UNIVERSIDADE DE SÃO PAULO
FACULDADE DE ZOOTECNIA E ENGENHARIA DE ALIMENTOS

GERARDO CORNELIO MAMANI MAMANI

**Associação entre coeficientes de endogamia estimados por diferentes
métodos e características produtivas em bovinos Nelore e ovinos Santa Inês**

Pirassununga
2018

GERARDO CORNELIO MAMANI MAMANI

Associação entre coeficientes de endogamia estimados por diferentes métodos e características produtivas em bovinos Nelore e ovinos Santa Inês

Versão Corrigida

Tese apresentada à Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo, como parte dos requisitos para obtenção do título de Doutor em Ciências do programa de pós-graduação em Biociência Animal.

Área de Concentração: Biociência Animal

Orientador: Prof. Dr. José Bento Sterman Ferraz

Pirassununga
2018

Ficha catalográfica elaborada pelo
Serviço de Biblioteca e Informação, FZEA/USP,
com os dados fornecidos pelo(a) autor(a)

MM263a Mamani Mamani, Gerardo Cornelio
Associação entre coeficientes de endogamia
estimados por diferentes métodos e características
produtivas em bovinos Nelore e ovinos Santa Inês /
Gerardo Cornelio Mamani Mamani ; orientador José
Bento Sterman Ferraz. -- Pirassununga, 2018.
69 f.

Tese (Doutorado - Programa de Pós-Graduação em
Biociência Animal) -- Faculdade de Zootecnia e
Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo.

1. Melhoramento Genético Animal. 2. Genômica . 3.
Endogamia. 4. Nelore. 5. Santa Inês. I. Sterman
Ferraz, José Bento, orient. II. Título.

FOLHA DE AVALIAÇÃO

Nome: MAMANI MAMANI, Gerardo Cornelio

Título: Associação entre coeficientes de endogamia estimados por diferentes métodos e características produtivas em bovinos Nelore e ovinos Santa Inês

Tese apresentada à Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo, como parte dos requisitos para obtenção do título de Doutor em Ciências do programa de pós-graduação em Biociência Animal.

Data: 18/10/2018

Banca Examinadora

Prof. Dr. Jose Bento Sterman Ferraz

Instituição: Universidade de São Paulo

Prof. Dr. Ricardo Vieira Ventura

Instituição: Universidade de São Paulo

Prof. Dr. Joanir Pereira Eler

Instituição: Universidade de São Paulo

Prof. Dr. Victor Breno Pedrosa

Instituição: Universidade Estadual de Ponta Grossa

Prof. Dr. Júlio Cesar de Carvalho Balieiro

Instituição: Universidade de São Paulo

A vocês meus amados pais, Cornelio e Eusebia.

A meus irmãos Daniel, Ana, Mercedes, Doris, Elisa e Manuel, meu suporte o tempo todo.

A meus sobrinhos Renso e Adriano estive muito tempo longe de vocês.

"Ama Sua. Ama Llulla. Ama Quella"
(“Do not steal. Do not lie. Do not be lazy”)
(Não roube, não minta, não seja preguiçoso)
Principio Inca

Agradecimentos

A Deus pela proteção e companhia

A minha família, mesmo estando longe sempre estiveram aqui comigo.

Ao CONCYTEC - Perú, pela bolsa e a confiança.

Ao Prof. Dr. Jose Bento Sterman Ferraz que aprecio, respeito e admiro muito. Por aceitar ser meu orientador, por me ensinar e me aconselhar o tempo todo nesta minha formação. Além de dar-me todas as facilidades para meu trabalho.

Ao Prof. Dr. Gota Morota, o meu amigo, que admirei e seguirei admirando e sou grato de lhe conhecer e aprender.

A meus prezados do GMAB: Bruna, Isabela, Bárbara, Pâmela, Mikaela, Leydiana, Laís, Mariana, Rossiane, Alessandra, Gerson, Yuri, Lucas, Lenin, Miguel, Eduardo, Fernando, Felipe e Minos. Vou sentir muito a vossa falta.

A Elisângela por todo o suporte técnico e apoio em todo momento. A Donha Vera pela amizade e conversas.

Aos professores do GMAB, Joanir Pereira Eler, César Gonçalves de Lima, Ricardo Ventura, Raquel Carvalho e Heidge Fukumasu por todos os ensinamentos e amizade.

A Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias da UNESP - Jaboticabal, onde fiz disciplinas que me ajudaram na formação e também conheci amigos que estimo e admiro.

A Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, USP – Piracicaba onde fiz importantes disciplinas. Agradecimento ao Prof. Gerson Mourão por nos proporcionar dados com os que foram feitos parte de esta tese, também ao Prof. Luiz Coutinho.

To the Animal Science Department of the University of Nebraska-Lincoln for hosting me in the Sandwich period, especially to Professors Matt Spangler, Dale Van Vleck, Jessica

Petersen, Walter Stroup and Diego Jarquin for their lessons and teachings. To colleagues and friends Madeleine, Haipeng, Reza, Napo, Sarah and Jeremy. Always, Go Big Red!

A todos peruanos que conheci aqui no Brasil, em especial a David Galindo, José Rivera, Victor Aredo e Roger Tito.

A minhas amigas que sempre torceram e me apoiaram: Patricia, Shirley, Mileni.

A Bruna, Victor, Napo, Gerson e Alana pela ajuda na escrita e edição da tese, e a todos que compartilharam momentos comigo e ajudaram neste trabalho.

¡Muchas gracias!

Resumo

MAMANI, G.C. Associação entre coeficientes de endogamia genômicos e características produtivas em bovinos Nelore e ovinos Santa Inês. 2018. 69 f. Tese (Doutorado) – Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga, 2018.

O monitoramento da endogamia é fundamental para o estabelecimento de um programa de melhoramento animal. Os coeficientes de endogamia foram estimados a partir de segmentos de homozigose (F_{ROH}), matriz de parentesco genômico com frequências alélicas derivadas dos dados (F_{GRM}), frequências alélicas ajustadas a 0,5 (F_{GRM05}), excesso de homozigose (F_{HOM}) e informação de pedigree (F_{PED}) em bovinos Nelore e ovelhas Santa Inês. Os dados genotípicos para a população Nelore foram obtidos de 2.569 animais utilizando um painel de 725,293 polimorfismos de nucleotídeo único e um pedigree composto por 15.846 indivíduos. Para a população de ovinos Santa Inês, 576 animais foram genotipados para 47.033 polimorfismos de nucleotídeo único, juntamente com dados de pedigree de 32.266 indivíduos. Picos notáveis nos cromossomos 7, 12 e 21 dos bovinos e no cromossomo 16 das ovelhas, representavam ilhas de ROH (> 47%), destacando regiões possivelmente afetadas pela pressão seletiva. Os valores médios para F_{PED} , F_{ROH} , F_{GRM} e F_{GRM05} foram 0,005, 0,058, -0,007 e 0,40, respectivamente no caso do Nelore, enquanto valores médios de 0,32, 0,049, 0,015, 0,287 e 0,015 para F_{PED} , F_{ROH} , F_{GRM} , F_{GRM05} e F_{HOM} , respectivamente no caso das ovelhas. Esses coeficientes de endogamia foram associados negativamente com peso ao nascer, peso à desmama, ganho de peso pós-desmame, escore de muscularidade, precocidade, conformação e circunferência escrotal em bovinos Nelore e para todas as características analisadas em Santa Inês. Também foi encontrada uma correlação negativa entre depressão endogâmica e estimativas de variâncias genômicas de dominância variando de -0,35 a -0,98 para Nelore e -0,89 a -0,91 para ovinos Santa Inês. Nós afirmamos que as descobertas relatadas podem ser usadas para manter a diversidade genética em bovinos Nelore e ovelhas Santa Inês sob uma perspectiva genômica.

Palavras-chave: Endogamia; Depressão endogâmica; Bovinos de corte; Ovinos de corte.

Abstract

MAMANI, G.C. Association between inbreeding coefficients estimated by different methods and productive traits in Nellore cattle and Santa Inês sheep. 2018. 69 f. Tese (Doutorado) – Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga, 2018.

Monitoring inbreeding is critical for establishing a sustainable breeding program. Inbreeding coefficients were estimated from runs of homozygosity (F_{ROH}), genomic relationship matrices coupled with allele frequencies derived from data (F_{GRM}), allele frequencies set to 0.5 (F_{GRM05}), excess of homozygosity (F_{HOM}), and pedigree information (F_{PED}) from Nellore cattle and Santa Ines populations. Genotypic data for the Nellore population were obtained from 2,803 animals using a panel of 725, 293 single-nucleotide polymorphisms and a pedigree consisting of 15,846 individuals. For the Santa Ines sheep population 576 animals were genotyped for 47,033 single-nucleotide polymorphisms along with pedigree data of 32,266 individuals. In cattle noticeable peaks on chromosome 7, 12, and 21, and in sheep on chromosome 16, represented hotspots of autozygosity ($> 47\%$), highlighting putative regions affected by selective pressure. The mean values for F_{PED} , F_{ROH} , F_{GRM} , and F_{GRM05} were 0.005, 0.058, -0.007, and 0.40, respectively for Nellore, while for Santa Ines were 0.32, 0.049, 0.015, 0.287 and 0.015 for F_{PED} , F_{ROH} , F_{GRM} , F_{GRM05} and F_{HOM} , respectively. These inbreeding coefficients were negatively associated with birth weight, weaning weight, post-weaning weight gain, muscularity score, finishing score, conformation score, and scrotal circumference on Nellore and for all traits analyzed on Santa Ines. Also, a negative correlation was found between inbreeding depression and estimates of dominance genomic variances ranging from -0.35 to -0.98 for Nellore and -0.89 to -0.91 for Santa Ines sheep. We contend that the findings reported here can be used to maintain genetic diversity in Nellore cattle and Santa Ines sheep from a genomic perspective.

Keywords: inbreeding. Nellore cattle; Inbreeding Depression; Santa Ines sheep.

Lista de Tabelas

Tabela 1 - Número de animais (N), média dos valores fenotípicos, média do coeficiente de endogamia (F_{PED}) e impacto do F_{PED} para 1% de endogamia, para características estudadas em bovinos.	22
Tabela 2 - Estatísticas descritivas das oito características analisadas na população Nelore	30
Tabela 3 - Estatísticas descritivas das características analisadas em ovinos Santa Inês.	32
Tabela 4 - Critérios utilizados para a definição de um segmento de ROH em bovinos Nelore e ovinos Santa Inês usando o programa Plink.	35
Tabela 5 - Estatística descritiva para os segmentos de homozigose (ROH), frequência, porcentagem, média de comprimento em quilobases (Kb) e desvio padrão em bovinos Nelore.	38
Tabela 6 - Classificação dos coeficientes de endogamia estimados por dados de pedigree (F_{PED}) em bovinos Nelore.	41
Tabela 7 - Estatística descritiva dos coeficientes de endogamia estimados usando dados de pedigree (F_{PED}), segmentos de homozigose (F_{ROH}), matriz de parentesco genômico (F_{GRM}), e matriz de parentesco genômico fixado a uma frequência alélica de 0,5 (F_{GRM05}).	41
Tabela 8 - Médias a posteriori dos coeficientes de regressão por cada incremento de 1% nos coeficientes de endogamia baseados no pedigree (F_{PED}), segmentos de homozigose (F_{ROH}), matriz de relação genômica (F_{GRM}) e matriz de relação genômica quando as frequências alélicas são definidas como 0,5 (F_{GRM05}).	44
Tabela 9 - Estimativas de variância aditiva e variância da dominância de oito características em bovinos Nelore.	45
Tabela 10 - Estatística descritiva para os segmentos de homozigose (ROH), frequência, porcentagem, média de comprimento em quilobases (Kb) e desvio padrão em ovinos Santa Inês.	46
Tabela 11 - Classificação dos coeficientes de endogamia estimados por dados de pedigree (F_{PED}) em ovinos Santa Inês.	48

Tabela 12 – Estatística descritiva sobre os coeficientes de endogamia estimados usando dados de pedigree (F_{PED}), segmentos de homozigose (F_{ROH}), matriz de parentesco genômico (F_{GRM}), e matriz de parentesco genômico fixado a uma frequência alélica de 0,5 (F_{GRM05}).....	49
Tabela 13 - Medias a posteriori dos coeficientes de regressão por cada incremento de 1% nos coeficientes de endogamia baseados no pedigree (F_{PED}), segmentos de homozigose (F_{ROH}), matriz de relação genômica quando as frequências alélicas são definidas como 0,5 (F_{GRM05}) e excesso de homozigose (F_{HOM}).	51
Tabela 14 - Estimativas de variância aditiva e variância da dominância de seis características em ovinos Santa Inês.	52

Lista de Figuras

Figura 1 - Distribuições de oito características analisadas na população de bovinos Nelore. .	31
Figura 2 - Distribuições das seis características analisadas na população de ovinos Santa Inês.	32
Figura 3 - Manhattan plot da porcentagem dos SNPs em autozigose no genoma do Nelore...	39
Figura 4 - Padrões de ROH nos cromossomos 7, 12 e 21 em bovinos Nelore, cada linha representa um animal, e cada coluna representa uma posição do SNP.	40
Figura 5 - Violin plot dos coeficientes de endogamia calculados por pedigree (F_{PED}), segmentos de homozigose (F_{ROH}), matriz genômica (F_{GRM}), e matriz genômica quando a frequência alélica é fixada a 0,5 (F_{GRM05}) na população de Nelore.....	42
Figura 6 - Correlação de Pearson entre coeficientes de endogamia usando dados de pedigree (F_{PED}), segmentos de homozigose (F_{ROH}), matriz genômica (F_{GRM}) e matriz genômica com frequência alélica fixada a 0,5 (F_{GRM05}) em bovinos Nelore.	43
Figura 7 - Manhattan plot da porcentagem dos SNPs em autozigose no cromossomo de ovinos Santa Inês.....	46
Figura 8 - Padrões de ROH no cromossomo 16 em ovinos Santa Inês, cada linha representa um animal.	47
Figura 9 - Violin plot dos coeficientes de endogamia calculados por pedigree (F_{PED}), segmentos de homozigose (F_{ROH}), matriz genômica (F_{GRM}), matriz genômica quando a frequência alélica é fixada a 0,5 (F_{GRM05}) e excesso de homozigosidade na população de ovinos Santa Inês.	49
Figura 10 - Correlação de Pearson entre coeficientes de endogamia usando dados de pedigree (F_{PED}), segmentos de homozigose (F_{ROH}), matriz genômica (F_{GRM}), matriz genômica com frequência alélica fixada a 0,5 (F_{GRM05}) e baseada no excesso de homozigose (F_{HOM}) em ovinos Santa Inês.	50

Lista de Abreviaturas e Siglas

F_{GRM}	Coeficiente de endogamia usando a matriz genômica
F_{GRM05}	Coeficiente de endogamia usando a matriz genômica, fixando a frequência alélica a 0,5
F_{HOM}	Coeficiente de endogamia baseado no excesso de homozigose
F_{PED}	Coeficiente de endogamia de pedigree
F_{ROH}	Coeficiente de endogamia usando segmentos de homozigose
IBS	Idêntico por estado
IBD	Idêntico por descendência
MAF	Frequência de alelo menor, do inglês: <i>Minor allele frequency</i>
ROH	Segmentos de homozigose, do inglês: <i>Runs of homozygosity</i>
SNP	Polimorfismos de nucleotídeo único, do inglês: <i>Single Nucleotide Polymorphism</i>

Sumário

1. INTRODUÇÃO	17
2. REVISÃO DE LITERATURA.....	18
2.1 Produção de Bovinos e Ovinos.....	18
2.1 Endogamia	18
2.3 Depressão Endogâmica.....	19
2.2 Coeficientes de Endogamia	22
2.3 Coeficientes de Endogamia Genômicos	23
2.4 Características Produtivas Estudadas em bovinos Nelore.....	25
2.4.1 Peso ao nascer.....	25
2.4.2 Peso à desmama	25
2.4.3 Ganho de peso da desmama ao sobreano.....	26
2.4.4 Conformação, precocidade e musculosidade.....	26
2.4.5 Altura	26
2.4.6 Perímetro escrotal	26
2.7 Características Produtivas Estudadas nos ovinos Santa Inês.	26
2.7.1 Peso ao nascer.....	27
2.7.2 Peso ao desmame.	27
2.7.3 Peso aos 180 dias.	27
2.7.4 Peso aos 270 dias	27
2.7.5 Presença de pelo na pele	27
2.7.6 Musculosidade na perna.....	27
3. HIPÓTESE.....	28
4. MATERIAIS E MÉTODOS.....	29
4.1 Declaração Bioética.....	29
4.2 Características fenotípicas	29
4.3 Dados genotípicos.....	33
4.3.1 Bovinos Nelore	33
4.3.2 Ovinos Santa Inês	33
4.4 Estimações de Coeficientes de Endogamia	34

4.4.1 Coeficiente de Endogamia por Pedigree.....	34
4.4.2 Coeficiente de Endogamia usando os segmentos de homozigose	34
4.4.3 Coeficiente de Endogamia usando a Matriz de Parentesco Genômico	35
4.4.4 Coeficiente de Endogamia usando o excesso de homozigotos.....	36
4.5 Depressão endogâmica	36
5. RESULTADOS	38
5.1 Nelore	38
5.1.1 Estimativas de coeficientes de endogamia em bovinos Nelore	41
5.1.2 Depressão endogâmica	43
5.1.3 Relação entre depressão por endogamia e variância genômica de dominância ..	44
5.2 Santa Inês.....	45
5.2.1 Estimativas de coeficientes de endogamia em ovinos Santa Inês	47
5.2.2 Depressão endogâmica	51
5.2.3 Relação entre depressão por endogamia e variância genômica de dominância	51
6. DISCUSSÃO	53
6.1 Bovinos Nelore	53
6.1.1 Estimativas de coeficientes de endogamia em bovinos Nelore	53
6.1.2 Correlação entre coeficientes de endogamia	54
6.1.3 Depressão endogâmica	55
6.1.4 Relação entre depressão por endogamia e variância genômica de dominância ..	56
6.2 Santa Inês.....	56
6.2.1 Estimativas de coeficientes de endogamia em ovinos Santa Inês	56
6.2.2 Correlação entre coeficientes de endogamia	58
6.2.3 Depressão endogâmica	58
6.2.4 Variância da dominância	58
7. CONCLUSÃO.....	59
APÊNDICE	68

1. INTRODUÇÃO

Tradicionalmente o coeficiente de endogamia tem sido calculado pela informação de pedigree, e mais recentemente, pelo uso de marcadores moleculares capazes de determinar o perfil genotípico de centenas de milhares de polimorfismos de base única (SNP – *Single Nucleotide Polymorphism*). Os coeficientes de endogamia baseados nestes marcadores têm sido incorporados em diferentes espécies domésticas. Dados genômicos possibilitam o conhecimento da proporção exata do genoma que está em homozigose, ao contrário dos dados de pedigree que nos permitem apenas obter a proporção esperada dada as informações genealógicas.

O coeficiente de endogamia (F) de um animal é a probabilidade de que dois alelos de um locus sejam idênticos por descendência (IBD, FALCONER; MACKAY, 1996), sendo resultado do acasalamento entre indivíduos mais aparentados que a média da população. A principal consequência causada pela endogamia pode ser a depressão endogâmica, definida por Dickerson (1973), verificada a partir de certo nível de endogamia e que se caracteriza pela redução do valor fenotípico médio.

Atualmente é possível a estimação dos coeficientes de endogamia baseado nos segmentos de homozigose (ROH). Essa alternativa de cálculo consiste de trechos contínuos de segmentos autozigotos em indivíduos que possuem alelos IBD. A identificação desses trechos, ou fragmentos homozigotos contínuos, ao longo do genoma bovino, pode revelar a história da endogamia de uma população, mediante a identificação de fragmentos longos ($>4\text{Mb}$), que apontam para a ocorrência de endogamia/autozigosidade recente ou a observação de fragmentos curtos ($<4\text{Mb}$), que denotam a presença de endogamia ocorrida em tempos remotos.

Existe forte evidência de que o coeficiente de endogamia considerando a informação dos ROH (F_{ROH}) é um melhor estimador da autozigosidade individual do que o coeficiente de endogamia por pedigree (F_{PED}) avaliadas em outras espécies domésticas (BJELLAND et al., 2013; CURIK; FERENČAKOVIĆ; SÖLKNER, 2014, 2017).

Os objetivos deste estudo foram: i) estimar os coeficientes de endogamia baseados no pedigree e nos dados genômicos, ii) quantificar a depressão endogâmica em características economicamente importantes, e iii) investigar a relação entre o grau de depressão endogâmica e as variâncias de dominância em bovinos Nelore e ovinos Santa Inês.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Produção de Bovinos e Ovinos

O bovino Nelore é a raça bovina mais numerosa no Brasil, representa aproximadamente o 80% dos bovinos de corte neste país. Com uma população de 218.225.177 bovinos (FAO, 2018), Brasil é o segundo maior produtor de bovinos depois da Índia e é o maior exportador de carne bovina a nível mundial com 2,1 milhões de toneladas equivalente de carcaça no 2018 (USDA, 2018).

A população de ovinos no Brasil esta em torno de 18.433.810 animais (FAO, 2018). A Santa Inês é uma das principais raças ovinas, considerada como uma boa produtora de carne nas condições tropicais, ter boa capacidade adaptativa, eficiência reprodutiva e boa resistência a parasitas gastrointestinais (MADRUGA et al., 2005).

Os programas de melhoramento animal são importantes porque permitem o ganho genético das características de importância econômica ao longo das gerações. A seleção baseada na metodologia de modelo animal implica no aumento na precisão e magnitude da seleção. No entanto, o uso dessa metodologia, que inclui toda a informação familiar o de pedigree pode levar a um aumento dos níveis de endogamia dado a tendência de escolher um maior número de animais de um menor numero de famílias (QUINTON et al., 1992). Portanto, o manejo genético da pecuária atualmente se concentra em não alcançar níveis de endogamia que poderiam levar a uma redução no seu desempenho ou uma ameaça à sua sustentabilidade dos programas de seleção aplicados.

2.1 Endogamia

A endogamia é o acasalamento entre indivíduos aparentados, que resultam numa progênie com menos heterozigossidade e, portanto, mais pares de genes homozigotos do que a média da população (LUSH, 1945). Sendo assim, é capaz de mudar as frequências genotípicas de uma população sem alterar as suas frequências gênicas. Isso pode conduzir a uma redistribuição das variações genéticas dentro e entre populações. A consequência principal resultante do fato que dois indivíduos terem um ancestral comum é que podem, os dois, carregar réplicas de um dos alelos presentes no ancestral. Se dois alelos são originários da cópia de um alelo apenas, numa geração anterior, podem ser chamados de “idênticos por descendência”. O incremento na proporção de loci em homozigose nos animais endogâmicos tem três resultados primários: a prepotência, o incremento da incidência de defeitos genéticos

por alelos recessivos, e redução do desempenho de características quantitativas, o que Dickerson (1973) denominou de “depressão pela endogamia”.

As populações selecionadas tendem a ter censos efetivos baixos, seja pela seleção ou pelo estabelecimento de populações bases com número reduzido de indivíduos. Isso aumenta as chances de acasalamentos entre animais aparentados e consequentemente o incremento da endogamia. A intensa seleção de touros na maioria das raças, com indivíduos, muitas vezes com dezenas de milhares de filhos e o uso de um número reduzido de pais de filhos têm levado a um aumento contínuo da endogamia, particularmente em raças intensamente utilizadas, como a Holandesa. O uso da informação de famílias próximas na avaliação genética, como é o caso dos modelos animais, tende a aumentar ainda mais a endogamia, porque a consideração de todas as relações de parentesco tende a fazer as avaliações dos membros da família semelhantes, ou seja, com maior probabilidade de serem selecionados juntos. Um estudo da evolução do nível de endogamia da população de bovinos da raça Holandesa nos EUA, considerando animais nascidos entre 1960 e 1980, mostrou que a endogamia aumentou lentamente em cerca de 0,044%/ano. Posteriormente, nos próximos quinze anos esse coeficiente aumentou rapidamente, com incremento médio de 0,275 %/ano. Mais recentemente, a partir do ano 2000, a taxa diminuiu para 0,11 %/ano (GARRICK; RUVINSKY, 2015).

Os efeitos da endogamia não são todos negativos. Segundo Wright (1922), um dos efeitos positivos da endogamia é o aumento da uniformidade do rebanho, fenômeno conhecido como prepotência. A prepotência em bovinos é a capacidade de um animal gerar progênies mais uniformes e está relacionada à produção de gametas também mais uniformes. O acasalamento dirigido desses animais homozigotos proporcionará progresso genético mais rápido do aquele observado em acasalamentos aleatórios (CARVALHEIRO; PIMENTEL, 2004).

2.3 Depressão Endogâmica

Falconer e Mackay (1996) explicam a depressão endogâmica como a redução do valor fenotípico observado para características relacionadas com a capacidade reprodutiva ou valor adaptativo (*fitness*, em inglês). A literatura mostra, no entanto, que pode impactar em qualquer característica a ser selecionada. A base genética deste fenômeno está relacionada a efeitos genéticos, sendo: a dominância parcial e completa, a sobredominância (superioridade dos heterozigotos sobre ambos os tipos de homozigotos) e a epistasia (incremento da probabilidade da combinação de genes favoráveis para heterozigotos) (KRISTENSEN et al.,

2010). De acordo com a predominância de um desses fenômenos, a depressão endogâmica pode ser uma função linear (dominância parcial e sobredominância) ou função não linear (epistasia) da endogamia (KRISTENSEN; SØRENSEN, 2005; CROQUET et al., 2006). A consequência de receber os mesmos genes idênticos por descendência de ambos antepassados é que a probabilidade de homozigose entre alelos recessivos aumente. A homozigose pode levar a sequelas no embrião, doenças mendelianas e diminuição da produtividade relacionada com a depressão por endogamia (WIGGANS; VANRADEN; ZUURBIER, 1995)

A abordagem padrão para estimar a depressão por endogamia é regredir o fenótipo da característica de interesse no coeficiente de endogamia (KRISTENSEN; SØRENSEN, 2005; LEROY, 2014; SAURA et al., 2015). Entretanto, apesar de ser amplamente aplicada, a metodologia tem vários pontos críticos, alguns relacionados à análise estatística e outros relacionados com a estimativa da endogamia, que devem ser tomadas em conta na interpretação dos resultados.

Segundo Curik et al. (2017) os principais problemas estatísticos na estimativa da depressão endogâmica são: (i) a homogeneidade da variância em toda a gama da endogamia é violada por definição, desde que a endogamia afeta a variância das características quantitativas; (ii) a baixa variância da endogamia pode conduzir a baixa potência da análise de regressão (KELLER; VISSCHER; GODDARD, 2011); (iii) frequentemente muitos animais têm um baixo nível de endogamia (de 0,0 a 0,1), com *outliers* com níveis altos de endogamia ($>0,2$), tornando difícil saber o que aconteceria em níveis mais alto de endogamia; (iv) as análises realizadas exigem frequentemente a utilização de modelos mistos (modelo animal) onde os indivíduos analisados são tomados de muitas gerações atrás, e cujos valores fenótipos são também influenciados pela seleção e não só pela endogamia (BECKER et al., 2016).

Contudo, o maior fator que influencia a precisão e o viés da estimação da depressão endogamia é o erro que surge na estimativa do coeficiente de endogamia verdadeiro ou realizado. Informações incompletas e genealogia desequilibrada é uma fonte de erros na estimativa da depressão endogâmica (CASSELL; ADAMEC; PEARSON, 2003). Em análises experimentais foram aplicadas diferentes estratégias para mensurar o viés introduzido pela genealogia incompleta. Erros de pedigree são outra fonte de erros que está presente em populações animais (LEROY; BAUMUNG, 2011). No entanto, um grande erro é introduzido pela propriedade teórica do F_{PED} , pois é uma expectativa que negligencia a variação de endogamia e recombinação aleatória. Por exemplo, todos os filhos de um mesmo casal terão a mesma estimativa de endogamia. Além disso, F_{PED} é baseada no modelo infinitesimal

assumindo autozigose (segmentos de dos cromossomos homólogos de um mesmo indivíduo que são idênticos por descendência) uniformemente distribuída em todo o genoma (WRAY; WOOLLIAMS; THOMPSON, 1990) e, assim, negligencia o impacto da seleção na autozigose numa região (CURIK; SOLKNER; STIPIC, 2001; CURIK; SÖLKNER; STIPIC, 2002).

A depressão endogâmica afeta a maioria das características de adaptação, embora as estimativas não sejam muito precisas e consistentes. Por exemplo, 1% de endogamia tem sido relatado como causa do aumento de 0,3 dias abertos de vacas leiteiras (BIFFANI; SAMORÉ; CANAVESI, 2002), um declínio de 0,16 % na taxa de não retorno (WALL et al., 2005) e um declínio de 0,4 % na taxa de parto (CASSELL; ADAMEC; PEARSON, 2003). Os níveis dessa depressão são maiores para características relacionadas com a eficiência biológica (*fitness*) quando comparado com características morfológicas ou de comportamento (DEROSE; ROFF, 1999). Contudo, Pereira et al. (2016) relataram maior nível de depressão para características morfológicas e produtivas do que para características reprodutivas em raças zebuínas. Pedrosa et al. (2010) relataram efeitos negativos da endogamia em características como peso ao nascimento, peso aos 60 dias e peso aos 180 dias em ovinos Santa Inês.

A influência da endogamia no desempenho dos animais, tanto em características de crescimento quanto reprodutivas é frequentemente relatada na literatura (Tabela 1). O conhecimento dos níveis de endogamia da população é importante para que se possa orientar os criadores, buscando prevenir a ocorrência dos efeitos genéticos provocados pela depressão endogâmica (HAUSCHILD et al., 2002).

Tabela 1 - Número de animais (N), média dos valores fenotípicos, média do coeficiente de endogamia (F_{PED}) e impacto do F_{PED} para 1% de endogamia, para características estudadas em bovinos.

Característica	População	N	Média	F_{PED}	Impacto F_{PED}	Autores
PN	Ripollesa	2.459	3,29	-	-13,6	Casellas et al., 2009
	Brahman	18.528	193,3	2,46	-0,72	Pereira et al., 2016
	Gir	6.272	149,1	3,55	-0,11	Pereira et al., 2016
	Guzerá	52.424	182,8	2,23	-0,41	Pereira et al., 2016
	Nelore	892.199	183,5	3,16	-0,38	Pereira et al., 2016
PD	Tabapuã	78.134	185,1	1,91	-0,43	Pereira et al., 2016
	Bonsmara	4.070	205,42	0,5	-2,062	Santana et al., 2012
	Marchigiana	2.147	211,24	0,75	0,961	Santana et al., 2012
	Nelore	416.018	170,68	-	-0,237	Santana et al., 2010
	Brown Swiss	612	-	-	-0,51	Falcão et al., 2001
	Tabapuã	1.036	178,99	-	0	Bernardes et al., 2016
	Nelore	3.300	-	3,81	-0,3	Shimbo et al., 2000
PSOB	Nelore	403.076	314	3,11	-1	Pereira et al., 2015
	Nelore	3.300	-	3,81	-0,73	Shimbo et al., 2000
CONF FREC MUS	Nelore	3.300	-	3,81	-0,03	Shimbo et al., 2010
PE	Nelore	58.852	25,83	2,83	-0,07	Pereira et al., 2015
	Brahman	1.530	27,75	2,52	-0,10	Pereira et al., 2016
	Guzerá	3.359	26,09	1,87	-0,05	Pereira et al., 2016
	Nelore	58.852	25,83	2,83	-0,07	Pereira et al., 2016
	Tabapuã	5.686	26,18	1,44	-0,08	Pereira et al., 2016
	Cruçamento	-	-	-	-0,055	Burrow, 1998
	Bonsmara	1.158	29,70	0,36	-0,126	Santana et al., 2012
	Nelore	58.388	27,14	0,135	-1,638	Santana et al., 2010
	Nelore	3.300	-	3,81	-0,055	Shimbo et al., 2000

PN = Peso ao nascer; PD = Peso ao desmame para 210 dias de idade; PSOB = Ganho de peso da desmama ao sobreano; CONF PREC MUS = Conformação, Precocidade e Musculosidade; PE = Perímetro escrotal.

Fonte: Própria autoria

2.2 Coeficientes de Endogamia

A endogamia se quantifica mediante o coeficiente de endogamia, sendo este um dos parâmetros centrais na teoria da genética de populações. Ele é definido como a probabilidade de que dois alelos escolhidos aleatoriamente em um locus homólogo dentro de um indivíduo sejam idênticos por descendência (IBD), considerando uma população base (referência), na qual todos os alelos são independentes; então, os alelos são idênticos porque eles são transmitidos de um ancestral comum (MALECOT, 1948). Este também é conhecido como coeficiente de consanguinidade ou identidade por descendência de um indivíduo (WRIGHT, 1922; MALECOT, 1948; CLEVELAND et al., 2005; CARRILLO; SIEWERDT, 2010). É

uma medida do aumento da homozigose, onde cada unidade é igual a um incremento de 1% em homozigose em relação à média da população base.

Este coeficiente é calculado a partir da informação de pedigree da população. Nesta abordagem, a probabilidade de que um par de alelos sejam IBD é estimado a partir dos valores esperados. A acurácia dos coeficientes obtidos é dependente da profundidade e integridade do pedigree (RON et al., 1996). A informação de pedigree tem a vantagem do baixo custo e simplicidade de obtenção em comparação a outros tipos de informação como os marcadores moleculares. Quando os cálculos são realizados usando pedigrees incompletos, com baixo número de gerações, os coeficientes de endogamia podem ser subestimados, uma vez que as relações genealógicas entre antepassados não são consideradas. Portanto, outras fontes de informação poderiam colaborar, especialmente aquelas derivadas da estimação da autozigosidade do genoma, com base em marcadores moleculares.

Os coeficientes de endogamia têm sido usado frequente em análises genéticas das populações humanas e no gerenciamento de bancos de germoplasma associados aos programas de melhoramento de plantas e animais. Uma característica inerente à estimação dos coeficientes de parentesco e de endogamia é a dependência sobre a informação do pedigree. Por exemplo, um coeficiente de endogamia não é uma característica intrínseca do indivíduo e sim uma informação genealógica dele mesmo.

No entanto, o F_{PED} tem várias desvantagens. Em primeiro lugar, F_{PED} não consegue captar a influência do parentesco entre os fundadores da população base. Segundo, F_{PED} é igual à proporção esperada do genoma que é IBD e não toma em consideração a natureza da recombinação aleatória. Terceiro, vários estudos confirmam que os erros em pedigrees são comuns devido a erros de interpretação, identificação e incorreto registro dos dados. Por último, F_{PED} não leva em conta potenciais vieses decorrentes da seleção, ou seja, assume iguais níveis de autozigosidade sobre todo o genoma (FERENČAKOVIĆ et al., 2011).

2.3 Coeficientes de Endogamia Genômicos

Os coeficientes de endogamia genômicos podem ser calculados examinando marcadores idênticos por estado (IBS) usando a matriz de parentesco genômico (VANRADEN et al., 2008) e usando os segmentos de homozigose (ROH; do inglês *runs of homozygosity*) que são regiões contíguas do genoma de um indivíduo que estão em homozigose ao longo do cromossomo. Eles são formados pela transmissão de haplótipos idênticos por parte dos pais (McQUILLAN et al., 2008). Os segmentos de homozigose foram propostos como uma medida que quantifica a autozigosidade individual em humanos

(MCQUILLAN et al., 2008; NALLS et al., 2009), bovinos taurinos (SÖLKNER et al., 2010; FERENČAKOVIĆ et al., 2011; PURFIELD et al., 2012; PRYCE et al., 2014; MÉSZÁROS et al., 2015;), bovinos zebuinos (ZAVAREZ et al., 2015; MUDADU et al., 2016; PERIPOLLI et al., 2018; PERIPOLLI et al., 2018b; PERIPOLLI et al., 2016; RIOS et al., 2016;), suínos (BOSSE et al., 2012; SILIÓ et al., 2013; JOAQUIM, 2016; ZANELLA et al., 2016), frangos (ORAZIETTI, 2015), ovelhas (AL-MAMUN et al., 2015), cavalos (METZGER et al., 2015), cachorros (MORTLOCK; KHATKAR; WILLIAMSON, 2016; MASTRANGELO et al., 2018b), e suíno selvagem (IACOLINA et al., 2016; NUIJTEN et al., 2016).

McQUILLAN et al. (2008) introduziram o termo de coeficientes de endogamia por ROH (F_{ROH}) como uma medida da autozigosidade individual e foi definida como a proporção do genoma autossômico que está em ROH em determinado loci, dado um determinado comprimento mínimo em relação ao genoma total. O F_{ROH} ignora os ROH nos cromossomos sexuais, uma vez que eles têm diferentes padrões de distribuição dos IBD, e também nas regiões ao redor dos centrômeros, por serem altamente conservadas, o que pode levar a estimativas viesadas.

Os estimadores de F_{ROH} refletem diretamente a homozigose sobre o genoma e têm a vantagem de não ser afetado por estimativas da frequência do alelo ou por pedigree incompleto. As estimativas do F_{PED} têm uma correlação moderada com as obtidas pelo F_{ROH} (ZHANG et al., 2015)

As estimativas de F_{ROH} potencialmente têm várias vantagens sobre o F_{PED} . Em primeiro lugar, considerando que F_{PED} é uma estimativa da autozigose do genoma, medindo diretamente a homozigose, as estimativas de F_{ROH} podem potencialmente estimar a percentagem real do genoma que é autozigoto com maior precisão. Segundo, estimativas F_{ROH} incorporam autozigose decorrentes de antepassados comuns muito distantes (por exemplo, 50 gerações). Terceiro, o F_{ROH} pode ser estimada em qualquer amostra que tem os dados disponíveis, incluindo amostras para que a informação de pedigree seja difícil ou impossível de recolher. Quarta, considerando que todas as estimativas de F_{PED} são estimativas da autozigose, estimativas de F_{ROH} podem ser alterados para permitir a possibilidade de testar se um efeito de F é distribuído uniformemente através do genoma ou se o sinal vem de locais genômicos específicos (por exemplo, estimativas de F para diferentes cromossomos). Por último, dada a progressiva diminuição do preço do genotipagem, é provável que as estimativas de F genômica sejam menos custosas para recolher que os dados de pedigree, que requer uma intensa observação em campo para obter descendência a partir de ambos os pais.

Uma potencial desvantagem para o uso de estimativas genômicas de F é que o seu comportamento em populações com diferentes níveis de endogamia não é bem caracterizado e, por isso, é claro que as estimativas devem ser feitas considerando as diferentes situações. Além disso, pode não ter suficiente variação nas estimativas genômica de F em amostras não selecionadas ("camundongos *outbred*") para detectar efeitos de endogamia com significância estatística (KELLER; VISSCHER; GODDARD, 2011)

Trabalhos feitos em varias espécies reportam diferentes valores de F_{ROH} influenciados basicamente pelo tamanho do segmento do ROH. Além disso, a correlação entre as estimativas de F_{ROH} e F_{PED} são variadas.

2.4 Características Produtivas Estudadas em bovinos Nelore

Em bovinos de corte no Brasil, várias são as características consideradas de relevância econômica pelos diferentes programas de seleção e melhoramento genético, citada a seguir.

2.4.1 Peso ao nascer

O peso com o que nasce o bezerro é uma característica de grande importância, pois está correlacionada positivamente com as demais características de peso que são medidas posteriormente. Geralmente o interesse é obter animais mais pesados para o abate, mas do ponto de vista reprodutivo é importante não elevar demais os pesos ao nascimento para evitar partos distócicos, o que pode levar a perda da matriz e do bezerro. Por conta disso, os programas de melhoramento genético buscam animais que possuam um valor de peso intermédio, conseguindo assim animais não tão leves para o abate e que não possam levar a problemas no momento do parto, principalmente em primíparas (SCARPATI; LÔBO, 1999)

2.4.2 Peso à desmama

O peso ao momento do desmama que é aproximadamente aos 210 dias de idade, é uma característica que está correlacionada positivamente com as características de peso medidas em idades futuras e também com características indicativas de precocidade sexual e de qualidade da carcaça. Tanto do ponto de vista comercial como do melhoramento, a desmama é uma idade chave para realizar a primeira seleção (ELER; FERRAZ; MATTOS, 2015).

2.4.3 Ganho de peso da desmama ao sobreano

O ganho de peso no período pós-desmama permite avaliar o potencial genético do indivíduo, visto que neste período o potencial não é mais influenciado pelo efeito materno. (ELER; FERRAZ; MATTOS, 2015).

2.4.4 Conformação, precocidade e musculosidade

De acordo com Conexão Delta G (2004), a definição de conformação, precocidade e musculatura se dão por:

A conformação avalia a quantidade de carne na carcaça. Os valores são atribuídos imaginando-se o abate do animal no momento em que é realizada a avaliação. Está característica e influenciada pelo tamanho e pelo grau de musculosidade.

A precocidade avalia a capacidade de o animal chegar a um grau de acabamento mínimo de carcaça, com peso vivo não elevado. Animais com maior profundidade de costelas, maior caixa torácica, de silhueta cheia, com deposição de gordura subcutânea precoce, sobretudo ao nível da cauda, indicam maior precocidade de terminação.

A musculatura avalia o desenvolvimento da massa muscular como um todo, observada em pontos como antebraço, paleta, lombo, garupa e principalmente, no traseiro.

2.4.5 Altura

É a medida tomada do encontro dos ossos íleos até o chão. É uma característica de crescimento menos suscetível a variações de meio ambiente do que o peso, sendo economicamente importante, dada a alta correlação com o peso em diferentes idades, com o ganho de peso até a desmama (BENNETT; GREGORY, 2001), e com a estrutura anatômica do animal para suportar a musculatura (caixa). Os programas de melhoramento genético têm se preocupado em formar planteis de estatura média, evitando-se animais muito grandes.

2.4.6 Perímetro escrotal

É uma das características mais utilizadas como critério de seleção para fertilidade e precocidade sexual em gado de corte devido ao fato de ter fácil mensuração, baixo custo e ter uma herdabilidade de média a alta magnitude (QUIRINO; BERGMANN, 1998)

2.7 Características Produtivas Estudadas nos ovinos Santa Inês.

Por medir as capacidades produtivas do animal, assim como sua adaptabilidade são importantes as seguintes características.

2.7.1 Peso ao nascer.

Peso real ao nascimento do animal expressada em quilogramas.

2.7.2 Peso ao desmame.

Uma característica que indica em conjunto a característica da habilidade materna que um indivíduo pode transmitir às suas filhas.

2.7.3 Peso aos 180 dias.

Considerada característica que tem relevância quando o intuito é produzir cordeiros de abate em regime de alimentação intensiva.

2.7.4 Peso aos 270 dias

Uma característica muito importante para produzir cordeiros para abate em regime de pasto, com uma idade de abate mais tardia.

2.7.5 Presença de pelo na pele

É obtida através de uma avaliação visual com escores variando de 1 a 6. Quanto maior o escore, mais adequado é o pelo do animal às condições tropicais. É considerada uma característica indicadora da adaptabilidade ao ambiente tropical, que é uma das vantagens de esta raça.

2.7.6 Musculosidade na perna

Característica avaliada em forma visual com escores variando de 1 a 5. Quanto mais alto o escore, mais musculoso o animal. Também é uma característica que se precisa incrementar na raça.

3. HIPÓTESE

Os coeficientes de endogamia calculados a partir de dados de pedigree e dados genômicos afetam negativamente nas características produtivas em bovinos Nelore e ovinos Santa Inês. Essa depressão pela endogamia está relacionada com a variância da dominância nessas características estudadas.

4. MATERIAIS E MÉTODOS

4.1 Declaração Bioética

O presente estudo foi aprovado pela Comissão de Ética no Uso de Animais da Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo com número de protocolo CEUA 2832081216.

4.2 Características fenotípicas

Para os bovinos Nelore as características avaliadas foram:

- **Peso ao nascer (kg)** - Peso real ao nascimento. Esse peso vem sendo monitorado de modo a evitar um aumento significativo, o que poderia vir a causar problemas de parto. O peso ao nascer é o melhor indicador da facilidade de parto.
- **Peso à desmama (kg)** - Peso obtido ao redor de 205 dias de idade (próximo à desmama).
- **Ganho de peso da desmama ao sobreano (kg)** - Expressa o potencial de ganho de peso no período compreendido entre a desmama e os 18 meses (550 dias) e, portanto, refere-se ao ganho de peso em 345 dias após a desmama.
- **Conformação, precocidade e musculosidade (un)** - Características baseadas nos escores de avaliação visual. A avaliação visual é realizada por pessoal treinado e segue procedimento padrão estabelecido pelo grupo CFM, com notas que variam de 1 a 6.
- **Altura(cm)**- Medida baseada em medidas tomadas na garupa dos animais a uma idade de 15 meses.
- **Perímetro escrotal (cm)** - Medida do perímetro escrotal, obtida ao redor dos 18 meses de idade.

Na Tabela 2 e na Figura 1 são descritas as características avaliadas nos bovinos Nelore.

Tabela 2 - Estatísticas descritivas das oito características analisadas na população Nelore

Característica	Número de observações	Número de grupos contemporâneos	Média	Desvio Padrão
Peso ao nascer (kg)	1.953	139	33,5	3,84
Peso à desmama (kg)	2.149	150	207,5	21,55
Ganho de peso da desmama ao sobreano (kg)	1.989	31	118,8	29,01
Altura (cm)	1.995	31	139,1	6,48
Musculosidade (score)	1.993	31	3,3	1,08
Conformação (score)	1.993	31	3,3	0,98
Precocidade (score)	1.993	31	3,5	1,09
Perímetro escrotal (cm)	1.618	31	27,7	3,06

Fonte: Própria autoria

Figura 1 - Distribuições de oito características analisadas na população de bovinos Nelore.

Fonte: Própria autoria

Para os ovinos Santa Inês as características analisadas são descritas na Tabela 3 e na Figura 2 sendo estas características as seguintes:

- **Peso ao nascer (kg)** - Peso real ao nascimento. Esse peso vem sendo monitorado de modo a evitar um aumento significativo, o que poderia vir a causar problemas de parto. O peso ao nascer é o melhor indicador da facilidade de parto.
- **Peso à desmama (kg)** - Peso obtido ao redor de 60 dias de idade.
- **Peso aos 180 dias (kg) e peso aos 270 dias (kg)** – Pesos obtidos nessa média de idade.
- **Presença de lã na pele**- Avaliação visual feita aos nove meses de idade, com notas que variam de 1 a 6, onde as notas maiores indicam pelo curto, o que é mais apropriado para condições tropicais.

- **Musculosidade na perna** – Avaliação visual feita aos nove meses de idade, com notas que variam de 1 a 5, onde as maiores notas indicam maior musculosidade.

Tabela 3 - Estatísticas descritivas das características analisadas em ovinos Santa Inês.

Características	Número de observações	Número de grupos contemporâneos	Média	Desvio Padrão
Peso ao nascer (kg)	228	15	3,29	0,69
Peso à desmama (kg)	157	48	11,06	3,13
Peso aos 180 dias (kg)	148	47	21,87	5,39
Peso aos 270 dias (kg)	152	55	25,85	6,15
Presença de lã na pele (1 a 6)	152	16	4,35	1,07
Musculosidade da perna (1 a 4)	152	16	2,21	0,75

Fonte: Própria autoria

Figura 2 - Distribuições das seis características analisadas na população de ovinos Santa Inês.

Fonte: Própria autoria

4.3 Dados genotípicos

4.3.1 Bovinos Nelore

Utilizou-se quatro bancos de dados genômicos de bovinos Nelore: 102, 869, 1.006 e 1.670 indivíduos Nelore genotipados com painéis de 30.105, 74.153, 74.677 e 777.962 SNP, respectivamente. Esses animais fazem parte de um programa de melhoramento de uma empresa privada e contam com dados de genealogia e dados fenotípicos. Os genótipos foram obtidos do banco de dados do Grupo de Melhoramento Animal e Biotecnologia (GMAB) da Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos da Universidade de São Paulo, Pirassununga.

Os painéis de baixa e média densidade foram imputados usando como referência o painel de alta densidade. A imputação foi feita com o programa Beagle 4.1 (BROWNING; BROWNING, 2016). Os filtros de controle de qualidade foram aplicados nos genótipos de população de referência (painel alta densidade) antes da análise de imputação pelo programa *PLINK v1.9* (CHANG et al., 2015). As amostras foram removidas da análise para os indivíduo com *call rate* inferior a 85%. Os SNP com *call rate* inferior a 90% ou que se desviaram do equilíbrio de Hardy-Weinberg ($p\text{-valor} < 1 \times 10^{-5}$) foram filtrados do conjunto de dados do genótipo. Apenas marcadores autossômicos foram incluídos neste estudo e 735.293 SNPs permaneceram após o procedimento de controle de qualidade.

A pós-imputação se obteve 2.569 animais com informação dos fenótipos avaliados e com 735.293 SNPs autossômicos.

4.3.2 Ovinos Santa Inês

Utilizou-se dois bancos de dados, um de 576 ovinos Santa Inês genotipados com um painel de 12.785 SNPs por meio de uma plataforma “SEquenom MassARRAY iPLEX”. O segundo banco foi de 490 ovinos Santa Inês, genotipados com 54.241 SNPs, o chip utilizado foi Ovine SNP50 BeadChip (Illumina Inc., San Diego CA). Este segundo banco de dados pertence à Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” da USP – Piracicaba.

O painel de média densidade foi usando apenas como referência para a imputação ao de baixa. A imputação foi feita com o programa Beagle 4.1 (BROWNING; BROWNING, 2016). Os filtros de controle de qualidade foram aplicados nos genótipos da população de referência (painel de 54k) antes da análise de imputação usando o programa *PLINK v1.9* (CHANG et al., 2015). Amostras foram removidas da análise para o indivíduo com *call rate* inferior a 85%. Os SNPs com *call rate* inferior a 90% ou que se desviaram do equilíbrio de

Hardy-Weinberg ($p\text{-valor} < 1 \times 10^{-5}$) foram filtrados do conjunto de dados do genótipo. Apenas marcadores autossômicos foram incluídos neste estudo e 47.033 SNPs permaneceram após o procedimento de controle de qualidade.

Na pós-imputação se obteve 576 indivíduos e informação de 47.033 SNPs autossômicos.

4.4 Estimações de Coeficientes de Endogamia

4.4.1 Coeficiente de Endogamia por Pedigree

O método proposto por VanRaden (1992) foi usado para calcular os coeficientes de endogamia, que substitui os coeficientes de endogamia desconhecidos pelos coeficientes médios de endogamia nas mesmas gerações. Coeficientes de endogamia foram calculados utilizando a seguinte fórmula:

$$A_{ii} = \sum_{j=1}^i L_{ij}^2 D_{jj} ,$$

em que A_{ii} é o i -ésimo elemento da diagonal da matriz A (matriz de parentesco), que é igual ao coeficiente de endogamia do animal i mais 1. L é a matriz triangular inferior contendo a fração dos genes que os animais recebem de seus ancestrais, e D é uma matriz diagonal contendo a variância genética aditiva dos animais (MEUWISSEN; LUO, 1992). O cálculo dos elementos da matriz L_{ij} e D_{jj} segue a regra de cálculo da matriz A . A decomposição detalhada para o cálculo da A_{ii} é explicada por Meuwissen e Luo (1992). As análises foram feitas usando o programa CFC (Sargolzaei et al, 2006).

4.4.2 Coeficiente de Endogamia usando os segmentos de homozigose

Nos dados imputados a frequência de alelo menor não foi usada como critério de exclusão, uma vez que a detecção de segmentos de homozigose não é comprometida por ela (ZAVAREZ et al., 2015).

Os ROH foram identificados pelo programa PLINK v.19 (CHANG et al., 2015) com os critérios indicados na Tabela 4 nos bovinos e ovinos:

Tabela 4 - Critérios utilizados para a definição de um segmento de ROH em bovinos Nelore e ovinos Santa Inês usando o programa Plink.

Critérios	Nelore	Santa Inês	Comando PLINK
Número mínimo de SNPs	50	50	<i>--homozyg-snp</i>
Comprimento mínimo do segmento	1000	1000	<i>--homozyg-kb</i>
Densidade mínima de SNPs	50	100	<i>--homozyg-density</i>
Máximo gap entre dos SNPs	1000	250	<i>--homozyg-gap</i>
Número de SNPs heterozigotos	1	1	<i>--homozyg-window-het</i>
Número de SNPs faltantes	0	0	<i>--homozyg-window-missing</i>
<i>Threshold</i> para determinar ROH	0.05	0.05	<i>--homozyg-window-threshold</i>

Fonte: Própria autoria

A autozigosidade por cada locus (F_L) foi computado para cada SNP, que é definida como a proporção de animais que possuem pelo menos um ROH num locus. Foi calculado por:

$$F_L = \sum_{i=1}^n I_i / n,$$

em que n é o número total de animais e I_i é uma variável binária (0 ou 1) indicando a presença ou ausência de ROH por locus (KIM et al., 2013).

As ROH foram detectadas com o software PLINK v.1.9 (CHANG et al., 2015). As ROH identificadas foram usadas para calcular os coeficientes de endogamia genômicos (FROH) usando a seguinte fórmula:

$$F_{ROH} = \frac{\sum_{j=1}^n L_{ROH_j}}{L_{TOTAL}},$$

em que L_{ROH} é o comprimento de ROH identificado para cada indivíduo em kilobases e L_{TOTAL} o comprimento total dos cromossomos autossômicos coberto por marcadores moleculares do tipo SNP.

4.4.3 Coeficiente de Endogamia usando a Matriz de Parentesco Genômico

A estimativa foi calculada seguindo a fórmula de VanRaden (2008), com base na variância dos genótipos aditivos. O coeficiente de endogamia usando a matriz de parentesco genômico (FGRM) será derivado a partir de:

$$F_{GRM} = \frac{[x_i - E(x_i)]^2}{h_i} - 1 = \frac{(x_i - 2p\hat{y}_i)^2}{h_i} - 1,$$

em que, p_i é a fração observada do primeiro alelo no locus i , $h_i = 2p_i(1-p_i)$ e x_i é o número de cópias do alelo de referência, ou seja, o alelo cujo genótipo homozigoto foi codificado como "0") para o $i^{\text{ésimo}}$ SNP (YANG et al., 2011). Isto será equivalente para estimar o parentesco de um indivíduo a si mesmo (diagonal da matriz genômica).

4.4.4 Coeficiente de Endogamia usando o excesso de homozigotos.

Foi calculada pela seguinte fórmula:

$$F_{HOM} = 1 - \frac{\sum_{k=1}^p x_k(2-x_k)}{\sum_{k=1}^p 2p_k(1-p_k)},$$

em que x_k é a quantidade do alelo menor do SNP k , p_k é a frequência do alelo menor, e p é o número de SNPs. O F_{HOM} foi calculado como o comando *-het* do programa PLINK v.1.9 (CHANG et al., 2015)

4.5 Depressão endogâmica

4.5.1 Nelore

Avaliou-se o impacto dos quatro tipos de coeficientes de endogamia nas características descritas acima. O impacto da endogamia foi estimado por separado para cada característica. O modelo ajustado foi:

$$y = Xb + Z_a u + Z_d d + e,$$

em que y é o vetor de observações, b é o vetor de efeitos sistemáticos, u é o vetor de efeitos genéticos aditivos, d é o vetor de efeitos genéticos de dominância e e é o vetor de resíduos; X , Z_a e Z_d são as matrizes de incidência para efeitos genéticos sistemáticos, aditivos e de dominância, respectivamente. Os efeitos sistemáticos incluíram o grupo contemporâneo (fazenda, ano de nascimento, sexo e grupo de manejo), efeitos linear e quadrático da idade da mãe ao parto (covariável) e coeficiente de endogamia (F_{PED} , F_{ROH} , F_{GRM} ou F_{GRM05}). Além disso, o efeito linear da idade na mensuração (covariável) foi incluído para todas as características, exceto o peso ao nascer.

A análise foi realizada por uma abordagem Bayesiana usando o pacote BGLR (PÉREZ; DE LOS CAMPOS, 2014) com linguagem de programação R. As seguintes distribuições a priori foram assumidas para os parâmetros: $\beta \propto \text{constante}$; $u|K, \sigma_u^2 \sim N(0, K\sigma_u^2)$; $d|D, \sigma_d^2 \sim N(0, D\sigma_d^2)$; onde N e SIC são as distribuições normal e de qui-quadrado escalonada invertida, respectivamente, (v_u, s_u^2) ,

(v_d, s_d^2) e (v_e, s_e^2) correspondem aos graus de liberdade e parâmetros de escala para as variâncias genéticas aditiva, genéticas de dominância e residuais, respectivamente. A matriz K refere-se a uma matriz de relacionamento semi-positiva. Utilizamos a matriz $K = G$ para a estrutura de covariância dos efeitos genéticos aditivos. A matriz genômica de dominância (D) foi construída de segundo Vitezica et al, (2013) e matriz de parentesco genômico (G) foi construída segundo VanRaden et al, (2008).

A análise consistiu em uma única cadeia de 50.000 amostras, descartando as primeiras 5.000 amostras e mantendo uma amostra cada 10 iterações. A convergência da cadeia de Markov Monte Carlo foi verificada por inspeção visual do *trace plot* e pelo pacote CODA (PLUMMER et al., 2006) com linguagem de programação R. O sinal dos coeficientes de regressão e as mudanças nos valores das características foram expressos por incremento de 1% da endogamia.

4.5.2 Santa Inês

Para os ovinos avaliou-se o impacto de quatro coeficientes de endogamia características descritas acima. O modelo ajustado foi:

$$y = Xb + Z_a u + Z_d d + e,$$

em que y é o vetor de observações, b é o vetor de efeitos sistemáticos, u é o vetor de efeitos genéticos aditivos, d é o vetor de efeitos genéticos de dominância e e é o vetor de resíduos; X , Z_a e Z_d são as matrizes de incidência para efeitos sistemáticos, aditivos e de dominância, respectivamente. O grupo contemporâneo foi considerado como efeito aleatório e os efeitos sistemáticos incluíram, efeitos linear e quadrático da idade da mãe ao parto (covariável) e coeficiente de endogamia (F_{PED} , F_{ROH} , F_{GRM05} ou F_{HOM}). Além disso, o efeito linear da idade na mensuração (covariável) foi incluído para todas as características, exceto o peso ao nascer.

5. RESULTADOS

5.1 Nelore

Foram identificados 127,774 segmentos de ROH nos 2,569 animais avaliados. Todos os animais genotipados tiveram pelo menos um ROH. O comprimento médio, a mediana e o comprimento máximo de ROH nos autossomos foi de 3,37, 1,73 e 104,10 Mb, respectivamente. Em torno de 89%, 64% e 41% dos animais apresentaram pelo menos um segmento ROH maior que 10 Mb, 15 Mb e 20 Mb, respectivamente. A presença destes longos segmentos de ROH indica que o aumento da endogamia se deve a ancestrais recentes (HOWRIGAN; SIMONSON; KELLER, 2011). A Tabela 5 resume os segmentos encontrados nos cinco grupos. Os segmentos com maior frequência foram menores que 2 Mb de comprimento, enquanto apenas 3.048 segmentos foram maiores que 16 Mb. O número de segmentos de ROH diminuiu com o aumento do comprimento dos ROH, sugerindo a presença de ancestrais mais remotos ou de endogamia recente.

Tabela 5 - Estatística descritiva para os segmentos de homozigose (ROH), frequência, porcentagem, média de comprimento em quilobases (Kb) e desvio padrão em bovinos Nelore.

Classe	Frequência	Porcentagem (%)	Comprimento médio	Desvio Padrão
ROH < 2 Mb	72.643	56,8	1.331,4	271,3
ROH 2 - 4 Mb	27.365	21,4	2.810,6	562,1
ROH 4 - 8 Mb	16.353	12,8	5.618,2	1.139,3
ROH 8 - 16 Mb	8.365	6,5	10.989,1	2.187,5
ROH > 16 Mb	3.048	2,4	24.045,6	8.521,0
Total	127.774	100,0		

Fonte: Própria autoria

A Figura 3 apresenta o *Manhattan plot* da análise de mapeamento da autozigose por locus no genoma. Os notáveis picos nos cromossomos 7 (52275709 a 52424041 pb), 12 (28931733 a 28939504 pb) e 21 (1006376 a 1082941 pb), representam ilhas de ROH (> 47%), possivelmente indicando a pressão seletiva nesta raça. As regiões de autozigose nos cromossomos 7 e 12 concordam com os achados de estudos anteriores baseados na análise de seleção divergente entre bovinos *Bos taurus* e *Bos indicus* (GAUTIER et al., 2009; PORTO-NETO et al., 2013) e análise ROH em bovinos Nelore (ZAVAREZ et al., 2015). Por outro

lado Karimi, (2013) achou regiões nos cromossomos 7 e 21 em gado zebu (Brahman, Gir e Nelore).

Figura 3 - *Manhattan plot* da porcentagem dos SNPs em autozigose no genoma do Nelore

Fonte: Própria autoria

Na figura 4 se observa segmentos que são particularmente abundantes em regiões específicas ao longo dos cromossomos 7, 12 e 21. As regiões mais obscuras indicam um SNP incluído num segmento de homozigose, e os pontos brancos indicam aqueles que não foram incluídas. A intensidade dos pontos pretos aumenta com a frequência dos segmentos.

Figura 4 - Padrões de ROH nos cromossomos 7, 12 e 21 em bovinos Nelore, cada linha representa um animal, e cada coluna representa uma posição do SNP.

Fonte: Própria autoria

5.1.1 Estimativas de coeficientes de endogamia em bovinos Nelore

Dos 15.846 animais no pedigree, 2.765 eram endogâmicos, 3.804 fundadores e 10.955 animais com ambos os pais conhecidos. Os níveis mínimo e máximo de F_{PED} foram 0 e 0,252, respectivamente, com um número de gerações equivalente igual a 2,04. Isso sugere uma integridade de pedigree relativamente baixa na população analisada. Os F_{ROH} mínimos e máximos foram 0,0014 e 0,261, respectivamente. No entanto o F_{GRM} e F_{GRM05} foram -0,194 e 0,738, e 0,103 e 0,549, respectivamente. Os valores médios dos coeficientes de endogamia na população estudada foram 0,005, 0,061, -0,007 e 0,432 para F_{PED} , F_{ROH} , F_{GRM} e F_{GRM05} , respectivamente. Na Tabela 6 se apresenta os estadísticos dos coeficientes de endogamia e as distribuições endogamia são representadas num violin *plot* na Figura 5. Os valores maiores indicam indivíduos com mais endogamia.

Tabela 6 - Classificação dos coeficientes de endogamia estimados por dados de pedigree (F_{PED}) em bovinos Nelore.

Nível de endogamia	Número de animais	Porcentagem
$0,00 < F_{PED} \leq 0,05$	2,649	95,80
$0,05 < F_{PED} \leq 0,10$	71	2,57
$0,10 < F_{PED} \leq 0,15$	35	1,27
$0,15 < F_{PED} \leq 0,20$	1	0,04
$0,20 < F_{PED} \leq 0,25$	8	0,29
$0,25 < F_{PED} \leq 0,30$	1	0,04
$0,30 < F_{PED} \leq 1,00$	0	0,00
Total	2,765	100,00

Fonte: Própria autoria

Tabela 7 – Estatística descritiva dos coeficientes de endogamia estimados usando dados de pedigree (F_{PED}), segmentos de homozigose (F_{ROH}), matriz de parentesco genômico (F_{GRM}), e matriz de parentesco genômico fixado a uma frequência alélica de 0,5 (F_{GRM05}).

Coefficientes de Endogamia	Media	Desvio Padrão	Mínimo	Máximo
F_{PED}	0,002	0,011	0,0	0,252
F_{ROH}	0,057	0,023	0,001	0,261
F_{GRM}	-0,007	0,047	-0,194	0,738
F_{GRM05}	0,432	0,021	0,103	0,549

Fonte: Própria autoria

Figura 5 - Violin *plot* dos coeficientes de endogamia calculados por pedigree (F_{PED}), segmentos de homozigose (F_{ROH}), matriz genômica (F_{GRM}), e matriz genômica quando a frequência alélica é fixada a 0,5 (F_{GRM05}) na população de Nelore.

Fonte: Própria autoria

As correlações entre os coeficientes de endogamia são mostradas na Figura 6. Os coeficientes de endogamia baseados em pedigree apresentaram correlações fracas com suas contrapartes genômicas. A maior correlação foi observada entre F_{ROH} e F_{GRM05} (0,77), enquanto F_{GRM} e F_{GRM05} apresentaram correlação negativa (-0,22).

Figura 6 - Correlação de Pearson entre coeficientes de endogamia usando dados de pedigree (F_{PED}), segmentos de homozigose (F_{ROH}), matriz genômica (F_{GRM}) e matriz genômica com frequência alélica fixada a 0,5 (F_{GRM05}) em bovinos Nelore.

Fonte: Própria autoria

5.1.2 Depressão endogâmica

Os impactos dos coeficientes de endogamia nas características, inferidos da análise Bayesiana, estão resumidos na Tabela 8. Coeficientes de regressão negativos de F_{ROH} , F_{GRM} e F_{GRM05} foram observados para todas as características, mostrando os efeitos indesejáveis da endogamia nas características de produção. No entanto, nem todas as características exibiram depressão endogâmica quando a F_{PED} foi usada. Para cada aumento de 1% em F_{PED} , F_{ROH} , F_{GRM} e F_{GRM05} , o ganho de peso pós-desmame variou de -0,315, -0,831, -0,181 e -1,008 kg, respectivamente. Além disso, um aumento de 1% em F_{PED} , F_{ROH} , F_{GRM} e F_{GRM05} resultou em uma alteração na Musculosidade de unidades de pontuação de -0,004, -0,023, -0,015 e -0,040,

respectivamente. Cada aumento de 1% em F_{ROH} , F_{GRM} e F_{GRM05} resultou em uma mudança no peso ao nascer de -0,050, -0,005 e -0,060 kg, peso à desmama de -0,066, -0,105 e -0,267 kg, altura do quadril -0,059, -0,051 e -0,105 cm, conformação de unidades de pontuação de -0,023, -0,014 e -0,041, precocidade em -0,021, -0,013 e -0,036 unidades de pontuação, perímetro escrotal de -0,040, -0,022 e -0,030 cm, respectivamente.

Tabela 8 - Medias *a posteriori* dos coeficientes de regressão por cada incremento de 1% nos coeficientes de endogamia baseados no pedigree (F_{PED}), segmentos de homozigose (F_{ROH}), matriz de relação genômica (F_{GRM}) e matriz de relação genômica quando as frequências alélicas são definidas como 0,5 (F_{GRM05}).

Característica	F_{PED}	F_{ROH}	F_{GRM}	F_{GRM05}
Peso ao nascer (kg)	0,046	-0,050	-0,005	-0,060
Peso à desmama (kg)	0,438	-0,066	-0,105	-0,267
Ganho de peso da desmama ao sobreano (kg)	-0,315	-0,831	-0,181	-1,008
Altura (cm)	0,017	-0,059	-0,051	-0,105
Musculosidade (score)	-0,004	-0,023	-0,015	-0,040
Conformação (score)	0,034	-0,023	-0,014	-0,041
Precocidade (score)	0,0004	-0,021	-0,013	-0,036
Perímetro escrotal (cm)	0,031	-0,040	-0,022	-0,030

Fonte: Própria autoria

5.1.3 Relação entre depressão por endogamia e variância genômica de dominância

As estimativas da variância de dominância estão resumidas na Tabela 9. As correlações entre as estimativas de variância de dominância e os coeficientes de regressão da endogamia foram -0,396, -0,935, -0,962 e -0,987 para F_{PED} , F_{ROH} , F_{GRM} e F_{GRM05} , respectivamente.

Tabela 9 - Estimativas de variância aditiva e variância da dominância de oito características em bovinos Nelore.

Característica	F_{PED}		F_{ROH}		F_{GRM}		F_{GRM05}	
	Variância Aditiva	Variância Dominância	Variância Aditiva	Variância Dominância	Variância Aditiva	Variância Dominância	Variância Aditiva	Variância Dominância
Peso ao nascer (kg)	1,7 ± 0,4	2,2 ± 0,8	1,6 ± 0,4	2,2 ± 0,9	1,7 ± 0,4	2,1 ± 0,9	1,6 ± 0,4	2,1 ± 0,8
Peso a desmama (kg)	34,7 ± 7,9	26,6 ± 8,8	35,3 ± 7,7	26,5 ± 8,8	34,4 ± 7,7	25,4 ± 9	34 ± 7,6	27,4 ± 8,9
Ganho de peso da desmama ao sobreano (kg)	63,8 ± 13,6	73,6 ± 24,4	64,2 ± 13,6	64,6 ± 23	65,3 ± 13,9	73,9 ± 25,4	62,1 ± 12,8	70,6 ± 25
Altura (cm)	2,0 ± 0,3	2,1 ± 0,5	2,0 ± 0,3	2,0 ± 0,5	2,0 ± 0,3	1,9 ± 0,5	2,0 ± 0,3	2,0 ± 0,5
Musculosidade (score)	0,14 ± 0,03	0,11 ± 0,05	0,15 ± 0,03	0,1 ± 0,04	0,14 ± 0,03	0,11 ± 0,05	0,15 ± 0,03	0,1 ± 0,04
Conformação (score)	0,14 ± 0,03	0,09 ± 0,04	0,14 ± 0,03	0,08 ± 0,03	0,14 ± 0,03	0,08 ± 0,03	0,14 ± 0,03	0,08 ± 0,03
Precocidade (score)	0,17 ± 0,04	0,1 ± 0,04	0,17 ± 0,04	0,09 ± 0,03	0,17 ± 0,04	0,09 ± 0,03	0,17 ± 0,04	0,09 ± 0,03
Perímetro escrotal (cm)	1,8 ± 0,4	1,2 ± 0,5	1,9 ± 0,4	1,1 ± 0,6	1,8 ± 0,4	1,1 ± 0,5	1,8 ± 0,4	1,2 ± 0,5

Fonte: Própria autoria

5.2 Santa Inês

Identificou-se 13.344 ROH em 569 animais estudados. O comprimento médio, a mediana e o comprimento máximo de ROH nos autossomos foram de 5,2, 4,07 e 52 Mb, respectivamente. Entorno de 51,3%, 21,6% e 10,9% dos animais apresentaram pelo menos um ROH maior que 10 Mb, 15 Mb e 20 Mb, respectivamente. A distribuição dos números de ROH em diferentes classes se mostra na Tabela 10. Os segmentos com maior frequência foram os que tiveram o comprimento de 2 a 4 Mb e 4 a 8 MB, enquanto apenas 2 segmentos menores a 2 Mb foram observados. O número de ROH maiores a 16 Mb foi baixo o que indicaria ausência de endogamia recente.

Tabela 10 - Estatística descritiva para os segmentos de homozigose, frequência, porcentagem, média de comprimento em quilobases (Kb) e desvio padrão em ovinos Santa Inês.

Classe	Frequência	Porcentagem (%)	Comprimento médio	Desvio Padrão
ROH < 2 Mb	2	0,01	1.957,7	40,1
ROH 2 - 4 Mb	6.507	48,8	3.128,0	451,7
ROH 4 - 8 Mb	5.018	37,6	5.618,2	1.108,7
ROH 8 - 16 Mb	1.552	11,6	10.989,1	2.017,9
ROH > 16 Mb	265	1,99	24.045,6	4.035,6
Total	13.344	100,0		

Fonte: Própria autoria

A Figura 7 apresenta o *Manhattan plot* da análise de mapeamento da autozigosidade por cromossomo. Se observa um pico no cromossomo 16 (42159705 a 42194575 bp) o que representa uma ilha de ROH, chegando a estar presente em 64 % dos animais avaliados, possivelmente indicado pressão de seleção nesta raça. O OAR2 teve o maior número de ROH, com 1.645 segmentos em 500 animais, com uma meia de 1,88% do cromossomo em ROH. Geralmente o número de ROH por cromossomo tem a tendência de diminuir com o comprimento do cromossomo. A maior proporção do genoma em ROH foi observada no OAR21 e OAR24 com 16,32% e 15,66%, respectivamente. Os SNPs s42786.1, OAR16_42184944.1, OAR16_42172047.1 e OAR16_42159705.1 do cromossomo 16 foram os mais frequentes dentro de um ROH.

Figura 7 - *Manhattan plot* da porcentagem dos SNPs em autozigosidade no cromossomo de ovinos Santa Inês.

Fonte: Própria autoria

Os ROH não são uniformemente distribuídos no genoma, por exemplo, na Figura 8 se observa uma ilha de ROH entre 38 a 45 Mb do cromossomo 16 e esteve presente em 64% dos animais avaliados. As regiões em cor indicam um SNP em um segmento de homozigose, já os pontos brancos são referentes aos não inclusos. A intensidade dos pontos pretos incrementa com a frequência dos segmentos. O segundo cromossomo com maior número de segmentos comuns em homozigose foi o 14, mas só se observou em 14% dos animais.

Figura 8 - Padrões de ROH no cromossomo 16 em ovinos Santa Inês, cada linha representa um animal.

Fonte: Própria autoria

5.2.1 Estimativas de coeficientes de endogamia em ovinos Santa Inês

Dos 32.266 animais compreendidos no pedigree, a proporção de animais endogâmicos foi de 43,1%. A média do F_{PED} do total da população e dos animais endogâmicos foi de 0,032 e 0,075, respectivamente. O valor mínimo e máximo de F_{PED} na população endogâmica foi de 0,0001 e 0,606, respectivamente. A média das gerações equivalentes foi de 3,79 e um máximo número de gerações equivalentes de 8,28, indicando assim uma profundidade de pedigree relativamente baixo. O F_{PED} médio daqueles animais que possuíam fenótipo foi de 0,044. Os níveis de endogamia na população são mostrados na Tabela 11. A metade da população endogâmica tem níveis menores do que 0,05.

Tabela 11 - Classificação dos coeficientes de endogamia estimados por dados de pedigree (F_{PED}) em ovinos Santa Inês.

Nível de endogamia	Número de animais	Porcentagem
$0,00 < F_{PED} \leq 0,05$	7.282	52,39
$0,05 < F_{PED} \leq 0,10$	2.821	20,30
$0,10 < F_{PED} \leq 0,15$	1.668	12,00
$0,15 < F_{PED} \leq 0,20$	839	6,04
$0,20 < F_{PED} \leq 0,25$	556	4,00
$0,25 < F_{PED} \leq 0,30$	487	3,50
$0,30 < F_{PED} \leq 0,35$	164	1,18
$0,35 < F_{PED} \leq 0,40$	46	0,33
$0,40 < F_{PED} \leq 0,45$	23	0,17
$0,45 < F_{PED} \leq 0,50$	7	0,05
$0,50 < F_{PED} \leq 0,55$	2	0,01
$0,55 < F_{PED} \leq 0,60$	3	0,02
$0,60 < F_{PED} \leq 1,00$	1	0,01
Total	13.899	100,00

Fonte: Própria autoria

A média e desvio padrão dos diferentes coeficientes foram calculados com os dados de pedigree e dados genotípicos. Os valores mínimos e máximos do F_{ROH} , F_{GRM} , F_{GMR05} e F_{HOM} foram 0,00 e 0,29; -0,08 e 0,41; 0,20 e 0,50; e -0,35 e 0,33, respectivamente. Na tabela 12 é apresentado um resumo dos diferentes coeficientes. Como era esperado os valores de F_{PED} são menores aos de F_{ROH} , porque os coeficientes genômicos refletem a proporção mais próxima do real do genoma compartilhado, no entanto os coeficientes genealógicos se baseiam na proporção esperada média do genoma compartilhado. A informação genômica permite obter informação mais precisa e detalhada nas relações de parentesco entre os indivíduos, podendo distinguir incluso entre irmãos completos, pois considera a amostragem mendeliana, em cambio a informação de pedigree assigna o mesmo parentesco a todos os irmãos.

O coeficiente baseado na matriz genômica com frequência alélica fixada a 0,5 foi o maior, semelhante ao observado no caso do Nelore. Este coeficiente que não apresenta valores negativos, mas penaliza a favor dos alelos menos frequentes. A média do F_{HOM} foi de 0,015 indicando mais homozigotos do esperado.

Tabela 12 – Estatística descritiva sobre os coeficientes de endogamia estimados usando dados de pedigree (F_{PED}), segmentos de homozigose (F_{ROH}), matriz de parentesco genômico (F_{GRM}), e matriz de parentesco genômico fixado a uma frequência alélica de 0,5 (F_{GRM05}).

Coefficientes de Endogamia	Media	Desvio Padrão	Mínimo	Máximo
F_{PED}	0,032	0,064	0,0	0,606
F_{ROH}	0,049	0,047	0,0	0,293
F_{GRM}	0,015	0,063	-0,079	0,413
F_{GRM05}	0,287	0,044	0,202	0,496
F_{HOM}	0,015	0,094	-0,354	0,326

Fonte: Própria autoria

Na Figura 9 se observa a dispersão dos diferentes coeficientes. Segundo as características de cada estimativa se observa valores negativos para F_{GRM} e F_{HOM} , maior dispersão para o caso de F_{HOM} .

Figura 9 - Violin *plot* dos coeficientes de endogamia calculados por pedigree (F_{PED}), segmentos de homozigose (F_{ROH}), matriz genômica (F_{GRM}), matriz genômica quando a frequência alélica é fixada a 0,5 (F_{GRM05}) e excesso de homozigosidade na população de ovinos Santa Inês.

Fonte: Própria autoria

As correlações de Pearson entre F_{PED} e os genômicos (F_{ROH} , F_{GRM} , F_{GRM05} e F_{HOM}) foram feitas unicamente em 295 animais segundo a informação disponível, e as correlações entre os coeficientes genômicos, foram feitas para os 574 animais genotipados. Na Figura 10 se mostra as correlações entre todos os coeficientes. Comparando ao caso dos bovinos Nelore, as correlações nos ovinos foram maiores. As maiores correlações foram entre F_{GRM05} e F_{ROH} (0,97) e os menores foram entre F_{GRM} e F_{HOM} (0,02). Não foram observadas correlações negativas.

Figura 10 - Correlação de Pearson entre coeficientes de endogamia usando dados de pedigree (F_{PED}), segmentos de homozigose (F_{ROH}), matriz genômica (F_{GRM}), matriz genômica com frequência alélica fixada a 0,5 (F_{GRM05}) e baseada no excesso de homozigose (F_{HOM}) em ovinos Santa Inês.

Fonte: Própria autoria

5.2.2 Depressão endogâmica

Os impactos dos coeficientes de endogamia nas características inferidos da análise Bayesiana, estão resumidos na Tabela 13, onde pode-se observar que o desempenho dos animais foi prejudicado pela endogamia. Foi observada depressão em todas as características avaliadas e com todos os coeficientes de endogamia. Os menores impactos foram encontrados quando o F_{PED} foi usado como covariável.

Coefficientes de regressão negativa de F_{PED} , F_{ROH} , F_{GRM05} e F_{HOM} foram observados para todas as características, mostrando os efeitos indesejáveis da endogamia nas características de produção. Para cada aumento de 1% em F_{PED} , F_{ROH} , F_{GRM05} e F_{HOM} , o peso ao nascer variou de -0,004, -0,017, -0,017, -0,009 kg, respectivamente. Cada aumento de 1% em F_{PED} , F_{ROH} , F_{GRM05} e F_{HOM} resultou em uma mudança no peso ao desmama de -0,010, -0,046, -0,049 e -0,039 kg, peso aos 180 dias -0,071, -0,156, -0,174 -0,127 kg, peso aos 270 dias -0,051 -0,312 -0,350 -0,234 kg, presença de lã na pele em -0,0003, -0,031, -0,028, -0,021 escores de pontuação, musculosidade da perna em -0,005 -0,043 -0,044 -0,030 escores de pontuação, respectivamente.

Tabela 13 - Medias *a posteriori* dos coeficientes de regressão por cada incremento de 1% nos coeficientes de endogamia baseados no pedigree (F_{PED}), segmentos de homozigose (F_{ROH}), matriz de relação genômica quando as frequências alélicas são definidas como 0,5 (F_{GRM05}) e excesso de homozigose (F_{HOM}).

Característica	F_{PED}	F_{ROH}	F_{GRM05}	F_{HOM}
Peso ao nascer (kg)	-0,004	-0,017	-0,017	-0,009
Peso ao desmama (kg)	-0,010	-0,046	-0,049	-0,039
Peso aos 180 dias (kg)	-0,071	-0,156	-0,174	-0,127
Peso aos 270 dias (kg)	-0,051	-0,312	-0,350	-0,234
Presença de lã na pele (1 a 6)	-0,0003	-0,031	-0,028	-0,021
Musculosidade da perna (1 a 4)	-0,005	-0,043	-0,044	-0,030

Fonte: Própria autoria

5.2.3 Relação entre depressão por endogamia e variância genômica de dominância

As estimativas da variância de dominância estão resumidas na Tabela 14. As correlações entre as estimativas de variância de dominância e os coeficientes de regressão da endogamia foram -0,899, -0,895 e -0,921 para F_{ROH} , F_{GRM05} e F_{HOM} , respectivamente. Como o

caso dos bovinos não foram encontradas referências de variância da dominância usando dados genômicos em ovinos Santa Inês.

Tabela 14 - Estimativas de variância aditiva e variância da dominância de seis características em ovinos Santa Inês.

Característica	F_{ROH}		F_{GRM05}		F_{HOM}	
	Variância Aditiva	Variância Dominância	Variância Aditiva	Variância Dominância	Variância Aditiva	Variância Dominância
Peso ao nascer (kg)	0,08 ± 0,03	0,07 ± 0,03	0,08 ± 0,03	0,07 ± 0,03	0,08 ± 0,03	0,07 ± 0,03
Peso ao desmama (kg)	1,27 ± 0,53	1,69 ± 0,78	1,28 ± 0,54	1,71 ± 0,78	1,28 ± 0,54	1,7 ± 0,78
Peso aos 180 dias (kg)	5,22 ± 1,99	4,08 ± 1,75	5,17 ± 2,03	4,23 ± 1,82	5,04 ± 1,99	4,19 ± 1,82
Peso aos 270 dias (kg)	5,6 ± 2,18	4,5 ± 1,81	5,65 ± 2,28	4,52 ± 1,79	5,61 ± 2,26	4,58 ± 1,83
Presença de lã na pele	0,17 ± 0,08	0,16 ± 0,07	0,17 ± 0,08	0,17 ± 0,08	0,17 ± 0,08	0,16 ± 0,08
Musculosidade da perna	0,08 ± 0,04	0,09 ± 0,04	0,09 ± 0,04	0,1 ± 0,04	0,09 ± 0,04	0,09 ± 0,04

Fonte: Própria autoria

6. DISCUSSÃO

6.1 Bovinos Nelore

O acasalamento de animais relacionados provoca endogamia sobre as progênes (LEROY, 2014). Acredita-se que o aumento da endogamia devido à intensa pressão de seleção sobre os touros produz efeitos adversos no desempenho e na lucratividade. Isto também causa depressão por endogamia, a redução no valor fenotípico médio da população animal. Essas preocupações também se aplicam ao gado Nelore, que representa a maior raça de gado de corte no Brasil.

A recente disponibilidade de painéis de marcadores genéticos de alta densidade nos permite capturar uma imagem mais precisa da depressão por endogamia. A informação genômica oferece novas ideias sobre as conexões entre endogamia e seleção. Por exemplo, tem sido relatado que programas de reprodução baseados na seleção genômica reduziram as taxas de endogamia em várias espécies de animais comparados àqueles baseados em pedigree, porque a informação genômica pode colocar maior ênfase na amostragem mendeliana e menos ênfase na seleção familiar (DAETWYLER et al., 2007; WOLC et al., 2015). No presente estudo, quantificamos a extensão de três medidas de endogamia genômica (F_{ROH} , F_{GRM} e F_{GRM05}) e uma medida de endogamia baseada em pedigree (F_{PED}). Em seguida, avaliou-se o impacto da depressão por endogamia através da regressão dos registros de desempenho individual nos coeficientes de endogamia. Os ROH são trechos contínuos de genótipos homozigotos e são indiscutivelmente a medida mais adequada para endogamia em nível molecular, porque eles podem distinguir IBD de IBS (idêntico por estado) com base em um longo trecho de ROH, que é indicativo de IBD (KELLER; VISSCHER; GODDARD, 2011). Além disso, o ROH fornece informações sobre eventos recentes e antigos de endogamia (MCQUILLAN et al., 2008).

6.1.1 Estimativas de coeficientes de endogamia em bovinos Nelore

A estimativa de F_{PED} no presente trabalho foi geralmente menor do que a relatada em estudos anteriores. Pereira et al. (2016) relataram um F_{PED} de 0,027 em uma população de bovinos Nelore consistindo de 10.494.715 animais. Além disso, Rios et al. (2017) encontraram um valor de 0,025 em 19.761 animais Nelore. Em contraste, Santana et al. (2010), utilizando a mesma população de bovinos Nelore do nosso estudo, relataram uma média de F_{PED} 0,001, inferior à nossa estimativa. A discrepância pode ser atribuída a

diferentes tamanhos amostrais, Santana et al. (2010) utilizaram 417.552 animais, número maior do que o utilizado neste estudo.

A estimação da endogamia com base no ROH é considerada a estimativa mais precisa da autozigose (KELLER; VISSCHER; GODDARD, 2011). Encontramos um número maior de segmentos curtos de ROH do que longos, sugerindo poucos eventos recentes de homozigose na população de bovinos Nelore. Isso se alinha com Purfield et al. (2012), que relataram que as raças de carne bovina, como Angus e Hereford, mostraram evidências mais fortes de parentesco ancestral do que nos recentes eventos de endogamia.

Nosso valor estimado de F_{ROH} foi menor do que o relatado por Rios et al. (2017) usando uma população de bovinos Nelore (0,073) e ao indicado por Mudadu et al. (2016) em uma amostra de touros Nelore, ambos os estudos usando dados genotípicos em alta densidade. Em outras raças, Ferenčaković et al. (2017) relataram um F_{ROH} de 0,047 em uma população austríaca de gado Fleckvieh e Signer-Hasler et al. (2017) encontraram valores médios de 0,027 e 0,091 para o rebanho Eringer e Brown Swiss, respectivamente. Scraggs et al. (2014), trabalhando com o gado Wagyu genotipado com um chip SNP de 50 K, relatou um F_{ROH} estimado de 0,09. A variabilidade em várias estimativas de F_{ROH} pode ser devido à densidade de marcadores de SNP, diferentes parâmetros usados para detectar ROH ou diferenças entre raças.

Nossos valores de F_{GRM} observados foram semelhantes aos de outros estudos em bovinos Nelore. Por exemplo, Rios et al. (2017) relataram uma média de 0,019 e Mudadu et al. (2016) relataram 0,020 para uma amostra de reprodutores. Além dos estudos com bovinos Nelore, Lu et al. (2014) relataram valores de F_{GRM} variando de 0,121 a 0,289 para gado Angus, Charolais, Simmental e Hereford usando um painel de SNP 50K. Embora não tenha havido estudos relatando F_{GRM05} em bovinos da raça Nelore, os valores em outras raças bovinas foram relatados em 0,347, 0,436 e 0,407 em bovinos da raça Holandesa, Jersey e Brown Swiss, respectivamente (VANRADEN et al., 2011).

6.1.2 Correlação entre coeficientes de endogamia

A correlação entre F_{PED} e F_{ROH} obtida no presente estudo foi menor que os valores relatados na literatura. Por exemplo, Martikainen et al. (2017) relataram uma correlação de 0,71 entre F_{PED} e F_{ROH} em gado Ayrshire Finlandês. Pryce et al. (2014) encontraram correlações de 0,53 e 0,51 entre F_{PED} e F_{ROH} em populações de gado Holandês e Jersey, respectivamente. Signer-Hasler et al. (2017) obtiveram correlações de 0,38 a 0,76 entre F_{PED} e F_{ROH} , em nove raças bovinas leiteiras suíças. Rodríguez-Ramilo et al. (2015) encontraram

uma correlação de 0,57 entre F_{PED} e F_{ROH} em bovinos Holstein. Zhang et al. (2015) encontraram correlações de 0,82, 0,47 e 0,54 entre F_{ROH} e F_{PED} em bovinos Holstein, Jersey e Red Danish, respectivamente, usando genótipos de chips de 50K. Observamos uma fraca correlação entre F_{PED} e F_{GRM} , o que concorda com o achado por Gurgul et al. (2016), que relataram um valor de 0,02 para uma população de gado Holstein. Marras et al. (2015) encontraram correlações de baixa a moderada entre F_{PED} e F_{GRM} (0,134, 0,128 e 0,448 para bovinos Brown Swiss, Holstein e Simmental da Italia, respectivamente). A baixa correlação entre os coeficientes de endogamia genômica e pedigree no presente estudo pode ser explicada pela informação incompleta da genealogia ou pelo fato de que os coeficientes de endogamia baseados em pedigree subestimam os níveis de parentesco genômico ancestral (PURFIELD et al., 2012).

6.1.3 Depressão endogâmica

Em relação ao efeito dos coeficientes de endogamia no desempenho animal, encontramos efeitos negativos para quase todas as características estudadas, com exceção do peso ao nascer, peso à desmama, musculosidade e conformação, considerando o F_{PED} como um regressor. No geral, esses valores foram consistentes com trabalhos publicados anteriormente. Por exemplo, Pereira et al. (2016) relataram que um aumento de 1% no F_{PED} teve efeitos negativos tanto no peso à desmama (-0,38 kg) quanto no ganho de peso (-1,00 kg) em bovinos da raça Nelore. Em relação à circunferência escrotal, os mesmos autores relataram uma redução média de 0,07 cm para cada aumento de 1% no F_{PED} , que é maior que o observado no presente estudo. Além disso, Santana et al. (2010) relataram uma depressão por endogamia de -1,64 cm por aumento de 1% em F_{PED} em bovinos Nelore, o que está de acordo com os efeitos desfavoráveis da endogamia que foi observada nesta característica no presente estudo. Reverter et al. (2017) mostraram que os efeitos negativos de um aumento de 1% na endogamia genômica em populações de Brahman e Composto Tropical foram associados com decréscimos de peso corporal ao ano de 0,514 e 0,579 kg, respectivamente. Essas diferenças podem ser causadas pela segregação de alelos em cada população, diversidade dos fundadores ou variação genética na população base. Os coeficientes de regressão positivos de F_{PED} para algumas das características podem ser devido ao registro limitado de ancestralidade (CASSELL; ADAMEC; PEARSON, 2003), erro de pedigree, ou a suposição geral de que os animais em uma população de base ou fundador não estão relacionados.

6.1.4 Relação entre depressão por endogamia e variância genômica de dominância

Observamos correlações negativas entre as estimativas de variância genômica de dominância e os coeficientes de regressão de endogamia. Esses achados sugerem que a depressão por endogamia se torna mais severa à medida que a variância genômica da dominância aumenta. Nossos resultados se alinham com os achados de Misztal et al (1997), que foram baseados em informações de pedigree. Até onde sabemos, o presente estudo fornece os primeiros resultados mostrando a relação entre a variação genômica de dominância e a depressão por endogamia genômica em bovinos Nelore.

6.2 Santa Inês

6.2.1 Estimativas de coeficientes de endogamia em ovinos Santa Inês

A média do F_{PED} de 0,032 encontrada no presente trabalho foi maior ao reportado por Pedrosa et al. (2010) de 0,023, para animais da mesma associação de criadores, mas em uma população de 17.097 indivíduos nascidos entre 1990 e 2008. No entanto, Rego Neto et al. (2018) trabalhando com dados de 20.206 animais, nascidos entre 1992 e 2012, também da mesma associação, achou uma media de 0,0097. Estas diferenças na estimativa do F_{PED} podem ser devido à quantidade de informação analisada e ao período compreendido no estudo.

Em nosso caso, trabalhamos com uma informação total de 32.266 indivíduos nascidos entre os anos 1990 e 2016, com uma média de gerações equivalentes discretas de 3,8 desde os fundadores até os animais de estudo e dentro dos quais 27.201 animais tiveram ambos os pais conhecidos. Com estes níveis de endogamia, se pode dizer que a raça esta fora dos níveis de risco que segundo Nicholas (1989) taxas de endogamia de até 0,005 ao ano deveriam ser aceitáveis em programas de melhoramento animal. Outros trabalhos indicam F_{PED} menores aos nossos como 0,0021 em ovinos multirraciais da Nova Zelândia (BRITO et al., 2017), 0,006 em ovinos da raça Segureña (BARROS et al., 2017) e 0,016 em ovinos Baluchi (GHOLIZADEH; GHAFOURI-KESBI, 2016). Contrariamente, existem valores maiores reportados, como de 0,08 para ovino Iran-Black (MOKHTARI et al., 2014) e 0,163 em ovinos Elsenburg Dormer, indicando assim, a diversidade genética e populacional de esta espécie no mundo.

O coeficiente de endogamia baseado em segmentos de homozigose (F_{ROH}) proporciona uma estimação mais precisa do nível de homozigose de um individuo do que aquele estimado baseado em informação de pedigree incompleto ou inexistente

(MCQUILLAN et al., 2008; FERENČAKOVIĆ; SÖLKNER; CURIK, 2013; FORUTAN et al., 2018). Em nosso estudo obtivemos valores de F_{ROH} semelhantes aos obtidos em ovinos Frizarta (0,038) (KOMINAKIS et al., 2017). Mas também existem trabalhos reportando valores maiores como de 0,042 em ovinos Churra (CHITNEEDI et al., 2017), 0,047 e 0,062 em ovinos Chios e Boutsco, respectivamente (MICHAILIDOU et al., 2018) e medias populacionais de 0,084 em ovinos de Valle do Belice (MASTRANGELO et al., 2017), todos eles calculados com dados genotípicos obtidos com painéis de 50k.

São poucos os estudos em que se utiliza o F_{GRM} em ovinos, Michailidou et al. (2018) indica medias de 0,058, 0,035 e 0,0078 em ovinos Chios, Boutsco e Karagouniko, respectivamente. Em ovinos multirraciais uma media de -0,0091 foi reportado (BRITO et al., 2017). Não foi encontrado estudos em ovinos usando a matriz genômica quando a frequência alélica é fixada a 0,5.

Sobre F_{HOM} , estudos prévios indicam medias de 0,076, 0,052 e -0,021 para ovinos Chios, Boutsco e Karagouniko, respectivamente (MICHAILIDOU et al., 2018); -0,0228 em ovinos Churra (CHITNEEDI et al., 2017), 0,011 em ovinos do Valle del Belice (MASTRANGELO et al., 2017), 0,036 em ovinos Comisana Belice (MASTRANGELO et al., 2018a), 0,09, -0,013 e 0,02 para ovinos Border Leicester, Merino e Poll Dorset (AL-MAMUN et al., 2015). Inclusive valores de -0,0087 em ovinos multirraciais de Nova Zelândia (BRITO et al., 2017).

Análise de ROH usando dados genômicos pode ajudar a descrever os eventos históricos numa população, assim como revelar níveis de endogamia dentro da população, recentes gargalos genético e assinaturas de seleção. Embora o ovino Santa Inês seja uma raça de importância econômica não foi encontrado estudos com uso dos coeficientes de endogamia genômicos para avaliar depressão endogâmica em características produtivas.

As causas de formação das ilhas de ROH são ainda desconhecidas, mas são de muito interesse na atualidade. Teoricamente dentro de uma raça podem ser explicadas por ancestrais recentes, desequilíbrio de ligamento ou pressão de seleção; são regiões com diversidade genética reduzida, e assim incrementada homozigose, comparada com o resto do genoma (PEMBERTON et al., 2012). Em nosso estudo achamos uma ilha ROH no OAR16 (40 - 50 Mb), já em outras raças foram reportados em diferentes cromossomos como no OAR2, 4, 5, 17 e 22 em ovinos Belclare, Beltex, Charollais, Suffolk e Vendéen (PURFIELD et al., 2017), ou no OAR3, 4, 10, 11 e 23 em ovinos do Vale do Belice (MASTRANGELO et al., 2017), no OAR3, 6 e 8 em raças espanholas (LUIGI et al., 2018), no OAR2, 6 e 15 em raças australianas (AL-MAMUN et al., 2015), no OAR8 e 2 em ovinos Churra (CHITNEEDI et al.,

2017), no OAR6 em raças italianas (MASTRANGELO et al., 2018a). A diferença pode dever-se a que a adaptação geográfica e seleção fazem com que as raças se diferenciem ao longo do tempo. Por outro lado, se sabe que a magnitude da frequência de recombinação tem um efeito importante sobre a aparição dos ROH (BOSSE et al., 2012), e que as espécies filogeneticamente relacionadas podem apresentar um grau de conservação de regiões com determinada taxa de recombinação.

6.2.2 Correlação entre coeficientes de endogamia

No presente estudo as correlações entre F_{PED} e os coeficientes derivados dos dados genômicos foram moderados (0,38 a 0,44). Mastrangelo et al. (2017) relata valores de 0,97 para F_{PED} e F_{ROH} em ovinos do Valle do Belice, similares valores reportam Purfield et al. (2017) de 0,90 e 0,94 em ovinos Texel e Vendeen, respectivamente. Indicando que na ausência de pedigree os coeficientes estimados a partir de dados genômicos são bons preditores da homozigose. As correlações moderadas no presente estudo podem ser parcialmente explicadas pela pouca profundidade de pedigree da nossa população de estudo (média de gerações equivalentes = 3,7).

Entre F_{PED} e F_{GRM} , Brito et al. (2017) relatam uma correlação de 0,36 em ovinos multirraciais e na mesma população uma correlação de 0,27 entre F_{PED} e F_{HOM} . Estes valores são similares aos obtidos em nosso estudo. No entanto relatos indicam que ambos coeficientes, F_{GRM} e F_{HOM} , são fortemente dependentes das frequências dos alélicas.

6.2.3 Depressão endogâmica

6.2.4 Variância da dominância

Semelhantemente ao caso dos bovinos observamos correlações negativas entre as estimativas de variância genômica de dominância e os coeficientes de regressão da endogamia. Esses achados sugerem que a depressão por endogamia se torna mais severa à medida que a variância genômica da dominância aumenta. Nossos resultados se alinham com os encontrados por Misztal et al (1997), os quais foram baseados em informações de pedigree. Até onde sabemos, o presente estudo fornece os primeiros resultados empíricos mostrando a relação entre a variação genômica de dominância e a depressão por endogamia genômica em ovinos Santa Inês.

7. CONCLUSÃO

A inclusão de dados genômicos oferece novas perspectivas para os estudos da endogamia nas populações de bovinos Nelore e ovinos Santa Inês. Os resultados das análises de ROH sugerem que a endogamia pode ser explicada mais por parentesco ancestral do que por acasalamentos recentes. Descobrimos que a endogamia afeta negativamente várias características nos bovinos e em todas as características nos ovinos. Os coeficientes genômicos têm melhor capacidade de detecção da depressão endogâmica e esta depressão está inversamente relacionada com a variância da dominância das características. Afirmamos que as descobertas relatadas aqui podem ser usadas para monitorar, manter a diversidade genética e implementar estratégias sustentáveis de manejo de reprodução em ambas espécies a partir de uma perspectiva genômica.

REFERÊNCIAS

- AL-MAMUN, H. A. et al. Genome-wide linkage disequilibrium and genetic diversity in five populations of Australian domestic sheep. **Genetics Selection Evolution**, Paris, v. 47, n. 1, p. 90, 2015.
- BARROS, E. A. et al. Population structure and genetic variability of the Segureña sheep breed through pedigree analysis and inbreeding effects on growth traits. **Small Ruminant Research**, Amsterdam, v. 149, p. 128-133, 2017.
- BECKER, P. J. J. et al. Phenotype-associated inbreeding biases estimates of inbreeding depression in a wild bird population. **Journal of Evolutionary Biology**, Basel, v. 29, n. 1, p. 35–46, 2016.
- BENNETT, G. L.; GREGORY, K. E. Genetic (co)variances for calving difficulty score in composite and parental populations of beef cattle: II. Reproductive, skeletal, and carcass traits. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 79, n. 1, p. 52–59, 2001.
- BIFFANI, S.; SAMORÉ, A. B.; CANAVESI, F. Inbreeding depression for production, reproduction and functional traits in Italian Holstein cattle. In: 7TH WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, 2002, Montpellier, France. **Anais...**2002.
- BJELLAND, D. W. et al. Evaluation of inbreeding depression in Holstein cattle using whole-genome SNP markers and alternative measures of genomic inbreeding. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 96, n. 7, p. 4697–4706, 2013.
- BOSSE, M. et al. Regions of Homozygosity in the Porcine Genome: Consequence of Demography and the Recombination Landscape. **PLoS Genetics**, Cambridge, v. 8, n. 11, 2012.
- BRITO, L. F. et al. Genetic diversity of a New Zealand multi-breed sheep population and composite breeds' history revealed by a high-density SNP chip. **BMC Genetics**, London, v. 18, n. 1, p. 1–11, 2017.
- BROWNING, B. L.; BROWNING, S. R. Genotype Imputation with Millions of Reference Samples. **American Journal of Human Genetics**, Chicago, v. 98, n. 1, p. 116–126, 2016.
- CARRILLO, J. A.; SIEWERDT, F. Consequences of long-term inbreeding accumulation on preweaning traits in a closed nucleus Angus herd. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 88, n. 1, p. 87–95, 2010.
- CARVALHEIRO, R.; PIMENTEL, E.C.G. Endogamia: possíveis conseqüências e formas de controle em programas de melhoramento de bovinos de corte. WORKSHOP EM GENÉTICA E MELHORAMENTO NA PECUÁRIA DE CORTE. FCAV/UNESP. II GEMPEC. Jaboticabal, 2004.
- CASSELL, B. G.; ADAMEC, V.; PEARSON, R. E. Effect of incomplete pedigrees on estimates of inbreeding and inbreeding depression for days to first service and summit milk yield in Holsteins and Jerseys. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 86, n. 9, p. 2967–2976, 2003.

CHANG, C. C. et al. Second-generation PLINK: Rising to the challenge of larger and richer datasets. **GigaScience**, Oxford, v. 4, n. 1, p. 1–16, 2015.

CHITNEEDI, P. K. et al. Estimations of linkage disequilibrium, effective population size and ROH-based inbreeding coefficients in Spanish Churra sheep using imputed high-density SNP genotypes. **Animal Genetics**, Oxford, v. 48, n. 4, p. 436–446, 2017.

CLEVELAND, M. A. et al. Changes in inbreeding of U.S. Herefords during the twentieth century. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 83, n. 83, p. 992–1001, 2005.

CONEXÃO DELTA G. **Sumário de avaliação de reprodutores** - GenSys Consultores Associados S/C Ltda, 2004.

CROQUET, C. et al. Inbreeding depression for global and partial economic indexes, production, type, and functional traits. **Journal of Dairy science**, Champaign, v. 89, n. 6, p. 2257–2267, 2006.

CURIK, I.; FERENČAKOVIC, M.; SÖLKNER, J. Genomic dissection of inbreeding depression: A gate to new opportunities. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 46, n. 9, p. 773–782, 2017.

CURIK, I.; FERENČAKOVIĆ, M.; SÖLKNER, J. Inbreeding and runs of homozygosity: A possible solution to an old problem. **Livestock Science**, Netherlands, v. 166, n. 1, p. 26–34, 2014.

CURIK, I.; SÖLKNER, J.; STIPIC, N. Effects of models with finite loci, selection, dominance, epistasis and linkage on inbreeding coefficients based on pedigree and genotypic information. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, Berlin, v. 119, n. 2, p. 101–115, 2002.

CURIK, I.; SOLKNER, J.; STIPIC, N. The influence of selection and epistasis on inbreeding depression estimates. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, Berlin, v. 118, n. 4, p. 247–262, 2 ago. 2001.

DAETWYLER, H. D. et al. Inbreeding in genome-wide selection. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, Berlin, v. 124, n. 6, p. 369–376, 2007.

DEROSE, M. A.; ROFF, D. A. A Comparison of Inbreeding Depression in Life-History and Morphological Traits in Animals. **Evolution**, Lancaster, v. 53, n. 4, p. 1288–1292, 1999.

DICKERSON, G. E. Inbreeding and Heterosis in Animals. In: PROCEEDINGS OF ANIMAL BREEDING AND GENETICS SYMPOSIUM IN HONOR OF DR. J.L. LUSH. 1973. Champaign, IL, USA., **Anais...**1973.

ELER, J.P.; FERRAZ, J.B.S.; MATTOS E.C. **Sumário de Touros Nelore CFM**. 2015.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to Quantitative Genetics**. 4 ed. New York: Longman. 1996.

FERENČAKOVIĆ, M. et al. Runs of Homozygosity Reveal Genome-wide Autozygosity in the Austrian Fleckvieh Cattle. **Agriculturae Conspectus Scientificus**, Zagreb, v. 76, n. 4, p. 325–329, 2011.

FERENČAKOVIĆ, M.; SÖLKNER, J.; CURIK, I. Estimating autozygosity from high-throughput information: Effects of SNP density and genotyping errors. **Genetics Selection Evolution**, Paris, v. 45, n. 1, p. 42, 2013.

FERENČAKOVIĆ, M. et al. Genome-wide mapping and estimation of inbreeding depression of semen quality traits in a cattle population. **Journal of Dairy Science**, Champaign, n. 100, p. 1–10, 2017.

FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS. **FAO/Statistical database – FAOSTAT**. Disponível em <http://www.fao.org/faostat>. 2018.

FORUTAN, M. et al. Inbreeding and runs of homozygosity before and after genomic selection in North American Holstein cattle. **BMC Genomics**, London, v. 19, n. 1, p. 1–12, 2018.

GAUTIER, M. et al. A whole genome Bayesian scan for adaptive genetic divergence in West African cattle. **BMC Genomics**, London, v. 10, n. 1, p. 550, 2009.

GARRICK, D.; RUVINSKY, A. Inbreeding, genetic variability and heterosis In: **The Genetics of Cattle**. 2 ed.. London: CAB Internacional, 2015, p. 378.

GELMAN, A.; RUBIN, D.B. Inference from iterative simulation using multiple sequence. **Statistical Science**, Hayward, v. 7, p. 457–511, 1992.

GHOLIZADEH, M.; GHAFOURI-KESBI, F. Inbreeding depression in growth traits of Baluchi sheep. **Small Ruminant Research**, Amsterdam, v. 144, p. 184–190, 2016.

GURGUL, A. et al. The use of runs of homozygosity for estimation of recent inbreeding in Holstein cattle. **Journal of Applied Genetics**, Berlin, v. 57, n. 4, p. 527–530, 2016.

HAUSCHILD, L. et al. Coeficiente de endogamia em ovinos da raça Texel. In: IV SIMPÓSIO NACIONAL DE MELHORAMENTO ANIMAL, Campo Grande, **Anais...** Campo Grande, 2002.

HOWRIGAN, D. P.; SIMONSON, M. A.; KELLER, M. C. Detecting autozygosity through runs of homozygosity: A comparison of three autozygosity detection algorithms. **BMC Genomics**, London, v. 12, n. 1, p. 460, 2011.

IACOLINA, L. et al. Genomic diversity and differentiation of a managed island wild boar population. **Heredity**, London, v. 116, n. 1, p. 60–67, 2016.

JOAQUIM, L. B. Estrutura genômica de uma população de suínos base landrace. 2016. Universidade Estadual Paulista UNESP, 2016.

- KARIMI, Z. Runs of homozygosity patterns in taurine and indicine cattle breeds. 2013. 53 p. Dissertação (European Master in Animal Breeding and Genetics) - BOKU-University of Natural Resources and Life Sciences, Vienna, 2013.
- KELLER, M. C.; VISSCHER, P. M.; GODDARD, M. E. Quantification of inbreeding due to distant ancestors and its detection using dense single nucleotide polymorphism data. **Genetics**, Austin, v. 189, n. 1, p. 237–249, 2011.
- KIM, E. S. et al. Effect of artificial selection on runs of homozygosity in U.S. Holstein cattle. **PLoS ONE**, San Francisco, v. 8, n. 11, p. 1–14, 2013.
- KOMINAKIS, A. et al. Genome-wide population structure and evolutionary history of the Frizarta dairy sheep. **Animal**, Cambridge, v. 11, n. 10, p. 1–9, 2017.
- KRISTENSEN, T. N. et al. Research on inbreeding in the “omic” era. **Trends in Ecology and Evolution**, Amsterdam, v. 25, n. 1, p. 44–52, 2010.
- KRISTENSEN, T. N.; SØRENSEN, A. C. Inbreeding – lessons from animal breeding, evolutionary biology and conservation genetics. **Animal Science**, Penicuik, v. 80, n. 2, p. 121–133, 2005.
- LEROY, G. Inbreeding depression in livestock species: Review and meta-analysis. **Animal Genetics**, Oxford, v. 45, p. 618–628, 2014.
- LEROY, G.; BAUMUNG, R. Mating practices and the dissemination of genetic disorders in domestic animals, based on the example of dog breeding. **Animal Genetics**, Oxford, v. 42, n. 1, p. 66–74, 2011.
- LU, D. et al. Genomic inbreeding coefficients in a sample of Canadian beef cattle breeds. In: 10TH WORLD CONGRESS OF GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, **Anais...**2014.
- LUIGI, M. G. et al. Identificación de regiones comunes de homocigosidad en cabras y ovejas. IN: CONGRESO DE MEJORA ANIMAL, **Anais...**2018.
- LUSH, J.L., 1945. **Animal Breeding Plans.**, Ames: Iowa State College Press.
- MADRUGA, M.S. et al. Qualidade da carne de cordeiros Santa Inês terminados com diferentes dietas. **Revista Brasileira de Zootecnia**. v.34, n.1, p.309-315, 2005.
- MALECOT, G. Les mathématiques de l'hérédité. Paris: Masson et Cie, 1948.
- MARRAS, G. et al. Analysis of runs of homozygosity and their relationship with inbreeding in five cattle breeds farmed in Italy. **Animal Genetics**, Oxford, v. 46, n. 2, p. 110–121, 2015.
- MARTIKAINEN, K. et al. Estimation of inbreeding depression on female fertility in the Finnish Ayrshire population. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, Berlin, v. 134, n. 5, p. 383–392, 2017.

MASTRANGELO, S. et al. Runs of homozygosity reveal genome-wide autozygosity in Italian sheep breeds. **Animal Genetics**, Oxford, v. 49, n. 1, p. 71–81, 2018a.

MASTRANGELO, S. et al. Genome-wide diversity and runs of homozygosity in the “Braque Français, type Pyrénées” dog breed. **BMC Research Notes**, London, v. 11, n. 1, p. 11–16, 2018b.

MASTRANGELO, S. et al. Genomic inbreeding estimation in small populations: evaluation of runs of homozygosity in three local dairy cattle breeds. **Animal**, Cambridge, v. 10, n. 5, p. 1–9, 2016.

MASTRANGELO, S. et al. Genome-wide scan for runs of homozygosity identifies potential candidate genes associated with local adaptation in Valle del Belice sheep. **Genetics Selection Evolution**, Paris, v. 49, n. 1, p. 84, 2017.

MCQUILLAN, R. et al. Runs of Homozygosity in European Populations. **American Journal of Human Genetics**, Chicago, v. 83, n. 3, p. 359–372, 2008.

MESZAROS, G. et al. Genomic background of entropion in Fleckvieh cattle. **Poljoprivreda/Agriculture**, Osijek, v. 21, n. 1, p. 48–51, 2015.

METZGER, J. et al. Runs of homozygosity reveal signatures of positive selection for reproduction traits in breed and non-breed horses. **BMC Genomics**, London, v. 16, n. 1, p. 764, 2015.

MEUWISSEN, T.; LUO, Z. Computing inbreeding coefficients in large populations. **Genetics Selection Evolution**, Paris, v. 24, n. 4, p. 305–313, 1992.

MICHAILIDOU, S. et al. Genomic diversity and population structure of three autochthonous Greek sheep breeds assessed with genome-wide DNA arrays. **Molecular Genetics and Genomics**, Berlin, v. 293, n. 3, p. 753–768, 2018.

MISZTAL I. et al. Blupf90 and related programs. In: PROCEEDINGS OF THE 7TH WORLD CONGRESS ON GENETICS APPLIED TO LIVESTOCK PRODUCTION, Montpellier, France. INRA, Montpellier, France, pp. 19–23. 2002.

MISZTAL, I.; LAWLOR, T.; GENGLER, N. Relationship among estimates of inbreeding depression, dominance and additive variance for linear traits in Holsteins. **Genetics Selection Evolution**, Paris, v. 29, n. 3, p. 319, 1997.

MOKHTARI, M. S. et al. Pedigree analysis of iran-black sheep and inbreeding effects on growth and reproduction traits. **Small Ruminant Research**, Amsterdam, v. 116, n. 1, p. 14–20, 2014.

MORTLOCK, S.-A.; KHATKAR, M. S.; WILLIAMSON, P. Comparative Analysis of Genome Diversity in Bullmastiff Dogs. **Plos One**, San Francisco, v. 11, n. 1, p. e0147941, 2016.

- MUDADU, M. A. et al. Genomic structure and marker-derived gene networks for growth and meat quality traits of Brazilian Nelore beef cattle. **BMC Genomics**, London, v. 17, n. 1, p. 235, 2016.
- NALLS, M. A. et al. Extended tracts of homozygosity identify novel candidate genes associated with late-onset Alzheimer's disease. **Neurogenetics**, Berlin, v. 10, n. 3, p. 183–190, 2009.
- NUIJTEN, R. J. M. et al. The Use of Genomics in Conservation Management of the Endangered Visayan Warty Pig (*Sus cebifrons*). **International Journal of Genomics**, 2016.
- ORAZIETTI, J. **Islands and deserts: patterns of runs of homozygosity in chicken breeds**. 2015. 75 p. Dissertação (European Master in Animal Breeding and Genetics) - University of Natural Resources and Life Sciences, 2015.
- PEDROSA, V. B. et al. Population structure and inbreeding effects on growth traits of Santa Inês sheep in Brazil. **Small Ruminant Research**, Amsterdam, v. 93, n. 2–3, p. 135–139, 2010.
- PEMBERTON, T. J. et al. Genomic patterns of homozygosity in worldwide human populations. **American Journal of Human Genetics**, Chicago, v. 91, n. 2, p. 275–292, 2012.
- PEREIRA, R. J. et al. Inbreeding depression in Zebu cattle traits. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, Berlin, p. 1–11, 2016.
- PÉREZ, P.; DE LOS CAMPOS, G. Genome-wide regression and prediction with the BGLR statistical package. **Genetics**, Austin, v. 198, n. 2, p. 483–495, 2014.
- PERIPOLLI, E. et al. Autozygosity islands and ROH patterns in Nellore lineages: Evidence of selection for functionally important traits. **BMC Genomics**, London, v. 19, n. 1, p. 680. 2018.
- PERIPOLLI, E. et al. Assessment of runs of homozygosity islands and estimates of genomic inbreeding in Gyr (*Bos indicus*) dairy cattle. **BMC Genomics**, v.19, n. 1, p. 34. 2018.
- PERIPOLLI, E. et al. Inbreeding estimates using two different approaches in Gyr cattle. In: 1ST INTERNATIONAL MEETING OF ADVANCES IN ANIMAL SCIENCE, **Anais...**2016.
- PLUMMER, M. et al. CODA: Convergence Diagnosis and Output Analysis for MCMC. **R News**, v.6, p. 7-11. 2006.
- PORTO-NETO, L. R. et al. Genomic divergence of zebu and taurine cattle identified through high-density SNP genotyping. **BMC Genomics**, London, v. 14, n. 1, 2013.
- PRYCE, J. E. et al. Identification of genomic regions associated with inbreeding depression in Holstein and Jersey dairy cattle. **Genetics Selection Evolution**, Paris, v. 46, n. 1, p. 71, 2014.
- PURFIELD, D. C. et al. Runs of homozygosity and population history in cattle. **BMC Genetics**, London, v. 13, n. 1, p. 70, 2012.

- PURFIELD, D. C. et al. The distribution of runs of homozygosity and selection signatures in six commercial meat sheep breeds. **PLoS ONE**, San Francisco, v. 12, n. 5, p. 1–23, 2017.
- QUINTON, M. SMITH, C.; GODDARD, M.E. Comparison of selection methods at the same level of inbreeding. **Journal of Animal Science**. Champaign, v.70. p. 1060-1067.
- QUIRINO, C. R.; BERGMANN, J. A. G. Heritability of scrotal circumference adjusted and unadjusted for body weight in Nellore bullas using uni and bivariate animals models. **Theriogenology**, Stoneham, v. 7, n. 48, p. 1398–1396, 1998.
- REGO NETO, A. A. et al. Population genetic structure of Santa Inês sheep in Brazil. **Tropical Animal Health and Production**, Edinburgh, v. 50, n. 3, p. 503–508, 2018.
- REVERTER, A. et al. Genomic inbreeding depression for climatic adaptation of tropical beef cattle. **Journal of Animal Science**, Champaign, v. 95, n. 9, p. 3809–3821, 2017.
- RIOS, A. C. H. et al. Efeito da endogamia sobre a idade ao primeiro parto de novilhas Nelore. In: XII SIMPÓSIO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO ANIMAL, **Anais...**2017.
- RIOS, A. C. H. et al. Runs of homozygosity in Nellore Cattle. IN: 1ST INTERNATIONAL MEETING OF ADVANCES IN ANIMAL SCIENCE, **Anais...**2016.
- RODRÍGUEZ-RAMILO, S. T. et al. Genome-Wide estimates of coancestry, inbreeding and effective population size in the spanish holstein population. **PLoS ONE**, San Francisco, v. 10, n. 4, p. e0124157, 2015.
- RON, M. et al. Misidentification Rate in the Israeli Dairy Cattle Population and Its Implications for Genetic Improvement. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 79, n. 4, p. 676–681, 1996.
- SANTANA, M. L. et al. Effect of inbreeding on growth and reproductive traits of Nellore cattle in Brazil. **Livestock Science**, Netherlands, v. 131, n. 2–3, p. 212–217, 2010.
- SARGOLZAEI, M.; IWASAKI, H.; COLLEAU, J.J. CFC: a tool for monitoring genetic diversity. In: Proceeding 8th WCGALP, Belo Horizonte, Brazil, CD-ROM, communications 27-28
- SAURA, M. et al. Detecting inbreeding depression for reproductive traits in Iberian pigs using genome-wide data. **Genetics Selection Evolution**, Paris, v. 47, n. 1, p. 1–9, 2015.
- SCARPATI, M. T. V.; LÔBO, R. B. Modelos Animais Alternativos para Estimção de Componentes de (co)Variância e de Parâmetros Genéticos e Fenotípicos do Peso ao Nascer na Raça Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 28, n. 3, p. 512–518, 1999.
- SCRAGGS, E. et al. Estimation of inbreeding and effective population size of full-blood wagyu cattle registered with the American Wagyu Cattle Association. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, Berlin, v. 131, n. 1, p. 3–10, 2014.
- SIGNER-HASLER, H. et al. Population structure and genomic inbreeding in nine Swiss dairy cattle populations. **Genetics Selection Evolution**, Paris, v. 49, n. 1, p. 83, 2017.

SILIÓ, L. et al. Measuring inbreeding and inbreeding depression on pig growth from pedigree or SNP-derived metrics. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, Berlin, v. 130, n. 5, p. 349–360, 2013.

SÖLKNER, J. et al. Genomic metrics of individual autozygosity , applied to a cattle population. In: 61ST ANNUAL CONFERENCE OF THE EUROPEAN ASSOCIATION FOR ANIMAL PRODUCTION, 2010, **Anais...**2010.

USDA. Livestock and poultry: world markets and trade/USDA, Abril, 2018

VANRADEN, P. M. Accounting for Inbreeding and Crossbreeding in the Genetic Evaluation of Large Population. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 75, n. 11, p. 3136–3144, 1992.

VANRADEN, P. M. Efficient Methods to Compute Genomic Predictions. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 91, n. 11, p. 4414–4423, 2008.

VANRADEN, P. M. et al. Genomic inbreeding and relationships among Holsteins, Jerseys, and Brown Swiss. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 94, n. 11, p. 5673–5682, 2011.

VITEZICA, Z. G.; VARONA, L.; LEGARRA, A. On the additive and dominant variance and covariance of individuals within the genomic selection scope. **Genetics**, Austin, v. 195, n. 4, p. 1223–1230, 2013.

WALL, E. et al. Impact of nonadditive genetic effects in the estimation of breeding values for fertility and correlated traits. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 88, n. 1, p. 376–85, 2005.

WIGGANS, G. R.; VANRADEN, P. M.; ZUURBIER, J. Calculation and use of inbreeding coefficients for genetic evaluation of United States Dairy Cattle. **Journal of Dairy Science**, Champaign, v. 78, n. 1, p. 1584–1590, 1995.

WOLC, A. et al. Response and inbreeding from a genomic selection experiment in layer chickens. **Genetics Selection Evolution**, Paris, v. 47, n. 1, p. 59, 2015.

WRAY, N. R.; WOOLLIAMS, J. A.; THOMPSON, R. Methods for predicting rates of inbreeding in selected populations. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 80, n. 4, p. 503–512, 1990.

WRIGHT, S. Coefficients of inbreeding and relationship. **American Naturalist**, v. 117, n. 1, p. 24–37, 1922.

YANG, J. et al. GCTA: A tool for genome-wide complex trait analysis. **American Journal of Human Genetics**, Chicago, v. 88, n. 1, p. 76–82, 2011.

ZANELLA, R. et al. Genetic diversity analysis of two commercial breeds of pigs using genomic and pedigree data. **Genetics Selection Evolution**, Paris, v. 48, n. 1, p. 24, 2016.

ZAVAREZ, L. B. et al. Assessment of autozygosity in Nellore cows (*Bos indicus*) through high-density SNP genotypes. **Frontiers in Genetics**, Lausanne, v. 5, p. 1–8, 2015.

ZHANG, Q. et al. Estimation of inbreeding using pedigree, 50k SNP chip genotypes and full sequence data in three cattle breeds. **BMC Genetics**, London, v. 16, n. 1, p. 88, 2015.

APÊNDICE

Figura - Distribuição da frequência do alelo menor (MAF) dos SNP na população de bovinos Nelore

Figura - Distribuição da frequência do alelo menor (MAF) dos SNP imputados após controle de qualidade de HWE na população de ovinos Santa Inês a

Effects of genomic inbreeding on productive traits in Nellore cattle

Gerardo C. Mamani^{1,3¶*}, Bruna F. Santana^{1¶}, Gerson A. Oliveira Jr.^{2&}, Elisângela C. Mattos^{1&}, Joanir P. Eler^{1&}, Ricardo Ventura^{3&}, Gota Morota^{4¶}, José B.S. Ferraz^{1&}

¹ Universidade de São Paulo, Departamento de Medicina Veterinária, Av Duque de Caxias Norte 225 - Campus da USP, 13635-900, Pirassununga, São Paulo, Brazil

² CRV Lagoa, Rod. Carlos Tonani, km 88, Sertãozinho, São Paulo, Brazil

³ Universidade de São Paulo, Departamento de Nutrição e Produção Animal, Av Duque de Caxias Norte 225 - Campus da USP, 13635-900, Pirassununga, São Paulo, Brazil

⁴ University of Nebraska-Lincoln, Department of Animal Science, Lincoln, NE 68583-0908 USA

*Corresponding author

E-mail: gerardo.mamani@usp.br

¶The authors contributed equally to this work.

&These authors also contributed equally to this work

Abstract

Monitoring inbreeding is critical for establishing a sustainable breeding program. We estimated inbreeding coefficients from runs of homozygosity (F_{ROH}), genomic relationship matrices coupled with allele frequencies derived from data (F_{GRM}) and allele frequencies set to 0.5 (F_{GRM05}), and pedigree information (F_{PED}) from a Nellore cattle population in Brazil ($N=15,846$). Genotypic data were obtained from 2,803 animals using two different genotyping arrays containing 777,962 or 74,677 single nucleotide polymorphisms (SNP), respectively. The subset of individuals originally genotyped using the lowest set of markers were imputed to the highest density. Noticeable peaks on chromosome 7, 12, and 21 represented hotspots of autozygosity ($> 47\%$), highlighting putative regions affected by selective pressure. The mean values for F_{PED} , F_{ROH} , F_{GRM} , and F_{GRM05} were 0.005, 0.058, -0.007, and 0.40, respectively. These inbreeding coefficients were negatively associated with birth weight, weaning weight, post-weaning weight gain, muscularity score, finishing score, conformation score, and scrotal circumference. We also found a negative correlation between the inbreeding depressions and estimates of dominance genomic variances ranging from -0.35 to -0.98. We contend that the findings reported here can be used to maintain genetic diversity in Nellore cattle from a genomic perspective.