- Meuwissen THE, Luo Z. (1992). Computing inbreeding coefficients in large populations. **Genetics Selection Evolution**. 24.4, 305-313.
- Pereira MC, Mercadante MEZ, Albuquerque LG, Razook AG. 2005. Estimativa de ganho genético a partir de diferenciais de seleção e parâmetros populacionais em um rebanho Caracu. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 34(6):2245–2252.
- Pezzini, T, Mariante AS, Martins E, Paiva S, Seixas L, Costa JJB, Rolo J, McManus C. (2018). Population structure of Brazilian Crioula Lageana cattle (Bos taurus) breed. **Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias**, 31(2), 93-102.
- Piccoli ML, Braccini JN, Brito FV, Campos LT, Bértoli CD, Campos GS, Bértoli CD, Campos GS, Cobuci JÁ, McManus CM, Barcellos JOJ, Gama LT. (2014). Origins and genetic diversity of British cattle breeds in Brazil assessed by pedigree analyses. **Journal of Animal Science**, 92(5), 1920-1930.

- Rebelato AB, Caetano AR. Runs of homozygosity for autozygosity estimation and genomic analysis in production animals. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 53, p. 975-984, 2018.
- Reverter A, Dominik S, Ferraz JBS, Corrigan L, Porto-Neto LR 2019 Pedigromics: a network-inspired approach to visualise and analyse pedigree structures. In: **Association for the advancement of animal breeding and genetecs**. Proceedings... Armidale: AAABG, p. 540-543
- Rodrigues GRD, Rezende VT, Mercadante MEZ, Bonilha SFM, Canesin RC, Raineri C, Valente JPS, Liori VA, Cyrillo JND SG. (2024). Animal growth models as a tool to estimate resilience indicators in *Bos indicus* and *Bos taurus* heifers: selection effects and genetics parameters. **Livestock Science**, 282, 105435.
- Santana MLJ, Pereira RJ, Bignardi AB, El Faro L, Tonhati H, Albuquerque LG. (2014). History, structure, and genetic diversity of Brazilian Gir cattle. **Livestock Science**, 163, 26-33.
- Santana MLJ, Oliveira PS, Eler JP, Gutiérrez JP, Ferraz JBS. (2012). Pedigree analysis and inbreeding depression on growth traits in Brazilian Marchigiana and Bonsmara breeds. **Journal of animal science**, 90(1), 99-108.
- Santana MLJ, Pereira RJ, Bignardi, AB, Ayres DR, Menezes GDO, Silva LOC, Leroy G, Machado CHC, Josahkian LA, Albuquerque LG. (2016). Structure and genetic diversity of Brazilian Zebu cattle breeds assessed by pedigree analysis. **Livestock Science**, 187, 6-15.
- Verardo LL, e Silva FF, Machado MA, do Carmo Panetto JC, de Lima Reis Faza DR, Otto PI, de Almeida Regitano LC, da Silva LOC, do Egito AA, do Socorro Maués Albuquerque M, Zanella R and da Silva MVGB (2021). Genome-Wide Analyses Reveal the Genetic Architecture and Candidate Genes of Indicine, Taurine, Synthetic Crossbreds, and Locally Adapted Cattle in Brazil. **Frontiers in Genetics**, v. 12, p. 702822, 2021.
- Strandén I. (2014). RelaX2: Program for pedigree analysis. User's guide for version 1.65. 21 de novembro.
- Stachowicz K, Sargolzaei M, Miglior F, Schenkel FS. (2011). Rates of inbreeding and genetic diversity in Canadian Holstein and Jersey cattle. **Journal of dairy science**, 94(10), 5160-5175.
- Tavares JCD, Almeida AMD. (2024). The Portuguese mertolenga cattle breed: a review. **Tropical Animal Health and Production**, 56(4), 129.
- Trovo JBF, Duarte FAM. 1981. Levantamento de núcleos de criação da raça Caracu no Brasil. *Zootecnia*, 19 (4). Nova Odessa.

- Yang H, Su G. (2016). Impact of phenotypic information of previous generations and depth of pedigree on estimates of genetic parameters and breeding values. **Livestock Science**, 187, 61-67.
- Woolliams JA, Mäntysaari EA. (1995). Genetic contributions of Finnish Ayrshire bulls over four generations. **Animal Science**, 61(2), 177-187.

CAPÍTULO 3- EFEITOS DA SELEÇÃO PARA PESO CORPORAL NA HOMOZIGOSIDADE E NA MANUTENÇÃO DA HETEROZIGOSIDADE EM PEQUENAS POPULAÇÕES

RESUMO

O presente estudo investigou a estrutura genômica de um rebanho fechado da raça Caracu, selecionado para peso corporal, avaliando padrões de corridas de homozigose (ROH), regiões ricas em heterozigidade (HRR) e estimativas de endogamia e diversidade genética baseadas nesses parâmetros. Foram avaliados 956 animais, genotipados para aproximadamente 95 mil marcadores do tipo SNP (polimorfismo de nucleotídeo único). A genotipagem cobriu 2.487,65 Mb e permitiu identificar 54.243 ROHs, com predominância de segmentos entre 2 a 4 Mb, classe que apresentou a maior média de endogamia baseada em ROH (FROH) entre as categorias avaliadas (2,4%). A média geral de FROH foi de 9,04%, indicando níveis moderados de homozigidade compatíveis com o histórico de fechamento populacional e mais de 40 anos de seleção direcionada para peso corporal. Entre os achados mais relevantes, está a identificação de uma ilha de ROH no cromossomo 20, com 2,73 Mb de comprimento, contendo 16 genes associados a vias de adaptação, imunidade, estresse térmico e pigmentação, reforçando a existência de sinais de seleção histórica preservados ao longo das gerações. Quanto às HRR, foram identificadas 9.011 regiões distribuídas em todos os cromossomos. A média de diversidade baseada na heterozigidade (DHRR) foi de 0,27%, com o cromossomo 29 apresentando a maior média por cromossomo (1,7%). Nenhuma ilha de HRR foi identificada, mas a região de maior concentração de HRR ocorreu no cromossomo 14, onde 19% dos animais compartilharam a mesma região, sugerindo possível importância histórica dessa região. Os resultados demonstraram que o rebanho Caracu mantém simultaneamente regiões em homozigidade associadas à seleção e adaptação, e padrões de heterozigidade que evidenciam preservação de variabilidade genética. Esses achados destacam a necessidade de investir em análises integrativas de ROHs e HRRs com características fenotípicas para compreender a dinâmica genômica de populações submetidas a programas de seleção de longa duração.

1. INTRODUÇÃO

A seleção direcionada, embora essencial para o melhoramento genético, pode reduzir a diversidade genética de uma população, especialmente quando poucos indivíduos ou indivíduos geneticamente semelhantes são utilizados como reprodutores, limitando a transmissão da variabilidade genética às gerações subsequentes (Doebley, 1989). Esse processo pode resultar em gargalos genéticos e, conseqüentemente, na diminuição da variabilidade e do tamanho efetivo populacional (Rebelato e Caetano, 2018). Assim, compreender como a seleção atua sobre o genoma e como a variabilidade é distribuída dentro de uma população é fundamental para evitar efeitos indesejáveis sobre sua estrutura genética.

No caso da raça Caracu, um taurino localmente adaptado ao ambiente tropical, programas de seleção têm desempenhado papel importante no incremento do desempenho produtivo e na consolidação da raça no cenário nacional. O Instituto de Zootecnia (IZ) do estado de São Paulo implementou o programa de melhoramento genético da raça em 1976, buscando simultaneamente preservar o material genético e melhorar características produtivas (Pereira *et al.*, 2005). Nesse programa, que persiste até os dias de hoje, os machos são avaliados com base no diferencial de seleção para peso ajustado aos 378 dias de idade após o teste de desempenho em confinamento, enquanto as fêmeas são selecionadas pelo peso ajustado aos 550 dias em manejo extensivo (Bonilha *et al.*, 2012). Além disso, pesquisas conduzidas na instituição abrangem mensurações de carcaça, eficiência alimentar, pesos em diferentes fases da vida, parâmetros reprodutivos e outras características de interesse econômico (Abduch *et al.*, 2022; Abduch *et al.*, 2024; Ligori *et al.*, 2025; Rodrigues *et al.*, 2024).

Entretanto, por se tratar de uma raça local com número reduzido de animais, a raça Caracu pode ser enquadrada em categorias de risco do ponto de vista da conservação, caso não se adotem medidas necessárias para o controle da diversidade genética, conforme diretrizes da FAO (2007). Isso porque programas de seleção, ao direcionarem o progresso genético para regiões específicas do genoma, podem reduzir a diversidade genética, diminuir o tamanho efetivo populacional e, em situações extremas, até comprometer a sobrevivência da raça. Dessa forma, torna-se necessário equilibrar a pressão de seleção com estratégias de conservação da

variabilidade genética, utilizando ferramentas capazes de monitorar e controlar esses parâmetros (Acharya & Lush, 1968; Cañón *et al.*, 2001; Mekanjuola *et al.*, 2020).

Nesse contexto, a análise da endogamia por meio das corridas de homozigose (ROHs) pode ser uma importante ferramenta para a interpretação da diversidade genética da raça Caracu. As ROHs permitem estimar com maior precisão a endogamia individual e total, superando limitações de métodos baseados em pedigree, que dependem de probabilidades e não refletem integralmente a complexidade genômica (Zhao *et al.*, 2021). Uma estimativa acurada do coeficiente de endogamia (F) é fundamental para o desenvolvimento de estratégias para evitar a depressão endogâmica, especialmente em populações locais mantidas sob seleção em rebanhos fechados (Forneris *et al.*, 2025). Embora o pedigree tenha sido tradicionalmente utilizado para esse fim, e utilizado previamente para o cálculo da F nessa população (Pereira *et al.*, 2005; Borges *et al.*, 2026 – ainda não publicado), ele apresenta limitações em capturar eventos estocásticos de recombinação (McQuillan *et al.*, 2008), capturando apenas a probabilidade de identidade por descendência (IBD) dos alelos. Com o avanço das tecnologias genômicas e a disseminação de painéis de marcadores de polimorfismo de nucleotídeo único (SNPs) de alta densidade, tornou-se possível estimar F com maior sensibilidade, mesmo na ausência de informações genealógicas completas (Allendorf *et al.*, 2010). Isso porque marcadores SNPs permitem quantificar não apenas a IBD, mas também a identidade por estado (IBS), capturando a homozigose observada ao longo do genoma.

Além das ROHs, regiões ricas em heterozigosidade (HRRs) também podem ser investigadas. Embora não constituam corridas verdadeiras, as HRRs representam segmentos do genoma com concentração elevada de heterozigotos, sem continuidade estrutural típica das ROHs (Falchi *et al.*, 2024; Marras *et al.*, 2018). A primeira aplicação dessa abordagem em bovinos foi realizada por Williams *et al.* (2016), ao caracterizar o comportamento das HRRs na raça Chillingham. Posteriormente, Bordonaro *et al.* (2023) demonstraram seu potencial na avaliação da diversidade genética populacional. No caso da raça Caracu, espera-se encontrar níveis consideráveis de diversidade dentro da população por ser uma raça taurina localmente adaptada (Falchi *et al.*, 2024), contudo, como o rebanho avaliado foi e é selecionado para uma única característica a mais de 40 anos, espera-se também

níveis elevados de homozigose.

Portanto, ao integrar informações de homozigosidade por meio das ROHs e heterozigosidade por meio das HRRs, o objetivo deste estudo é realizar uma abordagem abrangente para caracterizar a distribuição da variabilidade genética e endogamia na população fechada de bovinos Caracu pertencentes ao IZ. Essa integração contribui para a identificação de regiões sob efeito de seleção, formando segmentos específicos compartilhados entre indivíduos, que podem representar ilhas genômicas (Falchi *et al.*, 2024). A caracterização detalhada desses padrões fornece suporte para estratégias de manejo genético voltadas à preservação da diversidade genética sem comprometer o progresso do genético, contribuindo para o desenvolvimento contínuo da raça Caracu.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Animais e coleta de dados

Um total de 956 animais (418 machos e 538 fêmeas) nascidos entre 2001 e 2024, pertencentes ao Programa de Seleção da raça Caracu do Instituto de Zootecnia, localizado em Sertãozinho, São Paulo, Brasil, foram genotipados utilizando o painel GGP Bovine 100K (Neogen®), que contém 95.256 SNPs.

Os dados genotípicos foram submetidos a um controle de qualidade, utilizando o programa PLINK v1.9 (Purcell *et al.*, 2007), no qual animais com *call rate* <0,90, e marcadores com *call rate* <0,90 e com p-valor <0,001 para o teste de desvio do equilíbrio de Hardy-Weinberg foram descartados. Os SNPs não foram filtrados para a menor frequência alélica (MAF) e desequilíbrio de ligação (LD), pois essa remoção pode inserir viés na detecção das ROH e HRR (Meyermans, Gorssen & Janssens, 2020; Schiavo *et al.*, 2022). Após o controle de qualidade, permaneceram 935 animais e 84.200 SNPs para as análises subsequentes.

O programa de seleção tem como foco o aumento do peso corporal. O rebanho é composto por aproximadamente 180 vacas em reprodução, que participam da estação de monta com oito touros, sendo metade com dois anos (1ª monta) e metade com três anos de idade (2ª monta). A taxa de descarte anual é de 20% para fêmeas e 50% para machos, com reposição proveniente dos machos selecionados na prova de ganho de peso. Entre 2016 e 2018, foram introduzidos no rebanho 31 animais

mochos (2 machos e 29 fêmeas), provenientes de um único rebanho.

2.2 Parâmetros para a análise das ROHs

Para a definição de um segmento como ROH, foram considerados: (i) até um SNP heterozigoto permitido; (ii) até um SNP faltante; (iii) proporção mínima de 0,05 de janelas sobrepostas homozigotas; (iv) distância máxima de 1000 kb entre SNPs consecutivos dentro da corrida; (v) comprimento mínimo de 500 kb; (vi) pelo menos 30 SNPs consecutivos; (vii) densidade mínima equivalente a um SNP a cada 50 kb; e (viii) janela deslizante composta por 50 SNPs ao longo do genoma. Essa etapa foi realizada utilizando o programa PLINK v1.9 (Purcell *et al.*, 2007).

Não existe consenso na literatura sobre a definição ideal dos parâmetros para a detecção de ROH, uma vez que fatores como a densidade do painel de marcadores, o nível de endogamia da população e o histórico de seleção podem influenciar diretamente a precisão dessas estimativas (Meyermans, Gorssen & Janssens, 2020; Falchi *et al.*, 2024). Assim, os critérios empregados neste estudo foram definidos com base em estudos recentes conduzidos em bovinos, especialmente em raças taurinas adaptadas e em raças sintéticas que possuem o Caracu em sua formação (Santos *et al.*, 2024; Mulim *et al.*, 2022; Verardo *et al.*, 2021; Verardo *et al.*, 2024).

Somente segmentos de ROH superiores a 1 Mb foram considerados para as análises, para tentar minimizar a influência da homozigose gerada por desequilíbrio de ligação (Purfield *et al.*, 2012). Os segmentos identificados foram classificados em cinco categorias de comprimento: 1-2 Mb, 2-4 Mb, 4-8 Mb, 8-16 Mb e >16 Mb. Foram consideradas ilhas em homozigose aqueles segmentos ROH presentes em, pelo menos, 50% dos animais.

2.3 Cálculo de Endogamia baseada nas ROHs

A estimativa de endogamia baseada em ROH (FROH) foi calculada conforme proposto por McQuillan *et al.* (2008). O coeficiente FROH para cada indivíduo foi obtido pela soma do comprimento total de todas as ROHs identificadas, dividida pelo comprimento total do genoma autossômico coberto pela genotipagem:

$$F_{ROH} = \frac{\sum_{i=1}^n L_{ROHi}}{L_{total}}$$

em que L_{ROH_i} é o comprimento de cada segmento de ROH do indivíduo (i), e L_{total} corresponde ao comprimento autossômico efetivamente genotipado, definido pela diferença entre a posição do último e do primeiro SNP de cada cromossomo.

Além das estimativas de FROH geral e por cromossomo, também foram calculadas as frações de endogamia associadas às diferentes classes de comprimento das ROHs (1-2 Mb, 2-4 Mb, 4-8 Mb, 8-16 Mb e >16 Mb). Assim, foram obtidas as estimativas FROH2, FROH4, FROH8, FROH16 e FROH>16, respectivamente, permitindo avaliar a contribuição relativa de segmentos curtos e longos para o nível de endogamia de cada animal. Essa etapa foi realizada utilizando o pacote *detectRUNS* versão 0.9.6 (Biscarini *et al.*, 2019), no programa R (R Core Team, 2025).

2.4 Parâmetros para a análise das Regiões Ricas Heterozigose (HRRs)

A detecção das HRRs foi realizada empregando-se duas metodologias: (1) o método baseado em janela deslizante, que utiliza critérios aplicados a um conjunto de SNPs dentro de cada janela para determinar se o SNP pertence a uma HRR; e (2) o método baseado em SNPs consecutivos, que avalia cada marcador individualmente para verificar sua inclusão ou não em um segmento de heterozigosidade. Em ambos os casos, os parâmetros foram definidos com base em estudos recentes conduzidos em populações bovinas, uma vez que não existem metodologias específicas para a análise das HRRs (Carrara *et al.*, 2024; Mulim *et al.*, 2022; Mulim *et al.*, 2024). Essa etapa foi realizada utilizando o pacote *detectRUNS* versão 0.9.6 (Biscarini *et al.*, 2019), no programa R (R Core Team, 2025).

Na primeira abordagem, foram utilizados os seguintes critérios: (i) janela deslizante composta por 50 SNPs; (ii) máximo de dois SNPs homozigotos e um faltante por janela; (iii) densidade mínima de um SNP a cada 100 kb; (iv) mínimo de 20 SNPs consecutivos para a formação de um segmento; (v) comprimento mínimo de 500 kb; e (vi) intervalo máximo de 1000 kb entre SNPs consecutivos.

Na segunda abordagem, os parâmetros aplicados foram: (i) mínimo de 30 SNPs consecutivos; (ii) dois SNPs homozigotos permitido e até um ausente; (iii) comprimento mínimo de 500 kb; e (iv) lacuna máxima de 500 kb entre SNPs consecutivos para compor um segmento de HRR.

Os segmentos identificados foram classificados em quatro categorias de comprimento referentes ao intervalo da menor e da maior HRR: 0,5-0,8 Mb; 0,8-1,1 Mb; 1,1-1,4 Mb e 1,4-1,7Mb. Foram consideradas ilhas em heterozigose aqueles segmentos HRR presentes em, pelo menos, 50% dos animais.

2.5 Cálculo de Diversidade baseada nas HRRs

A diversidade genética baseada em HRR (D_{HRR}) foi calculada de acordo com Bordonaro *et al.* (2023) e Falchi *et al.* (2024), que utilizaram uma razão da proporção coberta pela heterozigose em relação a proporção do genoma coberto pela genotipagem:

$$D_{HRR} = \frac{\sum_{i=1}^n L_{HRR_i}}{L_{total}}$$

onde L_{HRR_i} é o comprimento de HRR do indivíduo i , e L_{total} é o comprimento total dos cromossomos autossômicos cobertos pela genotipagem (posição do último marcador menos a posição do primeiro marcador no cromossomo).

Além das estimativas de D_{HRR} geral e por cromossomo, também foram calculadas as frações de diversidade associadas às diferentes classes de comprimento das HRRs (0,5-0,8 Mb; 0,8-1,1 Mb; 1,1-1,4 Mb e 1,4-1,7 Mb.). Assim, foram obtidas as estimativas DHRR_0,8, DHRR_1,1, DHRR_1,4, e DHRR_1,7, respectivamente, permitindo avaliar a contribuição relativa de segmentos curtos e longos para o nível de diversidade de cada animal.

2.5 Anotação dos Genes

As ilhas foram investigadas em relação a genes candidatos usando o banco de dados NCBI BioSystems para bovinos. A montagem genômica ARS-UCD 1.2 foi utilizada como referência para o posicionamento físico dos SNPs (disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>).

3. RESULTADOS

Todos os indivíduos apresentaram ao menos uma ROH, com o valor mínimo de corridas por animal apresentado na Tabela 1. De modo geral, foram identificadas

54.252 ROHs superiores a 1 Mb, distribuídas ao longo dos 29 cromossomos autossômicos. A região coberta pela genotipagem correspondeu a 2.487,66 Mb, variando entre 158,27 Mb no cromossomo 1, o de maior extensão, e 42,25 Mb no cromossomo 25, o de menor extensão (Figura 1).

Tabela 1. Resumo das informações das corridas de homozigose (ROH) na população Caracu estudada

Parâmetros	Média $\pm$ dp	Mínimo	Máximo
Número de ROH por indivíduo	58,02 $\pm$ 18,24	4	125
Número de SNP por ROH	132,68 $\pm$ 133,93	30	3.818
Número de ROH por cromossomo	1.870,75 $\pm$ 759,96	762	4.023
Comprimento médio geral de ROH (Mb)	3,87 $\pm$ 4,05	1	110,73
Comprimento médio de ROH entre cromossomos (Mb)	3,79 $\pm$ 0,39	2,93	4,61

dp = desvio padrão; Mb= mega base.

Entre todos os cromossomos avaliados, o cromossomo 1 foi aquele que apresentou o maior número de animais com ROHs (868 animais), seguido pelos cromossomos 20 e 5, com 862 e 854 animais apresentando ROHs, respectivamente. Por outro lado, os cromossomos 24, 29 e 26 foram os que tiveram os menores números de animais apresentando ROHs, com 532, 530 e 473 indivíduos com ROHs. A média geral foi de 705,62 $\pm$ 109,04 animais apresentando ROHs por cromossomo. Em relação ao número total de ROHs por cromossomo, o 1 também apresentou a maior porcentagem com 4.023 ROHs, enquanto o 26 apresentou a menor porcentagem, com 762 ROHs. A média geral entre os cromossomos foi de 1.870,75 $\pm$ 759,96 ROHs (Tabela 1).

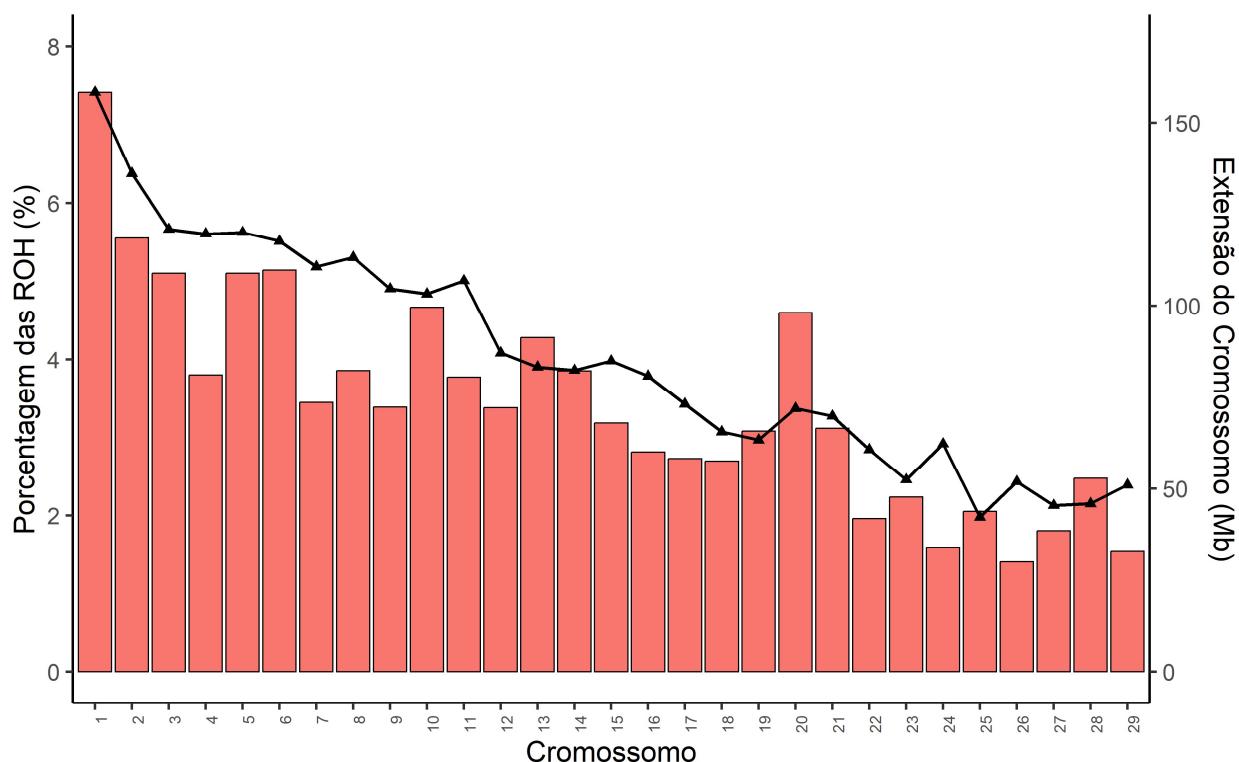


Figura 1. Distribuição percentual das corridas de homozigose (ROH) por cromossomo (barras) e extensão física dos cromossomos autossômicos em megabases (linha) da população de bovinos da raça Caracu avaliada.

Após caracterizar a distribuição das ROHs ao longo dos cromossomos, avaliou-se também como esses fragmentos se organizam em classes de comprimento (Figura 2). A maior frequência foi observada na classe de 2 a 4 Mb, que apresentou 20.595 ROHs, seguida das classes de 1 a 2 Mb (18.840), 4 a 8 Mb (9.729), 8 a 16 Mb (3.892) e > 16 Mb (1.196).

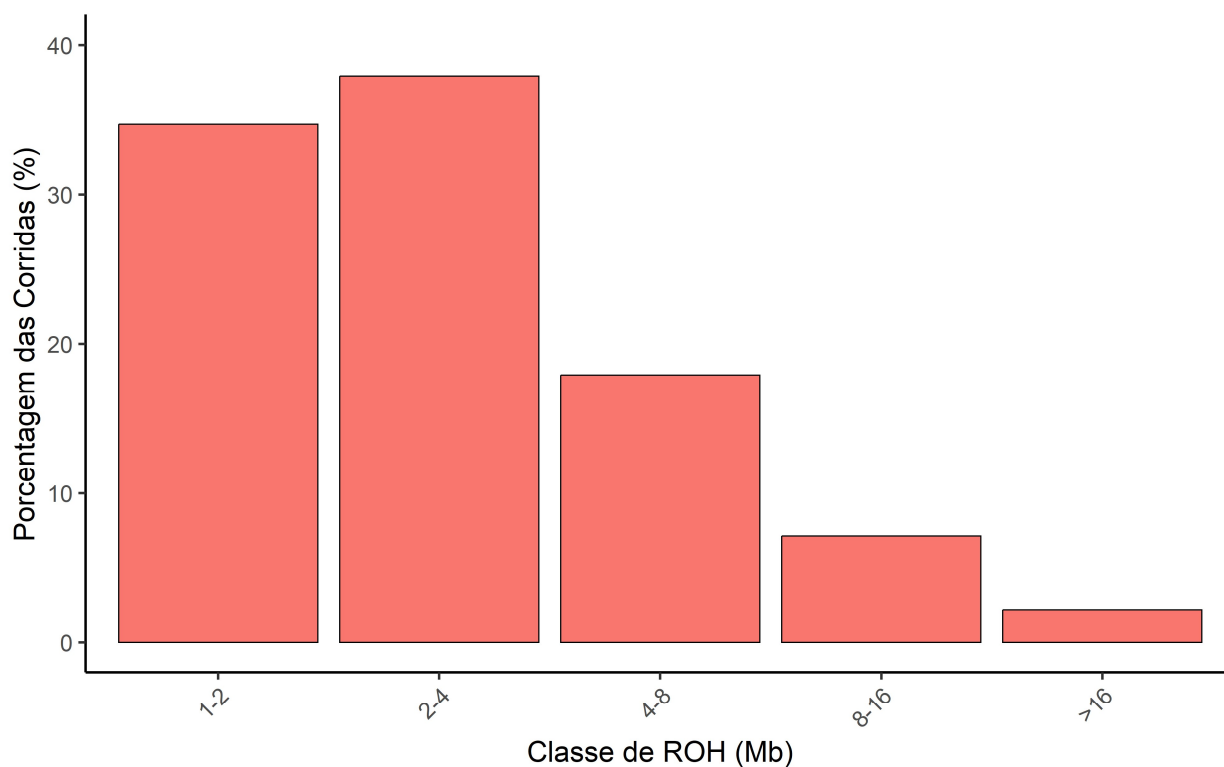


Figura 2. Porcentagem de ROHs por classes da população de bovinos Caracu avaliada.

A FROH média da população foi de $9,04 \pm 3,90\%$, variando de 0,20 a 31,20%. Entre as classes de comprimento, a maior média foi observada para a classe FROH4, com $2,40 \pm 0,80\%$, variando de 0 a 5,34%. O maior valor de FROH entre todas as classes ocorreu na FROH>16, que atingiu 19,17% (Figura 3).

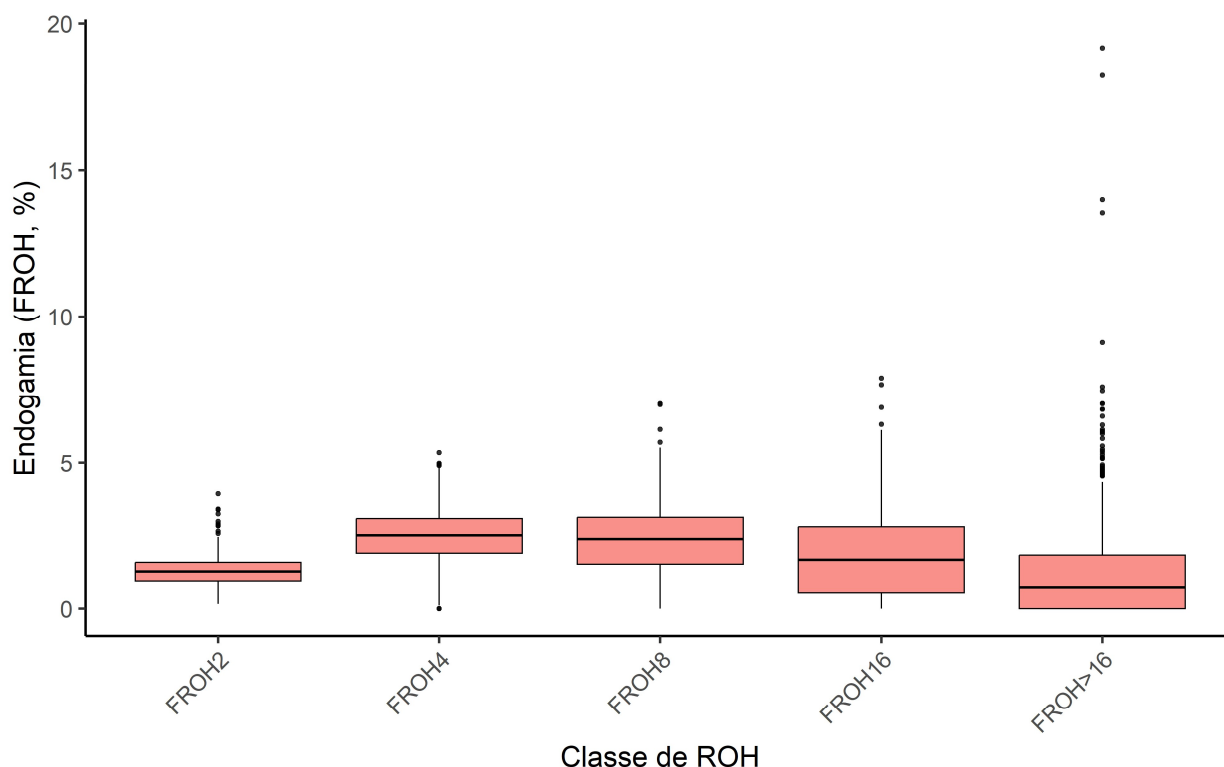


Figura 3. Coeficiente de endogamia (FROH) por classes da população de bovinos Caracu avaliada. Classes: FROH2 = 1-2Mb; FROH4 = 2-4Mb; FROH8 = 4-8Mb; FROH16 = 8-16Mb; FROH>16 = >16Mb.

A FROH também apresentou diferentes valores na avaliação por cromossomo. O cromossomo 7 apresentou a menor média de FROH, com $8,86 \pm 8,07\%$ (Figura 4), com 758 animais exibindo ROH nesse cromossomo. O cromossomo 20 apresentou a maior média, $15,64 \pm 10,18\%$, enquanto o cromossomo 14 apresentou o maior valor máximo de FROH, com um indivíduo alcançando 91,57%.

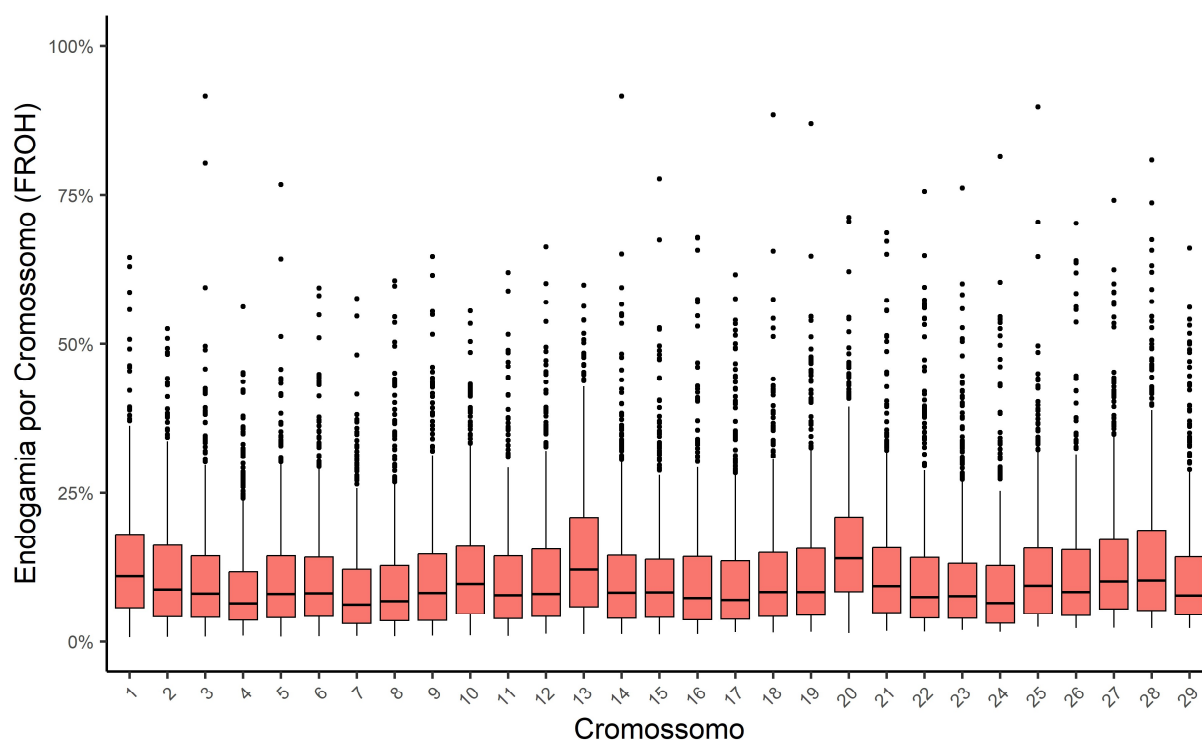


Figura 4. Distribuição do coeficiente de endogamia (FROH) por cromossomo da população de bovinos Caracu avaliada.

O cromossomo 20, além de apresentar a maior média de FROH, foi também o único a concentrar uma ilha de homozigose presente em mais de 50% da população (Figura Suplementar 6). Essa ilha apresentou 2,73 Mb de extensão, iniciando na posição 38,26 Mb e finalizando em 40,99 Mb, abrangendo 115 SNPs. O número médio de animais por SNP foi de $582,77 \pm 45,48$, com valores variando entre 481 e 636. No total, 16 genes previamente descritos foram identificados dentro dessa ilha (Tabela 2).

Tabela 2. Genes identificados na ilha de homozigose no cromossomo 20 na população de bovinos Caracu avaliada

Identificação Ensembl	Nome do gene	Posição inicial	Posição final
ENSBTAG00000012688	<i>CAPSL</i>	38234955	38266312
ENSBTAG00000019975	<i>IL7R</i>	38301609	38334358
ENSBTAG00000023529	<i>SPEF2</i>	38369475	38572090
ENSBTAG00000025035	<i>PRLR</i>	38915844	39117082
ENSBTAG00000007690	<i>AGXT2</i>	39119607	39163670
ENSBTAG00000015648	<i>DNAJC21</i>	39187820	39214978

ENSBTAG00000019211	<i>BRIX1</i>	39218959	39227844
ENSBTAG00000019209	<i>RAD1</i>	39227867	39236701
ENSBTAG00000032933	<i>TTC23L</i>	39228037	39306174
ENSBTAG00000007071	<i>RAI14</i>	39313837	39475310
ENSBTAG00000017071	<i>C1QTNF3</i>	39688254	39752665
ENSBTAG00000018235	<i>SLC45A2</i>	39765303	39827983
ENSBTAG00000070379	<i>RXFP3</i>	39835996	39837405
ENSBTAG00000012558	<i>ADAMTS12</i>	39873190	40268037
ENSBTAG00000014261	<i>TARS1</i>	40309683	40333122
ENSBTAG00000007665	<i>NPR3</i>	40918778	40995413

Para as HRRs, nenhuma região foi identificada utilizando a metodologia baseada em janelas. Por sua vez, pela abordagem de SNPs consecutivos, foram detectadas 9.011 HRRs, distribuídas nos 29 cromossomos autossômicos. A menor HRR foi observada no cromossomo 14, composta por 20 SNPs, enquanto a maior foi localizada no cromossomo 7, contendo 42 SNPs (Tabela 3).

Tabela 3. Resumo das informações das regiões ricas em heterozigosidade (HRRs) da população de bovinos Caracu avaliada

Parâmetros	Média $\pm$ SD	Mínimo	Máximo
Número de HRR por indivíduo	9,63 $\pm$ 2,99	2	20
Número de SNP por HRR	22,28 $\pm$ 2,70	20	42
Número de HRR por cromossomo	310,72 $\pm$ 173,44	63	718
Comprimento médio geral de HRR (Mb)	0,70 $\pm$ 0,16	0,50	1,67
Comprimento médio de HRR entre cromossomos (Mb)	0,69 $\pm$ 0,07	0,56	0,86

Os segmentos HRR foram menores do que os segmentos ROH na população avaliada. A maior média de comprimento das HRRs foi observada no cromossomo 22, atingindo 0,86 $\pm$ 0,17 Mb. Quanto à proporção das HRRs por cromossomo, o 1 apresentou a maior proporção, representando 7,96% do total, com 718 HRRs (Figura 5).

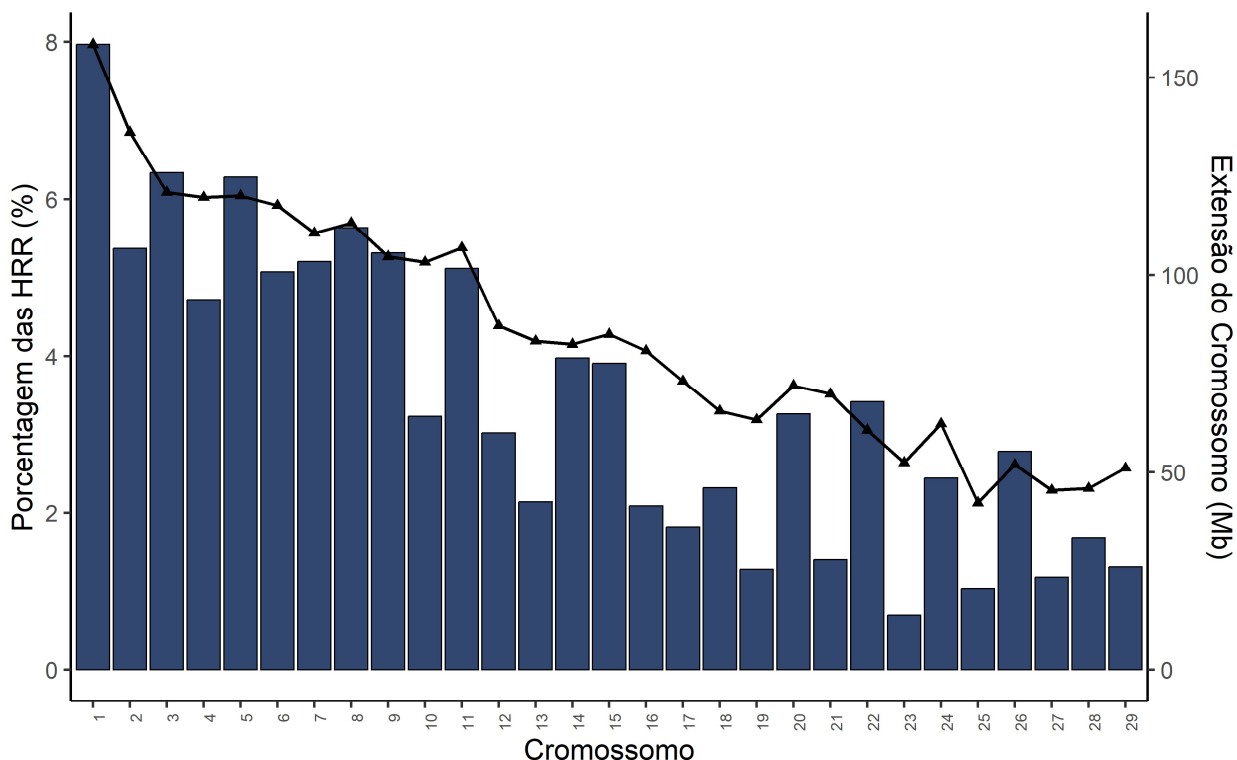


Figura 5. Distribuição percentual das HRRs por cromossomo (barras) e extensão física dos cromossomos autossômicos em megabases (linha) na população de bovinos da raça Caracu avaliada.

A distribuição das HRRs por classes mostrou maior concentração na menor faixa de comprimento: 78% das regiões situaram-se na classe 0,5–0,8 Mb, totalizando 7.029 HRRs (Figura 6). O cromossomo 1 apresentou 535 HRRs nessa classe, seguido por 176, 2 e 5 HRRs nas classes 0,8 a 1,1 Mb, 1,1 a 1,4 Mb e 1,4 a 1,7 Mb, respectivamente. O cromossomo 23 apresentou a menor quantidade na classe 0,5 a 0,8 Mb, com 60 HRRs, que também foi o cromossomo que apresentou a menor porcentagem de HRR geral. As HRRs na classe 1,4 a 1,7 Mb foram observadas apenas nos cromossomos 7 (74 HRRs) e 1 (5 HRRs).

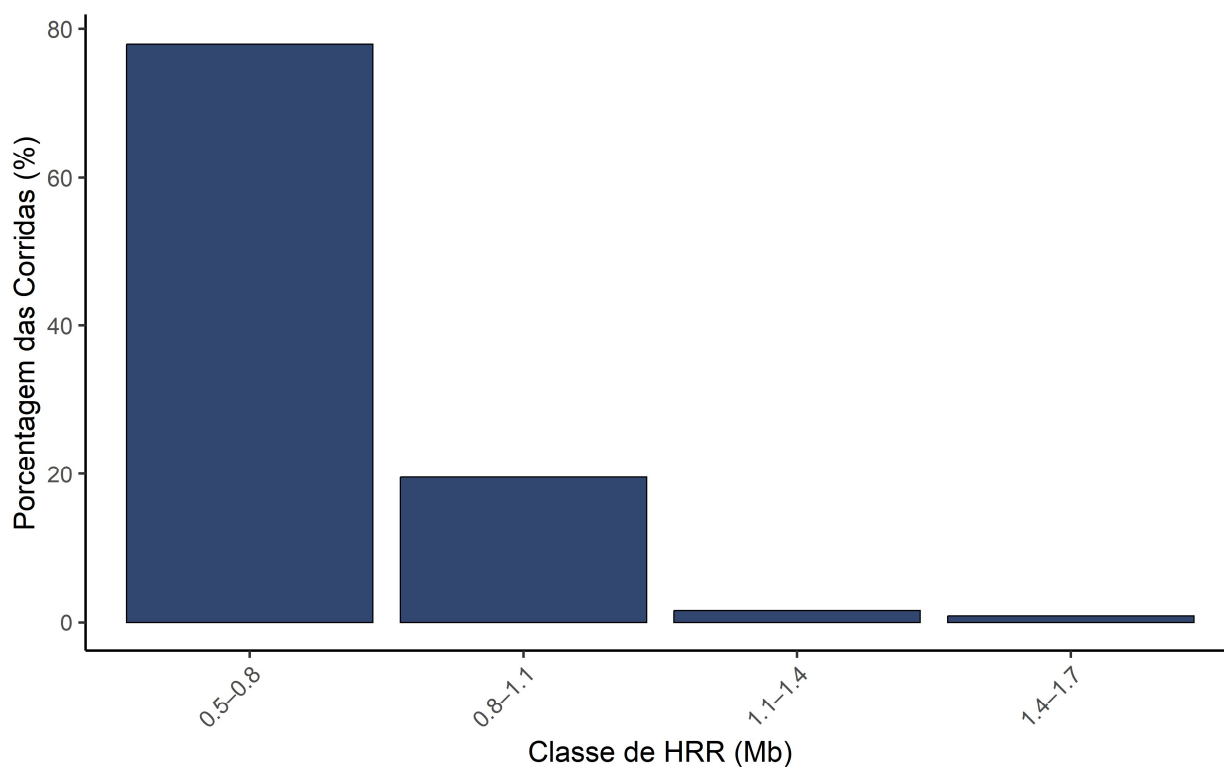


Figura 6. Porcentagem de HRRs por classes na população de bovinos Caracu avaliada.

Em relação à DHRR, a classe que apresentou a maior média foi a DHRR_0.8 (Figura 7), com $0,19 \pm 0,06\%$, variando de 0,02% a 0,40%. Para a média geral de DHRR, o valor foi de $0,27 \pm 0,08\%$, com máximo de 0,50% e mínimo de 0,05%. As classes DHRR_1.4 e DHRR_1.7 apresentaram médias de 0,007% e 0,005%, respectivamente, uma vez que todos os animais foram contabilizados em cada classe, sendo assim, indivíduos sem HRRs na classe receberam valor de DHRR igual a zero para contabilizar ausência de diversidade.

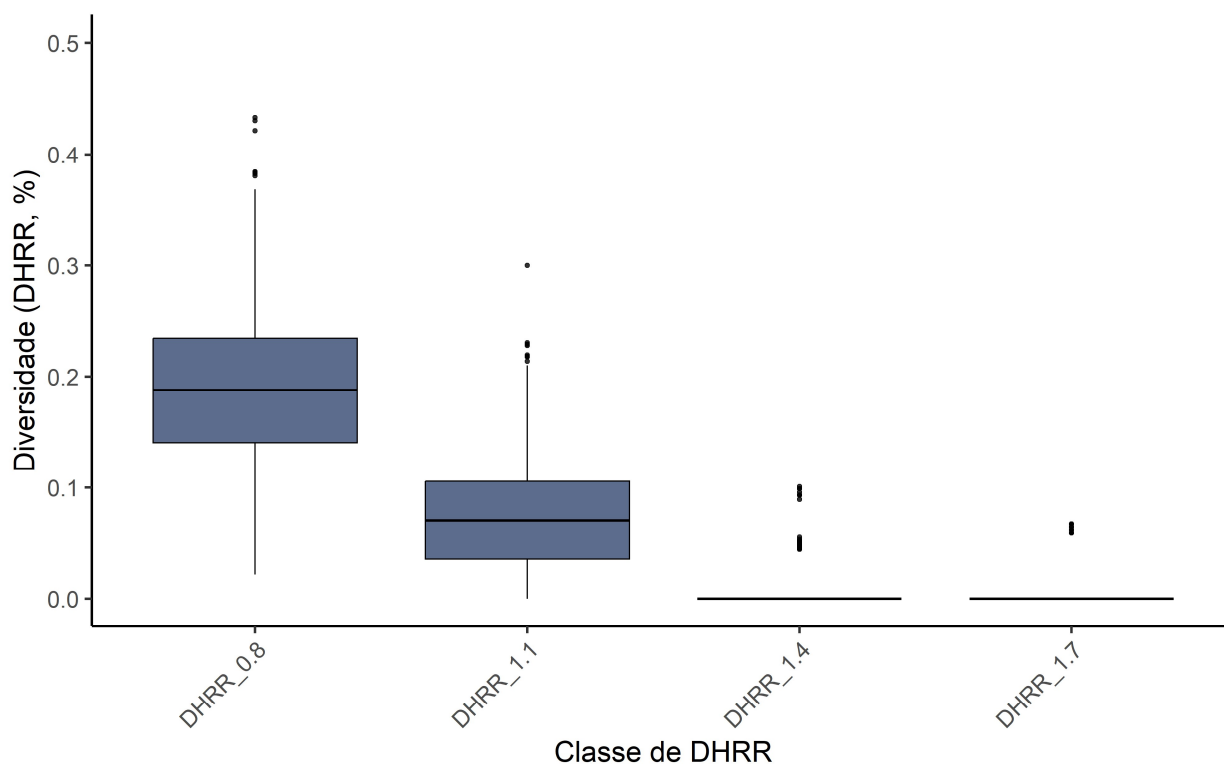


Figura 7. Diversidade genética via regiões ricas em heterozigose (DHRR) por classes da população de bovinos Caracu avaliada.

O cromossomo que apresentou a maior média de DHRR foi o 29, com $1,70 \pm 0,60\%$. O indivíduo com o maior valor máximo de DHRR foi identificado no cromossomo 22, com 4,7%, cuja média para esse cromossomo foi de 1,6%, sendo o quarto maior valor médio entre os cromossomos. O indivíduo com o menor valor de DHRR foi observado no cromossomo 1, que também apresentou a menor média para essa métrica, $0,60 \pm 0,30\%$.

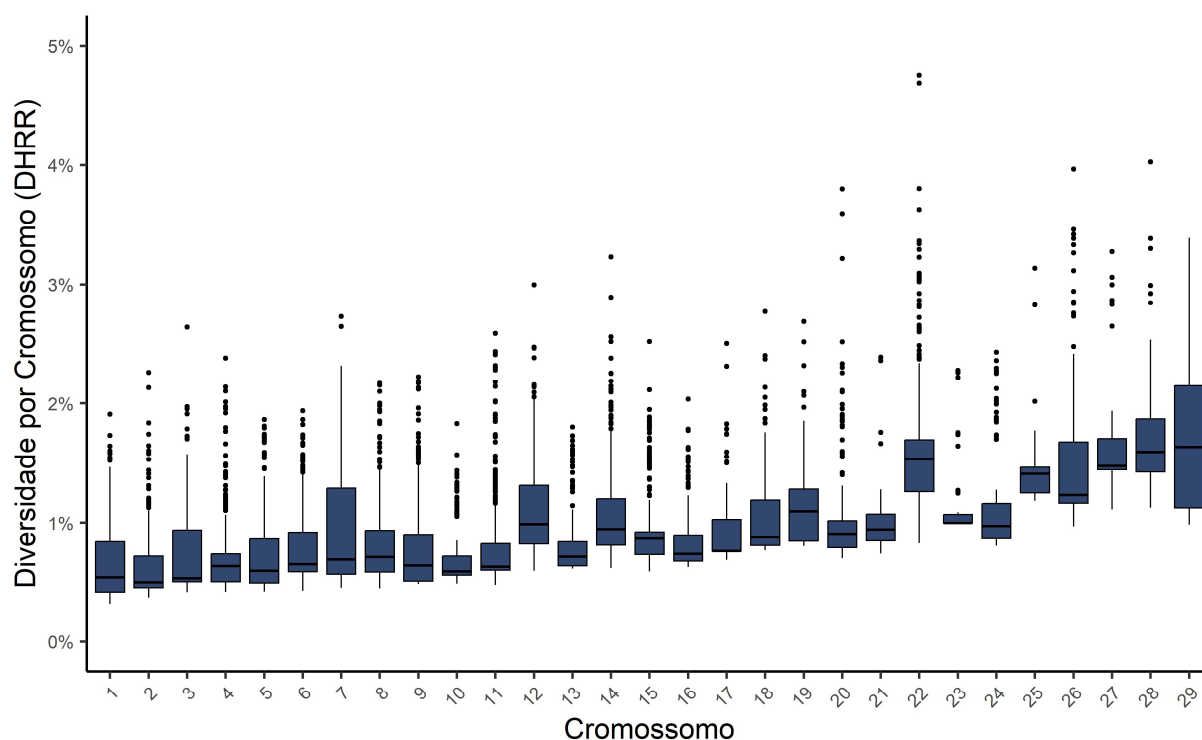


Figura 8. Distribuição do coeficiente de diversidade via regiões ricas em heterozigose (DHRR) por cromossomo na população de bovinos Caracu avaliada.

Nenhuma ilha de HRR foi identificada na população pois não houveram HRRs comuns a pelo menos 50% dos animais avaliados (Figura Suplementar 5). A maior concentração de indivíduos em um mesmo segmento foi observada no cromossomo 14, abrangendo seis SNPs entre as posições 25,08 Mb e 25,21 Mb, presentes em 181 indivíduos, o que corresponde a 19% da população (Figura Suplementar 5).

4. DISCUSSÃO

A genotipagem realizada neste estudo foi de média densidade (~100k) e abrangeu 2.487,65 Mb, valor que naturalmente se mantém constante entre trabalhos da literatura, uma vez que o tamanho do genoma não se altera. O que se difere entre estudos é o espaçamento entre marcadores, determinado pela densidade dos painéis de genotipagem. Verardo *et al.* (2024), por exemplo, utilizaram cerca de 35 mil SNPs em animais Caracu e em outras raças, reportaram cobertura de 2.550,38 Mb, o que resulta em maior distância entre marcadores e, conseqüentemente, menor resolução

para a identificação de segmentos curtos em homozigose. Essa limitação é amplamente discutida na literatura: painéis com menos de 50K SNPs tendem a não detectar com precisão ROHs curtas (Ferenčaković *et al.*, 2013; Falchi *et al.*, 2024), enquanto painéis de média densidade (~100K) apresentam desempenho superior tanto para ROHs quanto para HRRs (Falchi *et al.*, 2024), alinhando-se ao que foi adotado no presente estudo. Como exemplo dos efeitos dessa menor densidade, Bittencourt *et al.* (2024), ao analisarem um rebanho fechado da raça Nelore (linhagem Lemgruber) com um painel de baixa densidade (30.000 SNPs), identificaram 63.031 segmentos de ROH, um número elevado e compatível com a tendência desses painéis de superestimarem especialmente os segmentos curtos (1-4 Mb), conforme destacado por Purfield *et al.* (2012).

A média de ROH por animal encontrada para o rebanho Caracu avaliado ($58 \pm 18,24$) foi maior do que a relatada por Carrara *et al.* (2024) em uma subpopulação da raça Guzerá selecionado para duplo propósito, proveniente de diferentes propriedades e submetida a distintos objetivos de seleção, com valor médio de $9,04 \pm 4,16$. Essa diferença pode ser explicada pela estrutura populacional, uma vez que o rebanho Caracu avaliado neste estudo é fechado e vem sendo submetido à seleção direcionada para peso corporal há mais de 40 anos, condição que favorece o acúmulo e a fixação de segmentos homozigotos ao longo das gerações. Esse mesmo padrão foi observado no estudo de Bittencourt *et al.* (2024) com a linhagem Lemgruber da raça Nelore, que apresentou média de 57,93 ROHs por indivíduo, o que poderia reforçar a expectativa de que rebanhos fechados apresentem maior número de ROHs, porém como os autores utilizaram um painel de baixa densidade com 30.000 SNPs, esses valores podem apresentar um viés com uma superestimação dos fragmentos menores que 4Mb, como demonstrado por Falchi *et al.* (2024), Ferenčaković *et al.*, (2013) e Meyermans, Gorssen & Janssens (2020).

O comprimento médio das ROHs identificadas na população Caracu avaliada foi de $3,87 \pm 4,05$ Mb, valor próximo ao observado por Peripolli *et al.* (2018) na raça Gir (3,17 Mb), uma raça com histórico de endogamia, conforme descrito por Santana *et al.* (2014), mesmo apresentando uma população numericamente superior quando comparada à raça Caracu. Comprimentos médios mais elevados de ROHs podem estar associados a uma maior proporção de endogamia decorrente de eventos mais

recentes na população (Peripolli *et al.*, 2017). Apesar do comprimento médio das ROHs na raça Caracu ser relativamente semelhante ao encontrado na raça Gir, é importante destacar que a população Caracu analisada pertence a um rebanho fechado, submetido à seleção para uma única característica por mais de quatro décadas. Em contraste, os animais avaliados por Peripolli *et al.* (2018) são provenientes de diferentes rebanhos e submetidos a distintos critérios de seleção. Esses resultados indicam que, mesmo sob um regime de seleção contínua e em sistema fechado, o rebanho Caracu mantém suas ROHs predominantemente associadas a ancestrais mais antigos.

Diferentes quantidades de ROH foram identificadas nos diferentes cromossomos. Santos *et al.* (2024), ao analisarem bovinos Curraleiro e Pantaneiro, que também são raças taurinas brasileiras adaptadas ao clima tropical assim como o Caracu, também relataram diferenças entre cromossomos quanto à frequência de ROHs. Para a raça Curraleiro, o cromossomo 1 apresentou a maior quantidade de ROHs, coincidindo com os resultados obtidos neste estudo. Ressalta-se que o cromossomo 1 é o maior cromossomo em bovinos e essa é uma das justificativas dele apresentar maiores concentrações de regiões em homozigose. Por outro lado, na raça Pantaneira a maior concentração de ROH ocorreu no cromossomo 5. As comparações entre estudos, no entanto, devem ser interpretadas com cautela, pois painéis distintos e critérios divergentes de configuração de uma ROH podem influenciar tanto o número quanto o comprimento dos segmentos identificados (Falchi *et al.* 2024). Carrara *et al.* (2024), também observaram diferenças entre o número de ROHs nos cromossomos, com o 5 e o 6 apresentando o maior número. Isso demonstra que fatores como extensão genômica, densidade do painel de SNPs, raça, critério de seleção, entre outras características podem impactar a distribuição das ROH.

A distribuição das ROHs por classes de comprimento no rebanho Caracu analisado indicou predominância da classe 2-4 Mb (37,96%; 20.595 ROHs). Em bovinos Gir, Peripolli *et al.* (2018) reportaram maior proporção na classe 0-2 Mb (59,42%), sendo a classe >16 Mb a menos frequente, padrão semelhante ao observado no presente estudo. Esses resultados sugerem que o rebanho Caracu avaliado possui endogamia associada a ancestrais mais recentes em comparação ao Gir, o que é compatível com seu menor tamanho populacional e com o fato deste

rebanho estar submetido a um programa de melhoramento fechado com entrada restrita e controlada de animais, condição que aumenta a probabilidade de acúmulo de segmentos maiores em homozigose. Entretanto, Bem *et al.* (2024), ao avaliarem um rebanho fechado da raça Nelore pertencente ao mesmo programa de melhoramento do rebanho Caracu avaliado neste estudo, observaram maior proporção na classe 0-2 Mb. Essa divergência encontrada nos valores do trabalho da raça Gir (Peripolli *et al.* 2018) e na raça Nelore (Bem *et al.* 2024) pode ser explicada pelo uso de dados imputados para um painel de alta densidade (~700k SNPs), em ambos os trabalhos. Como destacado por Dadousis *et al.* (2024), painéis de menor densidade (< 50.000 SNPs), quando imputados para painéis de maior densidade, podem introduzir erros na estimação da endogamia genômica. A imputação genômica é um procedimento de natureza probabilística, no qual genótipos ausentes são inferidos com base em padrões de desequilíbrio de ligação e nas informações de uma população de referência. Embora essa abordagem aumente a densidade de marcadores disponíveis para análise, os genótipos imputados não correspondem a observações diretas, mas a estimativas sujeitas a incerteza. Assim, possíveis erros de imputação podem afetar a identificação, o número e o comprimento das regiões de homozigose (ROHs), resultando em potenciais vieses na estimativa da endogamia genômica quando são utilizados dados imputados para painéis de alta densidade.. Falchi *et al.* (2024) também relatam que ao aumentar a densidade dos painéis utilizados de ~50.000 para ~700.000 SNP, houve uma diminuição dos fragmentos >8Mb e um aumento dos <2Mb, isso porque o aumento da resolução dos painéis permite a identificação de mais SNPs adjacentes (heterozigotos, no caso das ROHs) fazendo com que se tenha quebra de fragmentos que foram maiores em análises utilizando resoluções de painéis mais baixas. Assim, o maior número de ROHs curtas observado no rebanho Nelore e Gir pode ser decorrente do próprio tipo de painel e metodologia de imputação utilizada e não necessariamente de diferenças biológicas entre as populações.

Em estudos prévios para a raça Pantaneira, a maior proporção de ROH ocorreu na classe de 4-8 Mb (44,29%), enquanto para a raça Curraleiro a maior frequência foi observada na classe acima de 16 Mb (56,17%) (Santos *et al.*, 2024). Entre as raças taurinas brasileiras localmente adaptadas, esses padrões indicam que a população

Caracu avaliada apresenta valores compatíveis com o histórico de programas de seleção e de conservação conduzidos de forma mais eficiente, conforme relatado por Verardo *et al.* (2024). Embora o rebanho analisado seja fechado e esteja submetido, há mais de quatro décadas, à seleção para uma única característica, a endogamia tem sido eficientemente controlada e não está associada a eventos recentes, os quais geralmente estão relacionados a consequências mais severas nas populações, como os efeitos da depressão endogâmica e a ocorrência de haplótipos letais (Peripolli *et al.*, 2017). Em uma raça localmente adaptada colombiana, a Crioula Caqueteña, na avaliação de 127 animais com painel de alta densidade, 62,82% das ROHs foram menores que 2 Mb e apenas 0,015% ultrapassaram 16 Mb (Toto-Ospina *et al.*, 2022). Para o Caracu, 2,20% das corridas pertencem à classe >16 Mb, indicando maior contribuição de endogamia recente comparado a raça Crioula Caqueteña.

Considerando que o comprimento esperado das ROHs é inversamente proporcional ao número de gerações desde o ancestral comum, conforme a relação $E(L) = \frac{1}{(2g)}$, proposta por Howrigan *et al.* (2011), e assumindo, de forma aproximada, uma taxa média de recombinação em bovinos de $1 \text{ cM} \approx 1 \text{ Mb}$, é possível associar diferentes classes de ROH a estimativas anuais de endogamia. Segmentos curtos, com comprimento até 2 Mb, estão associados predominantemente a eventos de endogamia antigos, originados de ancestrais comuns que viveram aproximadamente 25 a 50 gerações atrás. ROHs com comprimento entre 2 e 4 Mb, que representaram a maior proporção das corridas identificadas neste estudo, estão associadas a ancestrais comuns estimados em torno de 12 a 25 gerações anteriores. Considerando o intervalo médio de gerações do rebanho Caracu, estimado em aproximadamente 5 anos (Borges *et al.*, 2026 – ainda não publicado), essas ROHs refletem eventos de endogamia associados a ancestrais comuns que viveram há mais de 60 anos.

A média geral de FROH observada para o Caracu foi de $9,04 \pm 3,90\%$, valor superior ao relatado por Pereira *et al.* (2005) com endogamia baseada em pedigree no mesmo rebanho, levando em consideração animais nascidos até o ano de 2002 (média de 1,9%), e aos resultados encontrados por Borges *et al.* (2026- ainda não publicado) com média de 2,35%, avaliando animais nascidos até 2023, também utilizando a mesma população do presente estudo. Estudos comparativos demonstram que estimativas de endogamia baseadas em ROH podem divergir das

obtidas via pedigree, mesmo com elevado número de gerações equivalentes, como evidenciado por Bem *et al.* (2024), porque as ROHs permitem capturar a estocasticidade que pode existir pelos mecanismos de recombinação, analisando assim o genoma de forma direta, enquanto a endogamia baseada em pedigree trabalha com uma estimativa e não consegue capturar os mecanismos de recombinação. Em populações zebuínas, valores de FROH similares foram identificados, como uma subpopulação Guzerá de duplo propósito, que apresentou média de 9,50%, variando de 0,02% a 55,90% (Carrara *et al.*, 2024). Entre raças crioulas colombianas, a Blanco Orejinegro apresentou média de 6,78%, com amplitude entre 0,08% e 30,05% (Caivio-Nascer *et al.*, 2021).

Em análise recente, Verardo *et al.* (2024) identificaram FROH média de 9,54% em 55 animais Caracu selecionados para leite e de 4,37% em 24 animais selecionados para corte. A população leiteira conhecida como Caracu Caldeano apresenta um histórico de baixa introdução de material genético externo (Lima *et al.*, 1992), exibindo valores semelhantes aos observados no rebanho analisado no presente estudo, o qual apresenta características semelhantes, como a restrição à entrada de material genético externo e a seleção direcionada a um número limitado de características. Estudos com maior número de indivíduos são necessários para caracterizar de forma mais abrangente o padrão de endogamia e diversidade genética do Caracu Caldeano.

Entre 2014 a 2024, os valores médios de FROH indicaram tendência de aumento da endogamia ao longo do tempo (Figura Suplementar 4), com oscilações pontuais associadas a eventos específicos de manejo reprodutivo. Observa-se elevação progressiva do FROH de 2014 (8,46%) até 2017 (10,45%), com leve queda em 2015 (7,7%), resultado observado por Borges *et al.* (2026 – ainda não publicado) no qual o coeficiente de coancestria (C) entre 2014 a 2023 foi menor em 2015 indicando menor relacionamento entre os animais acasalados, refletindo a variação de endogamia (FROH) também encontrada por Bem *et al.* (2024) em rebanho fechado da raça Nelore com seleção contínua para peso à seleção ao longo de décadas. Em 2018, ocorreu redução acentuada do FROH (6,5%), concomitante ao maior valor de DHRR do período (0,289), resultado do nascimento dos bezerros oriundos de vacas introduzidas na fazenda em 2016, que participaram da estação de monta de 2017 e

pariram em 2018. O acasalamento desses animais, provenientes de outra fazenda, com o rebanho do IZ promoveu aumento temporário da diversidade genômica, reduzindo o coeficiente de endogamia e elevando a DHRR. Contudo, por se tratar de um rebanho fechado e submetido à seleção direcionada, esses animais introduzidos possivelmente não apresentaram características plenamente compatíveis com o critério de peso à seleção adotado, de modo que a diversidade genética adicional foi gradualmente diluída nas gerações subsequentes.

Esse processo se reflete no aumento progressivo do FROH a partir de 2019, culminando no maior valor observado em 2024 (11,22%), concomitantemente a uma redução relativa da DHRR, o que reforça o efeito cumulativo da seleção contínua e do uso recorrente de animais aparentados sobre a estrutura genômica da população. O FROH registrado em 2024 está associado, em grande parte, a acasalamentos envolvendo ancestrais comuns mais recentes, padrão evidenciado na Figura Suplementar 2, na qual as classes FROH > 16%, FROH entre 8–16% e FROH entre 4–8% apresentaram aumentos expressivos entre 2023 e 2024. Esses resultados ressaltam a necessidade de adoção de ferramentas e estratégias de manejo genético que visem minimizar o avanço da endogamia nas próximas gerações, uma vez que, conforme demonstrado por Bem et al. (2024), valores de FROH superiores a 16% estão associados a efeitos de depressão endogâmica sobre características produtivas, como peso ao nascimento, peso aos 210 dias e peso aos 378 dias, na raça Nelore.

Para as FROH por classes na raça Caracu, a maior média foi observada na classe 2-4 Mb, com $2,40 \pm 0,80\%$. Caivio-Nascer *et al.* (2021) encontraram para a raça local colombiana Blanco Orejinegro a maior média na classe >8 Mb, com 4,86%, sendo também essa classe a que apresentou a maior máxima (26,35%). No presente estudo, a classe com maior valor foi a >16 Mb, com 19,17%. A comparação direta entre estudos é limitada devido às diferenças de painel, número de animais, filtros aplicados, definição de uma ROH, e manejo das populações (Falchi *et al.* 2024). Ainda assim, a raça Caracu apresenta valores mais favoráveis ao encontrado em outros estudos na literatura para raças locais, apresentando valor máximo de FROH por classe aproximadamente metade do valor observado para a Blanco Orejinegro (Caivio-Nascer *et al.*, 2021), por exemplo, além da sua maior média estar associado

a uma classe menor, indicando maior contribuição de endogamia histórica e não recente.

Para as FROH por cromossomo, a menor média foi observada no cromossomo 7 ($8,86 \pm 8,07\%$) e a maior no cromossomo 20 ($15,64 \pm 10,18\%$), enquanto o maior valor individual foi registrado no cromossomo 14, com 91,57%. Embora tenha ocorrido em apenas um animal, esse resultado sugere atenção, pois indica um nível elevado de homoziguidade ao longo de praticamente toda a extensão do cromossomo 14, sugerindo um ancestral comum muito próximo. O cromossomo 20 também apresentou a única ilha de homozigose identificada neste estudo (Figura suplementar 1), localizada entre 38,26 e 40,99 Mb (2,73 Mb). Regiões semelhantes foram relatadas por Verardo *et al.* (2024) para animais Caracu, com ilhas entre 37,98 e 38,63 Mb em animais selecionados para corte e entre 38,45 e 39,96 Mb para animais selecionados para leite, além de uma ilha na mesma região para a raça Mocho Nacional. Caivio-Nascer *et al.* (2021) também identificaram uma ilha no cromossomo 20 para a raça Blanco Orejinegro, assim como Toro-Ospina *et al.* (2022) para a Criola Caqueteño. Esses achados mostram que diferentes raças taurinas adaptadas ao clima tropical compartilham uma região comum de homozigose no cromossomo 20, possivelmente associada a características adaptativas. Mulim *et al.* (2022) identificaram uma ilha de ROH no cromossomo 20 (36,13–42,17 Mb) em animais da raça Senepol, reconhecida por sua elevada resistência ao estresse térmico. Essa região genômica abriga o gene do receptor de prolactina (*PRLR*), o qual tem sido amplamente associado a mecanismos de adaptação ao calor. Em bovinos, o fenótipo de pelo liso (*slick hair*) resulta de um conjunto de mutações no *PRLR*, estando frequentemente relacionado à maior eficiência na dissipação de calor e, conseqüentemente, à resistência a ambientes de altas temperaturas (Sosa *et al.*, 2021; Costa *et al.*, 2025).

Foram identificados 16 genes na ilha de ROH no rebanho Caracu avaliado (Tabela 2). Entre eles o *CAPSL* e *IL7R*, ambos previamente associados à imunidade e a doenças autoimunes em humanos (Borysewicz-Sańczyk *et al.*, 2024; Verardo *et al.*, 2024), e o *IL7R* também foi citado como um gene envolvido no processo de crescimento (Verardo *et al.*, 2024). Paim *et al.* (2022) também reportaram esses dois genes ao analisar 48 raças de ovinos adaptadas a ambientes quentes e frios. Nesse estudo, outros genes encontrados, como *ADAMTS12*, *AGXT2*, *BRX1*, *C1QTNF3*,

RAD1, *RAI14*, *SLC45A2*, *DNAJC21*, *TTC23L*, *RXFP3* e *NPR3* foram previamente relacionados a vias de crescimento e proliferação celular, resposta imune, inflamação, estresse oxidativo, proteínas de choque térmico, termogênese, pigmentação da pele, entre outras funções adaptativas (Paim *et al.* 2022). Costa *et al.* (2025), também analisaram uma população de animais da raça Montana Tropical relacionando fatores ambientais e geográficos associados à variação genética na região genômica ligada à característica do *slick-hair* para identificar genes candidatos envolvidos na adaptação, os principais genes foram o *PRLR*, *RAD1*, *BRIX1* e *DNAJC21*, que estavam associados a função imunológica, reparo de DNA e biogênese ribossômica. Eles também identificaram que o fenótipo de pelo curto e liso associado ao *slick-hair* foi mais abundante em regiões com índice de temperatura e umidade (ITU) elevado, com maior altitude, menor cobertura vegetal e umidade reduzida.

O gene *SPEF2*, também presente na ilha supracitada, foi previamente associado a haplótipos letais em bovinos da raça Angus (Araujo *et al.*, 2021), e também identificado em bovinos das raças Senepol, Carora e Romosinuano e animais mestiços com Angus e Holandês em estudos de associação genômica ampla, avaliando pelagem curta relacionada a animais adaptados a regiões tropicais, indicando sinal de seleção recente (Huson *et al.*, 2014). O *PRLR* aparece como um dos mais recorrentes entre raças taurinas localmente adaptadas como a Caracu, Mocho Nacional, Criolo Caqueteño, Blanco Orejinegro e bovinos Criolos Bolivianos (Verardo *et al.*, 2024; Toro-Ospina *et al.*, 2022; Caivio-Nascier *et al.*, 2021; Marcuzzi *et al.*, 2025), sendo reportado também na raça Senepol (Mulim *et al.*, 2022; Porto-Neto *et al.*, 2018). Marcuzzi *et al.* (2025) identificaram uma ilha em homozigose contendo *PRLR* e *SLC45A2* em bovinos locais bolivianos. O gene *SLC45A2* está associado à pigmentação e à tolerância ao calor (Ding *et al.*, 2022). Alterações no *PRLR* também influenciam a dissipação de calor ao favorecer pelagem mais curta e menos densa nos animais (Sosa *et al.*, 2021).

O gene *DNAJC21*, foi relatado na raça Montana Tropical como codificador de proteínas ligadas ao estresse térmico, enquanto *RAD1* participa da resposta celular a danos no DNA induzidos por radiação UV (Costa *et al.*, 2025). Em conjunto, esses achados indicam que a ilha de ROH identificada no presente estudo é compartilhada por diferentes raças taurinas adaptadas ao clima tropical, sugerindo seu papel

funcional na adaptação a ambientes quentes. É particularmente relevante observar que, apesar de o rebanho analisado ser fechado e estar submetido, por mais de quatro décadas, à seleção direcionada exclusivamente para uma única característica produtiva de peso corporal, a única ilha de homozigose detectada está associada a genes envolvidos em processos adaptativos, especialmente relacionados à resposta ao estresse térmico. Esse resultado sugere que a raça Caracu apresenta um elevado potencial adaptativo genético, sendo capaz de conservar regiões genômicas funcionalmente importantes para a adaptação ambiental mesmo sob uma prolongada seleção para uma única característica produtiva. A manutenção dessas regiões adaptativas ao longo do tempo evidencia o potencial genético da raça e destaca seu valor como recurso genético estratégico para sistemas de produção em ambientes tropicais. Estudos adicionais são necessários para compreender os efeitos dessa homozigose em características adaptativas e avaliar se esses genes apresentam possível pleiotropia com o peso corporal, característica alvo de seleção no rebanho analisado.

Em relação às HRRs, não foram detectados segmentos pela metodologia de janelas, resultado semelhante ao observado por Carrara *et al.* (2024) para a raça Guzerá e por Mulim *et al.* (2022) em 16 populações bovinas de diferentes raças. Assim, a interpretação dos resultados baseou-se exclusivamente na abordagem de SNPs consecutivos, que identificou 9.011 HRRs, número aproximadamente três vezes superior ao relatado por Mulim *et al.* (2022), que encontraram 3.576 HRRs considerando as 16 populações bovinas analisadas, sugerindo que mesmo em um rebanho fechado e selecionado para uma única característica, os animais da raça Caracu analisados apresentam uma quantidade de heterozigosidade relevante. No estudo de Mulim *et al.* (2022), a raça Montana Tropical apresentou a maior proporção de HRRs (1.702 HRRs em 271 animais), resultado possivelmente associado ao fato de se tratar de uma raça composta, formada a partir da combinação de diferentes grupos biológicos, incluindo raças *Bos taurus* e *Bos indicus*. No presente estudo, observou-se que a maioria dos segmentos de HRRs na raça Caracu apresentou comprimento inferior a 0,8 Mb (78%). De forma semelhante, Mulim *et al.* (2022), ao analisarem a raça brasileira composta Purunã, formada pelas raças Angus, Charolês, Canchim e Caracu, relataram que 92,3% das HRRs apresentaram comprimento

inferior a 1 Mb.

Considerando conjuntamente as classes de comprimento de HRRs utilizadas no presente estudo (0,5–0,8 Mb e 0,8–1,1 Mb), verifica-se que 97,54% das HRRs identificadas na população Caracu analisada apresentam comprimento inferior a 1,1 Mb. Esse resultado é coerente com a expectativa biológica, uma vez que a raça Purunã é uma raça composta e relativamente recente, com origem na década de 1980 (Mulim *et al.*, 2022), o que favorece a presença de maiores níveis de heterozigosidade e, conseqüentemente, uma maior proporção de segmentos maiores de HRRs. Apesar dos animais da raça Caracu analisados apresentarem uma proporção maior de HRRs de pequeno comprimento, quando comparada à raça Purunã, os resultados obtidos indicam níveis satisfatórios de heterozigosidade, pelo fato que o rebanho Caracu analisado é fechado e vem sendo submetido à seleção direcionada para uma única característica por mais de quatro décadas, fatores que, em conjunto, tendem a reduzir a variabilidade genética e a heterozigosidade ao longo do tempo.

Carrara *et al.* (2024), utilizando um painel de 50k marcadores para uma subpopulação de bovinos Guzerá, oriunda de diversos rebanhos com critérios de seleção diferentes, identificaram 4.843 HRRs, com média de 2,95 HRRs por animal. O cromossomo com maior número de segmentos foi o 23, e todos os fragmentos tinham menos de 1,73 Mb. Em contraste, a população Caracu avaliada no presente estudo é proveniente de um único rebanho fechado, submetido à seleção direcionada para uma única característica por várias décadas, condição que, em princípio, tende a reduzir a variabilidade genética e a heterozigosidade ao longo do tempo. Ainda assim, observou-se uma média de $9,63 \pm 2,99$ HRRs por animal, valor superior ao relatado por Carrara *et al.* (2024) para a raça Guzerá. Além disso, o cromossomo 1 concentrou o maior número de segmentos (718 HRRs) na raça Caracu, resultado possivelmente associado à sua maior extensão genômica e à maior cobertura proporcionada pelo painel de marcadores.

A DHRR ainda é pouco explorada na literatura, o que dificulta comparações diretas com outras raças. Falchi *et al.* (2024) relataram valores máximos de 0,5% para a raça Simental utilizando um painel de menor densidade (50k) e 0,3% com um painel de média densidade (140k). Para a população Caracu avaliada, a DHRR média encontrada foi de 0,27%, com valores mínimos e máximos iguais a 0,05 e 0,50,

respectivamente. As classes 1.4 e 1.7 apresentaram valores baixos de DHRR, resultado do número reduzido de HRRs nessas categorias.

O padrão observado entre as diferentes classes de comprimento de regiões ricas em heterozigosidade ao longo do tempo (Figura Suplementar 3) está de acordo com o modelo proposto por Yadav *et al.* (2025), segundo o qual pressões seletivas tendem a aumentar a autozigosidade, enquanto regiões enriquecidas em heterozigosidade são mantidas em segmentos genômicos submetidos à seleção balanceadora prolongada e a altas taxas de recombinação. Essas regiões são, em geral, menos frequentes e mais curtas do que os trechos de homozigosidade (Mulim *et al.* 2024), o que explica os maiores valores e a maior variabilidade observados na classe de menor comprimento (0,5–0,8 Mb). Por refletirem eventos genéticos mais recentes, essas HRRs curtas são particularmente sensíveis a alterações no manejo reprodutivo e na composição dos reprodutores utilizados ao longo dos anos.

O cromossomo com maior média de DHRR foi o 29, com valor igual a $1,70 \pm 0,60\%$, enquanto o maior valor individual ocorreu no cromossomo 22, atingindo 4,70%. Nenhuma ilha de HRR foi identificada pois nenhuma região foi identificada em pelo menos 50% dos animais (Figura Suplementar 5). Contudo, a região com maior frequência de HRR ocorreu no cromossomo 14, abrangendo 6 SNPs entre 25,08 e 25,22 Mb, com frequência de 19% (181 indivíduos). Mulim *et al.* (2022), encontraram uma ilha nessa mesma região do cromossomo 14 (24,16-25,95 Mb) para a raça Purunã. Essa região contém o gene *TOX* (24,95-25,26 Mb), previamente relacionado ao sistema imune e a características reprodutivas (Colombi *et al.*, 2024), e ao estresse térmico e resistência a doenças em bovinos tropical e bovinos locais da China (Porto-Neto *et al.*, 2014; Li *et al.*, 2020), essas evidências podem estar associadas a adaptação relacionada a doenças tropicais na raça Caracu (Campos *et al.*, 2017; Abduch *et al.* 2024), e como a raça Purunã possui a raça Caracu na sua formação pode ser uma região compartilhada entre essas duas raças.

Para animais da raça Holandesa criados na Rússia, Smaragdov (2025) observou que o cromossomo 14 apresentou o maior número de HRRs. De forma semelhante, Mulim *et al.* (2024) identificaram uma ilha nesse mesmo cromossomo para a mesma raça, ao analisar diferentes densidades de painéis de genotipagem e múltiplas métricas, totalizando 45 ilhas de HRRs distribuídas em diferentes

cromossomos.

Embora alguns estudos sobre ROHs e HRRs tenham sido realizados, ainda são necessários avanços para o estabelecimento de critérios metodológicos mais padronizados, uma vez que diferenças entre painéis de genotipagem, tamanho populacional, filtros adotados e demais parâmetros analíticos podem influenciar as estimativas e dificultar comparações diretas entre populações. Ainda assim, os filtros empregados neste estudo produziram resultados consistentes e biologicamente relevantes, mesmo tendo sido aplicados a uma população fechada, submetida há mais de quatro décadas à seleção direcionada para uma única característica produtiva, o peso corporal. Nesse contexto, destaca-se que o rebanho fechado utilizado neste trabalho, pertencente ao Instituto de Zootecnia (IZ), desempenha papel central na disseminação genética da raça Caracu em âmbito nacional, sendo responsável por mais de 50% dos touros atualmente disponíveis em centrais de inseminação artificial. Dessa forma, esse rebanho tem contribuído para o aumento da produtividade da raça, bem como para sua maior aceitação no mercado. Além disso, os resultados obtidos evidenciam que estratégias eficazes de manejo e controle da diversidade genética vêm sendo adotadas, permitindo a identificação de ROHs associadas à adaptação histórica da raça Caracu, moldadas ao longo de gerações sob pressões ambientais específicas, e de HRRs distribuídas ao longo de todos os cromossomos. Esses achados indicam que, mesmo sob uma seleção prolongada, os animais da raça Caracu mantêm níveis relevantes de variabilidade genética e regiões associadas à adaptação e, possivelmente, à preservação da aptidão geral da população.

5. CONCLUSÃO

A análise das corridas de homozigose (ROH) e heterozigose (HRR) na raça Caracu evidenciou um conjunto de padrões genômicos que refletem tanto a história de formação da raça quanto os efeitos do programa de seleção praticado ao longo de mais de quatro décadas. O rebanho Caracu avaliado apresentou valores moderados de FROH, com predominância de segmentos mais curtos, o que indica predomínio de endogamia histórica e menor contribuição de eventos recentes. A presença de uma ilha de ROH consistente no cromossomo 20, contendo o gene PLRL, também

observada em outras raças taurinas adaptadas ao ambiente tropical, reforça a existência de regiões genômicas sujeitas à pressão seletiva associada a adaptação, em especial à tolerância ao calor e à resposta ao estresse ambiental.

No caso das HRRs, embora a literatura ainda seja limitada e exista grande impacto do painel de genotipagem na identificação dessas regiões, os resultados obtidos mostram que a raça Caracu mantém um número expressivo de segmentos em heterozigose distribuídos ao longo de todos os cromossomos, sugerindo que, apesar do processo seletivo intenso, ainda há variabilidade genética relevante na população.

De modo geral, sugere-se estudos adicionais que avaliem de forma integrada as informações de homozigose e heterozigosidade com as características selecionadas no rebanho, características adaptativas e reprodutivas e explorem, por meio de análises funcionais, os efeitos das principais regiões identificadas. O conjunto dos resultados reforça que o rebanho Caracu analisado mantém, ao mesmo tempo, diversidade genética e regiões em homozigose associadas à adaptação ao ambiente, que podem ser fundamentais para o direcionamento de estratégias de manejo e seleção em programas de melhoramento futuros.

6. REFERÊNCIAS

- Abduch NG, Pires BV, Souza LL, Vicentini RR, Zadra LEF, Fragomeni BO, Silva RMO, Baldi F, Paz CCP, Stafuzza NB. (2022). Effect of thermal stress on thermoregulation, hematological and hormonal characteristics of Caracu beef cattle. **Animals**, 12(24), 3473.
- Abduch NG, Reolon HG, Ligor VA, Silva RMO, Veríssimo CJ, Paz CCP, Stafuzza N. B. (2024). Resistance to natural tick infestation varies with age and coat and hair traits in a tropically adapted beef cattle breed. **Veterinary Parasitology: Regional Studies and Reports**, 50, 101017.
- Acharya RM, Lush JL. (1968). Genetic progress through selection in a closed herd of Indian cattle. **Journal of Dairy Science**, 51(7), 1059-1064.
- Allendorf FW, Hohenlohe PA, Luikart G. (2010). Genomics and the future of conservation genetics. **Nature reviews genetics**, 11(10), 697-709.
- Araujo AC, Carneiro PL, Alvarenga AB, Oliveira HR, Miller SP, Retallick K, Brito LF. (2021). Haplotype-based single-step GWAS for yearling temperament in American Angus cattle. **Genes**, 13(1), 17.
- Bem RD, Benfica LF, Silva DA, Carrara ER, Brito LF, Mulim HA, Borges MS, Cyrillo JNSG, Canesin RC, Bonilha SFM, Mercadante MEZ. 2024 Assessing different metrics of pedigree and genomic inbreeding and inbreeding effect on growth, fertility, and feed efficiency traits in a closed-herd Nellore cattle population. **BMC Genomics** 25:738.
- Bittencourt A, Egito AA, Suniga PAP, Santiago GG, dos Santos RM, Cardoso EP, Verardo LL, Silva MVGB, Toral FLB. (2024). Genome-wide assessment of runs of homozygosity to estimate inbreeding in a closed Nellore herd. **Livestock Science**, 288, 105547.
- Biscarini F, Cozzi P, Gaspa G, Marras G. (2019). DetectRUNS: Detect runs of homozygosity and runs of heterozygosity in diploid genomes. CRAN.
- Bonilha S, Tedeschi L, Figueiredo L, Branco RH, Cyrillo JNSG, Mercadante M.E. 2012. **Características de carcaça de bovinos Nelore, Caracu, Guzerá e Gir selecionados para peso pós-desmame**. Boletim De Indústria Animal, 69(1):63-69.
- Bordonaro S, Chessari G, Mastrangelo S, Senczuk G, Chessa S, Castiglioni B, Tumino S, Marletta D, Criscione A. (2023). Genome-wide population structure, homozygosity, and heterozygosity patterns of Nero Siciliano pig in the framework of Italian and cosmopolitan breeds. **Animal Genetics**, 54(5), 591-605.
- Borysewicz-Sańczyk H, Wawrusiewicz-Kurylonek N, Gościk J, Sawicka B, Bossowski F, Corica D, Aversa T, Wasniewska M, Bossowski A. (2024). Prevalence of selected polymorphisms of *il7R*, *CD226*, *CAPSL*, and *CLEC16A* genes in children

and adolescents with autoimmune thyroid diseases. **International Journal of Molecular Sciences**, 25(7), 4028.

- Caivio-Nasner S, López-Herrera A, González-Herrera LG, Rincón JC. (2021). Diversity analysis runs of homozygosity and genomic inbreeding reveal recent selection in Blanco Orejinegro cattle. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, 138(5), 613-627.
- Campos BM, Carmo AS do, Silva TBR da, Verardo LL, Gouveia JJ de S, Malhado CHM, Silva MVGB, Carneiro PLS. 2017 Identification of artificial selection signatures in Caracu breed lines selected for milk and meat production. **Livestock Science** 206:82-87.
- Cañón J, Alexandrino P, Bessa I, Carleos C, Carretero Y, Dunner S, Ferran N, Garcia D, Jordana J, Lasoê D, Pereira A, Sanchez A, Moazami-Goudarzi K. (2001). Genetic diversity measures of local European beef cattle breeds for conservation purposes. **Genetics Selection Evolution**, 33(3), 311-332.
- Carrara ER, Lopes PS, Veroneze R, Pereira RJ, Zadra LEF, Peixoto, M. G. C. D. (2024). Assessment of runs of homozygosity, heterozygosity-rich regions and genomic inbreeding estimates in a subpopulation of Guzera (Bos indicus) dual-purpose cattle. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, 141(2), 207-219.
- Colombi D, Perini F, Bettini S, Mastrangelo S, Abeni F, Conte G, Marletta D, Cassandro M, Bernabucci U, Ciampolini R, Lasagna E. (2024). Genomic responses to climatic challenges in beef cattle: A review. **Animal Genetics**, 55(6), 854-870.
- Costa NS, Guimarães RF, Junqueira VS, Peripolli V, Ferraz JBS, Pimentel F, Gama LT, Faria D, Núñez-Domínguez R, McManus C. (2025). Landscape genomics of thermotolerance: environmental and genetic determinants of the slick hair phenotype in Montana Tropical cattle. **Livestock Science**, 105828.
- Dadousis C, Ablondi M, Cipolat-Gotet C, van Kaam JT, Finocchiario R, Marusi M, Cassandro M, Sabbioni A, Summer A. (2024). Genomic inbreeding coefficients using imputation genotypes: Assessing the effect of ancestral genotyping in Holstein-Friesian dairy cows. **Journal of dairy science**, 107(8), 5869-5880.
- Ding C, Ma J, Yan H, Meng Y, Qi X, Qu K, Li F, Zhang J, Zhuzha B, Quji S, Chen N, Huang B, Lei C. (2022). Distribution of a missense mutation (rs525805167) within the *SLC45A2* gene associated with climatic conditions in Chinese cattle. **Gene**. 835, p. 146643.
- Doebley J. Molecular evidence for a missing wild relative of maize and the introgression of its chloroplast genome into *Zea perennis*. **Evolution**, Vol. 43, No. p. 1555-1559.

- Falchi L, Cesarani A, Criscione A, Hidalgo J, Garcia A, Mastrangelo S, Macciotta NPP. (2024). Effect of genotyping density on the detection of runs of homozygosity and heterozygosity in cattle. **Journal of Animal Science**, v. 102, p. skae147.
- Ferenčaković M, Hamzić E, Gredler B, Solberg TR, Klemetsdal G, Curik I, Sölkner J. (2013). Estimates of autozygosity derived from runs of homozygosity: empirical evidence from selected cattle populations. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 130, n. 4, p. 286-293.
- Forneris NS, Bosse M, Gautier M, Druet T. (2025). Genomic prediction of individual inbreeding levels for the management of genetic diversity in populations with small effective size. **Molecular Ecology Resources**, v. 25, n. 4, p. e14068. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.14068>
- Howrigan, DP, Simonson, MA, Keller, MC. (2011). Detecting autozygosity through runs of homozygosity: a comparison of three autozygosity detection algorithms. **BMC genomics**, v. 12, n. 1, p. 460.
- Huson HJ, Kim ES, Godfrey RW, Olson TA, McClure MC, Chase CC, Rizzi R, O'Brien AMP, Tassell CPV, Garcia JF, Sonstegard TS. (2014). Genome-wide association study and ancestral origins of the slick-hair coat in tropically adapted cattle. **Frontiers in genetics**, v. 5, p. 101.
- Ligori VA, Malheiros JM, Carrara ER, Dominguez-Castano P, Silva JBN, Cyrillo JNSG, Mercadante Zadra, LEF. (2025). Is it possible to select body weight without compromising carcass traits and reproductive efficiency in Caracu cattle?. **Journal of Applied Genetics**, p. 11.
- Li R, Li C, Chen H, Li R, Chong Q, Xiao H, Chen S. (2020). Genome-wide scan of selection signatures in Dehong humped cattle for heat tolerance and disease resistance. **Animal Genetics**, 51(2), 292-299.
- Lima MLP, Bonilha LMN, Figueiredo LA, Razook AG. (1992). Os bovinos da raça Caracu (The Caracu cattle). **Zootecnia**, 30(ún.), 1–12.
- Makanjuola BO, Miglior F, Abdalla EA, Maltecca C, Schenkel FS, Baes CF. (2020). Effect of genomic selection on rate of inbreeding and coancestry and effective population size of Holstein and Jersey cattle populations. **Journal of dairy science**, v. 103(6), p. 5183-5199.
- Marcuzzi O, Cecco PÁ, Olivera LH, Rico JAP, Calcaterra F, Vega A L, ... & Giovambattista G. (2025). Divergent adaptation to highland and tropical environments in Bolivian Creole cattle. **Gene**, v. 949, p. 149354.

- Marras G, Wood BJ, Mankanjuola B, Malchiodi F, Peeters K, Van As P, Baes CF, Biscarini F. (2018). Characterization of runs of homozygosity and heterozygosity-rich regions in a commercial turkey (*Meleagris gallopavo*) population. In **Proceedings of the 11th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production**, Auckland, New Zealand (p. 11-16).
- McQuillan R, Leutenegger AL, Abdel-Rahman R, Franklin CS, Pericic M, Barac-Lauc L, Smolej-Narancic N, Janicijevic B, Polasek O, Tenesa A, MacLeod AK, Farrington SM, Rudan P, Hayward C, Vitart V, Rudan I, Wild SH, Dunlop MG, Wright AF, Campbell H, Wilson JF. (2008). Runs of homozygosity in European populations. **The American Journal of Human Genetics**, v. 83(3), p. 359-372.
- Meyermans R, Gorssen W, Buys N, Janssens S. (2020). How to study runs of homozygosity using PLINK? A guide for analyzing medium density SNP data in livestock and pet species. **BMC genomics**, v. 21(1), p. 94.
- Mulim HA, Brito LF, Batista Pinto LF, Moletta JL, Silva LR, Pedrosa VB. (2022). Genetic and genomic characterization of a new beef cattle composite breed (Purunã) developed for production in Pasture-Based systems. **Frontiers in Genetics**, v. 13, p. 858970.
- Mulim HA, Pedrosa VB, Pinto LFB, Tiezzi F, Maltecca C, Schenkel FS, Brito LF. (2024). Detection and evaluation of parameters influencing the identification of heterozygous-enriched regions in Holstein cattle based on SNP chip or whole-genome sequence data. **BMC genomics**, v. 25(1), p. 726.
- Paim TP, Santos CA, Faria DA, Paiva SR, McManus C. (2022). Genomic selection signatures in Brazilian sheep breeds reared in a tropical environment. **Livestock Science**, 258, 104865.
- Pereira MC, Mercadante MEZ, Albuquerque LG, Razook AG. 2005. Estimativa de ganho genético a partir de diferenciais de seleção e parâmetros populacionais em um rebanho Caracu. **Revista Brasileira de Zootecnia**, 34(6):2245–2252.
- Peripolli E, Stafuzza NB, Munari DP, Lima ALF, Irgang R, Machado MA, Panetto JCC, Ventura RV, Baldi F, Silva MVGB. (2018). Assessment of runs of homozygosity islands and estimates of genomic inbreeding in Gyr (*Bos indicus*) dairy cattle. **BMC genomics**, 19(1), 34.
- Porto-Neto LR, Reverter A, Prayaga KC, Chan EK, Johnston DJ, Hawken RJ, Fordyce G, Garcia JF, Sonstegard TS, Bolormaa S, Goddard ME, Burrow HM, Henshall JM, Lehnert SA, Barendse W. (2014). The genetic architecture of climatic adaptation of tropical cattle. **Plos one**, v. 9(11), p. e113284.
- Porto-Neto LR, Bickhart DM, Landaeta-Hernandez AJ, Utsunomiya YT, Pagan M, Jimenez E, Hansen PJ, Dikmen S, Schroeder SG, Kim E, Sun J, Crespo E, Amati N, Cole JB, Null DJ, Garcia JF, Rverter A, Barendse W, Sonstegard TS. (2018).

Convergent evolution of slick coat in cattle through truncation mutations in the prolactin receptor. **Frontiers in Genetics**, 9, 57.

Purcell S, Neale B, Todd-Brown K, Thomas L, Ferreira MAR, Bender D, Maller J, Sklar P, Bakker PIW, Daly MJ, Sham PC. (2007). PLINK: A tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses. **American Journal of Human Genetics**, v. 81, p. 559–575.

R Core Team (2025). R: A Language and Environment for Statistical Computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. <<https://www.R-project.org/>>.

Rebelato AB, Caetano AR (2018). Runs of homozygosity for autozygosity estimation and genomic analysis in production animals. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 53, p. 975-984.

Rodrigues GRD, Rezende VT, Mercadante MEZ, Bonilha SFM, Canesin RC, Raineri C, Valente JPS, Ligor VA, Cyrillo JND SG. (2024). Animal growth models as a tool to estimate resilience indicators in *Bos indicus* and *Bos taurus* heifers: selection effects and genetics parameters. **Livestock Science**, 282, 105435.

Santana MLJ, Pereira RJ, Bignardi AB, El Faro L, Tonhati H, Albuquerque LG. (2014). History, structure, and genetic diversity of Brazilian Gir cattle. **Livestock Science**, 163, 26-33.

Santos MF, Silva MC, Freitas TMS, Dias JM, Moura MI, Juliano RS, Fioravanti CS, Carmo, AS. (2024). Identification of runs of homozygosity (ROHs) in Curraleiro Pé-Duro and Pantaneiro cattle breeds. **Tropical Animal Health and Production**, v. 56(2), p. 92.

Schiavo G, Bovo S, Ribani A, Moscatelli G, Bonacini M, Prandi M, Mancin E, Mantovani R, Dall'Olio S, Fontanesi L. (2022). Comparative analysis of inbreeding parameters and runs of homozygosity islands in 2 Italian autochthonous cattle breeds mainly raised in the Parmigiano-Reggiano cheese production region. **Journal of Dairy Science**, v. 105(3), p. 2408-2425.

Smaragdov M. (2025). Unravelling Heterozygosity-Rich Regions in the Holstein Genome. **Animals**, 15(15), 2320.

Sosa F, Carmickle AT, Jiménez-Cabán E, Ortega MS, Dikmen S, Negrón-Pérez V, Jannaman EA, Baktula A, Rincon G, Pagán-Morales M, Denicol AC, Sonstegard TS, Hansen PJ. (2021). Inheritance of the *SLICK1* allele of *PRLR* in cattle. **Animal Genetics**, v. 52(6), p. 887-890.

Toro-Ospina AM, Herrera Rios AC, Pimenta Schettini G, Vallejo Aristizabal VH, Bizarria dos Santos W, Zapata CA, Ortiz Morea EG. (2022). Identification of runs of homozygosity islands and genomic estimated inbreeding values in Caqueteño Creole cattle (Colombia). **Genes**, v. 13(7), p. 1232.

- Verardo LL, Otto PI, Machado MA, do Carmo Panetto JC, Faza DRDLR, do Egito AA, Vitorino ASM, Carolino MICM, Carolino NP, da Silva MVGB. (2024). Exploring the genetic origin of Brazilian locally adapted breeds: Admixture, population history and relationship with Portuguese and indicine cattle. **Livestock Science**, 282, 105455.
- Verardo LL, Silva FF, Machado MA, do Carmo Panetto JC, de Lima Reis Faza DR, Otto PI, Regitano LCA, Silva LOC, Egito AA, Albuquerque MSM, Zanella R, da Silva MVGB. (2021). Genome-wide analyses reveal the genetic architecture and candidate genes of indicine, taurine, synthetic crossbreds, and locally adapted cattle in Brazil. **Frontiers in Genetics**, 12, 702822. <https://doi.org/10.3389/fgene.2021.702822>.
- Williams JL, Hall SJ, Del Corvo M, Ballingall KT, Colli LICIA, Ajmone Marsan PAOLO, Biscarini F. (2016). Inbreeding and purging at the genomic Level: the Chillingham cattle reveal extensive, non-random SNP heterozygosity. **Animal genetics**, v. 47(1), p. 19-27.
- Yadav, A., Rath, P., Dixit, S. P., Ganguly, I., & Singh, S. (2025). Characterization of Heterozygosity-enriched regions and population structure in Indian cattle breeds. **Ecological Genetics and Genomics**. p. 100437, 2025.
- Zhao G, Liu Y, Niu Q, Zheng X, Zhang T, Wang Z, Xu L, Zhu B, Gao X, Zhang L, Gao H, Li J, Xu L. (2021). Runs of homozygosity analysis reveals consensus homozygous regions affecting production traits in Chinese Simmental beef cattle. **BMC genomics**, v. 22(1), p. 678. <https://doi.org/10.1186/s12864-021-07992-6>.

7. MATERIAL SUPLEMENTAR

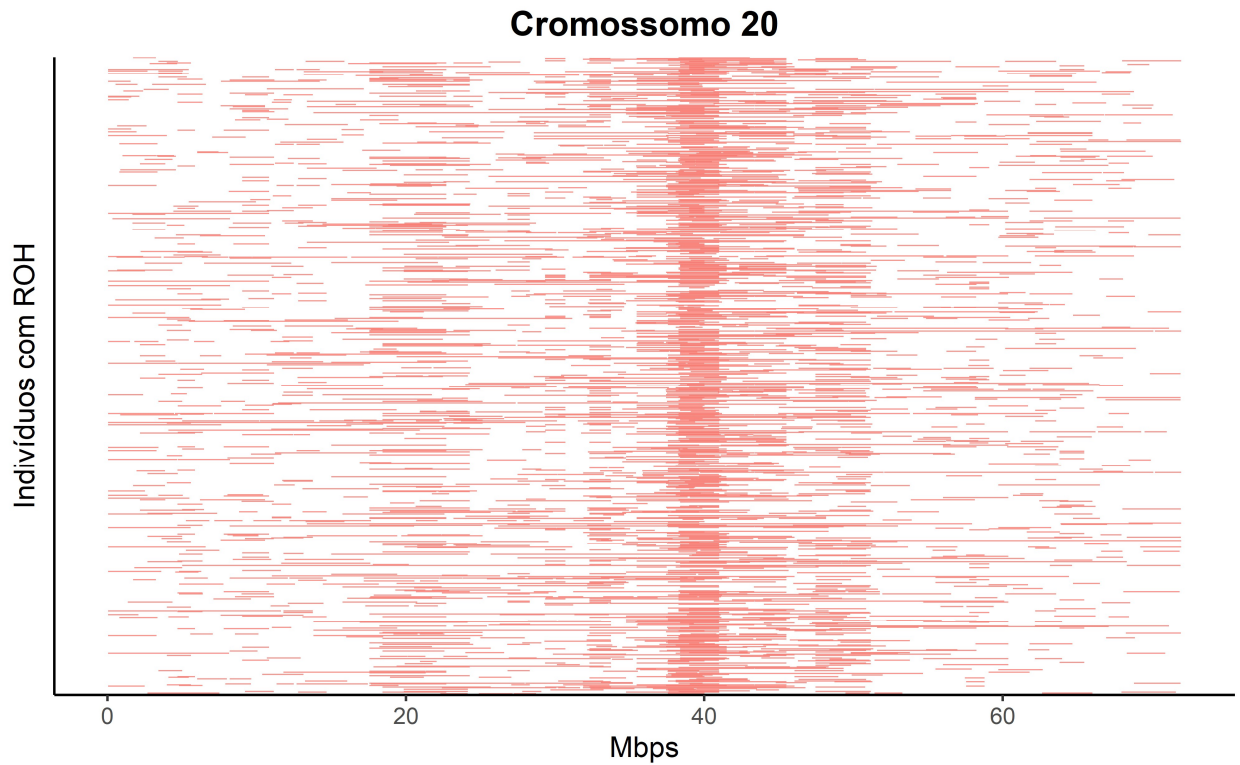


Figura Suplementar 1. Corridas de Homozigose (ROH) ao longo cromossomo 20 na população de bovinos Caracu avaliada, evidenciando a região do gene receptor de prolactina (PRLR, ~39-40Mb). Mbps = mega-pares de base.

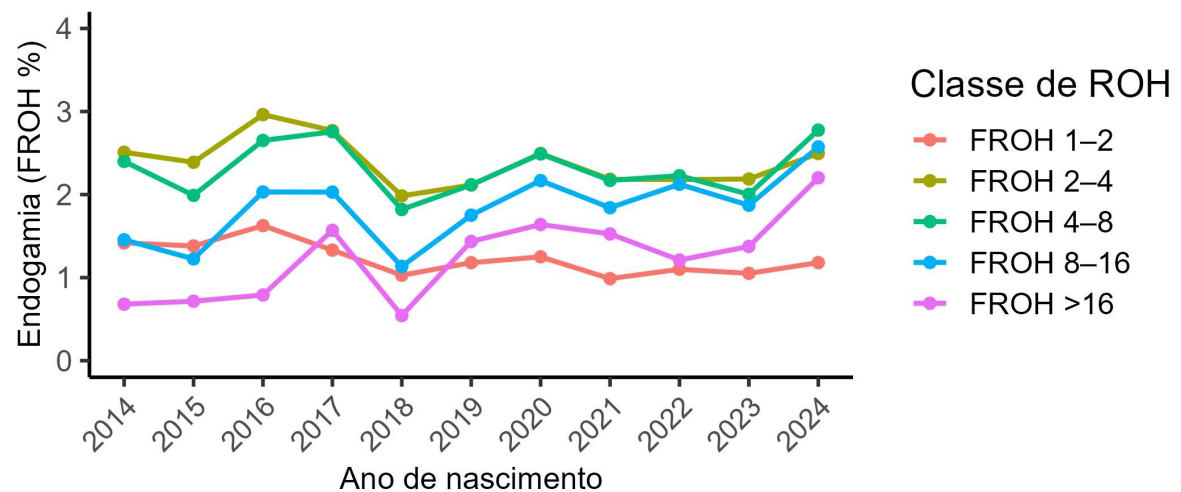


Figura Suplementar 2. Endogamia (FROH) por classes na população raça Caracu avaliada entre os anos de 2014 a 2024.

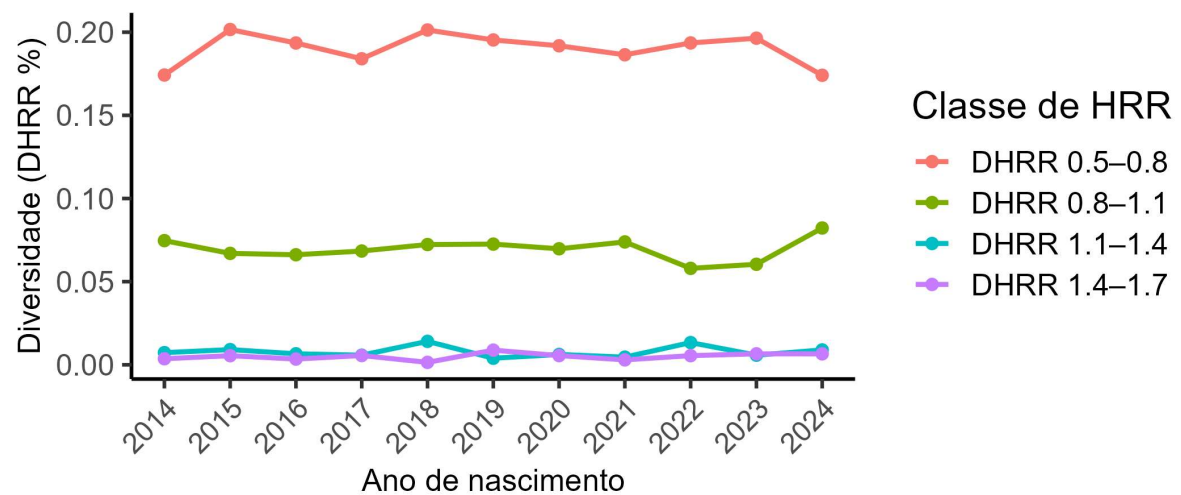


Figura Suplementar 3. Diversidade (DHRR) por classes na população raça Caracu avaliada entre os anos de 2014 a 2024.

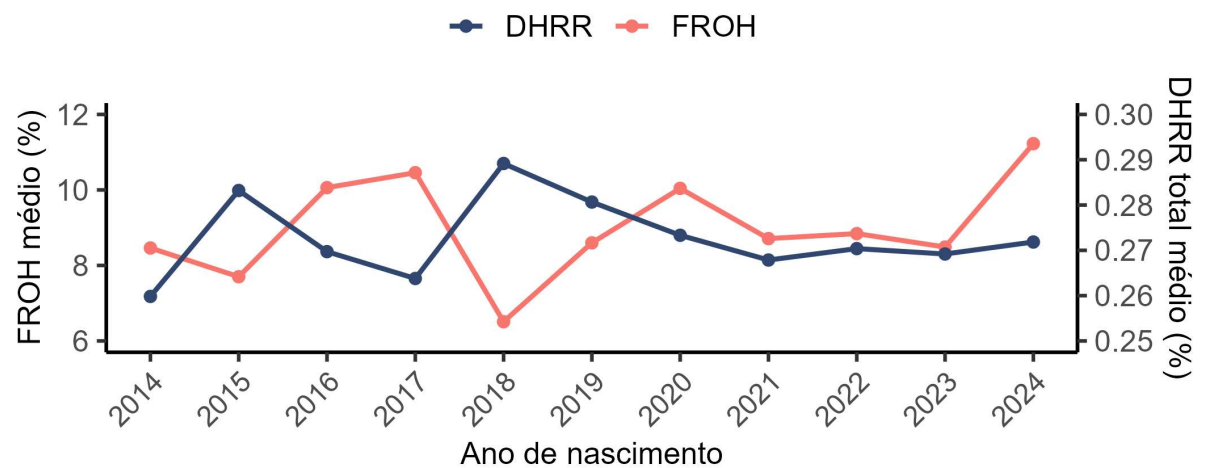


Figura Suplementar 4. Endogamia (FROH) e Diversidade (DHRR) na população raça Caracu avaliada entre os anos de 2014 a 2024.

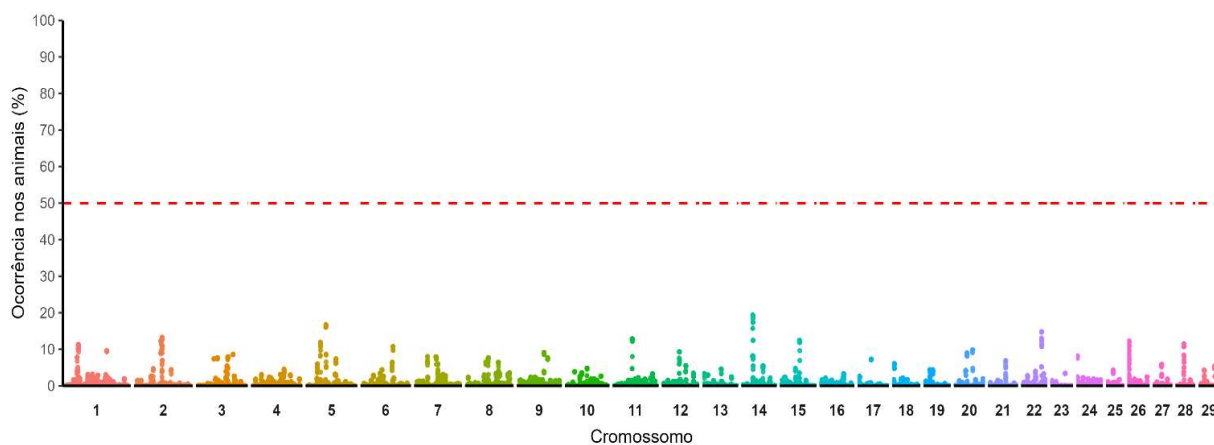


Figura Suplementar 5. Distribuição da porcentagem de SNPs em heterozigose ao longo dos cromossomos bovinos na raça Caracu

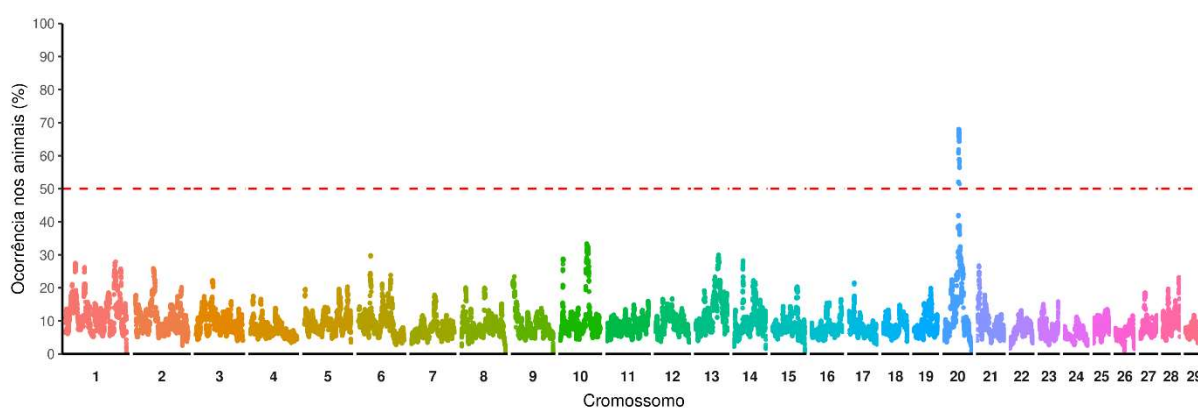


Figura Suplementar 6. Distribuição da porcentagem de SNPs em homozigosidade ao longo dos cromossomos bovinos na raça Caracu