

UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DE PERNAMBUCO
PRÓ-REITORIA DE PESQUISA E PÓS-GRADUAÇÃO
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIA ANIMAL E PASTAGENS

ESTRUTURA POPULACIONAL E DIVERSIDADE GENÉTICA DA RAÇA
MANGALARGA

Andreza Correia da Silva

GARANHUNS- PE
DEZEMBRO/2022

ANDREZA CORREIA DA SILVA

**ESTRUTURA POPULACIONAL E DIVERSIDADE GENÉTICA DA RAÇA
MANGALARGA**

Dissertação apresentada como parte das exigências para obtenção do título de MESTRE EM CIÊNCIA ANIMAL E PASTAGENS, do Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal e Pastagens da Universidade Federal Rural de Pernambuco. Área de Concentração: Produção Animal.

Orientador: Prof. DSc. Juliano Martins Santiago

Co-orientador: Prof. DSc. Jorge Eduardo Cavalcante Lucena

Co-orientador – Prof. DSc. Ana Paula Gomes Pinto

GARANHUNS – PE

DEZEMBRO/2022

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação
Universidade Federal Rural de Pernambuco
Sistema Integrado de Bibliotecas
Gerada automaticamente, mediante os dados fornecidos pelo(a) autor(a)

- S586ee Silva, Andreza Correia da
Estrutura populacional e diversidade genética da raça Mangalarga / Andreza Correia da Silva. - 2022.
51 f. : il.
- Orientador: Juliano Martins Santiago.
Coorientador: Jorge Eduardo Cavalcante Lucena.
Inclui referências.
- Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal Rural de Pernambuco, Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal e Pastagens , Garanhuns, 2023.
1. equino, pelagens. 2. estatística F de Wright. 3. pedigree . I. Santiago, Juliano Martins, orient. II. Lucena, Jorge Eduardo Cavalcante, coorient. III. Título

CDD 636.089

UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DE PERNAMBUCO
UNIDADE ACADÊMICA DE GARANHUNS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIA ANIMAL E PASTAGENS

Autor: Andreza Correia da Silva

Orientador: Prof. DSc Juliano Martins Santiago

Co-orientador: Prof. DSc Jorge Eduardo Cavalcante Lucena

Co-orientador: Prof. DSc Ana Paula Gomes Pinto

**ESTRUTURA POPULACIONAL E DIVERSIDADE GENÉTICA DA RAÇA
MANGALARGA**

Titulação: Mestre em Ciência Animal e Pastagens

Data da defesa: 05/12/2022

Banca Examinadora:

Prof. DSc. Fernanda Melo Pereira Taran - UNIVASF

(Membro Externo)

Prof. DSc. Alessandro Moreira Procópio

(Membro Externo)

Prof. DSc Juliano Martins Santiago – UAST/UFRPE

(Orientador)

AGRADECIMENTOS

Nesses anos de mestrado, de muito estudo, esforço e empenho, gostaria de agradecer a Deus por toda força, pelo amparo e por ter me mostrado todos os dias que sou capaz.

Aos meus pais José Luís e Marlene Maria, obrigada por desejarem sempre o melhor para mim, pelo esforço que fizeram para que eu pudesse superar cada obstáculo em meu caminho e chegar aqui e, principalmente, pelo amor imenso que vocês têm por mim.

Ao meu marido e companheiro, Manoel Barbosa, por todo apoio, e por compreender todos os meus momentos e dificuldades.

Aos meus irmãos Roni, Elisângela, Gildene, Ronaldo, Ronélio, Vanessa e Luís pela compreensão, ao serem privados em muitos momentos da minha companhia e atenção, a vocês, minha família, sou eternamente grata por tudo que sou, por tudo que consegui conquistar e pela felicidade que tenho.

Minha gratidão especial ao Prof. Dr. Juliano Martins Santiago, meu orientador, pela pessoa e profissional que é. Obrigada por sua dedicação, que o fez, por muitas vezes, deixar de lado seus momentos de descanso para me ajudar e me orientar. E, principalmente, obrigada por sempre ter acreditado e depositado sua confiança em mim ao longo de todos esses anos de trabalho que se iniciaram ainda na graduação. Sem sua orientação, apoio, confiança e amizade, não somente neste trabalho, mas em todo o caminho percorrido até aqui, nada disso seria possível.

Ao professor Jorge Eduardo Cavalcante Lucena e à professora Ana Paula Gomes Pinto pela orientação e pela grande contribuição nesse trabalho, levarei comigo todos os ensinamentos.

Às minhas amigas Naianne e Weslla, que me acompanharam durante esses dois anos, obrigada por todos os momentos de estudos e descontração, vocês são presentes de Deus em minha vida.

Aos meus colegas do PPGCAP Poliana, Michael, Luana e Maria Luana, foi um prazer estar com vocês durante essa caminhada.

Ao Programa de Pós-graduação em Ciência Animal e Pastagens (PPGCAP), pela oportunidade de realização do curso.

SILVA, Andreza Correia **Estrutura populacional e diversidade genética da raça mangalarga**. 2022 43p. (Mestrado em Ciência Animal e Pastagens) – Universidade Federal Rural de Pernambuco.

Estudos sobre a diversidade genética têm sido de grande importância em programas de melhoramento e conservação das raças, por fornecerem informações sobre caracteres de identificação de animais geneticamente superiores e sobre a endogamia, contribuindo para a tomada de decisões em relação à gestão genética. Objetivou-se com o estudo avaliar a diversidade genética dentro e entre diferentes populações da raça Mangalarga, assim como descrever a estrutura organizacional do rebanho. Foram utilizadas informações genealógicas de equinos da raça Mangalarga, nascidos entre 1919 e 2018, obtidas a partir do banco de dados do sistema de registro genealógico da Associação brasileira de criadores de cavalo Mangalarga (ABCCRM). Após a exclusão das informações inconsistentes, obteve-se um arquivo com dados de 206.426 animais. Para avaliar a estrutura organizacional da raça, considerou-se cada estado brasileiro, onde há registros de cavalos Mangalarga, como uma subpopulação. A origem e o uso dos reprodutores foram utilizados como parâmetros para classificar as subpopulações nos seguintes estratos: Núcleo, Multiplicador I, Multiplicador II, Comercial I, Comercial II e Isolado. Em uma segunda análise, além dos estados brasileiros, as diferentes pelagens encontradas na raça também foram consideradas como subpopulações. Assim, foram estimados os índices de fixação de Wright, e para obter a distância genética entre as subpopulações utilizou-se a Distância Mínima de Nei. Para tanto, os dados de *pedigree* foram submetidos ao software ENDOG 4.6. Além disso, o coeficiente de parentesco médio (AR) de cada indivíduo na população foi calculado, assim como o coeficiente de endogamia (F). **Estados brasileiros como subpopulações** - Dos 26 estados, a raça Mangalarga está presente em 22 mais o Distrito Federal. Desses, 63,63% foram classificados como rebanhos multiplicadores e 36,36% foram classificados como rebanhos comerciais. O valor médio estimado para Fis foi de 0,009379, Fit de 0,010606 e Fst de 0,001239. A média de F para a população total foi de 2,5% e o AR foi de 2,29%. O dendrograma gerado a partir da distância de Nei reuniu os estados brasileiros em dois grupos com maior dissimilaridade genética, o grupo I foi formado pelo estado do Amapá e o grupo II pelos demais estados. **Pelagens como subpopulações** - A pelagem alazã foi responsável por 72,72% da contribuição genética de todas as pelagens. O valor médio estimado para Fis foi de 0,009647, Fit de 0,010641 e Fst foi de 0,001003. O valor médio de F foi de 1,03% e o AR de 0,997%. A partir do dendrograma obtido pelo método de agrupamento UPGMA observou-se organização das pelagens em dois grandes grupos com maior semelhança genética, o grupo I foi formado pelas pelagens pampa de alazã e pampa de preta e o grupo II formado pelas pelagens castanha, lobuna, pampa de baía, preta, rosilha, tordilha, pampa de tordilha, alazã amarela, pampa de castanha e alazã. Concluiu-se que a maioria dos estados brasileiros possuem rebanhos multiplicadores da raça Mangalarga, além de parcela significativa de rebanhos comerciais, não existindo rebanhos núcleo nem isolados. Assim a estrutura organizacional de melhoramento genético da raça Mangalarga não possui formato piramidal. Nas subpopulações da raça, constituídas pelos estados brasileiros e pelas diferentes pelagens, não há excesso de homocigose, a taxa de endogamia na população global é baixa, assim como não há diferenciação genética entre as subpopulações analisadas.

Palavras-chave: equino, estatística F de Wright, pelagens, *pedigree*

ABSTRACT

SILVA, Andreza Correia. **Population Structure and Genetic Diversity of the Mangalarga Race**. 2022 43p. (Mestrado em Ciência Animal e Pastagens) – Universidade Federal Rural de Pernambuco.

Studies on genetic diversity have been of great importance in breeding programs and conservation of breeds, as they provide information on identification characters of genetically superior animals and on inbreeding, contributing to decision making in relation to genetic management. The objective of the study was to evaluate the genetic diversity within and between different populations of the Mangalarga breed, as well as to describe the organizational structure of the herd. Genealogical information of horses of the Mangalarga breed, born between 1919 and 2018, obtained from the database of the genealogical record system of the Brazilian Association of Mangalarga Horse Breeders (ABCCRM) was used. After excluding inconsistent information, a file was obtained with data from 206,426 animals. To assess the organizational structure of the breed, each Brazilian state, where there are records of Mangalarga horses, was considered as a subpopulation. The origin and use of the breeders were used as parameters to classify the subpopulations in the following strata: Nucleus, Multiplier I, Multiplier II, Commercial I, Commercial II and Isolated. In a second analysis, in addition to the Brazilian states, the different coats found in the breed were also considered as subpopulations. Thus, the Wright fixation indexes were estimated, and the Nei Minimum Distance was used to obtain the genetic distance between the subpopulations. For that, the pedigree data were submitted to the ENDOG 4.6 software. In addition, the average relationship coefficient (AR) of each individual in the population was calculated, as well as the inbreeding coefficient (F). Brazilian states as subpopulations - Of the 26 states, the Mangalarga breed is present in 22 plus the Federal District. Of these, 63.63% were classified as multiplying herds and 36.36% were classified as commercial herds. The estimated mean value for F_{is} was 0.009379, F_{it} of 0.010606 and F_{st} of 0.001239. The average of F for the total population was 2.5%, whereas the AR was 2.29%. The dendrogram generated from the Nei distance gathered the Brazilian states into two groups with greater genetic dissimilarity, group I was formed by the state of Amapá and group II by the other states. Coats as subpopulations - The sorrel coat was responsible for 72.72% of the genetic contribution of all coats. The estimated mean value for F_{is} was 0.009647, F_{it} was 0.010641 and F_{st} was 0.001003. The mean value of F was 1.03% and the AR was 0.997%. From the dendrogram obtained by the UPGMA grouping method, it was observed that the coats were organized into two large groups with greater genetic similarity, group I was formed by the pampa de sorrel and pampa de preta coats and group II formed by the chestnut, lobuna, pampa de baia, preto, rosilha, tordilha, pampa de tordilha, sorrel sorrel, chestnut pampa and sorrel. It was concluded that most Brazilian states have multiplier herds of the Mangalarga breed, in addition to a significant portion of commercial herds, with no core or isolated herds. Thus, the organizational structure of genetic improvement of the Mangalarga breed does not have a pyramidal format. In the subpopulations of the race, constituted by the Brazilian states and by the different coats, there is no excess of homozygosity, the inbreeding rate in the global population is low, as well as there is no genetic differentiation between the subpopulations analyzed.

Keywords: horse, Wright F statistic, coat, pedigree

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	9
CAPÍTULO I.....	10
3. REVISÃO DE LITERATURA.....	10
2.1 A raça Mangalarga.....	10
2.1.2 Padrão racial.....	11
2.3 Melhoramento genético do cavalo.....	13
2.4 Estrutura Organizacional.....	14
2.5 Diversidade genética dos equinos.....	16
2.6 Estrutura genética populacional.....	16
2.6.1 Estatística F Wright.....	17
2.6.2 Endogamia.....	19
2.6.3 Coeficiente médio de parentesco (AR).....	20
3. OBJETIVOS	21
3.1 Geral.....	21
3.2 Específicos.....	21
4. REFERÊNCIAS	23
CAPÍTULO II.....	26
RESUMO.....	27
1. INTRODUÇÃO	29
2. MATERIAL E MÉTODOS	30
Dados de <i>Pedigree</i>.....	30
Análises Estatísticas.....	30
3. RESULTADOS.....	32
Estrutura organizacional da raça Mangalarga.....	32
Diversidade Genética considerando os estados brasileiros como subpopulações.....	33

Diversidade Genética considerando as diferentes pelagens como subpopulações	37
4. DISCUSSÃO	40
Estrutura organizacional da raça Mangalarga	40
Diversidade genética considerando os estados brasileiros como subpopulações	41
Diversidade genética considerando as diferentes pelagens como subpopulações	44
5. CONCLUSÃO	46

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Classificação dos rebanhos da raça Mangalarga agrupados por estado brasileiro	35
Tabela 2. Contribuição genética (%), coeficiente de endogamia (F), coeficiente médio de parentesco (AR), níveis médios de endogamia ao nível populacional (F_{is}), número de indivíduos registrados nascidos no rebanho (NACEN), números de indivíduos nascidos no rebanho com pais nascidos no mesmo rebanho (PADREIN), números de indivíduos nascidos no rebanho com pais nascidos em outro rebanho (PADREOFF), número de vezes em que os machos reprodutores nascidos no rebanho atuaram como pai (ESPAPA), número de vezes em que os machos reprodutores nascidos no rebanho atuaram como pai no mesmo rebanho (PAPAIN) e número de vezes em que os machos reprodutores nascidos no rebanho atuaram como reprodutores em outro rebanhos (PAPAOUT), para os rebanhos registrados da raça Mangalarga por estado brasileiro	38
Tabela 3. Contribuição genética (%), coeficiente de endogamia (F), coeficiente médio de parentesco (AR) e níveis médios de endogamia ao nível populacional (F_{is}) para os rebanhos registrados da raça Mangalarga, separados por pelagens.....	40

LISTA DE FIGURAS

Figura 1. Estrutura organizacional do melhoramento genético de cavalos Mangalarga.....	34
Figura 2. Dendograma obtido pelo método de agrupamento UPGMA, a partir de dissimilaridade entre 13 pelagens de cavalos da raça Mangalarga utilizando a distância de Manhattan como medida de distância genética	39
Figura 3. Dendograma obtido pelo método de agrupamento UPGMA, a partir de dissimilaridade entre 13 pelagens de cavalos da raça Mangalarga utilizando a distância de Manhattan como medida de distância genética.....	42

1. INTRODUÇÃO

A raça Mangalarga é de origem brasileira. Sua formação ocorreu no Sul de Minas Gerais, a partir da introdução da genética de cavalos da Coudelaria de Áter no rebanho da fazenda Campo Alegre, que pertencia ao Barão de Alfenas. O resultado obtido foi tão positivo que vários criatórios de São Paulo adquiriram exemplares para introduzirem a genética em seus rebanhos (Almeida et al., 2021).

Os primeiros criadores de cavalos Mangalarga valorizavam mais a função exigida do que propriamente a conformação e beleza, tornando o rebanho funcionalmente superior, mas com grande heterogeneidade morfológica (Simões, 2014).

Visando a padronização do plantel, em 1934 foi fundada a Associação Brasileira de Criadores de Cavalos da Raça Mangalarga (ABCCRM). No início, para aumentar a variabilidade genética, decidiu-se registrar até mesmo animais sem origem conhecida, baseando-se no fenótipo e nas características funcionais (Prado, 2008). Assim, os criadores da raça passaram a seguir o padrão pré-estabelecido, direcionando a seleção.

Atualmente, a escolha dos animais dentro dos criatórios é norteada pela seleção dos indivíduos com base em premiações e desempenho em provas. Mas é possível que, como ferramenta de aperfeiçoamento, a seleção feita nestes moldes já não seja mais eficaz (Pereira et al., 2015), por se tratar de um método subjetivo e que sofre influência de fatores ambientais, como por exemplo, nutrição, treinamento, saúde, dentre outros. Assim, para maximizar o ganho genético nas populações sob seleção, é fundamental que sejam implementados programas de melhoramento que utilizem metodologias eficientes de avaliação genética, permitindo a identificação de combinações alélicas favoráveis.

Nesse sentido, o processo de melhoramento a partir da seleção em populações segregantes é diretamente proporcional à variabilidade genética disponível e à frequência de genótipos superiores existentes nas populações. Além de ser um pré-requisito para a seleção, a variabilidade genética é fundamental para os processos de evolução e sobrevivência de uma raça ou espécie, pois determina as características fisiológicas e morfológicas de um indivíduo, permitindo a sua adaptação às mudanças ambientais e do sistema produtivo.

CAPÍTULO I

3. REVISÃO DE LITERATURA

2.1 A raça Mangalarga

2.1.1 Histórico da raça Mangalarga

Com a chegada da família real portuguesa ao Brasil em 1808, foram trazidos para o país os melhores cavalos da Coudelaria de Álder. Gabriel Francisco Junqueira, o Barão de Alfenas, recebeu de presente do Príncipe Regente Dom Joao VI um potro da Coudelaria Real, que foi usado como garanhão em suas éguas, introduzindo genética “melhorada” e dando impulso à sua criação na fazenda Campo Alegre. Em decorrência do trabalho de seleção realizado pelo Barão de Alfenas, ele foi reconhecido como o principal formador da raça Mangalarga (Junqueira, 2004).

O início da seleção da raça deu-se na fazenda Campo Alegre, localizada no município de Cruzília, sul de Minas Gerais, e muitos animais produzidos lá foram adquiridos por criatórios dos estados de São Paulo e outras regiões de Minas Gerais. A disseminação da genética produzida pelo Barão de Alfenas se deu por membros da família Junqueira, irmãos do Barão e seus descendentes, bem como as ramificações da própria família. A famosa raça de equinos logo contagiou os criadores paulistas, que adotaram e a disseminaram por todo o estado de São Paulo e estados vizinhos. Tempos depois, os criadores introduziram na raça Mangalarga sangue de raças exóticas como a Árabe, Anglo Árabe, Puro Sangue Inglês e American Saddle Horse (Junqueira, 2004).

A busca por equinos de andamento cômodo, aptos para caçadas e lida com o gado, foi o marco para a seleção da raça Mangalarga, pois desde o início de sua formação foram selecionados animais para o serviço nas fazendas e práticas esportivas, que na época era principalmente a caçada a veados (prado et al., 2006). Dessa forma, os equinos Mangalarga, que apresentam andamento característico denominada marcha trotada, se tornaram uma excelente ferramenta de auxílio aos trabalhos dentro da pecuária de corte, acompanhando os deslocamentos dessa atividade pelas diferentes regiões do Brasil (Mota et al., 2006).

Os primeiros criadores de cavalos Mangalarga valorizavam mais a função exigida do que propriamente a conformação e beleza, tornando o rebanho funcionalmente

superior, mas com grande heterogeneidade morfológica (Simões, 2014). Visando a padronização do plantel, em 1934 foi fundada a Associação Brasileira de Criadores de Cavalos da Raça Mangalarga (ABCCRM). No início, para aumentar a variabilidade genética, decidiu-se registrar até mesmo animais sem origem conhecida, baseando-se no fenótipo e nas características funcionais (Prado, 2008). Assim, os criadores da raça passaram a seguir o padrão pré-estabelecido, direcionando a seleção.

A ABCCRM iniciou seus trabalhos para uniformização do plantel, estabelecendo o padrão racial. Elaborou comissões técnicas nos estados de São Paulo e Minas Gerais e realizou instruções para o registro genealógico dos animais que se enquadrassem dentro do padrão racial vigente (Prado, 2008).

Em consequência, com o passar do tempo as diferenças de biótipo foram minimizadas. Anos depois, em 1943, os membros da ABCCRM estabeleceram que somente se aceitariam filhos de progenitores já registrados (fechamento do livro) (Prado, 2008; Simões 2014).

Atualmente a ABCCRM vem conduzindo e orientando a seleção da raça Mangalarga, para manter suas características peculiares, principalmente no que se refere ao andamento, temperamento e rusticidade, enquadrando a raça no conceito de cavalo moderno de sela para trabalho e esporte (ABCCRM, 2022).

2.1.2 Padrão racial

A raça Mangalarga possui o quinto maior rebanho brasileiro, com média de 130.000 animais vivos registrados na associação, ficando atrás apenas das raças Mangalarga Marchador, Cavalo Nordestino, Quarto de Milha e Crioula (Lima e Cintra, 2016).

Os deslocamentos do cavalo do meio rural para o urbano e da pecuária de corte do sul e sudeste para o centro-oeste e norte do Brasil, contribuíram para que a raça Mangalarga estivesse presente em quase todo o país. Em 2018, foram identificados criatórios desta raça em 23 estados brasileiros e no Distrito Federal. O estado de São Paulo é detentor do maior rebanho, com 14.001 equinos registrados, seguido de Minas Gerais com 2.088 registros e Bahia com emissão de 859 registros definitivos (Almeida et al., 2021).

O cavalo Mangalarga é conhecido como cavalo de sela brasileiro, chamado assim devido ao seu andamento cômodo (Lima e Cintra, 2016). A raça apresenta características como docilidade, versatilidade, rusticidade, resistência e beleza, sendo considerados

animais destinados à sela, de porte mediano, aptos ao lazer, trabalho e esporte (Almeida et al., 2021).

O padrão racial da ABCCRM preconiza para os machos e fêmeas da raça altura mínima na cernelha de 1,50 m e 1,45 m, respectivamente, aos 36 meses de idade. Em sua harmonia geral deve ser retilíneo, mediolíneo e eumétrico, apresentando temperamento dócil e vivo (temperamento de cavalo de sela).

A marcha trotada é uma das principais características do cavalo Mangalarga (ABCCRM, 2022). Esse tipo de marcha corresponde ao andamento com apoio diagonal, bipedal de dois tempos, com tempo ínfimo de suspensão entre apoio, somente o suficiente para que se proceda a troca de membros. Esta particularidade garante comodidade e pouco atrito vertical deste andamento, conhecido também por ser progressivo e regular (Simões, 2014).

Logo no início da formação da ABCCRM, na avaliação dos animais, os criadores atentavam-se mais para a morfologia, já que a raça apresentava qualidade funcional, mas fenótipos diferentes. Com o passar do tempo, os animais evoluíram morfologicamente ao passo que diminuíram a qualidade funcional, que era uma das principais características da raça. A partir desse momento, a ABCCRM começou a fazer a avaliação em separado (morfologia e marcha), visando torná-los superiores nos dois quesitos (ABCCRM, 2022).

Além disso, para garantir maior qualidade zootécnica, na concessão de registro genealógico, os animais são avaliados duas vezes: nos primeiros meses de vida do potro (registro provisório) e após os animais alcançarem os 36 meses de idade (registro definitivo) (ABCCRM, 2022). Esse rigor é necessário no registro genealógico para assegurar a evolução da raça e aperfeiçoamento do padrão racial.

2.2 Pelagens

Na raça Mangalarga são admissíveis para obtenção do registro genealógico todas as pelagens, exceto a pseudoalbina, por apresentar maior sensibilidade à radiação solar, como também apalusa e persa, devido à ausência dessas pelagens nos ancestrais que deram origem à raça.

Apesar de os tipos de pelagem não influenciarem o desempenho dos equinos, existe maior interesse de parte dos proprietários por algumas pelagens, já que elas podem influenciar no valor econômico dos animais (Gonçalves et al., 2009).

A pelagem nos equinos divide-se em quatro categorias: simples e uniforme; simples com extremidades escuras; compostas; e conjugadas (Tabela 1). As pelagens

simples e uniformes caracterizam-se pela expressão de uma única coloração por todo o corpo, a exemplo das pelagens preta e alazã. A segunda categoria é representada pela pelagem simples com extremidades escuras, que apresenta pigmentos vermelhos ou amarelos no corpo, com coloração escura na crina, na cauda e nas extremidades dos membros, a exemplo das pelagens baia e castanha.

A terceira categoria é caracterizada pela interpolação de duas a três pigmentos distintos, em todo o corpo do animal, por exemplo, as pelagens tordilha, rosilha e lobuna. A última categoria é representada pelas pelagens conjugadas marcadas por malhas brancas em conjunto com outras pelagens, como observado na pelagem pampa (Rezende, 2007).

Tabela 1. Diferentes tipos de pelagens presentes em equinos da raça Mangalarga.

Pelagem	Características	Genes
Pelagem simples e uniforme		
Preta	Corpo, crina, cauda e extremidade dos membros pretos	BB ou Bb
Alazã	Corpo, crina, cauda e extremidades dos membros vermelhos	bb
Pelagem simples com extremidades pretas		
Castanha	Corpo vermelho com crina, cauda e extremidades dos membros pretos	B_AA ou B_Aa
Baia	Corpo amarelo com crina, cauda e extremidades dos membros pretos	B_A_DD ou B_A_Dd
Pelagem composta		
Tordilha	Interpolação de pelos brancos nas diversas pelagens, com aparecimento gradual, no sentido craniocaudal, modificando a pelagem original	GG ou Gg (epistasia)
Rosilho	Interpolação de pelos brancos nas diversas pelagens, menos evidenciado na cabeça, crina, cauda e extremidades dos membros	RR ou Rr
Lobuna	Interpolação de pelos amarelos e pretos	
Pelagem conjugada		
Pampa	Conjugação de malhas brancas despigmentadas, bem delimitadas, em qualquer outra pelagem	PP ou Pp

Fonte: Adaptada de Rezende (2007).

2.3 Melhoramento genético do cavalo

No passado, acreditava-se que para alcançar um tipo ideal de criação, seria necessário acasalar éguas e garanhões com tipos opostos, buscando produzir um animal com o biótipo ideal. Isso significava basicamente procurar garanhões em terras ou regiões distantes, com características desejadas e maior distanciamento genético, aproveitando os pontos positivos da heterose. Somente décadas depois, após a teoria da evolução de

Darwin, foi que ocorreu a introdução do conceito de que a seleção é uma das ferramentas para o aprimoramento das populações (Arnason e Van Vleck, 2000).

A seleção a partir do *pedigree* e testes de progênie começaram a ser utilizados gradualmente, após a criação do primeiro *Studbook* Puro Sangue, que organiza e guarda os registros genealógicos de uma determinada raça pura de animal doméstico. Isso possibilitou não só relacionar as informações de desempenho do próprio cavalo, mas também de seus familiares (Mota e Regitano, 2012).

Além disso, até o início do século passado, os cavalos eram usados com modelo em testes experimentais das teorias da herança. Nesse sentido, historicamente os principais conceitos introduzidos pela criação de cavalos foram: seleção de desempenho, introdução de um método preciso de identificação de um animal e seus parentes, importância dos machos e fêmeas no rebanho e o uso generalizado de acasalamentos planejados (Mota e Regitano, 2012).

Tradicionalmente as associações de criadores de cavalos consideram o *pedigree* como fator chave para selecionar seus animais, de modo que na maioria deles, o controle do rebanho é eficiente. Este fato remonta à abertura do primeiro Stud Book do mundo em 1791 (General Stud Book) para animais Puro Sangue Inglês. Ele foi a base para os outros livros, não só para cavalos, mas também para todas as outras espécies domésticas (Malhado et al., 2008).

Na maioria das raças que são estudadas usando como base os dados de pedigree, é possível rastrear a genealogia do animal até a quarta ou quinta geração (dependendo de quando a associação de criadores foi fundada), (Bowling e Ruvinsky, 2000).

Além disso, em raças equinas desenvolvidas para serem empregadas em muitas e distintas funções, como trabalho em fazendas, cavalgadas, julgamentos morfofuncionais, equoterapia, turismo equestre e esportes, os criadores buscam traços muito diferentes, dificultando a implementação de programas de melhoramento que abrangem todos os segmentos (Bowling e Ruvinsky, 2000). Raças brasileiras como o Mangalarga e o Mangalarga Marchador se enquadram nesta categoria.

2.4 Estrutura Organizacional

Geralmente, a estrutura de um programa de melhoramento genético de espécies ou raças utilizadas para produção animal é baseada numa pirâmide organizacional composta pelos rebanhos Núcleo, Multiplicador e Comercial (Alves, 1999).

O ápice da pirâmide representa os chamados rebanhos núcleos, nos quais se realiza o melhoramento genético por intermédio da seleção com intuito de maximizar o

progresso genético. Os animais produzidos neste estrato são disseminados para os rebanhos comerciais. Os multiplicadores, estrato intermediário, são aqueles criatórios onde se pratica pouca ou quase nenhuma seleção, mas que, por adquirirem animais do núcleo, possuem rebanhos de razoável qualidade genética e, por isso, vendem animais para reprodução (Alves, 1999).

Uma estrutura organizacional tradicional, geralmente com raças especializadas, apresenta um núcleo fechado, sem fluxo de genes dos estratos inferiores de rebanhos multiplicadores e comerciais. Neste tipo de estrutura, os registros de pedigree e desempenho são tomados nestes núcleos, e os genes de reprodutores avaliados são difundidos para os estratos inferiores. Nos núcleos abertos há troca de genes paternos e maternos entre eles e a população base (Lobo et al., 2012).

Valera et al. (2005) extraíram dados de 75.389 indivíduos (6.318 pertenciam a uma linhagem específica “Cartuxo”) do *studbook* do cavalo Andaluz e analisaram a estrutura organizacional da raça a fim de conhecer a história genética e, principalmente, avaliar sua variabilidade genética. Para isso, estratificaram o rebanho Andaluz de acordo com a origem e uso dos ganhões. Os autores não observaram presença de rebanhos núcleo nem isolados na raça. Além disso, 42,6% dos rebanhos foram classificados como multiplicadores, ou seja, que usavam seus próprios ganhões, mas também compravam e vendiam ganhões. Os demais rebanhos foram classificados como comerciais, que não vendiam reprodutores.

McManus et al. (2013) estudaram uma população de 10.441 animais da raça Pantaneiro, registrados na Associação Brasileira dos Criadores do Cavalo Pantaneiro (ABCCP) desde sua criação, em 1972, até agosto de 2009. De todos os rebanhos avaliados, 80 foram classificados como multiplicadores e 62 como comerciais, não sendo identificados rebanhos núcleo nem isolados.

Classificando o rebanho piauiense da raça ovina Santa Inês quanto a sua estrutura, Rego Neto et al. (2014) observaram que 56,8% dos rebanhos eram multiplicadores (estrato intermediário da pirâmide) e 43,2% rebanho comercial (base da pirâmide), não apresentando nenhum rebanho núcleo (ápice da pirâmide), nem rebanho isolado. De acordo com os autores, a falta de rebanhos núcleo implica em ausência de melhoramento genético da raça no estado e, conseqüentemente, menor desempenho produtivo e retorno econômico aos criadores, o que pode ter contribuído para a substituição da raça Santa Inês por raças exóticas, já melhoradas geneticamente para produção de carne.

2.5 Diversidade genética dos equinos

A diversidade genética se refere a toda variação biológica hereditária acumulada durante o processo evolutivo, gerada, fundamentalmente, por mutação na sequência nucleotídica durante a replicação do DNA. As variações genéticas intraespecíficas são investigadas para compreender as relações entre indivíduos e populações de cada espécie. Portanto, quando o interesse é saber qual o parentesco entre indivíduos, se existe ou não fluxo gênico entre populações ou qual o *status* de conservação de uma espécie em particular, estuda-se a variação genética (Silva Filho et al., 2007).

A diversidade genética é importante para a sobrevivência das espécies e raças, por facilitar a adaptação às mudanças necessárias e imprevistas para o desenvolvimento dos sistemas de produção, assim como para a evolução das espécies. Além disso, a diversidade genética é fundamental para o melhoramento genético, pois é a partir dela que ocorre a identificação de animais que possuem combinações alélicas favoráveis. Dessa forma, um dos elementos chave para estratégias de melhoramento e conservação deve ser a caracterização genética das raças e populações, de modo a fornecer um quadro geral da diversidade genética existente (Vieira et al., 2012).

Atualmente existe uma conscientização sobre a importância das raças domésticas na biodiversidade mundial, devido aos genes e combinações gênicas que estes possuem e que poderão ser úteis futuramente na pecuária. Deste modo, a visão atual é a de manter a diversidade genética máxima de cada espécie, visando o desenvolvimento de sistemas de produção sustentáveis, uma vez que não é possível prever com objetividade quais características podem ser necessárias no futuro (Egito, 2007).

Deve-se levar em consideração que cruzamentos preferenciais com indivíduos considerados superiores e os trabalhos de seleção impostos pelo homem têm ocasionado erosão genética em muitas populações, sem que haja uma reposição dos alelos que estão sendo perdidos. (Egito, 2007).

Desta forma, técnicas capazes de detectar variações genéticas têm sido utilizadas em diferentes estudos para desvendar, com maior acurácia, o estado atual de diferentes espécies, auxiliando decisões relativas à manutenção e ao manejo destas populações, visando otimizar a variabilidade genética existente e sua utilização (Pereira, 2004).

2.6 Estrutura genética populacional

O conhecimento da estrutura populacional é o primeiro passo para o desenvolvimento de estratégias de seleção. No entanto, é necessário melhor

monitoramento, que leve ao aumento do tamanho efetivo da população, sem reduzir o progresso genético (Teegen et al., 2009).

A avaliação da estrutura genética das populações visa reconhecer a existência de heterogeneidades nas distribuições das frequências genotípicas e alélicas. Ela pode ser feita com a utilização de marcadores moleculares ou a partir de dados do *pedigree*. A vantagem de se utilizar dados do *pedigree* é que se trata de uma ferramenta simples e de baixo custo (Malhado et al., 2008).

Para garantir a precisão das estimativas dos parâmetros, deve-se utilizar um banco de dados estruturado, pois dados de *pedigree* ausentes podem diminuir ou mesmo descartar algumas relações entre os animais e, conseqüentemente, reduzir o poder dos modelos genéticos utilizados para as avaliações (Teegen et al., 2009).

Estudos acerca da estrutura genética de uma população incluem investigações sobre estatística F de Wright, distância genética, coeficiente de endogamia, coeficiente médio de parentesco e contribuição genética do rebanho (Bussiman et al., 2018).

2.6.1 Estatística F Wright

Dentre os parâmetros utilizados para a caracterização da estrutura genética de uma população está a estatística F (Wright, 1978), que emprega coeficientes de endocruzamento para descrever a partição da variação genética intra e interpopulacional (Mcmanus et al., 2011). Estes coeficientes estão descritos a seguir:

- Índice de Fixação dentro das populações (F_{is}): mensura a redução da heterozigotia de um indivíduo devido à ocorrência de acasalamentos não aleatórios na sua subpopulação (Mcmanus et al., 2011). Valores de $F_{is} > 0$ indicam a ocorrência de acasalamentos endogâmicos, enquanto valores de $F_{is} < 0$ indicam que a frequência de acasalamentos entre indivíduos não aparentados é maior, resultando em excesso de heterozigotos;
- Índice de fixação referente à população total (F_{it}): mede a redução da heterozigosidade do indivíduo em relação à população total/metapopulação (todas as subpopulações combinadas), ou seja, mede a consanguinidade global dentro de uma raça. Os valores de F_{it} variam entre -1 e 1, sendo que $F_{it} < 0$ indica a ocorrência de seleção a favor dos heterozigotos, enquanto $F_{it} > 0$ é indicativo de seleção contra heterozigotos, sugerindo a ocorrência de endogamia;

- Índice de fixação entre subpopulações (F_{st}): mede a redução da heterozigosidade das subpopulações que formam a metapopulação, sendo utilizado como estimativa de diferenciação genética entre subpopulações. Valores de F_{st} próximos a zero indicam que não há diferenciação entre as subpopulações, enquanto valores próximos a 1 indicam a ocorrência de fixação de diferentes alelos nas subpopulações avaliadas, a ponto de torná-las divergentes geneticamente.

Reis Filho et al. (2010), avaliando a estrutura populacional de bovinos Gir leiteiros no Brasil, encontraram nas estimativas da estatística F de Wright, $F_{it} = 0,0188$, $F_{st} = 0,023$ e $F_{is} = -0,0057$. O valor negativo de F_{is} observado no estudo foi atribuído aos touros, pois 61,7% dos 26 rebanhos analisados usavam touros do próprio rebanho. Valores que são negativos e próximos de zero indicam uma ligeira predominância de acasalamentos entre subpopulações. O baixo valor de F_{st} indicou a falta de estruturação da população.

Em um estudo realizado com galinhas crioulas Canela-Preta, objetivando caracterizar geneticamente e avaliar a estrutura populacional de plantéis em três municípios no estado do Piauí, foi observado a partir das estatísticas F de Wright que, no geral, as aves estudadas formaram subgrupos genéticos com correspondência aos seus respectivos municípios, mas com baixa diferenciação genética entre si, como observado no valor de F_{st} (0,029). Este resultado indica que os diferentes plantéis pertencem a um mesmo grupo genético. O valor médio de fixação F_{is} (0,303) dos plantéis indicou *déficit* global de heterozigosidade. O valor de F_{it} (0,283) indicou um favorecimento de homozigose nos plantéis, podendo evidenciar genes derivados de um ancestral comum (Carvalho et al., 2016).

Na raça brasileira bovina Crioula Lageana (*Bos taurus*), a estatística F de Wright indicou baixas distâncias genéticas entre subpopulações em relação à população total ($F_{st} = 0,0015$), entre indivíduos em relação à sua subpopulação ($F_{is} = -0,0027$) e entre indivíduos em relação à população total ($F_{it} = -0,0012$). Neste estudo, foram avaliadas subpopulações pertencentes a três municípios do estado de Santa Catarina-BR. O valor de F_{st} foi próximo de zero, demonstrando uma diferenciação mínima entre subpopulações. Encontrou-se F_{is} abaixo de zero, indicando maior frequência de acasalamentos entre animais não aparentados, o que pode ter contribuído para o aumento do número de indivíduos heterozigotos (Pezzini et al., 2018).

Ao investigar a diversidade genética da população total de cavalos da raça Andaluz e a linhagem Cartuxo, Valera et al. (2005) observaram, F_{st} de 0,000026. Este resultado indica que não há diferenciação entre a linhagem Cartuxo e o restante da população avaliada, tratando-se do mesmo grupo genético.

McManus et al. (2013) observaram na raça equina Pantaneira valor de F_{it} próximo a zero (- 0.0002), sinalizando que há pouca diferenciação entre animais desta raça, criados em diferentes municípios. Além disso, o valor de F_{st} foi semelhante para todos os municípios avaliados. Já os valores do F_{is} indicaram que há heterozigosidade nas fazendas (- 0.0027).

Maciel et al. (2014), em estudo com 341.616 animais da raça de equino Crioula Brasileira, encontraram F_{st} de 0.000520, F_{is} de 0.003704 e F_{it} de 0.004222. De acordo com os autores, não houve diferenciação genética significativa entre os estados da federação onde os animais são criados, quando consideradas como subpopulações. Considerando o rebanho como um todo, o nível de endogamia (F_{is}) foi zero, indicando que os níveis de variabilidade genética do lote são altos, pois esses valores indicam um excesso de heterozigotos.

2.6.2 Endogamia

O coeficiente médio de endogamia (F) de um indivíduo é definido como a probabilidade de que ambos os alelos de um *locus*, escolhido aleatoriamente, sejam idênticos por descendência. Esse tem sido um dos parâmetros mais utilizados para quantificar a taxa da deriva genética (Falconer e Mackay, 1996).

O efeito primário da endogamia é provocar o surgimento de mais pares de genes em homozigose, diminuindo concomitantemente a porcentagem de heterozigotos, ocasionando a manifestação de genes recessivos (Maciel et al., 2014).

Avaliando o efeito da endogamia sobre características reprodutivas em um rebanho da raça Mangalarga Marchador, Gonçalves et al. (2012) encontraram F de 1,45%. A partir dos resultados obtidos, os autores concluíam que os acasalamentos endogâmicos não vêm comprometendo as características reprodutivas do rebanho.

Já em um trabalho com cavalos Crioulo Brasileiro, observou-se F de 0,88%. A análise foi baseada em dados genealógicos da Associação Brasileira de Criadores de Cavalos Crioulos (ABCCC), envolvendo uma população de 341.616 animais, todos registrados (provisório e definitivo) pela associação desde sua fundação até 8 de abril de 2011 (Maciel et al., 2014). Esses autores observaram que estava ocorrendo aumento da

endogamia a cada geração, ficando ainda mais evidente esse aumento na quarta geração completa, onde 96,58% dos animais possuíam algum grau de endogamia e o F na última geração avaliada foi de 2,78%.

Medeiros et al. (2014) avaliaram dados de *pedigree* da raça Brasileiro de Hipismo e observaram F de 0,24% para 34.393 cavalos da raça presentes no banco de dados da Associação Brasileira de Criadores de Cavalos Esportivos. Ao considerar apenas cavalos nascidos até 1995, o F foi de 0,15%. Já para animais nascidos entre 1996 e 2011 apresentaram valor de 0,6%. Entre 1996 e 2011 1.444 animais apresentaram endogamia superior a 0,5%, com endogamia média de 3,33%

Em estudo avaliando a diversidade genética na população de cavalos de arreios holandeses, através de dados de *pedigree*, Schurink et al. (2011) observaram em um grupo de 54.170 indivíduos, um coeficiente médio de endogamia de 5,3%. Esse estudo foi desenvolvido com o intuito de verificar se as ações estabelecidas no *studbook* estavam sendo eficazes em diminuir a endogamia desses animais. Os autores concluíram que tais ações eram eficazes, pois desde o ano de 2009 que não ocorria aumento de F no rebanho.

Bonilla et al. (2020) encontraram F de 12,5% em estudo com a raça Puro Sangue Inglês. Os autores registraram depressão endogâmica significativa em todas as características morfológicas avaliadas no trabalho, independentemente da pressão de seleção aplicada.

Estudos indicam que níveis acima de 10% de coeficiente de endogamia podem causar efeitos deletérios (Paiva et al., 2011; Toro et al., 2011; Tino et al., 2020). Breda et al. (2004) observaram que as populações de menor tamanho apresentaram os maiores coeficientes de endogamia. Isso ocorre pela maior probabilidade de acasalamentos entre os indivíduos aparentados nessas populações, em comparação com as de maior tamanho efetivo.

2.6.3 Coeficiente médio de parentesco (AR)

O AR de cada indivíduo é definido como a probabilidade de que um alelo escolhido aleatoriamente de toda a população no *pedigree* pertença a um determinado animal. O uso preferencial de reprodutores com AR mais baixos é esperado para equilibrar a contribuição dos fundadores a nível populacional, controlando assim o aumento da endogamia (Valera et al., 2005).

Segundo Gutierrez e Goyache (2005), as vantagens do uso do AR são que este parâmetro pode ser usado como medida de endogamia em toda a população, pois leva em

consideração tanto os coeficientes de endogamia quanto os de coancestria, além disso, pode ser usado como um índice para manter o estoque genético inicial, selecionando animais com o menor valor de AR para reprodutores, pois quanto maior o AR, maior a homozigose por descendência.

O valor médio de AR encontrado para a população de cavalos Andaluz foi de 12,25%, o que segundo Valera et al. (2005) está ligado ao uso abusivo de garanhões da linhagem Cartuxo até o último quarto do século XX. Para eles, uma alternativa interessante para a diminuição desse valor é o uso na reprodução de indivíduos da linhagem Cartuxo com menor valor de AR, para manter a variabilidade genética da raça.

Głazewska e Jezierski (2004) observaram na raça equina Árabe, criados na Polônia, valor para AR de 7,751%. Segundo os autores, esse resultado foi duas vezes maior do que o encontrado em outros artigos, podendo estar relacionado com menor quantidade de gerações que os demais trabalhos avaliaram.

Na raça Campolina foi observado AR de 2,2%. Segundo os autores, esse valor mais baixo, quando comparado a outros estudos com a mesma espécie, deve-se ao fato de que nessa raça foram usados animais com genealogia desconhecida, contribuindo para maior variabilidade genética na raça (Bussiman et al., 2018).

3. OBJETIVOS

3.1 Geral

Avaliar a estrutura populacional e a diversidade genética dentro e entre diferentes populações da raça Mangalarga.

3.2 Específicos

- Descrever a estrutura organizacional do rebanho da raça Mangalarga;

- Avaliar a diversidade genética dentro e entre grupos de cavalos Mangalarga criados em diferentes estados brasileiros;
- Avaliar a diversidade genética dentro e entre grupos de cavalos Mangalarga possuidores de diferentes pelagens;
- Avaliar a contribuição genética das subpopulações para a diversidade total da raça;
- Estimar os índices de fixação de Wright;
- Avaliar a distância genética entre as diferentes subpopulações;
- Avaliar o coeficiente de parentesco médio (AR) de cada indivíduo na população;
- Avaliar o coeficiente de endogamia (F).

4. REFERÊNCIAS

ABCCRM, ASSOCIAÇÃO DOS CRIADORES DE CAVALO DA RAÇA MANGALARGA. Serviço de Registro Genealógico (SRG). Disponível em: <https://www.cavalomangalarga.com.br/documentos/Regulamentosrg2021.pdf>. Acesso em: 07 julho. 2022.

ALMEIDA, J.A.T; SANTIAGO J.M.; GONZAGA, I.V.F.; NASCIMENTO, CAMS; MIRANDA, M.B.R e PINTO, A.P.G, 2021. Temporal analysis of demographic and biometric parameters of the Mangalarga breed. *Ciência Rural*, v. 51. <http://doi.org/10.1590/0103-8478cr20200697>

ALVES, Rafael Geraldo de Oliveira et al. Disseminação do melhoramento genético em bovinos de corte. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v. 28, p. 1219-1225, 1999.

ARNASON, Th; VAN VLECK, L. Dale. Genetic improvement of the horse. 2000.

BOWLING, Ann T.; RUVINSKY, Anatoly (Ed.). The genetics of the horse. 2000.

BREDA, F. C. et al. Endogamia e limite de seleção em populações selecionadas obtidas por simulação. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v. 33, p. 2017-2025, 2004.

BUSSIMAN, F et al. Pedigree analysis and inbreeding effects over morphological traits in campolina horse population. *Animal*, 12(11), 2246-2255, 2018. doi:10.1017/S175173111800023X.

CARVALHO, Débora Araújo de et al. Caracterização genética e estrutura populacional de galinhas crioulas Canela-Preta. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 51, p. 1899-1906, 2016.

DA SILVA FILHO, Ednaldo; SCHNEIDER, Maria Paula Cruz; DA SILVA, Artur Luiz da Costa. Variabilidade Genética de Cavalos baseada em DA Microssatélites. *Revista Trópica–Ciências Agrárias e Biológicas*, v. 1, n. 1, p. 76, 2007.

EGITO, Andréa Alves do. Diversidade genética, ancestralidade individual e miscigenação nas raças bovinas no Brasil com base em Microssatélites e Haplótipos de DNA Mitocandrial: para a conservação. 2007.

FALCONER, D.S., MACKAY, F.C.T., 1996. *Introduction to quantitative genetics*, Fourth ed. Longman Group Ltd., Harlow, Essex, England.

GŁAŻEWSKA, I; JEZERSKI, T. 2004. Pedigree analysis of Polish Arabian horses based on founder contributions. *Livestock Production Science*, v. 90, n. 2-3, p. 293-298.

GONÇALVES, R. W., COSTA, M. D., REZENDE, A. S. C., ROCHA JÚNIOR, V. R., & LEITE, J. R. A. 2012. Efeito da endogamia sobre características morfométricas em cavalos da raça Mangalarga Marchador. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, 64, 419-426. GONÇALVES, R. W. et al. Efeito da endogamia sobre características morfométricas em cavalos da raça Mangalarga Marchador. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, v. 64, p. 419-426, 2012.

GUTIERREZ, J. P.; GOYACHE, F. ENGOG: programa de computador voltado para análise de informações de *pedigree*. *Jornal de Genética e Procriação animal*, 122; 172-176, 2005.

JUNQUEIRA, J. F. F. Os cavalos de João Francisco Diniz Junqueira- São Paulo: Via impressa Edições de Arte, 2004. 175p.

LIMA, R.A.S e CINTRA A.G, 2016. Revisão do estudo do complexo do agronegócio do cavalo. Brasília: MAPA.

MACIEL, F. C., BERTOLI, C. D., BRACCINI NETO, J., COBUCI, J. A., PAIVA, S. R., & MCMANUS, C. M. (2014). Population structure and genealogical analysis of the Brazilian Crioula Horse. *Animal Genetic Resources/Ressources Génétiques animales/Recursos Genéticos Animales*, 54, 115–125. doi:10.1017/s2078633613000489

MALHADO, C. H. M; RAMOS, A. D. A; CARNEIRO, P. L. S; AZEVEDO, D. M. M. R., MARTINS FILHO, R; SOUZA, J. C. D. (2008). Melhoramento e estrutura populacional em bubalinos da raça Mediterrâneo no Brasil. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 43, 215-220. MCMANUS, Concepta et al. *Estatísticas para descrever Genética de Genética de Populações*, 2011.

MCMANUS, C; SANTOS, S. A; DALLAGO, B. S. L; PAIVA, S. R; MARTINS, R. F. S; BRACCINI NETO, J; ABREU, U. G. P. D. 2013. Evaluation of conservation program for the Pantaneiro horse in Brazil. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 42, 404-413. MCMANUS, Concepta et al. Evaluation of conservation program for the Pantaneiro horse in Brazil. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v. 42, p. 404-413, 2013b.

MEDEIROS, B. R; BERTOLI, C. D; GARBADE, P; MCMANUS, C. M. 2014. Brazilian Sport Horse: pedigree analysis of the Brasileiro de Hipismo breed. *Italian Journal of Animal Science*MEDEIROS; BERTOLI; GARBADE; MCMANUS (2014) Brazilian Sport Horse: Pedigree Analysis of the Brasileiro de Hipismo Breed, *Italian Journal of Animal Science*, 13:3, 3146, DOI: 10.4081/ijas.2014.3146

MOTA, M. D. S.; REGITANO, L. C. A. Some Peculiarities of Horse Breeding. *Livestock Production*, v. 2007, p. 33-46, 2012.

MOTA, M. D. S.; PRADO, R.S. de A.; SOBREIRO, J. Caracterização da população de cavalos Mangalarga no Brasil. *Archivos de Zootecnia*, v. 55, n. 209, p. 31-37, 2006.

PEREIRA, G. L; REGATIERI, I. C; DE CAMARGO FERRAZ, G; DE QUEIROZ NETO, A; CURI, R. A. (2015). Perspectivas do uso de marcadores moleculares no melhoramento genético de equinos de corrida da raça Quarto de Milha. *Veterinária e Zootecnia*, 22(3), 347-369.

PEREIRA, Jonas Carlos Campos. Melhoramento genético aplicado à produção animal. 4. ed. Belo Horizonte: FEPMVZ Editora, 2004.

PEZZINI, T; MARIANTE, A. S; MARTINS, E; PAIVA, S; SEIXAS, L; COSTA J.R; MCMANUS, C. 2018. Population structure of Brazilian Crioula lageana cattle (*Bos taurus*) breed.PEZZINI, Tomaz et al. Population structure of Brazilian Crioula lageana cattle (*Bos taurus*) breed. *Revista Colombiana de Ciencias Pecuarias*, v. 31, n. 2, p. 93-102., 2018.

- PRADO, R. S. A. Raízes Mangalarga. São Paulo: Empresa das Artes, 2008. 259p
- REGO NETO, A. D. A; SARMENTO, J. L. R; SANTOS, N. P. D. S; BIAGIOTTI, D; SANTOS, G. V. D; CAMPELO, J. E. G; FIGUEIREDO FILHO, L. A. S. 2014. Estrutura e distribuição geográfica do rebanho de ovinos Santa Inês no Estado do Piauí. REGO NETO, Aurino de Araújo et al. Estrutura e distribuição geográfica do rebanho de ovinos Santa Inês no Estado do Piauí.. Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal, v. 15, p. 272-280., 2014.
- REIS FILHO, J. C; LOPES, P. S; VERNEQUE, R. D. S; TORRES, R. D. A; TEODORO, R. L; CARNEIRO, P. L. S. 2011. Population structure of Brazilian Gyr dairy cattle. Revista REIS FILHO, João Cruz et al. Population structure of Brazilian Gyr dairy cattle. Revista Brasileira de Zootecnia [online] v. 39, n. 12 [Accessed 21 July 2022], pp. 2640-2645. Available from: <<https://doi.org/10.1590/S1516-35982010001200012>>. Epub 26 Jan 2011.
- REZENDE, A. S. C.; COSTA, M. D, 2007. **Pelagem dos equinos: nomenclatura e genética**. 2 ed., Belo Horizonte, Minas Gerais.
- SCHURINK, A., ARTS, D. J. G., & DUCRO, B. J. 2012. Genetic diversity in the Dutch harness horse population using pedigree analysis. *Livestock Science*, 143(2-3), 270–277. doi:10.1016/j.livsci.2011.10.00.
- SIMÕES, Fausto. Mangalarga e o Cavalo de Sela Brasileiro. 4. ed. São Paulo, SP: Editora dos Criadores, 2014. 260p
- TEEGEN R.; EDEL C.; THALLER G. 2009. Population structure of the Trakehner Horse breed. *Animal*. 2009 Jan;3(1):6-15. doi: 10.1017/S1751731108003273. PMID: 22444167.
- VALERA, M., MOLINA, A., GUTIÉRREZ, J. P., GÓMEZ, J., & GOYACHE, F. (2005). Pedigree analysis in the Andalusian horse: population structure, genetic variability and influence of the Carthusian strain. *Livestock Production Science*, 95(1-2), 57–66. doi:10.1016/j.livprodsci.2004.12
- VIEIRA, J. N; TEIXEIRA, C. S; RODRIGUES, S. G; GERALDO, E; COELHO, A; KUABARA, M. Y; OLIVEIRA, D. A. A. 2022. Diversidade Genética de Búfalos de Pântano brasileiros (Bubalus bubalis var. Kerebau), raça Carabao. IX Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal. VIEIRA, Juliana Nobre et al, 2012. Diversidade Genética de Búfalos de Pântano brasileiros (Bubalus bubalis var. Kerebau), raça Carabao. IX Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal. João Pessoa-PB, v. 22.
- WRIGHT S, Evolution and the genetics of populations: Vol. 4. Variability within and among natural populations. University of Chicago Press: Chicago, 1978.

CAPÍTULO II

ESTRUTURA POPULACIONAL E DIVERSIDADE GENÉTICA DA RAÇA MANGALARGA

(Artigo formatado de acordo com as normas da Revista Brasileira de Zootecnia, exceto posição das tabelas e figuras)

RESUMO

Objetivou-se com o estudo avaliar a diversidade genética dentro e entre diferentes populações da raça Mangalarga, assim como descrever a estrutura organizacional do rebanho. Foram utilizadas informações genealógicas de equinos da raça Mangalarga, nascidos entre 1919 e 2018, obtidas a partir do banco de dados do sistema de registro genealógico da Associação brasileira de criadores de cavalo Mangalarga (ABCCRM). Após a exclusão das informações inconsistentes, obteve-se um arquivo com dados de 206.426 animais. Para avaliar a estrutura organizacional da raça, considerou-se cada estado brasileiro onde há registros de cavalos Mangalarga como uma subpopulação. A origem e o uso dos reprodutores foram utilizados como parâmetros para classificar as subpopulações nos seguintes estratos: Núcleo, Multiplicador I, Multiplicador II, Comercial I, Comercial II e Isolado. Em uma segunda análise, além dos estados brasileiros, as diferentes pelagens encontradas na raça também foram consideradas como subpopulações. Assim, foram estimados os índices de fixação de Wright, e para obter a distância genética entre as subpopulações utilizou-se a Distância Mínima de Nei. Para tanto, os dados de *pedigree* foram submetidos ao software ENDOG 4.6. Além disso, o coeficiente de parentesco médio (AR) de cada indivíduo na população foi calculado, assim como o coeficiente de endogamia (F). **Estados brasileiros como subpopulações** - Dos 26 estados, a raça Mangalarga está presente em 22 mais o Distrito Federal. Desses, 63,63% foram classificados como rebanhos multiplicadores e 36,36% foram classificados como rebanhos comerciais. O valor médio estimado para Fis foi de 0,009379, Fit de 0,010606 e Fst de 0,001239. A média de F para a população total foi de 2,5%, já o AR foi de 2,29%. O dendrograma gerado a partir da distância de Nei reuniu os estados brasileiros em dois grupos com maior dissimilaridade genética, o grupo I foi formado pelo estado do Amapá e o grupo II pelos demais estados. **Pelagens como subpopulações** - A pelagem alazã foi responsável por 72,72% da contribuição genética de todas as pelagens. O valor médio estimado para Fis foi de 0,009647, Fit de 0,010641 e Fst foi de 0,001003. O valor médio de F foi de 1,03% e o AR de 0,997%. A partir do dendrograma obtido pelo método de agrupamento UPGMA observou-se organização das pelagens em dois grandes grupos com maior semelhança genética, o grupo I foi formado pelas pelagens pampa de alazã e pampa de preta e o grupo II formado pelas pelagens castanha, lobuna, pampa de baia, preta, rosilha, tordilha, pampa de tordilha, alazã amarela, pampa de castanha e alazã. Conclui-se que a maioria dos estados brasileiros possuem rebanhos multiplicadores da raça Mangalarga, além de parcela significativa de rebanhos comerciais, não existindo rebanhos núcleo, isolados. Assim a estrutura organizacional de melhoramento genético da raça Mangalarga não possui formato piramidal. Nas subpopulações da raça, constituídas pelos estados brasileiros e pelas diferentes pelagens, não há excesso de homozigose, a taxa de endogamia na população global é baixa, assim como não há diferenciação genética entre as subpopulações analisadas.

Palavra-chave: equino, estatística F Wright, pelagens, *pedigree*

ABSTRACT

The objective of the study was to evaluate the genetic diversity within and between different populations of the Mangalarga breed, as well as to describe the organizational structure of the herd. Genealogical information of horses of the Mangalarga breed, born between 1919 and 2018, obtained from the database of the genealogical record system of the Brazilian Association of Mangalarga Horse Breeders (ABCCRM) was used. After excluding inconsistent information, a file was obtained with data from 206,426 animals. To assess the organizational structure of the breed, each Brazilian state where there are records of Mangalarga horses was considered as a subpopulation. The origin and use of the breeders were used as parameters to classify the subpopulations in the following strata: Nucleus, Multiplier I, Multiplier II, Commercial I, Commercial II and Isolated. To assess the genetic variation, we first considered each Brazilian state where there are records of Mangalarga horses as a subpopulation. In a second analysis, the different coats found in the breed were considered as subpopulations. Thus, the Wright fixation indexes were estimated, and the Nei Minimum Distance was used to obtain the genetic distance between the subpopulations. For that, the pedigree data were submitted to the ENDOG 4.6 software. In addition, the average relationship coefficient (AR) of each individual in the population was calculated, as well as the inbreeding coefficient (F). Of the 26 Brazilian states, the Mangalarga breed is present in 22 plus the Federal District. Of these, 63.63% were classified as multiplying herds and 36.36% were classified as commercial herds. The estimated mean value for Fis was 0.009379, Fit of 0.010606 and Fst of 0.001239. The average of F for the total population was 2.5%, whereas the AR was 2.29% considering each state a subpopulation. The dendrogram generated from the Nei distance grouped the Brazilian states into two groups with greater genetic dissimilarity. The sorrel coat was responsible for 72.72% of the genetic contribution of all coats. The estimated mean value for Fis was 0.009647, for Fit 0.010641 and for Fst 0.001003. The average value of F was 1.03% and the AR was 0.997%, considering each coat a subpopulation. From the dendrogram obtained by the UPGMA grouping method, it was observed that the coats were organized into two large groups with greater genetic similarity. From the analysis of the pedigree information of the Mangalarga horse, an organizational structure different from that of most production animals was obtained, with no core herd. Inbreeding is under control in the herd. Furthermore, the Fis and Fit fixation indices indicated that there is no excess homozygosity occurring among the subpopulations. The Fst showed that there is low genetic differentiation for the total population.

Keywords: horse, f statistic, coat, pedigree

1. INTRODUÇÃO

A raça Mangalarga foi formada a partir da busca por equinos de andamento cômodo, aptos para caçadas e lida com o gado. Devido à habilidade esportiva e andamento específico, a raça logo se expandiu entre os criadores paulistas, que a disseminaram por São Paulo e estados vizinhos (Junqueira, 2004). Em 1934 foi fundada a Associação Brasileira de Criadores de Cavalos da Raça Mangalarga (ABCCRM), pois com o crescimento da raça veio a necessidade de padronizar o rebanho.

De acordo com Almeida et al. (2021), em 2018 foram identificados criatórios da raça Mangalarga em 23 estados brasileiros e no Distrito Federal. O estado de São Paulo é detentor do maior rebanho da raça (75,71% dos indivíduos), seguido de Minas Gerais (11,29%) e Bahia (4,64%). Percebe-se que apenas dois estados da região sudeste (São Paulo e Minas Gerais) possuem 87% do rebanho registrado. Em adição, os autores observaram que independente do estado, houve predomínio da pelagem alazã, presente em 72,7% do rebanho. A concentração dos equinos Mangalarga no estado de São Paulo e a alta frequência de uma única pelagem no rebanho suscita questionamentos sobre a diversidade genética da população.

Estudos sobre a diversidade genética têm sido de grande importância em programas de melhoramento e conservação das raças, por fornecerem informações sobre caracteres de identificação de animais geneticamente superiores e sobre a endogamia, contribuindo para a tomada de decisões em relação à gestão genética (Assis et al., 2018). Entre as ferramentas utilizadas para o estudo da diversidade genética está a estatística F (Wright, 1978), que emprega coeficientes de endocruzamento para descrever a partição da variação genética intra e interpopulacional.

Em programas de melhoramento genético animal, geralmente há uma estruturação organizacional dos rebanhos em três estratos, formando um arranjo piramidal. A cadeia de fornecimento genético começa no topo da pirâmide, no rebanho núcleo, onde é realizada a seleção intensiva das características economicamente importantes. Na sequência, estão os rebanhos multiplicadores e na base estão os animais comerciais, que consistem no produto (Guimarães, 2017). Apesar da importância deste tema, estudos sobre a estruturação e o sentido do fluxo gênico entre os diferentes estratos dos programas de melhoramento de equinos são escassos.

Objetivou-se com esse trabalho descrever a estrutura organizacional do rebanho da raça Mangalarga e avaliar a estrutura populacional e a diversidade genética da raça dentro e entre os estados brasileiros, assim como dentro e entre as diferentes pelagens.

2. MATERIAL E MÉTODOS

Dados de *Pedigree*

Foram utilizadas informações genealógicas de equinos da raça Mangalarga, nascidos entre 1919 e 2018, obtidas a partir do banco de dados do sistema de registro genealógico da ABCCRM. Os dados foram organizados em uma planilha eletrônica, considerando-se as seguintes informações: identificação, sexo e data de nascimento do indivíduo, identificação do pai e da mãe, estado da federação e pelagem.

Em seguida, realizou-se uma análise para a detecção de possíveis erros que pudessem comprometer a confiabilidade das estimativas. Após a exclusão das informações inconsistentes, obteve-se um arquivo com dados de 206.426 animais.

Análises Estatísticas

Após edição, os dados de *pedigree* foram submetidos ao *software* ENDOG 4.6 (Gutiérrez e Goyache, 2005)

Para avaliar a estrutura organizacional da raça Mangalarga, considerou-se cada estado brasileiro onde há registros de cavalos Mangalarga como uma subpopulação. A origem e o uso dos reprodutores foram utilizados como parâmetros para classificar as subpopulações nos seguintes estratos: Núcleo (rebanhos que utilizam apenas reprodutores próprios e que os comercializam), Multiplicador I (utilizam reprodutores externos ou do próprio rebanho e vendem reprodutores), Multiplicador II (utilizam somente reprodutores adquiridos de outros rebanhos e não os comercializam), Comercial I (utilizam reprodutores externos e internos e não os comercializam), Comercial II (não utilizam reprodutores internos, apenas os adquiridos de outros estados e não os comercializam) e Isolado (utiliza reprodutores próprios e não os comercializa).

Para avaliar a variação genética da raça Mangalarga, primeiramente, considerou-se cada estado brasileiro onde há registros de cavalos Mangalarga como uma subpopulação. Em uma segunda análise, consideraram-se as diferentes pelagens encontradas na raça como subpopulações.

A contribuição genética de subpopulações para a diversidade total foi estimada de acordo com Caballero e Toro (2002), a partir da seguinte fórmula:

$$\bar{f} = \frac{\sum_{i,j=1}^n f_{ij} N_i N_j}{N_T^2} = \frac{\sum_{i=1}^n f_{ii} N_i}{N_T} - \bar{D} = \sum_{i=1}^n \frac{N_i}{N_T} f_{ii} - \frac{\sum_{j=1}^n D_{ij} N_j}{N_T}$$

Onde f_{ij} é a média dos pares de coancestria entre os indivíduos das subpopulações i e j , incluindo todos os pares $N_i \times N_j$ e f_{ii} a coancestria média de pares dentro da subpopulação i e onde D_{ij} é a distância genética (Nei, 1987).

A distância genética entre as subpopulações foi estimada a partir da Distância Mínima de Nei, utilizando-se a seguinte equação:

$$D_{ij} = D_{ij} - [(D_{ii} + D_{jj})/2] = [(f_{ii} + f_{jj})/2] - f_{ij}$$

Os índices de fixação ou estatística F de Wright foram calculados a partir das seguintes fórmulas:

$$Fis = \frac{\bar{F} - \bar{f}}{1 - \bar{f}} \quad Fst = \frac{\tilde{f} - \bar{f}}{1 - \bar{f}} = \frac{\bar{D}}{1 - \bar{f}} \quad e \quad Fit = \frac{\bar{F} - \tilde{f}}{1 - \tilde{f}}$$

Onde \tilde{f} e \bar{F} são o meio de coancestralidade e o coeficiente de procriação, respectivamente para a metapopulação inteira, e \bar{f} a coancestralidade média para a subpopulação, de maneira que $(1 - Fit) = (1 - Fis) (1 - Fst)$.

Para obter a distância genética entre as subpopulações, utilizou-se a Distância Mínima de Nei (Nei, 1987), de acordo com Caballero e Toro (2000) e Caballero e Toro (2002).

A partir da distância Euclidiana foi construída uma árvore de distância genética entre as diferentes subpopulações formadas pelos estados, e com a distância de Manhattan foi construída uma árvore de distância genética entre as diferentes subpopulações formadas pelas pelagens. Para ambas as distâncias se utilizou o método hierárquico UPGMA (Unweighted Pair-Group Method using Arithmetic Averages), com o auxílio do programa Past (versão, 4.03).

O coeficiente de parentesco médio (AR) de cada indivíduo na população foi calculado como a média dos coeficientes na linha correspondente ao indivíduo em relação à matriz de parentesco (Goyache et al., 2003).

O coeficiente de endogamia (F), definido como a probabilidade de um indivíduo possuir dois alelos idênticos por descendência (Wright, 1931), foi estimado como descrito por Meuwissen e Luo (1992).

3. RESULTADOS

Estrutura organizacional da raça Mangalarga

Dos 26 estados brasileiros, a raça Mangalarga está presente em 22, não havendo registro de equinos Mangalarga apenas nos estados do Ceará, Paraíba, Piauí e Rio Grande do Norte. Dentre os 22 estados onde a raça está presente, 63,63% foram classificados como rebanhos multiplicadores e 36,36% foram classificados como rebanhos comerciais (Figura 1).

Onze estados brasileiros (Bahia, Goiás, Minas Gerais, Mato Grosso do Sul, Mato Grosso, Paraná, São Paulo, Distrito Federal, Pará, Rio de Janeiro e Rio Grande do Sul), foram classificados como multiplicadores I. Apenas três estados (Espírito Santo, Maranhão e Tocantins) foram classificados como rebanhos multiplicadores II, o que corresponde a 13,63% dos rebanhos multiplicadores (Tabela 1).

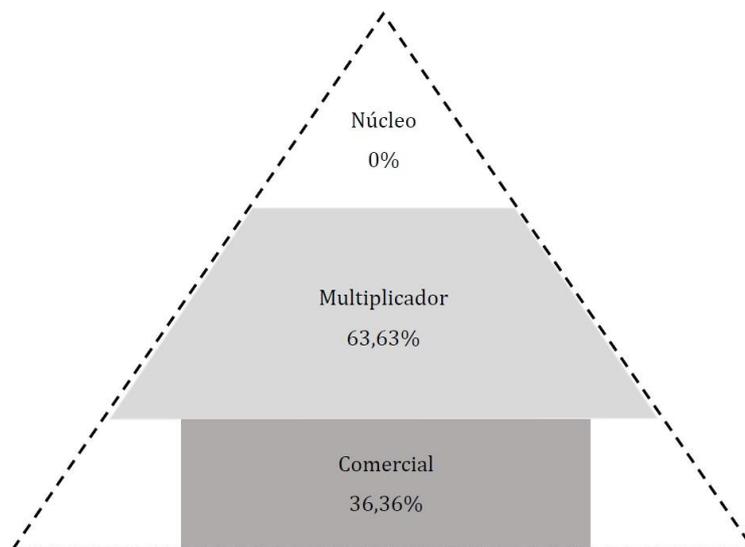


Figura 1. Estrutura organizacional do melhoramento genético da raça Mangalarga

Tabela 1. Classificação dos rebanhos da raça Mangalarga agrupados por estado brasileiro

Tipo de rebanho	UTE	UTP	VT	NR	PPB
Núcleo	Não	Sim	Sim	0	0
Multiplicadores I	Sim	Sim	Sim	11	28,85
Multiplicadores II	Sim	Não	Sim	3	100
Comerciais I	Sim	Sim	Não	4	92,02
Comerciais II	Sim	Não	Não	4	100
Isolados	Não	Sim	Não	0	0

UTE: Utilizam reprodutores externos, UTP: Utilizam reprodutores próprios, VT: Vendem reprodutores. NR= número de rebanhos. PPB= Percentual de machos reprodutores comprados (%). Multiplicadores I: Bahia, Goiás, Minas Gerais, Mato Grosso do sul, Mato Grosso, Paraná, São Paulo, Distrito Federal, Pará, Rio de Janeiro, Rio Grande do Sul. Multiplicadores II: Espírito Santo, Maranhão, Tocantins. Comerciais I: Acre, Alagoas, Pernambuco, Santa Catarina. Comerciais II: Amapá, Amazonas, Rondônia, Sergipe.

Quatro rebanhos comerciais foram categorizados como comercial I (Acre, Alagoas, Pernambuco e Santa Catarina) e os outros quatro classificados como Comercial II (Amapá, Amazonas, Rondônia e Sergipe).

Nenhum estado foi identificado como rebanho núcleo, ou seja, possuidor de rebanhos que utilizam apenas reprodutores próprios e que os comercializam. Assim como nenhum estado foi classificado como uma subpopulação isolada (que utiliza apenas reprodutores próprios e não os comercializa).

Diversidade Genética considerando os estados brasileiros como subpopulações

O valor médio estimado para Fis foi de 0,009379, variando de -0,0655 em Sergipe a 0,0121 em Goiás. O valor médio estimado para Fit foi de 0,010606.

O rebanho do estado de São Paulo contribuiu com 96,23% da genética de toda a raça, seguido por Minas Gerais (1,46%) e Paraná (1,46%), havendo pouca contribuição dos demais estados (Tabela 2). Na região Nordeste, a Bahia foi o estado que mais contribuiu geneticamente (0,35%) e, na região Norte, o estado com maior contribuição foi o Pará (0,00335%).

A média de F para a população total foi de 2,5%, variando de 0,20% em Sergipe a 6,86% em Pernambuco. Os maiores valores de F foram observados nos rebanhos Mangalarga de Pernambuco (6,86%), Alagoas (3,57%), Bahia (3,09%) e Minas Gerais (3,05%). Já no estado de São Paulo, que possui o maior rebanho do país, o F foi de 2,29%.

Em relação ao AR, os estados que mais contribuíram para a formação da raça (São Paulo, Minas Gerais e Paraná) apresentaram valores entre 2,46 e 2,93%. Considerando todos os estados brasileiros, a média foi de 2,4%, variando de 0,5% em Sergipe a 3,18% no Distrito Federal.

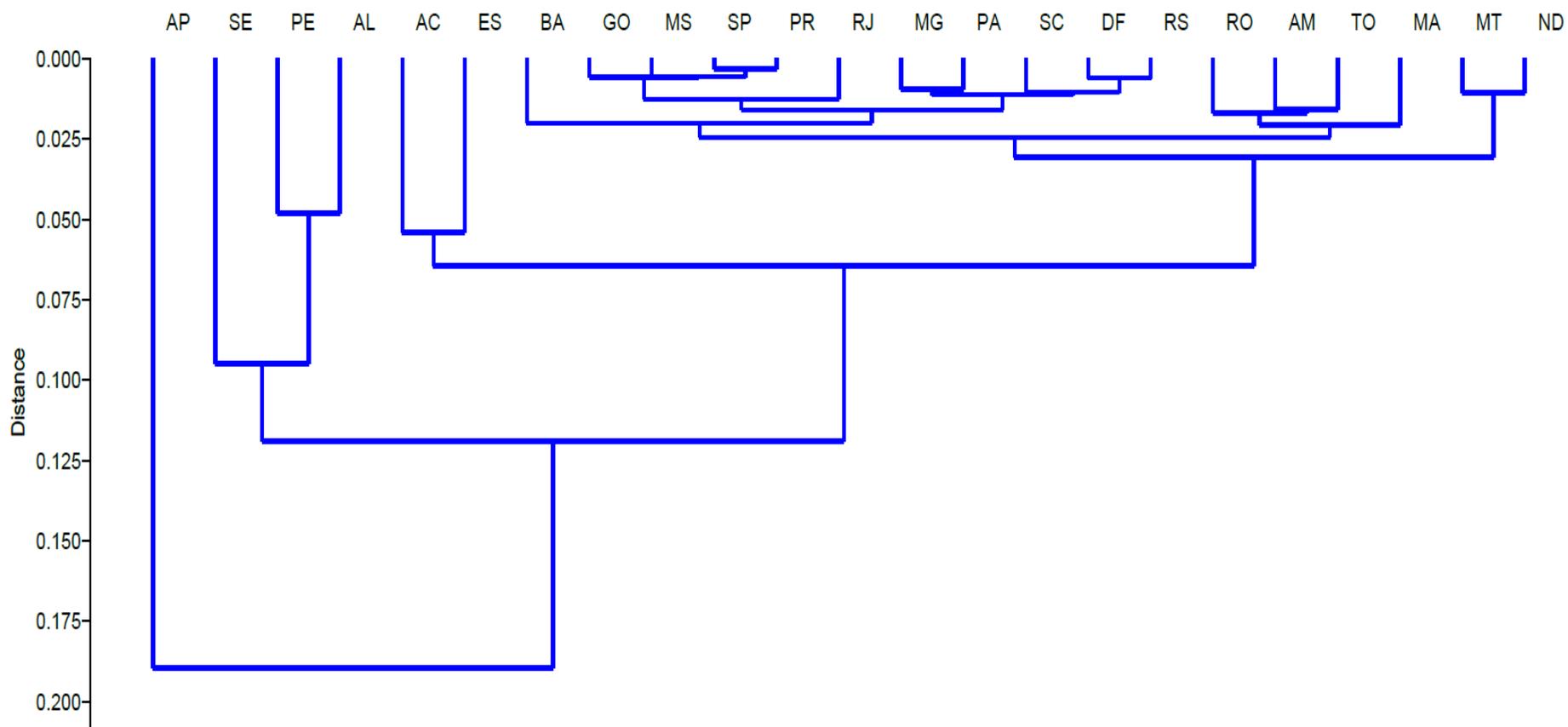
O valor médio de FST nos rebanhos dos estados brasileiros foi de 0,001239, com variação de 0,0000053, entre Amapá e São Paulo, até 0,0211014, entre Acre e Rio Grande do Sul.

O dendograma gerado a partir da distância de Nei reuniu os estados brasileiros em dois grupos com maior dissimilaridade genética, com valor de 0,0012. O grupo I foi formado pelo estado do Amapá e o grupo II pelos demais estados. No segundo nível de distanciamento genético, Sergipe, Pernambuco e Alagoas formaram um grupo independente dos demais estados (grupo I). O grupo II composto pelos estados de Minas Gerais, Pará, Santa Catarina, Distrito Federal e Rio Grande do Sul, e o grupo III constituído pelos estados de Rondônia, Amazônia e Tocantins (Figura 2).

Tabela 2. Contribuição genética (%), coeficiente de endogamia (F), coeficiente médio de parentesco (AR), níveis médios de endogamia ao nível populacional (F_{is}), número de indivíduos registrados nascidos no rebanho (NIRNR), números de indivíduos nascidos no rebanho com pais nascidos no mesmo rebanho (PNMR), números de indivíduos nascidos no rebanho com pais nascidos em outro rebanho (PNOR), número de vezes em que os machos reprodutores nascidos no rebanho atuaram como pai (RNRAP), número de vezes em que os machos reprodutores nascidos no rebanho atuaram como pai no mesmo rebanho (RAPMR) e número de vezes em que os machos reprodutores nascidos no rebanho atuaram como reprodutores em outro rebanhos (RAROR), para os rebanhos registrados da raça Mangalarga por estado brasileiro

Estados brasileiros	N	%	F (%)	AR (%)	F_{is}	NIRNR	PNMR	PNOR	RNRAP	RAPMR	RAROR
São Paulo	155029	96,2340	2,29	2,46	0,0103	155044	130994	24050	160440	130994	29446
Minas Gerais	12853	1,45800	3,05	2,93	0,0115	12853	3205	9648	6696	3205	3491
Paraná	7699	1,45800	1,70	2,30	0,0045	7698	1194	754	2405	1194	1211
Bahia	6750	0,34900	3,09	3,05	0,0048	6750	1908	4842	2381	1908	473
Goiás	4379	0,20400	2,25	1,98	0,0121	4379	613	3766	1002	613	389
Mato Grosso	1107	0,13000	1,12	1,14	0,0048	1107	11	1096	940	11	929
Mato Grosso do Sul	3147	0,10200	1,93	2,05	0,0078	3147	366	2781	522	366	156
Rio de Janeiro	1429	0,04000	2,04	1,82	0,0074	1429	322	1107	394	322	72
Distrito Federal	1115	0,00520	2,92	3,18	0,0034	1115	78	1037	135	78	57
Alagoas	65	0,00420	3,57	1,95	-0,0205	65	10	55	10	10	0
Pará	797	0,00335	2,98	2,71	0,0093	797	43	754	172	0	129
Pernambuco	128	0,00204	6,86	1,79	0,0083	128	7	121	7	7	0
Rondônia	110	0,00204	1,46	2,58	-0,0116	110	0	110	74	0	0
Santa Catarina	771	0,00140	1,62	2,54	-0,0040	778	74	704	7	74	0
Espírito Santo	43	0,00130	1,94	2,06	-0,0261	50	0	50	12	0	12
Sergipe	31	0,00130	0,20	0,50	-0,0655	31	0	31	0	0	0
Tocantins	248	0,00087	1,67	2,10	-0,0030	248	0	248	38	0	38
Rio Grande do Sul	1333	0,00014	2,51	3,14	-0,0008	1333	200	1133	243	200	43

Figura 2 – Dendograma obtido pelo método de agrupamento UPGMA, a partir de dissimilaridade entre 22 estados brasileiros utilizando a distância de Manhattan como medida de distância genética.



Diversidade Genética considerando as diferentes pelagens como subpopulações

A pelagem alazã foi responsável por 72,72% da contribuição genética, seguida das pelagens tordilha e castanha, com contribuição de 10,19% e 6,75%, respectivamente. As demais pelagens apresentaram contribuição muito baixa quando comparada às já citadas, juntas representaram 10,32% de contribuição genética.

O valor médio de F foi de 1,03%, variando de 0,21% na pelagem baia a 2,36% na pelagem pampa de alazã (Tabela 3).

O AR variou de 0,18% na pelagem baia a 2,45% na pelagem pampa de alazã. Maiores valores de AR também foram registrados nas pelagens alazã (2,28%), pampa de preto (1,96%), alazã amarela (1,57%), preta (1,32%) e pampa de castanha (1,12%). Considerando todos as pelagens, a média foi de 0,997%.

O valor médio estimado para Fis foi de 0,009647, variando de -0,009647 na pelagem pampa de preto a 0,0094 na pelagem alazã. O valor médio estimado para Fit foi de 0,010641.

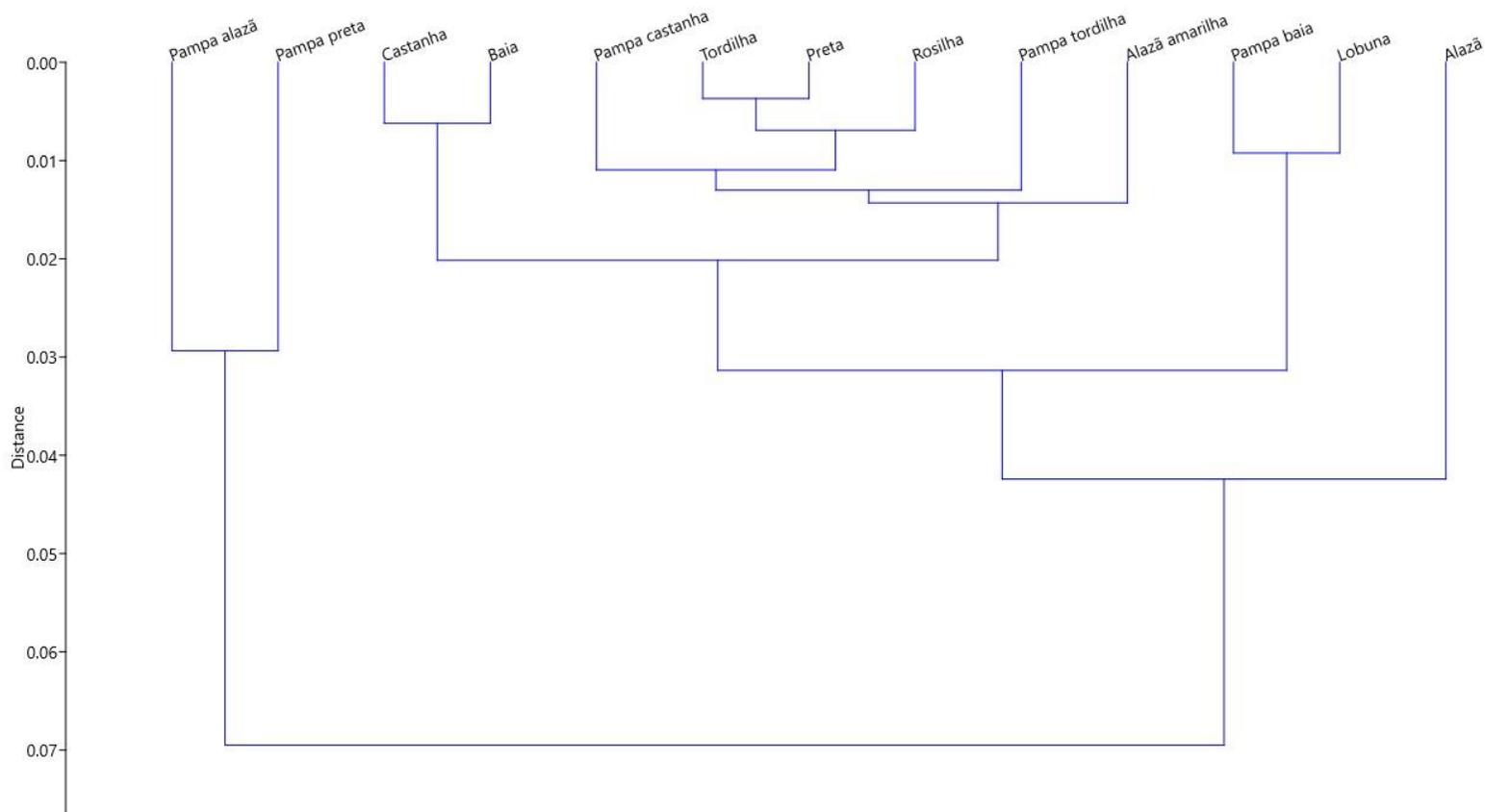
Tabela 3. Contribuição genética (%), coeficiente de endogamia (F), coeficiente médio de parentesco (AR) e níveis médios de endogamia ao nível populacional (F_{is}) para os rebanhos registrados da raça Mangalarga, separados por pelagens

Pelagens	N	%	F (%)	AR (%)	F _{is}
Alazã	57449	72,72	2,01	2,28	0,0094
Tordilha	7195	10,19	0,98	1,16	0,0066
Castanha	9572	6,75	0,49	0,61	0,0038
Rosilha	1319	4,52	0,71	0,88	0,0041
Preta	2549	1,21	1,07	1,32	0,0065
Baia	1362	0,96	0,21	0,18	0,0016
Alazã amarela	1461	0,92	1,35	1,57	0,0067
Pampa de Castanha	1280	0,91	0,82	1,12	0,0036
Pampa de preta	1056	0,78	1,88	1,96	-0,0014
Pampa de Tordilha	373	0,58	0,45	0,73	0,0006
Pampa de alazã	1135	0,41	2,36	2,45	0,0051
Lobuna	124	0,02	0,38	0,30	-0,0006
Pampa de baia	104	0,01	0,74	0,40	0,0017

O valor médio de FST considerando todas as pelagens registradas para o rebanho Mangalarga foi de 0,001003.

A partir do dendrograma obtido pelo método de agrupamento UPGMA observou-se organização das pelagens em dois grandes grupos com maior semelhança genética, com valor de 0,0009. O grupo I foi formado pelas pelagens pampa de alazã e pampa de preta e o grupo II formado pelas pelagens castanha, lobuna, pampa de baia, preta, rosilha, tordilha, pampa de tordilha, alazã amarela, pampa de castanha e alazã. Entre todas as pelagens da raça, a preta e a tordilha foram consideradas as mais próximas geneticamente (Figura 2).

Figura 3 – Dendograma obtido pelo método de agrupamento UPGMA, a partir de dissimilaridade entre 13 pelagens de cavalos da raça Mangalarga utilizando a distância de Manhattan como medida de distância genética.



4. DISCUSSÃO

Estrutura organizacional da raça Mangalarga

No melhoramento genético de equinos, a estrutura organizacional não possui três estratos em formato piramidal, ao contrário do que ocorre em algumas espécies de interesse zootécnico, como bovinos, suínos e aves. Na cadeia produtiva do cavalo, o próprio animal atleta ou de trabalho é alvo de seleção genética, enquanto nas demais espécies citadas, o melhoramento genético ocorre no rebanho núcleo (Lima et al., 2016). Assim, na equinocultura os animais utilizados na reprodução são aqueles que se destacam nas competições ou na lida, ou seja, os multiplicadores e comerciais, não existindo rebanhos núcleos.

A ausência de rebanho núcleo também foi observado em estudos com outras raças equinas. Valera et al. (2005) utilizaram dados de 75.389 indivíduos do *studbook* do cavalo Andaluz e não observaram presença de rebanhos núcleo nem isolados na raça. Além disso, 42,6% dos rebanhos foram classificados como multiplicadores e os outros 57,4% como comerciais. McManus et al. (2013) estudaram uma população de 10.441 animais da raça Pantaneiro, registrados desde a fundação da associação dos criadores, em 1972, até 2009 e observaram que 56,3% dos rebanhos foram classificados como multiplicadores e 43,7% como comerciais, não havendo rebanhos núcleo nem isolados.

A existência de rebanhos “núcleo” é importante porque permite o desenvolvimento de estratégias e utilização de modernas metodologias de avaliação genética, possibilitando a identificação mais acurada de animais geneticamente superiores (Rego Neto et al., 2014). No entanto, o conceito de rebanho núcleo no melhoramento genético, talvez não possibilite a formação desse estrato para a espécie equina, pois o ciclo de vida do cavalo é bem maior quando comparado com as demais espécies zootécnicas que utilizam esse método.

Nos rebanhos multiplicadores, os criadores de Mangalarga têm como foco a produção de animais para participação em julgamentos morfofuncionais, devido à valorização dos animais premiados. Portanto, nesse estrato há seleção genética.

Já a ausência de rebanhos isolados na raça Mangalarga é um ponto positivo, pois nesse tipo de rebanho não há fluxo gênico, o que pode comprometer a variabilidade

genética da população e, conseqüentemente, potencializar o surgimento das conseqüências negativas da endogamia (Rego Neto et al., 2014).

Os rebanhos multiplicadores I englobam os estados que possuem o maior número efetivo de animais, sendo, provavelmente, mais estruturados e, por isso, conseguem ter qualidade genética tanto para utilizar seus próprios reprodutores, como também para vendê-los, necessitando menos de reprodutores externos (apenas 28,85% dos reprodutores dessa categoria foram adquiridos de outros rebanhos).

O rebanho comercial I utiliza reprodutores internos e externos, porém levando em consideração que 92% dos reprodutores utilizados nessa categoria são adquiridos, percebe-se que é dada preferência à genética vinda de fora. Maior utilização de reprodutores externos nos estados classificados como comercial I, pode estar relacionada ao número reduzido de animais nesses rebanhos, quando comparados com os estados classificados como multiplicadores I. A utilização de reprodutores externos possibilita a ocorrência de fluxo gênico entre as subpopulações, evitando subdivisões (estruturação). Além disso, a existência de fluxo gênico pode contribuir para a manutenção da endogamia em níveis aceitáveis na população global.

Diversidade genética considerando os estados brasileiros como subpopulações

O Índice de Fixação dentro das populações (Fis) é utilizado para mensurar a redução da heterozigose de um indivíduo devido à ocorrência de acasalamentos não aleatórios na sua subpopulação. No presente estudo, o valor médio encontrado para Fis foi muito próximo a zero, indicando que não há excesso de homozigose nas subpopulações, sugerindo baixa taxa de endogamia (Costa et al., 2009).

Considerando que o índice de fixação referente à população total (Fit) mede a consanguinidade global dentro de uma raça, o valor de Fit observado na raça Mangalarga de 0,010606 indica que a taxa de endogamia na população global é baixa. Este resultado corrobora com o valor de 2,4% observado para F.

Maciel et al. (2014) em estudo com a raça de equino Crioula Brasileira encontraram valores semelhantes aos do presente estudo para todos os índices de fixação. Fst de 0.000520, Fis de 0.003704 e Fit de 0.004222. Os valores observados por McManus et al. (2013) para a raça equina Pantaneira também ficaram próximos aos de Maciel et al. (2014) e aos desse estudo, Fit de - 0.0002 e Fis de - 0.0027.

Valera et al. (2005) observaram, na raça equina Andaluz, F_{st} de 0,000026 para uma população de 75.389 indivíduos. O resultado obtido indicou que não houve diferenciação entre a linhagem Cartuxo e o restante da população avaliada.

Embora a raça Mangalarga tenha sua origem em Minas Gerais, seu desenvolvimento aconteceu basicamente em São Paulo, justificando a maior contribuição genética observada em São Paulo. Além disso, o maior rebanho brasileiro desta raça encontra-se em São Paulo, ficando Minas Gerais com o segundo maior rebanho e Paraná com o terceiro lugar, ou seja, a contribuição genética está diretamente relacionada com o tamanho do rebanho em cada estado, pois foram justamente esses três estados os que mais contribuíram geneticamente para a raça. Geograficamente, São Paulo, Minas Gerais e Paraná são muito próximos e, provavelmente, essa proximidade também tenha influenciado nesse resultado.

O valor médio encontrado para F na raça Mangalarga foi baixo (2,5%), não atingindo o valor crítico de 10%, a partir do qual pode haver os efeitos deletérios da depressão endogâmica (Paiva et al., 2011; Toro et al., 2011; Tino et al., 2020). O valor de F encontrado no presente estudo foi superior à média observada em raças nacionais, como Mangalarga Marchador (1,31%) (Costa et al., 2005) e Campolina (1,3%) (Procópio et al., 2003). Por outro lado, o F da raça Mangalarga foi inferior aos valores encontrados em algumas raças exóticas como, por exemplo, a Pura Raça Espanhola (7,51%) (Bonilla et al., 2020) e a Puro Sangue Inglês (12,5%) (Cunningham, 1991). Menor F das raças nacionais, em relação às duas raças exóticas citadas, pode ser justificado pelo fato de as raças nacionais serem consideradas raças em formação e que mantiveram até pouco tempo ou ainda mantêm a possibilidade de registrar animais com genealogia desconhecida (livro aberto).

Esperava-se que quanto maior o número de animais em um rebanho (estado), menor fosse o F , pois mais variabilidade genética teria essa população. Porém, não aconteceu dessa forma, pois Minas Gerais e Bahia, que possuem o terceiro e quarto maior rebanho, respectivamente, ficaram entre os estados com maior valor de F . Em Minas Gerais, estado onde se originou a raça Mangalarga, os criadores priorizaram para a reprodução os indivíduos da própria região, por apresentarem características funcionais mais valorizadas pelos criadores mineiros, do que pelo padrão estabelecido pela ABCCRM. Isso pode justificar a maior taxa de endogamia dessa população, quando comparado aos demais estados da federação.

Em relação ao AR, segundo Ghafouri-Kesbi (2012), valores altos limitam a eficácia de programas de seleção, porque indica que a maioria dos indivíduos carrega alelos semelhantes, ou seja, a variação alélica é baixa. Assim, o AR pode ser utilizado para a gestão de populações, selecionando os animais com menores valores de coeficiente de parentesco para a reprodução. No presente estudo, os estados que apresentaram menores valores para o AR foram, Sergipe (0,05%), Mato Grosso (1,14%), Pernambuco (1,79%), Rio de Janeiro (1,82%), Alagoas (1,95%) e Goiás (1,98%). Possivelmente, estes menores valores são decorrentes do fato de que o tipo de rebanho predominante nesses estados é o comercial, ou seja, estão sempre adquirindo reprodutores e renovando a genética da população.

Distrito Federal, Rio Grande do Sul e Bahia, que apresentaram maior valor para AR, são estados distantes geograficamente dos demais estados que possuem e vendem animais da raça. Esse fato pode dificultar a aquisição de novos reprodutores para renovação dos plantéis, aumentando, conseqüentemente, o grau de parentesco entre os indivíduos.

O Índice de Fixação entre subpopulações (F_{st}) é utilizado para medir a redução da heterozigosidade das subpopulações que formam a metapopulação. Assim, valores de F_{ST} abaixo de 0,05 indicam que as populações analisadas possuem frequência de alelos semelhante, ou seja, baixa diferenciação genética (Costa et al., 2009). O resultado da classificação dos rebanhos (Tabela 1), onde observou-se a ocorrência de fluxo gênico entre as diferentes subpopulações, indicou que a população estudada não apresenta estruturação genética (Rego Neto et al., 2014). Além disso, São Paulo contribui com mais de 96% de toda a genética da raça, então possivelmente há utilização dessa genética nos demais estados.

Com o dendograma obtido a partir de dissimilaridade, a semelhança genética observada entre os estados que formaram o grupo I e o grupo II pode estar relacionado não só com a proximidade geográfica, mas também com a pecuária, pois a produção equestre acompanha a migração da pecuária de corte pelo Brasil (Procópio et al., 2003; Lima et al., 2016).

Em relação ao grupo III, Rondônia, Amazônia e Tocantins compõem o grupo de estados que também estão mais próximos geograficamente e mais distantes dos centros criadores de Mangalarga, e possivelmente são mais semelhantes entre si.

Maior semelhança genética entre os rebanhos de São Paulo, Paraná, Mato Grosso e Goiás, do que entre São Paulo e Minas Gerais, pode ser justificado pelo fato do Paraná,

Mato Grosso e Goiás dependerem mais da genética de São Paulo do que a de Minas Gerais. Isso corrobora o resultado observado para a endogamia, onde o rebanho mineiro também se diferenciou dos demais estados, apresentando maior valor de F, justamente pelo fato de os criadores mineiros usarem mais na reprodução os indivíduos da própria região. Assim, mesmo São Paulo sendo responsável pela maior parte da genética da raça, o rebanho Mangalarga de Minas Gerais ainda apresenta algumas diferenças funcionais que o deixa mais distante geneticamente de São Paulo, do que os estados do Paraná, Mato Grosso e Goiás.

Diversidade genética considerando as diferentes pelagens como subpopulações

Segundo Almeida et al. (2021), na raça Mangalarga houve predomínio das pelagens baia e castanha até a década de 1960, possivelmente relacionado à alta frequência dessas pelagens nos indivíduos formadores da raça. Para que as pelagens baia e castanha ocorram é necessária a presença dos alelos dominantes dos genes *Black*, *Agouti* e *Dilution* (Rezende, 2007). Assim, após essa década, o aumento na utilização de garanhões e matrizes recessivos para os genes supracitados, pode justificar o aumento e atual predomínio da pelagem alazã na raça Mangalarga, que é 100% recessiva para os genes *Black*, *Agouti* e *Dilution* (Rezende, 2007).

Além disso, a frequência da pelagem alazã na raça Mangalarga é de 88,9% (Almeida et al., 2021), então como a população é predominantemente alazã, há grande probabilidade de os animais superiores serem dessa pelagem, havendo maior possibilidade de disseminação desse material genético, pois os animais que se destacam são muito utilizados pelos criadores na reprodução.

Maior frequência da pelagem alazã também foi observada por Bastos et al. (2017) na raça Quarto de Milha, em levantamento realizado com garanhões da raça que eram utilizados em provas de vaquejada no Nordeste do Brasil. Na raça Campolina, Mendes et al. (2019) também observaram alta frequência da pelagem alazã nos indivíduos do rebanho, ficando atrás apenas da pelagem baia.

Assim como o observado para os estados brasileiros, o valor de F encontrado para as pelagens (0,96%) também foi abaixo do considerado crítico por Paiva et al. (2011), Toro et al. (2011) e Tino et al. (2020).

A pelagem baia, que no presente estudo apresentou menor valor de endogamia, foi mais frequente nos equinos usados para a formação da raça Mangalarga. Nessa época,

os animais eram registrados no livro aberto, ou seja, incorporados à raça após a avaliação fenótipo, portanto, sem comprovação de genealogia. Assim, a ausência de dados genealógicos pode ter levado a menor endogamia nos animais dessa pelagem.

O valor médio observado para AR (1,07%) foi considerado baixo (Muniz et al., 2012), o que é interessante, pois valores altos limitam a eficácia de programas de seleção, porque significa que a maioria dos indivíduos carrega alelos semelhantes, ou seja, a variação alélica é baixa (Ghafouri-Kesbi, 2012).

Os maiores valores de AR observados para os animais pampa pode estar associado à formação da pelagem, pois os criadores que buscam obter animais pampa, utilizam reprodutores homozigotos, para ter 100% de chances de nascer potros pampas. Além disso, a população de animais pampa na raça Mangalarga é baixa (Almeida et al., 2021).

Outro fator que pode ter influenciado os valores de AR observados no estudo para os animais pampa foi a decisão fomentadora da diretoria da ABCCRM, que a partir de 2004 instituíram julgamento e premiação em separado dos animais das pelagens pampa, alazã amarela, castanha, baia, tordilha e preta/zaina. A partir do momento que o julgamento passou a ser separado, esses poucos animais pampas passaram a ser muito utilizados (Almeida et al., 2021).

O valor observado para Fis mostrou que a maioria das pelagens apresentaram tendência à redução de heterozigosidade. Almeida et al. (2021) mencionaram em seu trabalho que o julgamento em separado por pelagem, instituído pela ABCCRM, foi positivo para aumentar a relevância de diferentes pelagens dentro da raça, mas pode estar contribuindo para a diminuição da heterozigosidade dentro de cada pelagem, pois os animais que conquistam os primeiros lugares na classificação nesses julgamentos passam a ser mais utilizados na reprodução pelos criadores da raça. Como se trata de pequenas populações de cada pelagem, o impacto na endogamia se torna alto.

Considerando que o índice de fixação referente à população total (Fit) mede a consanguinidade global dentro de uma raça, o valor de Fit observado para as pelagens da raça Mangalarga de 0,010641 indica que a taxa de endogamia na população global é baixa.

O resultado de FST, que indicou baixa diferenciação genética entre as subpopulações, pode ter ocorrido por se tratar do mesmo grupamento genético, além disso, na raça Mangalarga ocorre o cruzamento de animais com pelagens diferentes, havendo, portanto, compartilhamento de alelos entre as diferentes pelagens.

As pelagens pampas de alazão e pampa de preto apresentaram maior semelhança genética. Essa semelhança provavelmente está relacionada ao fato de as duas pelagens possuírem o gene pampa. Além disso, a pelagem pampa de preto possui grande valor mercadológico. Assim, com o estímulo da associação, os criadores buscaram reprodutores pampa de preto para acasalar e produzir mais animais com essa pelagem. Para que a pelagem pampa de preto seja expressa, é necessário que o garanhão seja homozigoto para o gene *Black* ou, pelo menos, heterozigoto. Assim, quando o cruzamento acontece entre animais heterozigotos, há 50% de chance de o produto ser pampa de preto e 50% de chance de ser pampa de alazão, portanto, mais um motivo para essas duas pelagens serem geneticamente mais semelhantes.

A maior semelhança observada entre as pelagens castanhas e baia pode estar relacionada ao gene *Agouti*, pois ele está presente na formação das duas pelagens, por ser o gene responsável pelo predomínio do pigmento preto nas extremidades do corpo do animal. O que diferencia a pelagem castanha da pelagem baia é a presença do gene *Dilution* pois ele é responsável por provocar diluição na tonalidade da pelagem castanha, agindo na intensidade de produção e distribuição do pigmento produzido, formando a pelagem baia (Rezende e Costa, 2012).

A pelagem alazã ficou mais distante geneticamente das demais pelagens e, provavelmente, está relacionado ao fato de ser uma pelagem determinada por maior número de alelos recessivos quando comparado às demais.

5. CONCLUSÃO

A maioria dos estados brasileiros possuem rebanhos multiplicadores da raça Mangalarga, além de parcela significativa de rebanhos comerciais, não existindo rebanhos núcleo, isolados. Assim, a estrutura organizacional de melhoramento genético da raça Mangalarga não possui formato piramidal.

Nas subpopulações da raça, constituídas pelos estados brasileiros e pelas diferentes pelagens, não há excesso de homozigose, a taxa de endogamia na população global é baixa, assim como não há diferenciação genética entre as subpopulações analisadas.

Os resultados encontrados podem ser utilizados para a gestão genética da raça Mangalarga, auxiliando na tomada de decisões e na escolha de estratégias conservacionistas, assim como em programas de melhoramento genético.

6. REFERENCIAS

ABCCRM, ASSOCIAÇÃO DOS CRIADORES DE CAVALO DA RAÇA MANGALARGA. Serviço de Registro Genealógico (SRG). Disponível em: <https://www.cavalomangalarga.com.br/documentos/Regulamentosrg2021.pdf>. Acesso em: 23 setembro. 2022.

ALMEIDA, J.A.T; SANTIAGO J.M.; GONZAGA, I.V.F.; NASCIMENTO, CAMS; MIRANDA, M.B.R e PINTO, A.P.G, 2021. Temporal analysis of demographic and biometric parameters of the Mangalarga breed. *Ciência Rural*, v. 51. <http://doi.org/10.1590/0103-8478cr20200697>

ASSIS, C.M; BAENA, M.M; ROCHA, R.F.B; MEIRELLES, S.L., 2018. Endogamia e relação genética em equinos da raça mangalarga marchador no brasil.

BASTOS, M. S.; REZENDE, M.P.G; SOUZA, J.C.; LEITE, M.C.P.; FIGUEREIDO, G.C, 2017. Levantamento da pelagem e idades de reprodutores Quarto de Milha utilizados na vaquejada em microrregiões do Nordeste do Brasil. *Sci. Agrar. Paranaenses*, v. 16, p. 62-68.

BONILLA, J.P; GONZÁLEZ, D.I.P; GUERRERO M.J.S, 2020. Genetic inbreeding depression load for morphological traits and defects in the Pura Raza Española horse. *Genetics Selection Evolution*, v. 52, n. 1, p. 1-12.<https://doi.org/10.1186/s12711-020-00582-2>

CABALLERO A e TORO MA, 2000. Interrelations between effective population size and other pedigree tools for the management of conserved populations. *Genet Res Camb* 75: 331- 343. <https://doi.org/10.1017/S0016672399004449>

CABALLERO A. e TORO M.A, 2002. Analysis of genetic diversity for the management of conserved subdivided populations. *Conserv Gen* 3: 289-299.

COSTA, M. D. et al. Análise temporal da endogamia e do tamanho efetivo da população de eqüinos da raça Mangalarga Marchador. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, v. 57, n. 1, p. 112-119, 2005.

COSTA, M.R; MARQUES, J.R.F; SILVA, C.S; SAMPAIO, M.I.C; BERMEJO, J.V.D; SILVA, F.K.S; VEGA PLA, J.L, 2009. Distâncias genéticas em equinos (*Equus caballus*) por meio de marcadores microssatélites. *Revista Biociências*, v. 15, n. 1.

CUNNINGHAM, P, 1991. The genetics of Thoroughbred horses. *Journal Animal Science*, 383 Filadélfia, v. 264, n. 4, p. 56-62.

GOYACHE, Félix et al. Utilização da informação de pedigree para monitorizar a variabilidade genética de populações ameaçadas: a raça ovina Xalda das Astúrias como exemplo. *Journal of Animal Breeding and Genetics* , v. 120, n. 2, pág. 95-105, 2003.

GUIMARÃES, D.D; AMARAL G; MAIA G; LEMOS M; ITO M; CUSTODIO S. 2017. Suinocultura: estrutura da cadeia produtiva, panorama do setor no Brasil e no mundo e o apoio do BNDES.

GUTIERREZ, J. P.; GOYACHE, F. ENGOG: programa de computador voltado para análise de informações de *pedigree*. *Jornal de Genética e Procriação animal*, 122; 172-176, 2005.

JUNQUEIRA, J.F.F, 2004 Os cavalos de João Francisco Diniz Junqueira.. São Paulo: Edições de Arte. 175p.

LIMA, R.A.S e CINTRA A.G, 2016. Revisão do estudo do complexo do agronegócio do cavalo. Brasília: MAPA,

LOBO, RNB; FACO, O.; AMBO, 2012. Alternativas de melhoramento participativo para conquistar avanços na produção de leite e carne de caprinos. In: **Embrapa Caprinos e Ovinos-Artigo em anais de congresso (ALICE)**. In: SIMPÓSIO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO ANIMAL, 9., 2012, João Pessoa. Anais... João Pessoa: SBMA, 2012. 10 f. 1 CD-ROM.

MACIEL, F. C., BERTOLI, C. D., BRACCINI NETO, J., COBUCI, J. A., PAIVA, S. R., & MCMANUS, C. M. (2014). Population structure and genealogical analysis of the Brazilian Crioula Horse. *Animal Genetic Resources/Ressources Génétiques animales/Recursos Genéticos Animales*, 54, 115–125. doi:10.1017/s2078633613000489

McManus, C., Santos, S. A., Dallago, B. S. L., Paiva, S. R., Martins, R. F. S., Braccini Neto, J., ... Abreu, U. G. P. de. (2013). *Evaluation of conservation program for the Pantaneiro horse in Brazil*. *Revista Brasileira de Zootecnia*, 42(6), 404–413. doi:10.1590/s1516-35982013000600004

MCMANUS, Concepta et al. Estatísticas para descrever Genética de Genética de Populações, 2011.

MENDES, L. J.; PEREIRA L.F.L.; WENCESLAU, R.R.; COSTA, M.D.; JAYME, D.G.; MAIA, H.G.O.; TEIXEIRA, G.L.; OLIVEIRA, N.J.F., 2019. Caracterização de pelagens em equinos da raça Campolina. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, v. 71, p. 1364-1374, 2019.

MEUWISSEN, T.H.E, LUO, Z., 1992. Computing inbreeding coefficients in large populations. *Genet. Sel. Evol.* 24, 305–313.

MORAIS, O. R. 2000. Melhoramento Genético dos Ovinos no Brasil: situação e perspectivas. In: III Simpósio Nacional de Melhoramento Animal, 2000, Belo Horizonte. Anais do III Simpósio Nacional de Melhoramento Animal. Belo Horizonte: FEPMVZ, 2000. p. 266-272

MUNIZ, L. M. S.; SOUZA, L.A; BARBOSA A.C.B; AMBROSINI, D.P; OLIVEIRA A.P; CARNEIRO, P.L.S; MALHADO, C.H.M; MARTINS FILHO, R; DUARTE, R.A.B, 2012. A raça Gir Mocha na região Nordeste do Brasil: estrutura genética populacional via análise de pedigree. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, v. 64, p. 1656-1664.

PAIVA, S. R.; Facó, O; Faria, D.A; Lacerda, T; Barretto, G.B; Carneiro, P.L.S; Lobo, R.N.B; McManus, C, 2011. Molecular and pedigree analysis applied to conservation of animal genetic resources: the case of Brazilian Somali hair sheep. *Tropical Animal Health and Production*, v. 43, n. 7, p. 1449-1457.

- PRADO, R. S. A. Raízes Mangalarga. São Paulo: Empresa das Artes, 2008. 259p
- PROCÓPIO, A. M.; BERGMANN, J. A. G.; COSTA, M. D, 2003. Formação e demografia da raça Campolina. Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia, v. 55, p. 361-365. <https://doi.org/10.1590/S0102-09352003000300018>
- REGO NETO, A.A; SARMENTO, J.L.R; SANTOS, N.P.S; BIAGIOTTI, D; SANTOS, G.V; CAMPELO, J.E.G; SENA, L.S; FIGUEIREDO FILHO, L. A. S, 2014. Estrutura e distribuição geográfica do rebanho de ovinos Santa Inês no Estado do Piauí. Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal, v. 15, n. 2, p. 272-280.
- REZENDE, A.S.C, 2007. Pelagem dos Equinos: nomenclatura e genética. Belo Horizonte, FEP-MVZ, 111.
- REZENDE, ASC E COSTA, MD 2012, 'Pelagens equinas, nomenclatura e genética', Núcleo de genética equídea da escola de veterinária UFMG. Universidade Federal de Minas Gerais.
- SCAPINELLO, C; ARAUJO, I.G; JARUCHE, Yuri D.G, 2013. Zootecnia do Futuro: Produção Animal Sustentável.
- SIMÕES, Fausto. Mangalarga e o Cavalo de Sela Brasileiro. 4. ed. São Paulo, SP: Editora dos Criadores, 2014. 260p
- TINO, C. R. S; CAVANI, L.; FONSECA, R; SILVA, K.M, 2020. Análise da estrutura populacional de ovinos deslanados do núcleo de conservação. Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia, v. 72, p. 560-564.
- TORO, M. A.; MEUWISSEN, T. H. E; FERNANDEZ, J; SHAAT I; MAKI-TANILA, A, 2011. Assessing the genetic diversity in small farm animal populations. Animal, v. 5, n. 11, p. 1669-1683.
- VALERA, M., MOLINA, A., GUTIÉRREZ, J. P., GÓMEZ, J., & GOYACHE, F. (2005). Pedigree analysis in the Andalusian horse: population structure, genetic variability and influence of the Carthusian strain. **Livestock Production Science**, 95(1-2), 57–66. doi:10.1016/j.livprodsci.2004.12
- WRIGHT S, Evolution and the genetics of populations: Vol. 4. Variability within and among natural populations. University of Chicago Press: Chicago, 1978.