UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO GRANDE DO SUL
FACULDADE DE AGRONOMIA
CURSO DE ZOOTECNIA

OLIVIA REINHEIMER NUNES

VARIABILIDADE GENÔMICA DAS OITO RAÇAS MAIS POPULARES DE CÃES NO BRASIL

Porto Alegre

2026

Olivia Reinheimer Nunes

VARIABILIDADE GENÔMICA DAS OITO RAÇAS MAIS POPULARES DE CÃES NO BRASIL

Trabalho de Conclusão do Curso de Zootecnia na Faculdade de Agronomia, da Universidade Federal do Rio Grande do Sul.

Orientador: Prof.ª Dr. Jaime Araujo Cobuci
Coorientadora: Dra. Darilene Ursula Tyska

Porto Alegre

2026

Olivia Reinheimer Nunes

VARIABILIDADE GENÔMICA DAS OITO RAÇAS MAIS POPULARES DE CÃES NO BRASIL

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado como requisito para obtenção do Grau de Zootecnista, FAculdade de Agronomia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul

Data de aprovação: XX/XX/2026

_____
Prof. Dr. Jaime Araujo Cobuci - UFRGS

Orientador

_____
Dra. Darilene Ursula Tyska - UFRGS

Coorientadora

_____
Prof. Dra. Lígia Souza Lima Silveira da Mota - UNESP

Membro da banca

_____
Prof. Dr. Rafael Aldrighi Tavares - UFPEL

Membro da banca

Dedico este trabalho a todos aqueles que permanecem ao meu lado e acreditam no meu crescimento.

AGRADECIMENTOS

Agradeço imensamente a minha mãe Angélica Geraldo da Silva Reinheimer Nunes por sempre me incentivar a perseverar quando me encontrava desmotivada, oferecendo qualquer coisa ao seu alcance para fazer meu dia melhor e pelas repetidas noites que caindo de sono ainda tentava raciocinar para que me desse opiniões sobre as dezenas de apresentações durante o curso.

Também agradeço meu pai, Artur Fernando Reinheimer Nunes, pelos momentos de risada a fim de descontrair das muitas reclamações que despejava quando íamos ao nosso almoço da semana e principalmente pelos conselhos que talvez eu não entenda agora mas que com certeza me farão uma pessoa melhor no futuro. E mais especificamente ao meu irmão mais novo, Otavio Reinheimer Nunes que me cobra toda hora por mais tempo juntos depois que comecei a escrever esse trabalho.

Agradeço à minha avó, Maria de Lourdes Geraldo da Silva e a minha prima Alessandra da Silva Fernandes que foram figuras tão importantes e queridas na minha vida, indo desde as tardes depois da aula do fundamental tomando café com a tv ligada nos desenhos animados, até as loucas risadas sobre fofocas que agora contamos depois de adultas.

Ressaltando de forma particular, envio diretamente agradecimentos aos céus para minha bisavó, Olivia Moreira Reinheimer *(in memoriam)*, ao qual fui batizada em sua homenagem, e a minha avó, Geneci Moreira Reinheimer *(in memoriam)*, duas mulheres batalhadoras que mesmo perante as mais desafiadoras situações ainda conseguiram mostrar a seus filhos, netos e bisnetos que o mundo vale a pena, é cheio de surpresas e pessoas para compartilhar a felicidade de viver.

Agradeço muito ao meu orientador Jaime Araujo Cobuci e a minha coorientador Darilene Ursula Tyska que com muita paciência e críticas construtivas me auxiliaram e acompanharam toda a trajetória final na UFRGS vendo de perto meus erros e acertos com o objetivo de me tornar uma pesquisadora melhor.

Igualmente agradeço ao grupo de estudos Megagen, juntamente ao seus integrantes e a startup petgenoma por me proporcionarem o espaço e dados para a realização dessa etapa tão importante para minha graduação.

“Não, é que vivo em eterna mutação, com novas adaptações a meu renovado viver e nunca chego ao fim de cada um dos modos de existir. Vivo de esboços não acabados e vacilantes. Mas equilibro-me como posso, entre mim e eu, entre mim e os homens, entre mim e Deus.”

- Clarice Lispector, *Um Sopro da Vida*

RESUMO

A criação de cães de raça tem sido historicamente conduzida por processos seletivos voltados à fixação de características fenotípicas, o que contribuiu para a redução da diversidade genética e o aumento dos níveis de endogamia em populações caninas. Nesse contexto, o presente estudo teve como objetivo avaliar a variabilidade genômica das oito raças caninas mais populares no Brasil segundo a CBKC, comparando populações nacionais e internacionais provenientes de bancos de dados privados e públicos. O estudo utilizou análises de estrutura populacional, endogamia genômica por corridas de homozigose (ROH), índice de fixação de subpopulações e ancestralidade estimada para caracterizar a diversidade e comparar as populações avaliadas. Os resultados demonstraram que algumas populações brasileiras, especialmente das raças Rottweiler, Pastor Alemão e Golden Retriever, apresentam altos níveis de endogamia populacionais recentes. Para Rottweiler e Golden Retriever foram observadas diferenças estatisticamente significativas em comparação às populações estrangeiras, indicando níveis mais elevados de consanguinidade no contexto nacional. A distribuição das corridas de homozigose evidenciou a predominância de segmentos longos, sugerindo a ocorrência de eventos recentes de endogamia e a utilização restrita de determinadas linhagens reprodutivas. As análises de estrutura populacional revelaram compartilhamento de ancestralidade entre populações brasileiras e estrangeiras, mas também indicaram padrões genéticos particulares em algumas raças nacionais, indicando diferenças entre as populações avaliadas. Conclui-se que a utilização de métricas genômicas permite uma caracterização mais precisa da diversidade genética das populações caninas. Os resultados reforçam a necessidade da implementação de estratégias de manejo voltadas ao monitoramento genético dos acasalamentos visando o aumento da diversidade genética e à sustentabilidade das principais raças caninas criadas no Brasil.

Palavras-chave: cão, variabilidade genômica, endogamia, corrida de homozigose, pedigree.

ABSTRACT

The breeding of purebred dogs has historically been driven by selective processes aimed at fixing phenotypic characteristics, which has contributed to a reduction in genetic variability and an increase in inbreeding levels in canine populations. In this context, the present study aimed to evaluate the genomic variability of the eight most popular canine breeds in Brazil according to the CBKC, comparing national and international populations from private and public databases. The study used population structure analyses, genomic inbreeding by runs of homozygous (ROH), subpopulation fixation index, and estimated ancestry to characterize diversity and compare the evaluated populations. The results demonstrated that some Brazilian populations, especially the Rottweiler, German Shepherd, and Golden Retriever breeds, exhibit high levels of recent inbreeding. For Rottweiler and Golden Retriever, statistically significant differences were observed compared to foreign populations, indicating higher levels of consanguinity in the national context. The distribution of runs of homozygous showed a predominance of long segments, suggesting the occurrence of recent inbreeding events and the restricted use of certain reproductive lines. Population structure analyses revealed shared ancestry between Brazilian and foreign populations, but also indicated particular genetic patterns in some national breeds, indicating differences between the populations evaluated. It is concluded that the use of genomic metrics allows for a more precise characterization of the genetic diversity of canine populations. The results reinforce the need to implement management strategies aimed at genetic monitoring of matings with the aim of increasing genetic diversity and ensuring the sustainability of the main dog breeds raised in Brazil.

Keywords: dog, genomic variability, inbreeding, homozygous race, pedigree.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figura 1 - Padrão de Raça Standard Border Collie.....17
Figura 2 - Padrão de Raça Standard Buldogue Francês..... 18
Figura 3 - Padrão de Raça Standard Chihuahua..... 18
Figura 4 - Padrão de Raça Standard Golden Retriever..... 19
Figura 5 - Padrão de Raça Standard Pastor Alemão.....20
Figura 6 - Padrão de Raça Standard Rottweiler.....20
Figura 7 - Padrão de Raça Standard Shih Tzu..... 21
Figura 8 - Padrão de Raça Standard Spitz Alemão..... 22
Figura 9 - Gráficos do PCA pontuando os indivíduos das populações BR e BP para as oito raças em formato bidimensional.....32
Figura 10 - Distribuição dos coeficientes de endogamia genômica (FROH total) populações BP e BR de oito raças caninas..... 36
Figura 11 - Partição e distribuição do coeficiente de endogamia genômica médio por classes de tamanho de FROH (Mb) para as subpopulações avaliadas..... 37
Figura 12 - Gráficos para a proporção de ancestralidade das populações BR e do BP para as oito raças estudadas..... 38

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Quantidade de amostras para as oito populações oriundas do banco público e brasileira.....27

Tabela 2 - Valores de diferenciação genética (FST) entre as populações brasileiras e provenientes de banco público para oito raças de cães..... 33

Tabela 3 - Valores médios de endogamia genômica, número de segmentos, tamanho total de ROH (Mb) e distribuição por classes de tamanho entre BR e BP para oito raças de cães..... 35

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

AKC	American Kennel Club
BP	População do Banco Público
BR	População Brasileira
C	Doenças Relacionadas a Conformação
CBKC	Confederação Brasileira de Cinofilia
CD	Doenças Hereditárias Agravadas Pela Conformação
CV	Erro de Validação Cruzada
DL	Desequilíbrio de Ligação
EBI	European Bioinformatics Institute
EMBL	European Molecular Biology Laboratory
F	Endogamia Genômica
Fadj	Coeficiente de Endogamia Ajustado
FCI	Fédération Cynologique Internationale
Fped	Endogamia por Pedigree
FROH	Endogamia Genômica baseado em Corrida de Homozigose
FST	Índice de Fixação Populacional
INSDC	International Nucleotide Sequence Database Collaboration
K	Número Ideal de Populações Ancestrais
KC	Kennel Club
NCBI	National Center for Biotechnology Information
Ne	Tamanho Efetivo Populacional
NIG	National Institute of Genetics
NLM	National Library of Medicine
PC1	Primeiro Componente Principal
PC2	Segundo Componente Principal
PCA	Análise de Componentes Principais
ROH	Corrida de Homozigose
ROIS	Research Organization of Information and Systems
SNP	Single Nucleotide Polymorphism

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO..... 13
2. OBJETIVOS..... 15
2.1 GERAL..... 15
2.2 ESPECÍFICOS..... 15
2. REVISÃO DA LITERATURA..... 16
2.1 SELEÇÃO DE CÃES PELOS SÉCULOS..... 16
2.2 RAÇAS DE CÃES..... 17
2.3 ENDOGAMIA E VARIABILIDADE GENÉTICA..... 22
2.4 ENDOGAMIA ESTIMADA POR CORRIDA DE HOMOZIGOSE (FROH) E POR PEDIGREE (FPED)..... 23
3. MATERIAL E MÉTODOS..... 25
3.1 AMOSTRAS..... 25
3.2 ANÁLISE DE ESTRUTURA POPULACIONAL..... 27
3.3 DETECÇÃO E CLASSIFICAÇÃO DE CORRIDAS DE HOMOZIGOSE..... 28
3.4 COEFICIENTE DE ENDOGAMIA CALCULADO COM BASE EM ROH..... 29
3.5 ANCESTRALIDADE ESTIMADA..... 29
3.6 ÍNDICE DE FIXAÇÃO DE SUBPOPULAÇÕES..... 29
3.7 FERRAMENTA DE APOIO METODOLÓGICO..... 30
4. RESULTADOS..... 30
4.1 ESTRUTURA POPULACIONAL..... 30
4.2 ÍNDICE DE FIXAÇÃO DE SUBPOPULAÇÕES..... 32
4.3 CORRIDAS DE HOMOZIGOSE PARA IDENTIFICAÇÃO DE ENDOGAMIA..... 34
4.4 ANCESTRALIDADE ESTIMADA..... 37
5. DISCUSSÃO..... 39
6. CONCLUSÃO..... 44
APÊNDICE A – IMAGENS COMPLEMENTARES..... 50

1. INTRODUÇÃO

A domesticação dos cães ocorreu há aproximadamente 11.000 - 15.000 anos (Botigué *et al.*, 2017; Jung; Pörtl, 2019; Ostrander *et al*., 2017), quando aconteceu a aproximação entre humanos e ancestrais dos cães durante atividades de caça, com ambos aproveitando os recursos adquiridos. Essa interação trouxe benefícios mútuos e marcou o início de uma relação mais próxima, favorecendo a implementação de um processo de seleção baseado pelo comportamento ao longo séculos, impulsionando a escolha de cães que apresentavam menor nível de medo e agressividade em relação ao *Homo sapiens* (Tancredi; Cardinali, 2023). Com a consolidação desse sistema ao longo da história, a seleção passou de um fenômeno inicialmente espontâneo para uma prática cada vez mais direcionada e especializada, moldando o desenvolvimento de diferentes raças, para desempenhar funções específicas, variando do suporte para indivíduos com dificuldades físicas, até questão mais centradas nos sentidos, como por exemplo o olfato, específico para cães farejadores.

A seleção refere-se ao processo pelo qual certos traços ou comportamentos são enfatizados ou favorecidos durante o processo de reprodução de cães para propósitos específicos, moldando não apenas as características físicas de um cão, mas também seu comportamento (Kolm *et al*., 2020). Atualmente ela é direcionada ao aprimoramento de capacidades funcionais próprias dos animais como: pastoreio, caça, guarda, rastreador, companhia e entre outras (Hewson, 2003). Mesmo com isso, diversas raças também podem ser treinadas para as atividades de apoio para pessoas com questões de saúde ou emocionais, sendo necessário apenas que passem pelos treinamentos adequados e não sejam reativas a outros animais ou situações estressantes (Foltin; Glenk, 2023). Para funções especializadas, existem aqueles que exercem ocupação voltada à detecção para fins de conservação ambiental, identificando a presença de animais específicos por meio de dejetos, assim como plantas e insetos (Richards, 2025).

Dentro da seleção direcionada, um método comumente utilizado para fixar fenótipos de interesse, são os acasalamentos endogâmicos dentro de linhagens fechadas, realizados a partir de poucos animais. Cada raça tem sua história genética única, potencializada pela demografia, reprodutores populares e seleção artificial

para conformação ou desempenho (Sams; Boyko, 2019). Embora a variabilidade genética entre as raças modernas seja grande, para animais com “pedigree” ela é reduzida, devido ao atual padrão de conformidade definida pelos clubes de raça, para aqueles que buscam essa certificação, o que limita a heterogeneidade genética para seus exemplares em prol da fixação de traços específicos (Hsu *et al.*, 2023).

Os cães domésticos com pedigree são um grupo com grande potencial para o estudo dos efeitos da endogamia devido à endogamia elevada, segundo Bannasch *et al*. (2021) que calculou Fadj = 24,9 para 227 raças de cães. Um dos métodos para avaliar a endogamia genômica se dá pela soma dos segmentos homozigotos no genoma dos indivíduos, denominados de corridas de homozigose (ROH) (Kim *et al.*, 2013). A ROH pode identificar os níveis de endogamia, além de fornecer suporte na estimativa mais precisa de homozigose nos níveis individual e populacional (Ferenčaković *et al.*, 2012; Peripolli *et al.*, 2018; Zavarez *et al.*, 2015). Quando há a presença de grandes ROH contínuas em indivíduos de uma mesma raça e grupo, sinaliza altos níveis de endogamia recente, fator que pode resultar em problemas de saúde futuros (Subramanian; Kumar, 2024). Diante disso, torna-se necessária a integração de grupos distintos para promover o chamado de fluxo gênico (Kopaliani *et al*., 2014), gerando descendentes com maior diversidade, tornando tal evento essencial para manutenção genética e identificação de ancestrais em comum (Coutinho-Lima *et al.*, 2024).

Dentro da área do melhoramento animal, os pesquisadores que procuram publicar seus trabalhos em revistas com alto impacto deparam-se frequentemente como exigência de disponibilizar os dados genéticos utilizados na análises como pré-requisitos para a publicação. Para atender as diretrizes os arquivos são submetidos a International Nucleotide Sequence Database Collaboration (INSDC), uma organização global sem fins lucrativos proveniente dos grandes grupos de pesquisa: National Center for Biotechnology Information (NCBI/NLM) nos Estados Unidos, European Bioinformatics Institute (EMBL-EBI) na Europa, e o National Institute of Genetics (ROIS/NIG) no Japão, que pela INSDC possuem como objetivo apoiar o avanço das ciências relacionadas à vida e fornecer serviços de preservação e disseminação de metadados gerados pelo mundo. Graças a esse acesso aberto que estudantes e profissionais da área podem utilizar, de forma livre e gratuita, as amostras disponíveis no banco público para novos estudos.

Devido a disponibilidade da amplitude de amostras coletadas, torna-se possível analisar geneticamente populações da mesma raça oriundas de outros lugares. (Parker *et al*., 2017). A comparação desses grupos proporciona a compreensão das raças de cães que observamos atualmente, assim como suas aptidões e saúde (Wiener *et al*., 2017). Entretanto, a predominância de estudos conduzidos em populações estrangeiras evidencia uma lacuna de conhecimento sobre a estrutura genética das populações caninas brasileiras. Dessa forma, tornam-se necessários estudos que caracterizem as populações nacionais, permitindo estimativas mais precisas dos níveis de diversidade genética (Letko *et al.*, 2023) e dos padrões de endogamia presentes nessas populações.

2. OBJETIVOS

2.1 GERAL

O objetivo do trabalho é analisar a diversidade genômica entre as oito raças de cães mais populares no Brasil em 2024, segundo a CBKC, para amostras provenientes de bancos privados brasileiros e de bancos públicos estrangeiros.

2.2 ESPECÍFICOS

- Realizar a busca e análise de dados genômicos de cães das oito raças mais populares no Brasil, provenientes de bancos brasileiros e de bancos públicos;
- Comparar a diversidade genômica de cães oriundos de bancos públicos com cães nacionais genotipados por banco privado brasileiro;
- Investigar possíveis diferenças entre as populações brasileiras e estrangeiras, realizando a descrição da variabilidade genômica característica no Brasil;
- Ampliar o entendimento da composição genômica das raças selecionadas no escopo internacional e brasileiro.

2. REVISÃO DA LITERATURA

2.1 SELEÇÃO DE CÃES PELOS SÉCULOS

Como exemplos atuais de seleção direcionada, segundo o livro de Hannele Klemettilä (2015), temos algumas raças de cães, como o Greyhound, ou Galgo Inglês como é conhecido no Brasil, que foi escolhido durante a Idade Média por sua agilidade e facilidade de capturar presas durante caças ou ganhar apostas de corridas em jogos da monarquia. Outro exemplo bem documentado pelo livro é o chamado Running Hound, um tipo de cão que não foi mantido como raça nos dias atuais. De acordo com descrições históricas, apresentava grande semelhança com o Fox hound moderno, sendo selecionado principalmente por sua elevada resistência física, capaz de acompanhar atividades de caça desde o amanhecer até o pôr do sol. Para ambos animais, a seleção era realizada com base nas informações disponíveis na época, priorizando características fenotípicas e habilidades funcionais. Descrições detalhadas desses atributos eram utilizadas como critérios para orientar a escolha dos reprodutores.

Certas raças caninas passaram pelos chamados “gargalos genéticos” (Calboli *et al*., 2008) por seleção artificial vigorosa, visando fixar características fenotípicas desejáveis, ocorrendo em momentos de pressão como guerras, como descrito na pesquisa sobre o Pastor Alemão de Lachie Scarsbrook *et al.* (2025) onde foi feito uma análise detalhada sobre como durante os anos a raça foi moldada para sua conformação atual, comentando sobre como as Guerras Mundiais foram intensos momentos de gargalos, devido a reprodução dos mesmos indivíduos múltiplas vezes, o que fez também com que o tamanho dos animais em reprodução de cada raça fosse menor nos períodos pós-guerra. Se tratando de uma raça antiga, os exemplares iniciais apresentam menor endogamia quando comparados com os modernos, com cerca de 19% e 36%, respectivamente. Esse cenário reflete diretamente a proporção de locos homozigotos em relação aos heterozigotos, favorecendo os alelos deletérios recessivos, afetando diretamente a qualidade de vida dos cães.

2.2 RAÇAS DE CÃES

As seguintes raças: Border Collie, Buldogue Francês, Chihuahua, Golden Retriever, Pastor Alemão, Rottweiler, Shih Tzu e Spitz Alemão são reconhecidas pelos clubes American Kennel Club (AKC), Fédération Cynologique Internationale (FCI) e The Kennel Club (KC) e Confederação Brasileira de Cinofilia (CBKC), assim como as fontes de informação referentes a história de cada uma das raças. E entre as 10 raças de cães mais populares no Brasil em 2024 segundo a CBKC, oito delas foram selecionadas para o presente estudo em razão da quantidade de amostras disponíveis tanto no banco público quanto no banco privado brasileiro. A seguir, a história de origem está descrita para cada uma das raças:

BORDER COLLIE: Seu principal trabalho se encaixa para o pastoreio. Tem origem no Reino Unido e seus ancestrais datam do Império Romano, com o acasalamento de exemplares trazidos pelos Vikings e cachorros da região, dando origem ao conhecido Border Collie de hoje. A raça foi reconhecida pelo FCI em 1977, sendo o padrão da raça (Figura 1) estabelecido em 1987, e posteriormente pela AKC em 1995.

Figura 1 - Padrão de Raça Standard Border Collie



Fonte: American Kennel Club (AKC).

BULDOGUE FRANCÊS: Dito como sendo de origem francesa, a raça na verdade teve seus ancestrais levados da Inglaterra para o Norte da França, onde sua popularidade aumentou, de forma que houveram acasalamento de Terrier, Pug e

outra possível raça braquicefálica para sua identificação final (Figura 2). O Buldogue Francês foi reconhecido pelo AKC em 1898, com seu clube formado na Inglaterra em 1902, sendo posteriormente reconhecido pelo KC em 1906, seguido finalmente de pela FCI em 1954.

Figura 2 - Padrão de Raça Standard Buldogue Francês



Fonte: American Kennel Club (AKC).

CHIHUAHUA: O chihuahua teve sua origem no México antigo, sendo seus antepassados maiores e chamados de Techichi, com os astecas realizando seleção por animais de menor porte com o tempo. Diante do avanço das navegações marítimas, exemplares da espécie foram descobertos no estado de Chihuahua, ficando conhecido pelo globo pelo nome do local. Seu reconhecimento pela AKC veio em 1904 e seu padrão de raça (Figura 3) em 2019 pelo FCI.

Figura 3 - Padrão de Raça Standard Chihuahua



Fonte: American Kennel Club (AKC).

GOLDEN RETRIEVER: A fundação da raça Golden Retriever é atribuída a Dudley Marjoribanks, o Barão de Tweedmouth, no século XIX. O processo de seleção iniciou-se com o cruzamento entre o Retriever de Pêlo Encaracolado e o agora extinto Spaniel de Água do Tweed. Para o refinamento da linhagem, foram introduzidos aportes genéticos do Cão-de-Santo-Humberto (Bloodhound) e do Setter Irlandês, fixando a característica pelagem amarela (Figura 4) e o faro apurado. O reconhecimento oficial ocorreu pelo Kennel Club (KC) em 1913, seguido pelo AKC em 1925 e pela FCI em 1954, com a atualização dos padrões raciais em 2009.

Figura 4 - Padrão de Raça Standard Golden Retriever



Fonte: American Kennel Club (AKC).

PASTOR ALEMÃO: é um animal de grande porte e pesado. Originado na Alemanha, a raça foi desenvolvida pelo capitão Max von Stephanitz no final do século XIX para ser uma cão de pastoreio, mas com o tempo suas aptidões se mostraram bem mais versáteis do que inicialmente pensado, atuando nos anos recentes como cão guia, rastreio para polícia e forças armadas. Em 1881 o primeiro clube para formação do Pastor Alemão foi criado, sendo reconhecido pelo AKC em 1908, seguido do FCI em 1995 e seus padrões definidos em 2010 (Figura 5).

Figura 5 - Padrão de Raça Standard Pastor Alemão



Fonte: American Kennel Club (AKC)

ROTTWEILER: A linhagem do Rottweiler remonta à Roma Antiga, tendo como ancestral o Mastim Tibetano. Durante a expansão do Império, esses cães chegaram à região da cidade alemã de Rottweil, onde se destacaram na condução e pastoreio de gado, o que lhes rendeu o nome em homenagem à localidade. Embora o padrão físico (Figura 6) da raça tenha sido oficialmente estabelecido em 1901, o reconhecimento pela AKC ocorreu apenas em 1931.

Figura 6 - Padrão de Raça Standard Rottweiler



Fonte: American Kennel Club (AKC).

SHIH TZU: A raça foi desenvolvida na China durante a época dos reis, sendo conhecido antigamente como Lhasa Lion Dog, devido a sua origem pelo acasalamento de exemplares antigos da raça Sino-Tibetano, Lhaso Apso e Pequinês. Por se tratar de uma cão para acompanhar a nobreza, sua existência ficou conhecida em 1930, quando exemplares foram apresentados na Inglaterra. O primeiro clube foi fundado em 1934, sendo reconhecido como raça pelo KC em 1940, seguido pelo FCI em 1957 e finalmente o AKC em 1969 (Figura 7).

Figura 7 - Padrão de Raça Standard Shih Tzu



Fonte: American Kennel Club (AKC).

SPITZ ALEMÃO: Com o passar dos anos e dos processos de seleção a raça pode ser encontrada em três diferentes tamanhos, incluindo o miniatura, mais conhecido como Pomerania. O Spitz Alemão é reconhecido como a raça mais antiga, selecionada na Europa central, ossadas de cães predecessores foram traçados até 6.000 anos atrás, sendo presente na época medieval, com o objetivo de ser usada de alertar contra estranhos, controle de pragas e guardião dos animais. A raça foi reconhecida em 1899 pela Associação para German Lace (Spitz), e em 1957 pela FCI. Atualmente todas as linhagens são reconhecidas pelo AKC como Spitz Alemão, tendo seu padrão morfológico especificado em 2024 (Figura 8).

Figura 8 - Padrão de Raça Standard Spitz Alemão



Fonte: American Kennel Club (AKC).

2.3 ENDOGAMIA E VARIABILIDADE GENÉTICA

A padronização de normas específicas para cada raça, aliada às restrições impostas aos registros, como a norma de criação que exige, para um cão ser reconhecido de raça pura, seus pais também precisam ser registrados na mesma categoria, promove o isolamento reprodutivo entre os grupos (Parker *et al.*, 2004), impedindo que alelos de grupos diferentes se misturem. Isso bloqueia o fluxo gênico, que é o termo usado para quando novos alelos entram em uma população por meio da reprodução entre indivíduos de origens distintas (Horton *et al*., 2015; Coutinho-Lima *et al.*, 2024). Como consequência, observa-se o aumento da diversidade genética entre as raças, especialmente em relação aos níveis de

heterozigosidade e à estrutura populacional (Björnerfeldt *et al.*, 2008; Protacio; Davidson; Wahls, 2022).

Para entender o impacto desse isolamento, a ciência utiliza análises genômicas. Antigamente, a única forma de medir o parentesco era utilizando o pedigree, observado diretamente a árvore genealógica conhecida e calculando a probabilidade de os pais serem parentes, o que gera o coeficiente de endogamia por pedigree (Fped) (Wellmann; Pfeiffer, 2009). No entanto, esse método nem sempre é preciso, pois depende de registros que podem estar incompletos ou incorretos, além de ter a limitação de profundidade do pedigree (Mabunda *et al.*, 2024).

Hoje, são utilkizadas ferramentas mais modernas, como os chips de DNA. Esses chips funcionam a partir de pequenos marcadores chamados Single Nucleotide Polymorphism (SNP) (Wang *et al*., 1998), que identificam variações no código genético, utilizando sondas fixas em uma lâmina para detectar variantes específicas do DNA. Durante o processo, o DNA do animal hibridiza com essas sondas específicas de cada segmento e após etapas de extensão e marcação, são gerados sinais de fluorescência correspondentes aos alelos presentes em cada marcador (Gunderson *et al*., 2005; Laframboise, 2009). A comparação da intensidade relativa desses sinais permite identificar o genótipo do indivíduo em cada SNP, classificando-o como homozigoto, quando os dois alelos são iguais, ou heterozigoto, quando os alelos são diferentes (Staaf *et al.*, 2008).

2.4 ENDOGAMIA ESTIMADA POR CORRIDA DE HOMOZIGOSE (FROH) E POR PEDIGREE (FPED)

Dentre diversas utilizações do chip de SNP, uma delas é identificar as Corridas de Homozigose (ROH), que são sequências de alelos em homozigose no genoma. O comprimento da ROH pode indicar se a presença da endogamia provém de tempos remotos ou recentes, onde os segmentos longos são quebrados em pedaços menores ao longo das gerações pelos eventos de recombinação (Sölkner *et al*., 2014). Ao somar o tamanho dessas sequências e comparar com o genoma total coberto pelos SNP’s, calcula-se o coeficiente estimado por meio das ROHs

(FROH), sendo uma medida genômica capaz de capturar diretamente a homozigose observada no DNA dos indivíduos, refinando as estimativas obtidas por pedigree para quantificar a endogamia do animal (Sams; Boyko, 2019). Outra forma amplamente utilizada para quantificar a endogamia baseia-se nos registros de pedigree, pois ao conhecer todos os indivíduos que o antecedem, torna possível estimar, pelas relações de parentesco, a quantidade do genoma que foi herdado de seus ancestrais (Belanger *et al*., 2025).

A identificação das Regiões de Homozigose no genoma animal está diretamente relacionada à aplicabilidade prática do Desequilíbrio de Ligação (DL). Conforme demonstrado por Stern, Meurs e White (2013), o comprimento dos segmentos de DL reflete diretamente o histórico demográfico e eventos de recombinação dentro de uma população. Quando há a introdução de variabilidade genética ao longo das gerações, os eventos de crossing-over aumentam, provocando a quebra dos segmentos cromossômicos e quebrando o DL em blocos menores.

Para entender o conceito de DL, precisamos entender sua dinâmica e formas de aplicação, segundo Iwuchukwu, Oyebanjo e Şen (2025), sugerem uma abordagem prática: imagine dois marcadores, A e B, localizados no mesmo cromossomo, que identificam os alelos A1, A2, B1 e B2. Se a frequência de cada alelo na população for de 0,5 (50%), a probabilidade de ocorrência ao acaso de cada uma das quatro combinações possíveis seria de 25% (0,25) No entanto, quando observamos que essas proporções desviam do padrão nos animais descendentes, como 40% ou 5% ,compreendemos que esse par de alelos está ligado diretamente a um trecho selecionado dentro do genoma, associado ou não a uma característica desejada. Portanto, para detectar o DL, precisamos identificar o marcador molecular ligado à área de interesse.

O artigo de Gray *et al.* (2009) ainda afirma que os cães de raça atual retém menos de 35% da variabilidade genômica total de seus ancestrais. Essa drástica redução na diversidade genética reduz a capacidade da recombinação de gerar novas combinações alélicas, favorecendo a manutenção de extensos blocos em desequilíbrio de ligação e a formação de longas regiões de homozigose observadas nas populações sob seleção artificial. A gravidade do problema pode ser observada

no estudo realizado por Dreger *et al*. (2016), que encontraram valores médios de endogamia de 85% (Norewgian Landehund) e 60% (Collie) e valores médios mais baixos para coeficientes de endogamia genômicas, como 12% (Jack Russel Terrier e Cão D´água Espanhol), demonstrando uma variação destes valores em diversas raças.

A ocorrência de variantes recessivas deletérias em homozigose mostrou-se significativamente enriquecida em regiões de ROH, com maior concentração nos segmentos mais longos do genoma. Esse padrão indica que eventos recentes de consanguinidade favorecem a manifestação de alelos deletérios recessivos, uma vez que ROHs extensas refletem a ancestralidade compartilhada em gerações mais recentes. Ainda assim, segmentos menores de ROH, associados à endogamia mais antiga, também apresentam contribuição para a carga genética deletéria das populações (Sams; Boyko, 2019).

Em conjunto, os avanços das ferramentas genômicas permitiram uma compreensão mais precisa dos processos de endogamia e perda de diversidade genética em populações caninas. Enquanto os coeficientes baseados em pedigree fornecem estimativas indiretas do parentesco esperado, métricas de análise como o FROH possibilitam mensurar diretamente a homozigose presente no DNA dos indivíduos, além de inferir a intensidade e a temporalidade dos eventos endogâmicos. Dessa forma, a análise de ROHs constitui uma ferramenta valiosa para a caracterização da estrutura genética das populações, permitindo identificar sinais de afunilamento populacional e potenciais riscos associados ao acúmulo de variantes deletérias. Esses aspectos tornam o uso de marcadores SNP fundamental para estudos voltados à conservação da diversidade genética e ao manejo sustentável de raças caninas.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1 AMOSTRAS

As amostras dos animais estrangeiros para o estudo foram selecionadas no NCBI, um banco público de dados genéticos contendo genótipos gerados pelo chip

Illumina CanineHD BeadChip de aproximadamente 170 mil SNPs. As amostras brasileiras de banco privado foram cedidas pelo laboratório petgenoma, contendo genótipos provenientes de um chip customizado Illumina com aproximadamente 80 mil SNPs.

A quantidade de animais utilizados está descrita na Tabela 1, para os animais provenientes do banco estrangeiro (BP) e indivíduos da população brasileira (BR). O controle de qualidade das amostras foi realizado inicialmente no software GenomeStudio, utilizando um call rate mínimo de 0,98. Para integrar os dados genotípicos provenientes do banco público (170K SNPs) com os dados do laboratório petgenoma (80K SNPs), foi utilizado o comando --merge do PLINK com os SNPs comuns entre os bancos.

Após essa etapa, indivíduos do BP foram removidos devido ao baixo call rate, seguida da poda por parentesco pelo PLINK a fim de que nenhuma das amostras tenham vindo da mesma população imediata. O controle de qualidade dos SNPs foi realizado via PLINK – geno 0,15, deixando apenas os marcadores que estão presentes em no mínimo 85% das amostras, excluindo 1.139 SNPs.

Com as etapas de filtragem, permaneceram 175 indivíduos para as análises finais, sendo 89 pertencentes ao banco público e 86 à população brasileira, tendo média de 10,9 animais por grupo BP e BR, com 78.600 SNPs.

O número de amostras utilizado neste estudo foi definido em função da disponibilidade dos bancos. Ainda assim, a quantidade amostral é compatível com a empregado em estudos de genômica canina. Parker et al. (2017), por exemplo, avaliaram 163 raças utilizando, em média 8,2 indivíduos por grupo, demonstrando que análises de diversidade genética podem ser conduzidas com número reduzido de indivíduos por população. Dessa forma, o número de animais utilizado no presente estudo encontra-se dentro da faixa adequada em análises dessa natureza.

Tabela 1 - Quantidade de amostras para as oito populações oriundas do banco público e brasileira.

População	Amostras
Border Collie BR	11
Border Collie BP	14
Buldogue Francês BR	10
Buldogue Francês BP	10
Chihuahua BR	10
Chihuahua BP	12
Golden Retriever BR	10
Golden Retriever BP	9
Pastor Alemão BR	11
Pastor Alemão BP	13
Rottweiler BR	10
Rottweiler BP	10
Shih Tzu BR	12
Shih Tzu BP	9
Spitz Alemão BR	12
Spitz Alemão BP	12

Fonte: Elaborado pela autora (2026).

3.2 ANÁLISE DE ESTRUTURA POPULACIONAL

A avaliação da estrutura populacional foi estimada por meio da Análise de Componentes Principais (PCA), utilizando o software PLINK v.1.09 (Purcell *et al.,* 2007). Ela se baseia nos conceitos teóricos de McVean (2009) e funciona simplificando a alta complexidade dos dados genéticos brutos. O método transforma os milhares de SNPs sequenciados em eixos independentes, conhecidos como dito

anteriormente, Componentes Principais, organizando-os em ordem de importância de acordo com a quantidade de variabilidade que conseguem reter.

Dessa forma, o Primeiro Componente Principal (PC1) captura a maior diferença genética existente entre as amostras, seguido pelo Segundo Componente Principal (PC2) e assim em diante. A projeção dos indivíduos com base nas coordenadas destes dois eixos, permite visualizar de maneira eficiente e intuitiva a distribuição das frequências alélicas por marcadores SNPs do grupo e identificar a formação de agrupamentos entre as populações estudadas (Novembre; Stephens, 2008).

3.3 DETECÇÃO E CLASSIFICAÇÃO DE CORRIDAS DE HOMOZIGOSE

As ROH foram identificadas para cada animal utilizando o software PLINK v1.90 (Purcell *et al*., 2007). Esse programa analisa cada cromossomo individual por meio de uma janela deslizante com uma taxa de acerto mínima de 0,05. O comprimento mínimo de uma ROH foi estabelecido em 1.000 kb, contendo ao menos 30 SNPs homozigotos consecutivos e tolerando até dois genótipos heterozigotos; também foi exigida uma densidade mínima de um SNP homozigoto a cada 120 kb e uma distância máxima de 100 kb entre dois SNPs homozigotos consecutivos. Esse limite de 1.000 kb foi definido porque segmentos menores ocorrem de forma predominante no genoma devido ao desequilíbrio de ligação, o que aumentaria a chance de falsos positivos (Ferenčaković *et al*., 2012; Purfield *et al*., 2012).

Para cada animal foi calculada a quantidade de corridas de homozigose com base nos mesmos cinco comprimentos, 1–2 Mb, 2–4 Mb, 4–8 Mb, 8-16 Mb e > 16 Mb, respectivamente. Segmentos longos indicam a presença de área em homozigose recente, enquanto segmentos curtos refletem eventos de parentesco mais antigos na população.

Elas também foram classificadas por tamanho e agrupadas em segmentos curtos, médios e longos da seguinte forma: Curtos (1 - 2 Mb e 2 - 4 Mb = 1 - 4 Mb), Médios (4 - 8 Mb e 8 - 16 Mb = 5 - 16 Mb) e Longos (> 16 Mb). Usando a equação de Ferenčaković *et al.* (2012), o tamanho das ROHs foi convertido em tempo: Curtos = 12 a 50 gerações, Médios = 3 a 12 gerações e Longos = últimas 3 gerações.

3.4 COEFICIENTE DE ENDOGAMIA CALCULADO COM BASE EM ROH

Um coeficiente de endogamia genômica baseado em ROH (FROH) foi estimado para cada animal de acordo com a metodologia proposta por McQuillan *et al.* (2008):

$$F_{ROHi} = \frac{\Sigma_{j=1}^{n} L_{ROHj}}{L_{total}}$$

Onde $\Sigma_{j=1}^{n} L_{ROHj}$ é a soma de todos os comprimentos de ROH em todo o genoma para o animal, e L_{total} é o comprimento total do genoma autossômico coberto pelos marcadores.

Para comparar as médias de FROH entre os grupos BR e BP foi aplicado o teste T de Student para cada uma das raças para confirmar a significância estatística ($p < 0,05$).

3.5 ANCESTRALIDADE ESTIMADA

A análise realizada para identificar a composição para estimativa das proporções de ancestralidade individual dentro das populações utilizando o software ADMIXTURE (Alexander; Novembre; Lange, 2009), utilizando como dados de entrada os arquivos (bed, bim e fam) gerados pelo PLINK que tem como resultado final um arquivo na extensão .Q. Para identificar o número de agrupamentos populacionais, foram testados valores de K variando de 2 a 6. O valor ideal de K foi determinado com base no menor erro de validação cruzada, conforme recomendado pelos desenvolvedores do programa.

3.6 ÍNDICE DE FIXAÇÃO DE SUBPOPULAÇÕES

Para comparar as populações foi realizado o Índice de Fixação de subpopulação (FST) por meio do PLINK v1.90 (Purcell *et al.*, 2007) com o comando --fst utilizando 1.000 interações.

A interpretação dos valores foi baseada nos critérios de diferenciação genômica populacional adaptados para cães domésticos (Marsden *et al*., 2015;

Wayne; Vonholdt, 2012). O índice varia de 0 a 1, onde valores mais próximos de zero indicam populações geneticamente semelhantes. Intervalos situados entre 0,05 e 0,10 sugerem uma diferenciação moderada, frequentemente observada entre linhagens de uma mesma raça, enquanto valores acima de 0,10 indicam divergência genética maior, caracterizando diferentes raças.

3.7 FERRAMENTA DE APOIO METODOLÓGICO

Neste trabalho foi utilizada a ferramenta de inteligência artificial ChatGPT (OpenAI, versão: GPT - 4o) como auxílio para a criação de comandos em formato de programação PLINK v.1.09 (Purcell *et al.,* 2007) para as análises descritas anteriormente, revisão gramatical, clareza na coesão do texto e organização das ideias para a discussão e referências. Todas as sugestões geradas foram analisadas, ajustadas e validadas, de forma que o autor assume integral responsabilidade pelo conteúdo e pelas ideias apresentadas neste trabalho.

4. RESULTADOS

4.1 ESTRUTURA POPULACIONAL

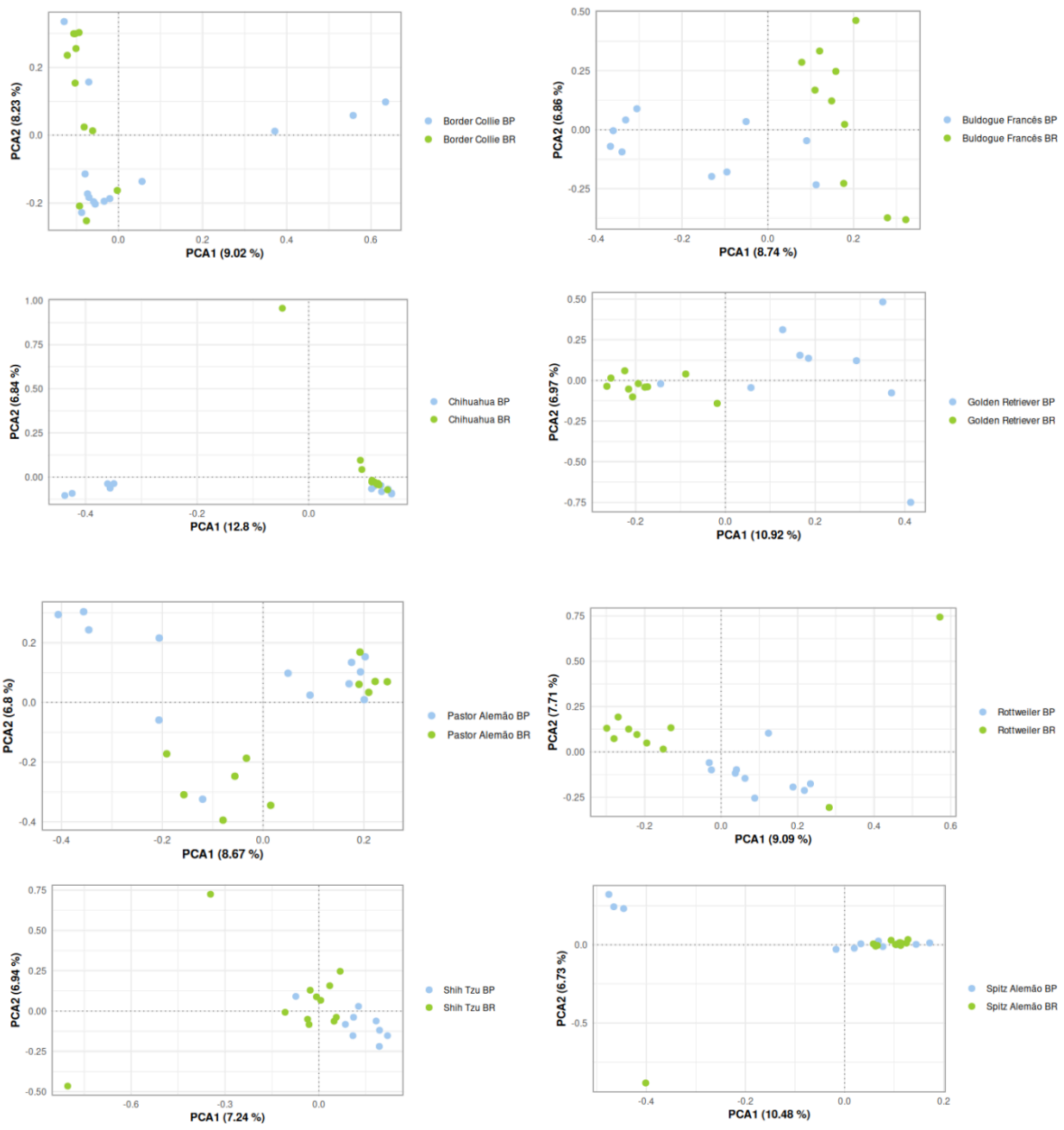
A Análise de Componentes Principais foi utilizada para inferir a estrutura populacional e a relação genética entre os indivíduos das populações brasileira e do banco público (Figura 9). A maioria das raças avaliadas apresentou um padrão de agrupamento relativamente específico para cada grupo. Em quase todas as raças, observou-se a presença de indivíduos isolados que se distanciaram parcialmente do núcleo principal do seu grupo, evidenciando a existência de variabilidade genética individual.

Especificamente na análise de exclusão prévia via FST, apenas um indivíduo da raça Chihuahua e Spitz Alemão que apresentou valor de diferenciação superior a 0,13 em relação à sua população de origem. Devido à possibilidade de o animal pertencer a outra raça ou apresentar mistura racial recente, este outlier foi removido das análises subsequentes para evitar vieses.

Ao avaliar os eixos dos componentes principais (PC1 e PC2), observam-se comportamentos nitidamente distintos entre as raças. Os cães da raça Border Collie demonstraram alta densidade de agrupamento à esquerda do gráfico, sugerindo semelhança genética entre os indivíduos amostrados. Em contrapartida, as raças Buldogue Francês, Golden Retriever e Rottweiler exibiram maior dispersão dos dados, contudo, nota-se uma separação clara ao longo do PC1 entre os grupos BR e BP. De acordo com os modelos geométricos de interpretação propostos por McVean (2009), essa polarização nítida mediante um eixo principal documenta as mudanças localizadas nas frequências alélicas. A eficiência da PCA em discriminar essa separação de linhagens locais, mesmo diante de índices de diferenciação pequenos, encontra apoio em Paschou *et al*. (2007).

Para a raça Pastor Alemão, constatou-se um agrupamento compartilhado e levemente compacto nos animais BP e BR, enquanto alguns indivíduos dispersaram-se consideravelmente em ambos os eixos, refletindo uma maior heterogeneidade genética na raça. Nos casos de Chihuahuas, Shih Tzus e Spitz Alemães, a maioria dos indivíduos concentrou-se de forma homogênea, com a presença de outliers pontuais cuja identidade racial foi confirmada por testes de FST específicos, validando sua inclusão como membros da mesma linhagem populacional.

Figura 9 - Gráficos do PCA pontuando os indivíduos das populações BR e BP para as oito raças em formato bidimensional.



Fonte: Elaborado pela autora (2026).

4.2 ÍNDICE DE FIXAÇÃO DE SUBPOPULAÇÕES

Para quantificar o nível de diferenciação genética entre as populações BR e BP, calculou-se o índice de fixação FST para cada uma das oito raças estudadas

(Tabela 2). Adotando-se os critérios clássicos de Wright (1950), valores de FST situados entre 0 e 0,05 indicam baixa diferenciação, sinalizando que os grupos podem ser tratados como a mesma população genética. Valores entre 0,05 e 0,10 indicam diferenciação moderada (linhagens distintas dentro da mesma população), enquanto valores superiores a 0,10 apontam para populações geneticamente divergentes ou raças distintas.

Tabela 2 - Valores de diferenciação genética (FST) entre as populações brasileiras e provenientes de banco público para oito raças de cães.

Raças	Valores FST
Pastor Alemão	0,009190856
Chihuahua	0,007004291
Spitz Alemão	0,007530487
Shih Tzu	0,012296800
Rottweiler	0,025258320
Golden Retriever	0,039069410
Buldogue Francês	0,025859580
Border Collie	0,013820040

Fonte: Elaborado pela autora (2026).

Os resultados baseados em FST não revelaram diferenciação genética entre os cães nacionais e internacionais para nenhuma raça avaliada, com valores de FST que não ultrapassaram o limiar de 0,05. O menor índice foi observado nas raças Chihuahua (FST = 0,0070) e Spitz Alemão (FST = 0,0075), enquanto a maior divergência populacional foi registrada na raça Golden Retriever (FST = 0,0390). Apesar de todos os valores permanecerem dentro da faixa de baixa diferenciação, observou-se ampla variação entre as raças, com o Golden Retriever apresentando um índice aproximadamente cinco vezes superior ao observado para Chihuahua, indicando maior divergência populacional entre as amostras brasileiras e internacionais. Esses dados vão ao encontro da distribuição demonstrada pelo PCA (Figura 9), confirmando que os grupos de cães BR e BP pertencem à mesma base

populacional e que as variações observadas nos demais testes refletem a diversidade interna de cada raça, e não uma divisão populacional consolidada.

4.3 CORRIDAS DE HOMOZIGOSE PARA IDENTIFICAÇÃO DE ENDOGAMIA

A análise das Corridas de Homozigose permitiu mapear o perfil de endogamia genômica FROH das amostras, revelando variações expressivas no tamanho total de ROHs acumulados entre as populações BR e do BP. A análise das classes de tamanho revelou que os maiores acúmulos de segmentos gigantes (>16 Mb), associados a acasalamentos ocorridos nas últimas três gerações, concentraram-se em Golden Retriever BR, Pastor Alemão e Rottweiler BR. Esse padrão indica que a endogamia observada nessas raças não representa apenas um legado histórico da formação racial, mas um processo ainda ativo nas populações contemporâneas.

As maiores médias de FROH foram observadas nas populações brasileiras de Rottweiler (F = 38,3%), Pastor Alemão (F = 37,4%) e Golden Retriever (F = 35,7%), indicando intensa perda de heterozigose nessas raças. O teste T de Student confirmou a significância estatística ($p < 0,05$) dessas diferenças de FROH dentro de duas raças, demonstrando que as populações brasileiras de Golden Retriever e Rottweiler possuem níveis de endogamia significativamente maiores do que as do banco público observados na Tabela 3. Contrastando com o observado para as duas raças anteriores, o Pastor Alemão apresentou níveis extremamente elevados de FROH tanto na população brasileira quanto na estrangeira, sugerindo que a elevada endogamia constitui uma característica amplamente disseminada nos indivíduos analisados da raça e não um fenômeno restrito ao mercado nacional.

Tabela 3 - Valores médios de endogamia genômica, número de segmentos, tamanho total de ROH (Mb) e distribuição por classes de tamanho entre BR e BP para oito raças de cães.

Raça	Pop	Endogamia Genômica Média			Distribuição de FROH por Classe (Mb) Média		
		Número de Segmentos	Tamanho total de ROHs (Mb)	Coeficiente de Consanguinidade (%)	1 – 4 Mb (50 a 12 gerações)	5 – 16 Mb (12 a 3 gerações)	>16 Mb (Últimas 3 gerações)
BC	BP	80,143	398,081	18,090	5,124	8,932	4,034
	BR	87,636	443,244	20,142	5,671	9,603	4,868
BF	BP	127,300	624,726	28,389	7,972	13,094	7,324
	BR	123,300	531,787	24,166	8,537	11,226	4,402
CH	BP	45,417	280,381	12,741	2,854	4,391	5,496
	BR	51,273	289,780	13,168	3,122	5,351	4,695
GR	BP	101,111	537,722	24,436	6,263	11,841	6,331
	BR	120,600	784,979	35,672 *	6,431	16,581	12,659
PA	BP	132,615	808,837	36,756	7,198	19,185	10,372
	BR	139,818	822,868	37,394	7,669	19,524	10,200
RT	BP	127,200	741,198	33,682	6,894	18,666	8,123
	BR	142,364	843,004	38,309 *	8,040	20,515	9,754
SH	BP	119,556	664,809	30,211	7,418	14,043	8,751
	BR	102,083	510,695	23,208	6,743	10,594	5,871
SA	BP	62,923	363,805	16,532	3,822	6,611	6,099
	BR	84,667	435,809	19,804	5,503	8,008	6,293

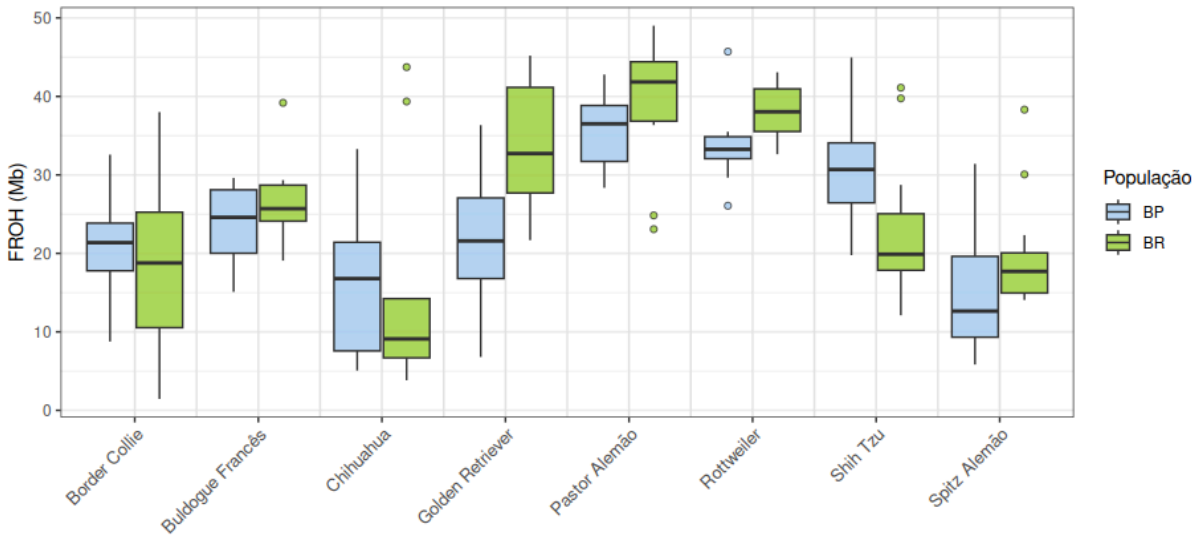
Nota: * Diferença estatisticamente significativa ao nível de 5% de probabilidade ($p < 0,05$) em relação à sua respectiva população do banco público (BP) pelo Teste T de Student; O título Pop se refere à População; As seguintes abreviações são referentes a cada raça, BC para Border Collie, BF para Buldogue Francês, CH para Chihuahua, GR para Golden Retriever, PA para Pastor Alemão, RT para Rottweiler, SH para Shih Tzu e SA para Spitz Alemão.

Fonte: Elaborado pela autora (2026).

O padrão visual de dispersão e a variabilidade individual desses coeficientes de endogamia FROH total entre as amostras podem ser observados na Figura 10. Nota-se que, enquanto raças como Border Collie e Buldogue Francês apresentaram medianas de consanguinidade muito próximas entre BR e BP, apesar da maior

amplitude de variação observada no Border Collie BP, raças como Golden Retriever e Rottweiler exibiram um acentuado distanciamento entre as medianas de suas subpopulações. Adicionalmente, a análise identificou a presença de outliers pontuais com altos índices de homozigose (como observado no Buldogue Francês), evidenciando animais com forte carga endogâmica isolada.

Figura 10 - Distribuição dos coeficientes de endogamia genômica (FROH total) populações BP e BR de oito raças caninas.



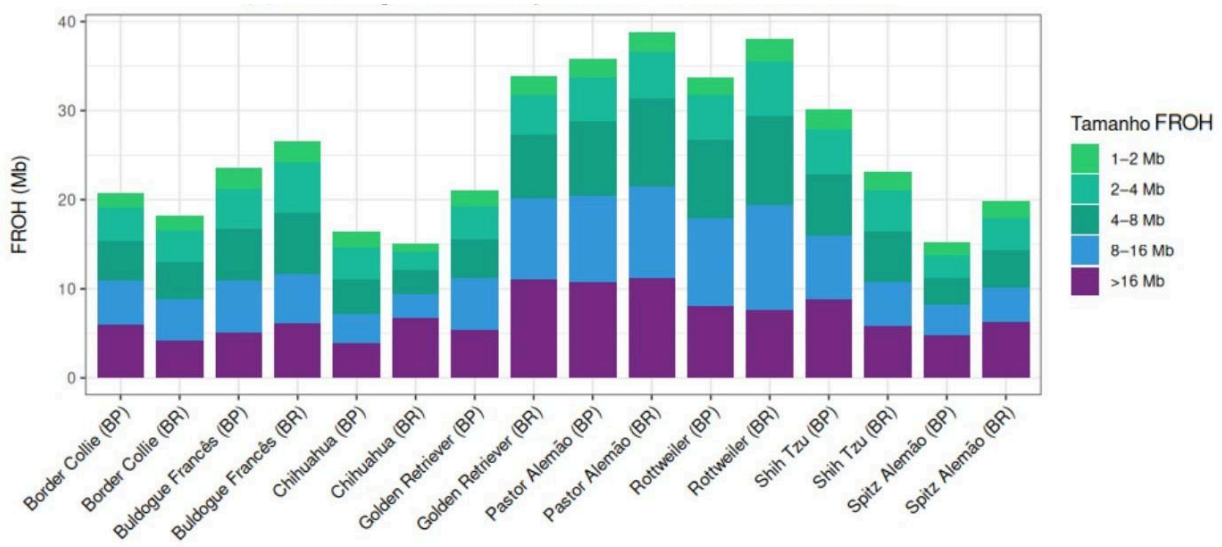
Fonte: Elaborado pela autora (2026).

A quantificação da endogamia como um todo no DNA, juntamente a estratificação dos segmentos de FROH por classes de tamanho possibilitou inferir o histórico demográfico e o tempo decorrido desde os eventos endogâmicos (Figura 11). Segmentos curtos (1–4 Mb) estão associados a eventos de consanguinidade antigos e distantes (entre 12 e 50 gerações atrás), fragmentos médios a longos (5–16 Mb) remetem a eventos intermediários (3 a 12 gerações), e segmentos gigantes (>16 Mb) evidenciam acasalamentos consanguíneos muito recentes, ocorridos nas últimas 3 gerações.

A distribuição detalhada dessas partições revela que as maiores frequências de segmentos na classe "longos" ocorrem no Golden Retriever BR, Pastor Alemão (tanto BR quanto BP) e Rottweiler BR. Esse acúmulo de segmentos longos indica um manejo reprodutivo recente, baseado em indivíduos fortemente aparentados nessas populações específicas. Inversamente, as populações de Border Collie BR e BP, Chihuahua BR e Buldogue Francês BR demonstraram menor quantidade de

segmentos longos, sugerindo uma estrutura de acasalamento historicamente mais exogâmica nessas populações.

Figura 11 - Partição e distribuição do coeficiente de endogamia genômica médio por classes de tamanho de FROH (Mb) para as subpopulações avaliadas.



Fonte: Elaborado pela autora (2026).

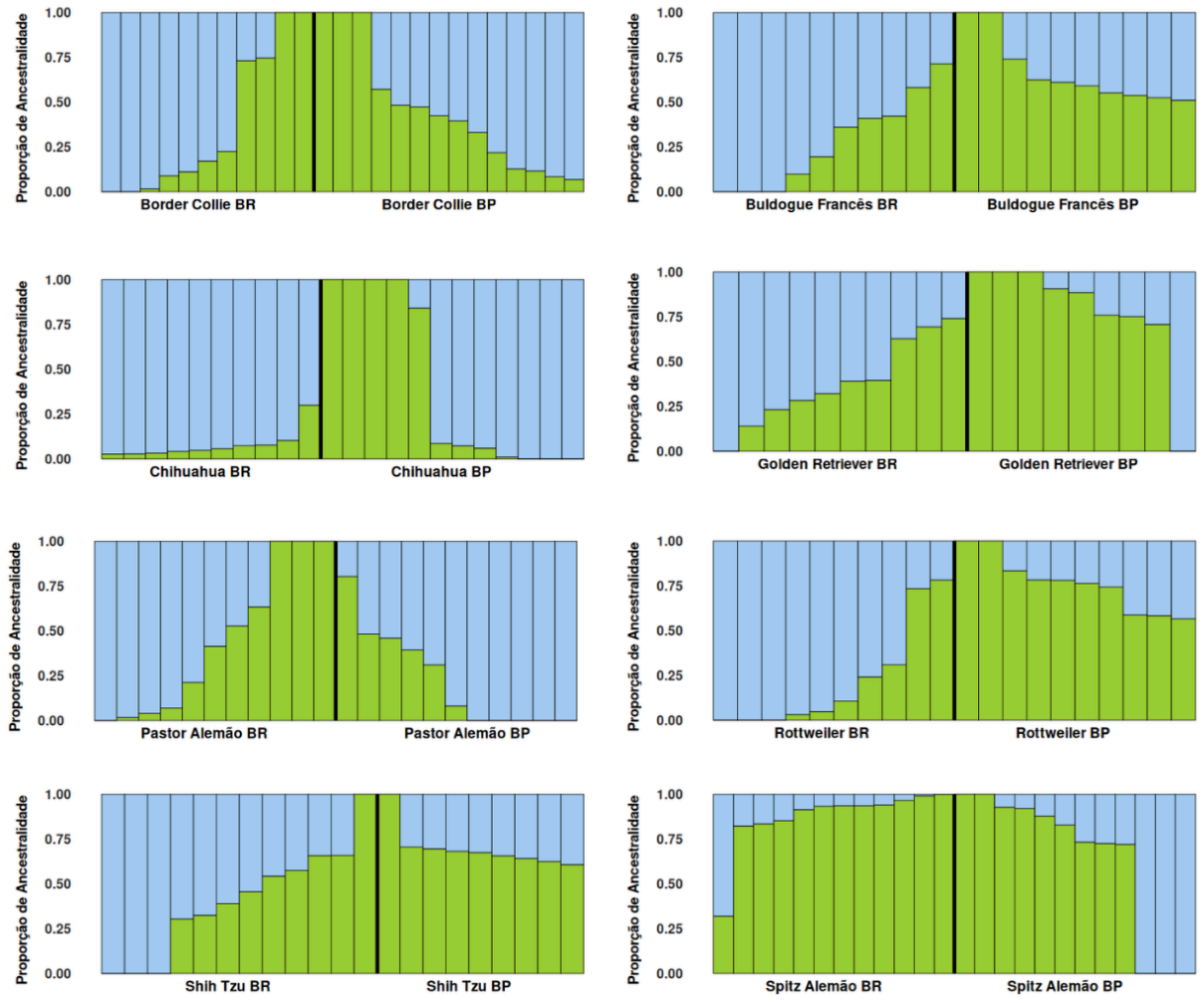
4.4 ANCESTRALIDADE ESTIMADA

O erro de validação cruzada (CV) foi utilizado para determinar o número ideal de populações ancestrais. Embora essa abordagem possa apresentar flutuações e erros de interpretação em amostragens com tamanho amostral reduzido, todas as raças apresentaram valores de erro de validação cruzada consistentes (CV < 2 para K = 2), validando as distribuições geradas (Figura 12).

O gráfico de proporção de ancestralidade demonstra que as raças Border Collie, Buldogue Francês e Pastor Alemão exibem menor heterogeneidade interna, apresentando uma distribuição de componentes ancestrais altamente uniforme entre os indivíduos de ambos os grupos (BR e BP). Em contrapartida, as demais raças revelaram uma clara diferenciação na predominância de linhagens genéticas entre as amostras. Esse cenário é bem ilustrado no Golden Retriever BP e no Spitz Alemão BR, onde há uma dominância evidente de um componente genético específico (representado por cores distintas) quando comparados ao outro grupo.

Essas diferenças na proporção dos componentes genéticos sugerem padrões distintos de composição genética entre algumas populações BR e BP. Entretanto, considerando que a análise foi conduzida sob K = 2, os resultados devem ser interpretados apenas como evidência de heterogeneidade relativa entre grupos, não permitindo inferir diretamente a origem histórica ou a direção de ancestralidade desses componentes.

Figura 12 - Gráficos para a proporção de ancestralidade das populações BR e do BP para as oito raças estudadas



Fonte: Elaborado pela autora (2026).

5. DISCUSSÃO

Os elevados coeficientes de endogamia genômica por corridas de homozigose observados no presente estudo para as populações brasileiras de Rottweiler (FROH = 38%) e Golden Retriever (FROH = 35%) revelam um cenário de perda de diversidade no atual sistema de reproduções nacionais. Esse quadro encontra profunda sustentação no atlas genômico CanVAS desenvolvido por Brundage (2026). Ao avaliar a arquitetura genética de mais de 375 cães, o referido autor encontrou as duas raças no topo da classificação de homozigose, ocupando a 6ª e a 7ª posições, respectivamente. As diferenças observadas de maior endogamia para o Rottweiler em comparação ao Golden Retriever, se assemelham a distribuição internacional do estudo citado, onde os grupos de Trabalho, ao qual o Rottweiler está inserido, exibem médias superiores (FROH = 28%) de forma consistente se comparadas às do grupo Retriever (FROH = 20%).

Essa tendência genética também é corroborada pelos modelos de regressão para o Coeficiente de Endogamia Ajustado (Fadj) proposto por Bannasch (2021). Cruzando dados de heterozigose comercial de quase 50 mil cães, a autora estimou valores de Fadj internacionais para Golden Retriever (27,3%) e para Rottweiler (33,8%), evidenciando que as linhagens brasileiras avaliadas acompanham a tendência mundial. Conforme calculado no referido estudo, o coeficiente médio de endogamia de todas as raças avaliadas foi de 24,9% um índice que se aproxima criticamente do patamar de 25%, que equivale matematicamente ao acasalamento consanguíneo entre irmãos inteiros ou entre pais e filhos.

O perfil genômico das raças com diferenças estatisticamente significativas entre as populações, Rottweiler e Golden Retriever, sugere que a consanguinidade observada no mercado nacional não apenas acompanha as tendências internacionais de perda de diversidade genética, mas ocorre em intensidade superior à observada nas populações de referência avaliadas. Com isso é preciso entender as implicações desses elevados níveis de endogamia para as populações de cães.

Embora populações caninas domésticas apresentem dinâmica demográfica distinta dos modelos experimentais discutidos por Frankham *et al.* (2010), onde populações endogâmicas extremas terminam em extinção, os resultados ilustram os

riscos associados à manutenção prolongada de níveis elevados de consanguinidade. Também se deve destacar que esse processo de extinção não se dá de forma súbita, mas sim por uma queda silenciosa da fertilidade, onde o número de descendentes viáveis por casal despenca drasticamente. Esse colapso genético é impulsionado pela impossibilidade demográfica, o que não acontece atualmente com os cães mas pode vir a ser uma realidade conforme a quantidade de animais selecionados para reprodução continuar a ser pequeno, gerando flutuações severas e aleatórias nas taxas de mortalidade e na proporção entre os sexos das ninhadas, inviabilizando a perpetuação da linhagem.

Assim, mesmo que os efeitos letais comecem a se manifestar em níveis intermediários de consanguinidade, a literatura adverte que patamares menores de endogamia não são benignos (Yordy *et al*., 2019). Esta situação é muito semelhante ao caso das raças de cães domésticos modernos, que enfrentam um estreitamento contínuo no número de reprodutores ativos em prol da padronização e da conformidade fenotípica exigidas pelos clubes de cinofilia (Leroy *et al*., 2015).

Essa pressão seletiva exercida pelos critérios de raça ajuda a explicar a severa discrepância metodológica observada quando os dados obtidos neste estudo são confrontados com as estimativas genealógicas tradicionais da literatura. Registros baseados estritamente em livros de pedigree, como os descritos por Shariflou *et al.* (2011) na Austrália, reportam coeficientes médios de endogamia de apenas 0,051 para Golden Retriever e 0,025 para Rottweiler, evidenciando que os registros genealógicos de endogamia por pedigree, quando utilizados isoladamente, apresentam limitações para interpretação da estrutura genética dessas populações, subestimando parte da homozigose acumulada ao longo da história de formação das raças.

Esse cenário se agrava quando o manejo reprodutivo é baseado na seleção contínua de poucos indivíduos, como campeões de exposições (Calboli *et al*., 2008). Entretanto, os baixos valores de FST indicam que todas as populações são de suas raças específicas e sem linhagem, os padrões de ancestralidade estimados revelaram padrões genéticos distintos entre as populações, sugerindo maior contribuição de determinadas linhagens em cada grupo.

Conforme detalhado no perfil demográfico traçado por Dreger *et al.* (2016), as análises de pedigree falharam categoricamente em capturar a homozigose, limitando-se a refletir o parentesco das gerações mais recentes. Em contrapartida, ferramentas para o cálculo das FROHs, como as aplicadas no presente trabalho, superam essas lacunas de registro e a falta de rastreabilidade, expondo a perda de diversidade ao longo das gerações de cães domésticos.

A verificação dos padrões de ancestralidade individual gerada pelo software ADMIXTURE trouxe explicações importantes que complementam os resultados dos baixos índices FST. No caso do Spitz Alemão, a marcada dominância de um único componente genético na população brasileira (BR), visualizada pela homogeneidade dos perfis individuais na Figura 12, sugere o estabelecimento de um forte efeito fundador no mercado nacional, decorrente da seleção direcionada para algum fenótipo específico proveniente de um número restrito de canis fornecedores. Inversamente, o Golden Retriever demonstrou uma distribuição contrastante enquanto a população do banco público exibe a dominância de uma linhagem específica, a população brasileira revelou maior compartilhamento e divisão de blocos de ancestralidade distintos. Entretanto, considerando que a análise foi conduzida com K = 2, não é possível inferir diretamente a origem histórica ou geográfica desses componentes.

Essa heterogeneidade indica que os criadores brasileiros de Golden Retriever estejam promovendo acasalamentos altamente consanguíneos de curto prazo dentro de seus canis, o que justifica a média de 12,65 Mb em ROHs gigantes (últimas 3 gerações). Esse comportamento de mercado corrobora os conceitos discutidos por Alexander, Novembre e Lange (2009), demonstrando que assinaturas de homozigose recente podem coexistir com bases de ancestralidade mistas quando o manejo reprodutivo local é severamente restrito, mas construído a partir de múltiplas linhagens fundadoras importadas.

A explicação para o acúmulo de segmentos de ROH na classe gigante (>16 Mb) detectado nos animais com maior endogamia, reside diretamente no manejo reprodutivo histórico e contemporâneo exercido pelos criadores. De acordo com a análise demográfica estruturada por Calboli *et al.* (2008), raças de grande apelo comercial como o Golden Retriever sofrem com o severo efeito de reprodutores

populares, de forma que mesmo havendo milhares de exemplares, o tamanho efetivo da população (Ne) reprodutiva é muito reduzido, uma vez que apenas 5% de todos os machos da raça possuem seus descendentes registrados, e 10% das fêmeas concentram seus acasalamento nesses machos em destaque.

Os padrões observados neste estudo então sugerem uma redução substancial do Ne, particularmente em Golden Retriever e Rottweiler. Embora essas raças possuam milhares de indivíduos registrados, a concentração da reprodução em poucos exemplares reduz a quantidade de material genético transmitido entre gerações. Como consequência, a velocidade de deriva genética aumenta e a diversidade genética disponível para as futuras gerações diminui progressivamente.

Esse afunilamento de seleção gera um desequilíbrio na velocidade de transmissão de alelos e no número de gerações, forçando a ocorrência de acasalamento consanguíneos recentes nas últimas três gerações. O reflexo desse comportamento no DNA foi teorizado por Dreger *et al.* (2016), que demonstrou que o aumento contínuo de endogamia em uma raça não atua expandindo o comprimento linear da área em homozigose antigos e já existentes, mas sim aumentando a quantidade total de novas regiões genômicas que entram em homozigose simultaneamente, justificando a fragmentação de ROHs observadas nos cães nacionais.

A estratificação dos segmentos de ROH por classes de tamanho revelou um contraste marcante no histórico demográfico recente das raças avaliadas (Figura 11). O Pastor Alemão apresentou sua distribuição de homozigose na classe gigante (>16 Mb), a 10,37 Mb na população BP e 10,20 Mb na população (BR, assim como seus FROH semelhantes (BP = 36,7% e BR = 37,4%). De acordo com os perfis demográficos descritos por Lachie Scarsbrook *et al.* (2025) e Dreger *et al.* (2016), essa quantidade em torno de 10 Mb em ambas populações reflete afunilamento reprodutivo agudo tanto no mercado local quanto estrangeiro, indicando que os criadores têm concentrado intensamente seus acasalamentos em um número extremamente reduzido de linhagens contemporâneas na tentativa de fixar caracteres morfológicos de alta demanda comercial.

Por outro lado, Chihuahua e Spitz Alemão apresentaram níveis relativamente menores de homozigose recente, sugerindo que suas populações avaliadas mantiveram maior diversidade genética ao terem menos acasalamento aparentados.

Avaliando o impacto da consanguinidade em 93 Goldens Retrievers, CHU *et al.* (2019) documentou uma correlação entre o avanço do FROH e a redução da fecundidade, determinando que a cada 10% de incremento no coeficiente de endogamia, ocorre a perda de um filhote vivo por ninhada. Além desse impacto na reprodução, uma pesquisa conduzida por Sams e Boyko (2019) traz uma explicação para o declínio da saúde. Os autores revelam que, embora o Golden Retriever concentre naturalmente extensas regiões de ROH na classe média (>2 e <8 Mb) em seu estudo, o aumento descontrolado de homozigose em áreas longas e recentes provoca uma sobreposição direta com locais do DNA que carregam mutações deletérias. Isso significa que esses comprimentos longos de ROH fazem com que os alelos recessivos deletérios responsáveis por doenças graves se expressem.

A distribuição das corridas de homozigose evidencia que a redução da diversidade genética está associada ao uso restritivo de reprodutores, o que favorece o acúmulo de homozigose recente e eleva os riscos relacionados à ocorrência de enfermidades (Shirabe; Bondan, 2022).

De forma semelhante, a busca pela manutenção de padrões morfológicos específicos pode contribuir para o aumento da frequência de enfermidades associadas à conformação física das raças. Em uma revisão abrangente sobre defeitos hereditários em cães de raça, Asher *et al*. (2009) catalogaram 396 doenças hereditárias, das quais 84 foram classificadas como relacionadas à conformação (C) ou hereditárias agravadas pela conformação (CD). Entre essas enfermidades destacaram-se principalmente distúrbios musculoesqueléticos, como diferentes formas de displasia e braquicefalia (n = 25) (Woolliams; Lewis; Blott, 2011; Packer *et al.*, 2015), doenças tegumentares, incluindo alergias e dermatites (n = 20), e alterações neurossensoriais, como epilepsia e surdez (n = 17). Esses resultados evidenciam que a seleção intensiva voltada à uniformização fenotípica pode comprometer não apenas a diversidade genética das populações, mas também a saúde e o bem-estar dos animais ao favorecer a perpetuação de características associadas a predisposições patológicas.

Também se deve ressaltar que embora os resultados revelem padrões consistentes de endogamia recente e redução da diversidade genética nas populações avaliadas, suas interpretações devem ser consideradas sob algumas limitações. O número de indivíduos amostrados representa apenas uma parcela das populações brasileiras de cada raça e, portanto, não contempla integralmente toda a variabilidade genética existente no país.

6. CONCLUSÃO

Os resultados obtidos no presente estudo permitem concluir que as populações brasileiras das raças caninas avaliadas apresentam padrões diferenciados de diversidade genética, com destaque para Rottweiler, Pastor Alemão e Golden Retriever, que exibiram os maiores coeficientes de endogamia e as maiores proporções de segmentos de homozigose longos, indicando ocorrência de endogamia recente, nas últimas três gerações.

Para as raças Rottweiler e Golden Retriever, foram observadas diferenças estatisticamente significativas entre as populações brasileira e do banco público, indicando que a consanguinidade no mercado nacional supera os níveis observados internacionalmente para essas raças. Em contraste, o Pastor Alemão apresentou altos índices de endogamia tanto no Brasil quanto no exterior, sugerindo que a perda de diversidade genética desta raça é decorrente do mesmo manejo impreciso de ambos.

As análises confirmaram que, embora todas as amostras pertençam à mesma base genética das respectivas raças, há padrões de ancestralidade distintos entre algumas populações brasileiras e estrangeiras, refletindo diferenças nos processos de seleção e manejo reprodutivo adotados no país.

Conclui-se que as métricas genômicas baseadas nas corridas de homozigose permitem uma caracterização mais precisa da endogamia do que os métodos baseados exclusivamente em pedigree, evidenciando a necessidade de monitoramento genético contínuo para a adoção de estratégias de reprodução precisas, visando à sustentabilidade genética e ao bem-estar das principais raças caninas criadas no Brasil.

REFERÊNCIAS

ALEXANDER, D. H.; NOVEMBRE, J.; LANGE, K. Fast model-based estimation of ancestry in unrelated individuals. **Genome Research**, v. 19, n. 9, p. 1655–1664, 31 jul. 2009.

AMERICAN KENNEL CLUB (AKC). **Dog Breeds**. Disponível em: https://www.akc.org/dog-breeds/. Acesso em: 5 jan. 2026.

ASHER, L. et al. Inherited defects in pedigree dogs. Part 1: Disorders related to breed standards. **The Veterinary Journal**, v. 182, n. 3, p. 402–411, dez. 2009.

BANNASCH, D. et al. The Effect of inbreeding, Body Size and Morphology on Health in Dog Breeds. **Canine Medicine and Genetics**, v. 8, n. 1, dez. 2021.

BELANGER, J. M. et al. Measures of Homozygosity and Relationship to Genetic Diversity in the Bearded Collie Breed. **Genes**, v. 16, n. 4, p. 378, 27 mar. 2025.

BJÖRNERFELDT, S. et al. Assortative mating and fragmentation within dog breeds. **BMC Evolutionary Biology**, v. 8, n. 1, 2008.

BOTIGUÉ, L. R. et al. Ancient European dog genomes reveal continuity since the Early Neolithic. **Nature Communications**, v. 8, n. 1, p. 16082, 18 jul. 2017.

BRUNDAGE, D. M. CanVAS: A Harmonized and Imputed Canine Variant Atlas. 15 abr. 2026.

CALBOLI, F. C. F. et al. Population Structure and Inbreeding From Pedigree Analysis of Purebred Dogs. **Genetics**, v. 179, n. 1, p. 593–601, maio 2008.

CHU, E. T. et al. Inbreeding depression causes reduced fecundity in Golden Retrievers. **Mammalian Genome**, v. 30, n. 5-6, p. 166–172, 21 maio 2019.

CONFEDERAÇÃO BRASILEIRA DE CINOFILIA (CBKC). **Raças**. Disponível em: https://cbkc.org/racas. Acesso em: 5 jan. 2026.

COUTINHO-LIMA, D. et al. Multiple ancestries and shared gene flow among modern livestock guarding dogs. **iScience**, v. 27, n. 8, p. 110396, ago. 2024.

DREGER, D. L. et al. Whole-genome sequence, SNP chips and pedigree structure: building demographic profiles in domestic dog breeds to optimize genetic-trait mapping. **Disease Models & Mechanisms**, v. 9, n. 12, p. 1445–1460, 17 nov. 2016.

FÉDÉRATION CYNOLOGIQUE INTERNATIONALE (FCI). **Nomenclature of Breeds**. Disponível em: https://www.fci.be/en/nomenclature/. Acesso em: 5 jan. 2026.

FERENČAKOVIĆ, M. et al. Estimates of autozygosity derived from runs of homozygosity: empirical evidence from selected cattle populations. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 130, n. 4, p. 286–293, 1 nov. 2012.

FOLTIN, S.; GLENK, L. M. Current Perspectives on the Challenges of Implementing Assistance Dogs in Human Mental Health Care. **Veterinary Sciences**, v. 10, n. 1, p. 62, 1 jan. 2023.

FRANKHAM, R.; BALLOU, J. D.; BRISCOE, D. A. **Introduction to Conservation Genetics**. Cambridge University Press, 2010.

GRAY, M. M. et al. Linkage Disequilibrium and Demographic History of Wild and Domestic Canids. **Genetics**, v. 181, n. 4, p. 1493–1505, 1 abr. 2009.

GUNDERSON, K. L. et al. A genome-wide scalable SNP genotyping assay using microarray technology. **Nature Genetics**, v. 37, n. 5, p. 549–554, 17 abr. 2005.

HSU, W.-T.; WILLIAMSON, P.; KHATKAR, M. S. Analysis of dog breed diversity using a composite selection index. **Scientific Reports**, v. 13, n. 1, p. 1674, 30 jan. 2023.

INTERNATIONAL NUCLEOTIDE SEQUENCE DATABASE COLLABORATION (INSDC). **About INSDC** . [S.l.], [s.d.]. Disponível em: https://www.insdc.org/about-insdc/#vf-tabs__section-about. Acesso em: 24 maio 2026.

IWUCHUKWU, G. A.; OYEBANJO, M.; ŞEN, U. Linkage Disequilibrium in Animal Genetics – Definition, Measures and Applications. **Black Sea Journal of Agriculture**, v. 8, n. 1, p. 103–107, 15 jan. 2025.

JUNG, C.; PÖRTL, D. How old are (pet) dog breeds? **Pet Behaviour Science**, v. 7, n. 7, p. 29–37, 1 maio 2019

KIM, E.-S. et al. Effect of Artificial Selection on Runs of Homozygosity in U.S. Holstein Cattle. **PLoS ONE**, v. 8, n. 11, p. e80813, 14 nov. 2013.

KLEMETTILÄ, Hannele. **Animals and Hunters in the Late Middle Ages**: Evidence from the BnF MS fr. 616. 1. ed. London: Routledge, 2015.

KOLM, N. et al. The link between selection for function and human-directed play behaviour in dogs. **Biology Letters**, v. 16, n. 9, p. 20200366, set. 2020.

KOPALIANI, N. et al. Gene Flow between Wolf and Shepherd Dog Populations in Georgia (Caucasus). **Journal of Heredity**, v. 105, n. 3, p. 345–353, 12 mar. 2014.

KUMPULAINEN, M. et al. Founder representation and effective population size in old versus young breeds—genetic diversity of Finnish and Nordic Spitz. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 134, n. 5, p. 422–433, 10 mar. 2017.

LACHIE SCARSBROOK et al. A 120-y time series of genomes reveals the consequences of closed breeding in German Shepherd Dogs. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 122, n. 48, p. e2421755122–e2421755122, 24 nov. 2025.

LAFRAMBOISE, T. Single nucleotide polymorphism arrays: a decade of biological, computational and technological advances. **Nucleic Acids Research**, v. 37, n. 13, p. 4181–4193, 1 jul. 2009.

LEROY, G. et al. Inbreeding impact on litter size and survival in selected canine breeds. **The Veterinary Journal**, v. 203, n. 1, p. 74–78, jan. 2015.

LETKO, A. et al. Genomic Diversity and Runs of Homozygosity in Bernese Mountain Dogs. **Genes**, v. 14, n. 3, p. 650–650, 4 mar. 2023.

LISPECTOR, Clarice. *Um sopro de vida: pulsações*. Rio de Janeiro: Rocco, 2015.

LUDMILLA BALBO ZAVAREZ et al. Assessment of autozygosity in Nellore cows (Bos indicus) through high-density SNP genotypes. **Frontiers in Genetics**, v. 6, 29 jan. 2015.

MABUNDA, R. S. et al. Pedigree-Based Genetic Diversity in the South African Boerboel Dog Breed. **Animals**, v. 14, n. 6, p. 975, 21 mar. 2024.

MARSDEN, C. D. et al. Bottlenecks and selective sweeps during domestication have increased deleterious genetic variation in dogs. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 113, n. 1, p. 152–157, 22 dez. 2015.

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

MCVEAN, G. A Genealogical Interpretation of Principal Components Analysis. **PLoS Genetics**, v. 5, n. 10, 16 out. 2009.

NOVEMBRE, J.; STEPHENS, M. Interpreting principal component analyses of spatial population genetic variation. **Nature Genetics**, v. 40, n. 5, p. 646–649, 20 abr. 2008.

OPENAI. ChatGPT. Versão GPT-4. [Modelo de linguagem IA]. 2025. Disponível em: https://chat.openai.com. Acesso em: 07 jul. 2026.

OSTRANDER, E. A. et al. Demographic history, Selection and Functional Diversity of the Canine Genome. **Nature Reviews Genetics**, v. 18, n. 12, p. 705–720, 25 set. 2017.

PACKER, R. M. A. et al. Impact of Facial Conformation on Canine Health: Brachycephalic Obstructive Airway Syndrome. **PLOS ONE**, v. 10, n. 10, 28 out. 2015.

PARKER, H. G. et al. Genetic structure of the purebred domestic dog. **Science**, v. 304, n. 5674, 2004.

PARKER, H. G. et al. Genomic analyses reveal the influence of geographic origin, migration and hybridization on modern dog breed development. **Cell Reports**, v. 19, n. 4, p. 697–708, 25 abr. 2017.

PASCHOU, P. et al. PCA-Correlated SNPs for Structure Identification in Worldwide Human Populations. **PLoS Genetics**, v. 3, n. 9, p. e160, 21 set. 2007.

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, 9 jan. 2018.

PROTACIO, R. U.; DAVIDSON, M. K.; WAHLS, W. P. Adaptive Control of the Meiotic Recombination Landscape by DNA Site-dependent Hotspots With Implications for Evolution. **Frontiers in Genetics**, v. 13, n. 947572, 22 jun. 2022.

PURFIELD, D. C. et al. Runs of homozygosity and population history in cattle. **BMC Genetics**, v. 13, n. 1, p. 70, 2012.

RICHARDS, N. L. A Rebuttal of McKeague et al. (2024): “Conservation Detection Dogs: A Critical Review of Efficacy and Methodology”. **Ecology and Evolution**, v. 15, n. 10, out. 2025.

SAMS, A. J.; BOYKO, A. R. Fine-Scale Resolution of Runs of Homozygosity Reveal Patterns of Inbreeding and Substantial Overlap with Recessive Disease Genotypes in Domestic Dogs. **G3 Genes|Genomes|Genetics**, v. 9, n. 1, p. 117–123, 1 jan. 2019.

SHARIFLOU, M. R. et al. A genealogical survey of Australian registered dog breeds. **The Veterinary Journal**, v. 189, n. 2, p. 203–210, ago. 2011.

SHIRABE, G. K. S.; BONDAN, E. F. Principais doenças genéticas em cães da raça Border Collie: uma revisão. **Research, Society and Development**, v. 11, n. 16, p. e91111637993, 30 nov. 2022.

STAAF, J. et al. Normalization of Illumina Infinium whole-genome SNP data improves copy number estimates and allelic intensity ratios. **BMC Bioinformatics**, v. 9, n. 1, 2 out. 2008.

STERN, J. A.; WHITE, S. N.; MEURS, K. M. Extent of linkage disequilibrium in large-breed dogs: chromosomal and breed variation. **Mammalian Genome**, v. 24, n. 9-10, p. 409–415, 6 set. 2013.

SUBRAMANIAN, S.; KUMAR, M. The Association between the Abundance of Homozygous Deleterious Variants and the Morbidity of Dog Breeds. **Biology**, v. 13, n. 8, p. 574–574, 29 jul. 2024.

TANCREDI, D.; CARDINALI, I. Being a Dog: A Review of the Domestication Process. **Genes**, v. 14, n. 5, p. 992, 1 maio 2023.

THE KENNEL CLUB. **Find a Breed**. Disponível em: https://www.thekennelclub.org.uk/search/breeds-a-to-z/. Acesso em: 5 jan. 2026.

THOMPSON, E. A. Identity by Descent: Variation in Meiosis, Across Genomes, and in Populations. **Genetics**, v. 194, n. 2, p. 301–326, 1 jun. 2013.

WANG, D. G. Large-Scale Identification, Mapping, and Genotyping of Single-Nucleotide Polymorphisms in the Human Genome. **Science**, v. 280, n. 5366, p. 1077–1082, 15 maio 1998.

WAYNE, R. K.; VONHOLDT, B. M. Evolutionary genomics of dog domestication. **Mammalian Genome**, v. 23, n. 1-2, p. 3–18, 22 jan. 2012.

WELLMANN, R.; PFEIFFER, I. Pedigree analysis for conservation of genetic diversity and purging. **Genetics Research**, v. 91, n. 3, p. 209–219, jun. 2009.

HEWSON, C. J. What is animal welfare? Common definitions and their practical consequences. **The Canadian Veterinary Journal**, v. 44, n. 6, p. 496-499, 2003.

WIENER, P. et al. Genomic data illuminates demography, genetic structure and selection of a popular dog breed. **BMC Genomics**, v. 18, n. 1, 14 ago. 2017.

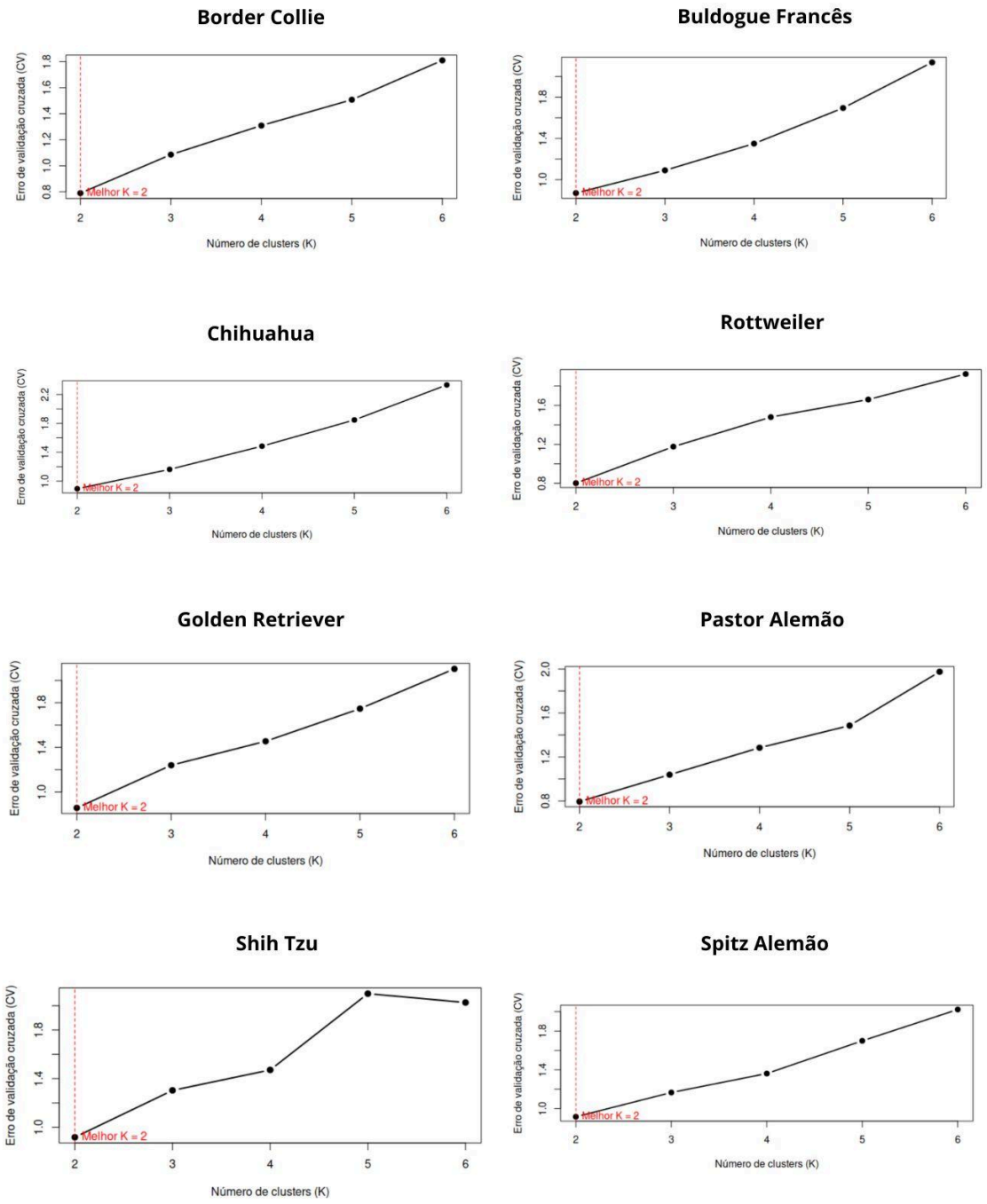
WOOLLIAMS, J. A.; LEWIS, T. W.; BLOTT, S. C. Canine hip and elbow dysplasia in UK Labrador retrievers. **The Veterinary Journal**, v. 189, n. 2, p. 169–176, ago. 2011.

WRIGHT, S. THE GENETICAL STRUCTURE OF POPULATIONS. **Annals of Eugenics**, v. 15, n. 1, p. 323–354, jan. 1950.

YORDY, J. et al. Body size, inbreeding, and lifespan in domestic dogs. **Conservation Genetics**, v. 21, n. 1, p. 137–148, 5 dez. 2019.

APÊNDICE A – IMAGENS COMPLEMENTARES

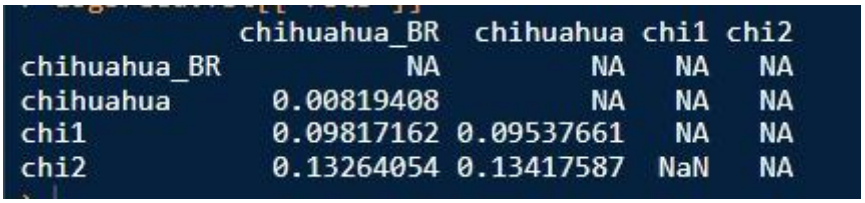
Figura A1 - Erro de validação cruzada para determinação do número ideal de populações ancestrais nas oito raças avaliadas.



Fonte: Elaborado pela autora (2026).

As figuras a seguir apresentam os gráficos de PCA com a identificação dos indivíduos outliers removidos e dos indivíduos mantidos nas análises das raças Chihuahua (Figura A2), Golden Retriever (Figura A3) e Shih Tzu (Figura A4).

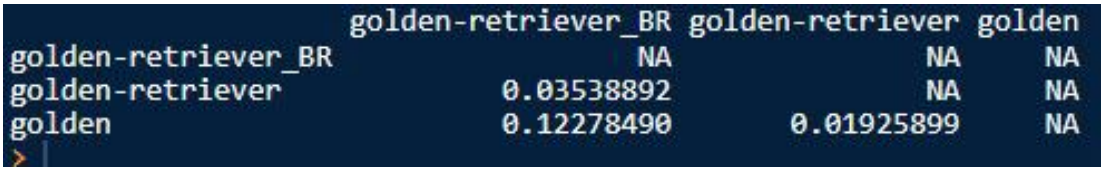
Figura A2 - Indivíduos na raça que foram mantidos (Chi1) e retirados (Chi2) das análises.



	chihuahua_BR	chihuahua	chi1	chi2
chihuahua_BR	NA	NA	NA	NA
chihuahua	0.00819408	NA	NA	NA
chi1	0.09817162	0.09537661	NA	NA
chi2	0.13264054	0.13417587	NaN	NA

Fonte: Elaborado pela autora (2026).

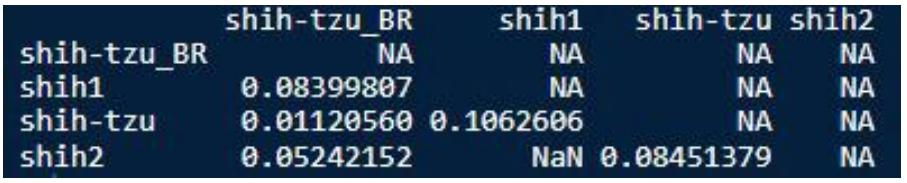
Figura A3 - Indivíduo da raça Golden Retriever mantido (Golden) nas análises.



	golden-retriever_BR	golden-retriever	golden
golden-retriever_BR	NA	NA	NA
golden-retriever	0.03538892	NA	NA
golden	0.12278490	0.01925899	NA

Fonte: Elaborado pela autora (2026).

Figura A4 - Indivíduos da raça Shih Tzu que foram mantidos (Shih1 e Shih2) nas análises.



	shih-tzu_BR	shih1	shih-tzu	shih2
shih-tzu_BR	NA	NA	NA	NA
shih1	0.08399807	NA	NA	NA
shih-tzu	0.01120560	0.1062606	NA	NA
shih2	0.05242152	NaN	0.08451379	NA

Fonte: Elaborado pela autora (2026).