



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

ANÁLISE POPULACIONAL DA RAÇA MANGALARGA

MICHAEL DOS SANTOS MACIEL

GARANHUNS – PE

MAIO / 2022



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

ANÁLISE POPULACIONAL DA RAÇA MANGALARGA

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal e Pastagens da Universidade Federal Rural de Pernambuco, como parte dos requisitos para obtenção do título de Mestre em Ciência Animal e Pastagens.

Área de concentração - Nutrição de Equinos

Aluno – Michael dos Santos Maciel

Orientador – Prof. DSc. Jorge Eduardo C. Lucena

Co-orientador – Prof. DSc. Juliano M. Santiago

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

GARANHUNS – PE

MAIO / 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)

- M622a Maciel , Michael dos Santos
Análise populacional da raça Mangalarga / Michael dos Santos Maciel . - 2022.
56 f.
- Orientador: Jorge Eduardo Cavalcante Lucena.
Coorientador: Juliano Martins .
Inclui referências.
- Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal Rural de Pernambuco, Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal e Pastagens , Garanhuns, 2022.
1. ancestrais. 2. equinos. 3. endogamia. 4. pedigree. I. Lucena, Jorge Eduardo Cavalcante, orient. II. , Juliano Martins, 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: Michael dos Santos Maciel

Orientador: Prof. DSc Jorge Eduardo Cavalcante Lucena

Co-orientador: Prof. DSc Juliano Martins Santiago

Co-orientador: Prof DSc Ana Paula Gomes Pinto

ANÁLISE POPULACIONAL DA RAÇA MANGALARGA

Titulação: Mestre em Ciência Animal e Pastagens

Data da defesa: 27 de maio de 2022

Banca Examinadora:

Dr.^a Iaçanã Valente Ferreira Gonzaga - UFPB
(Examinadora)

Dr. Alessandro Moreira Procópio - Faculdade Arnaldo- MG
(Examinador)

Prof. DSc Jorge Eduardo Cavalcante Lucena – UAG/UFRPE
(Orientador)

“Só vão atrás da vitória aqueles que não se contentam”.

Michael Maciel

AGRADECIMENTOS

A **Deus** pela a força que me concedeu para prosseguir firme e confiante mesmo diante das dificuldades e por sempre está ao meu lado, sendo meu instrutor e companheiro em todas as situações.

A minha mãe, **Damiana Gonçalves dos Santos**; minha irmã, **Damara Karine dos Santos Maciel**; minha avó, **Maria Salete Gonçalves** e meu tio, **Roberto Gonçalves dos Santos** pelo apoio e companheirismo.

Aos meus orientadores, **Prof. Dr. Jorge Eduardo Cavalcante Lucena**, **Prof. Dr. Juliano Martins Santiago** e **Prof.a Dr.a Ana Paula Gomes Pinto** pelo apoio, compressão, disponibilidade e companheirismo prestados, quanto na elaboração deste trabalho.

A todos os professores, que compartilharam seus conhecimentos, nos mostrando um mundo de diferentes visões. Em especial a **Prof.a Dr.a Laura Leandro da Rocha** e **Prof.a Dr.a Janaina Kelli Gomes Arandas** por suas contribuições para com este trabalho.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e ao Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal e Pastagens pela concessão da bolsa de estudos e o apoio ao presente trabalho.

Aos membros da banca, **Prof.a Dr.a Iaçanã Valente Ferreira Gonzaga** e **Prof. Dr. Alessandro Moreira Procópio**, pela disponibilidade e contribuições para aperfeiçoamento da dissertação.

As minhas grandes companheiras, **Maria Flávia** e **Maria Luana**, pelo companheirismo, confiança e compressão que só fortaleceram nossa amizade ao longo desses cinco anos.

Aos meus colegas do PPGCAP, **Naianne**, **Luana**, **Poliana** e **Andreza**, agradeço todo o apoio durante essa caminhada.

Aos colegas e amigos, que fizeram parte da minha vida durante esses quase dois anos, pela auxílio, força e confiança prestadas.

Enfim, a todos que participaram dessa minha jornada como também para os que de alguma forma contribuíram para confecção desse trabalho.

RESUMO

A raça Mangalarga originou-se a partir do cruzamento entre éguas localmente adaptadas e cavalos portugueses da Coudelaria de Áter. Devido à habilidade esportiva e andamento diagonalizado e cômodo desses animais, a raça logo se popularizou. A expansão do rebanho Mangalarga e o surgimento de novos criadores intensificou a seleção, tornando o processo mais profissional e levando a criação da Associação Brasileira de Criadores de Cavalos da Raça Mangalarga (ABCCRM). Desde a fundação da ABCCRM, a raça passou por diversos padrões morfológicos. Atualmente as diretrizes priorizam a seleção de animais que se enquadrem no tipo sela. O estudo da estrutura genética de uma população permite que sejam identificados eventos que afetaram a diversidade genética da raça, além de descrever a evolução do nível de endogamia e definir o parentesco entre os indivíduos para monitorar a diversidade genética. Objetivou-se com o trabalho estudar a estrutura populacional da raça Mangalarga, através de dados de *pedigree*. Foram utilizadas informações genealógicas de 206.426 animais da raça Mangalarga, registrados no período de 1919 a 2018. Usando o software ENDOG v4.6, foram estimados os parâmetros: integralidade do *pedigree*, nível de identificação dos ancestrais, intervalo de gerações, número de fundadores (N_f), número de ancestrais, número efetivo de fundadores (f_e), número efetivo de ancestrais (f_a), coeficiente de endogamia (F) e coeficiente médio de parentesco médio (AR), número de animais da população referência, população base, população base real, número de ancestrais que deram origem a população de referência, número de ancestrais que explicam 50%, ancestrais que mais contribuíram para a variabilidade genética da raça, porcentagem de indivíduos endogâmicos (End), média de consanguinidade para indivíduos endogâmicos (F_{End}), número efetivo (N_e) da raça, número médio de gerações máximas e completas. Dentre os resultados obtidos, foi possível identificar na raça Mangalarga ancestrais até a quinta geração. Além disso, para as quatro passagens gaméticas a idade média dos pais ao nascimento de sua prole foi de $9,43 \pm 5,46$ anos, já em relação ao intervalo de gerações, registrou-se média geral de $9,07 \pm 4,75$ anos. Do total de 206.426 animais, 7,20% fazem parte da população base (fundadores e ancestrais). Com número de ancestrais 8.908, sendo apenas 44 o número efetivo de ancestrais. O número efetivo de fundadores foi igual a 100,31 animais. Quanto à variabilidade genética na raça, 50% dela é explicada por contribuições de apenas 48 animais. O coeficiente de endogamia (F) e o coeficiente médio de parentesco (AR) para toda população foram de 2,26 % e 2,41%, respectivamente. Dentre os ancestrais que mais contribuíram para a variabilidade genética da raça, nove animais são responsáveis por 21,58%

da variabilidade, sendo que deles apenas dois são fêmeas. A partir de 1980 houve crescimento da F e AR e entre 2010 e 2020 observou-se desaceleração desses dois parâmetros no rebanho Mangalarga.

Palavras chaves: ancestrais; equinos; endogamia; pedigree.

ABSTRACT

The Mangalarga breed originated from the cross between locally adapted mares and Portuguese horses from the Alter Stud Farm. Due to the sportive ability and diagonal and comfortable gait of these animals, the breed soon became popular. The expansion of the Mangalarga herd and the emergence of new breeders intensified the selection, making the process more professional and leading to the creation of the Brazilian Association of Mangalarga Breed Horse Breeders (ABCCRM). Since the foundation of ABCCRM, the breed has gone through several morphological patterns. Currently, the guidelines prioritize the selection of animals that fit the saddle type. The study of the genetic structure of a population allows the identification of events that affected the genetic diversity of the breed, in addition to describing the evolution of the level of inbreeding and defining the kinship between individuals to monitor genetic diversity. The objective of this work was to study the population structure of the Mangalarga breed, through pedigree data. Genealogical information of 206,426 animals of the Mangalarga breed, registered in the period from 1919 to 2018, were used. Using the ENDOG v4.6 software, the parameters were estimated: pedigree completeness, level of ancestor identification, generation interval, number of founders (Nf), number of ancestors, effective number of founders (fe), effective number of ancestors (fa), inbreeding coefficient (F) and average relative coefficient (AR), number of animals in the reference population, base population, population real base, number of ancestors that gave rise to the reference population, number of ancestors that explain 50%, ancestors that most contributed to the genetic variability of the breed, percentage of inbred individuals (End), average inbreeding for inbred individuals (FEnd), effective number (Ne) of the breed, average number of maximum and complete generations. Among the results obtained, it was possible to identify in the Mangalarga race ancestors up to the fifth generation. In addition, for the four gametic passages, the average age of the parents at the birth of their offspring was 9.43 ± 5.46 years, in relation to the generation interval, a general average of 9.07 ± 4.75 was recorded. years old. Of the total of 206,426 animals, 7.20% are part of the base population (founders and ancestors). With a number of ancestors 8,908, with only 44 being the effective number of ancestors. The effective number of founders was equal to 100.31 animals. As for the genetic variability in the breed, 50% of it is explained by contributions from only 48 animals. The inbreeding coefficient (F) and the average kinship coefficient (AR) for the entire population were 2.26% and 2.41%, respectively. Among the ancestors that most contributed to the genetic variability of the breed, nine animals are

responsible for 21.58% of the variability, of which only two are females. From 1980 onwards there was an increase in F and AR and between 2010 and 2020 there was a deceleration of these two parameters in the Mangalarga herd.

Keywords: ancestors; horses; inbreeding; pedigree.

Lista de Figuras

- Figura 1** - Integralidade do *pedigree* e nível de identificação dos ancestrais até a quinta geração para a raça Mangalarga11
- Figura 2** - Consanguinidade (F) e coeficiente de parentesco médio (AR) por década, na raça Mangalarga15

Lista de Tabelas

- Tabela 1** - Idade média (anos) dos pais no nascimento de sua prole e intervalo de gerações (anos) para as quatro passagens gaméticas para a raça Mangalarga12
- Tabela 2** - Parâmetros populacionais da raça Mangalarga com base em dados de pedigree13
- Tabela 3** - Descrição dos ancestrais que mais contribuíram para a variabilidade genética da raça Mangalarga14
- Tabela 4** - Valores de consanguinidade (F) e coeficiente de parentesco (AR), incremento da porcentagem de indivíduos endogâmicos em relação a geração anterior (End), aumento percentual na média de F para indivíduos endogâmicos (FEnd) e Número efetivo (Ne) da raça Mangalarga, por número de gerações máximas conhecidas14

Sumário

1 INTRODUÇÃO	14
2 OBJETIVOS	15
2.1 Geral	15
2.2 Específicos	15
3 REVISÃO DE LITERATURA	16
3.1 Historico da raça Mangalarga	16
3.2 O cavalo Mangalarga	17
3.3 Estrutura Genética da população	18
3.4 Endogamia	19
3.5 Tamanho efetivo da população	21
3.6 Fundadores e ancestrais	22
3.7 Coeficiente Médio de Parentesco (AR)	23
3.8 Intervalo de gerações e número de gerações	24
REFERÊNCIAS	25
CAPÍTULO I – Análise populacional da raça Mangalarga¹	1
RESUMO	2
1 INTRODUÇÃO	6
2 MATERIAL E MÉTODOS	7
2.1 Dados de pedigree	8
2.2 Análises Estatísticas	8
2.3 Integralidade do pedigree	8
2.4 Intervalo de Gerações e estrutura genética da população	8
3 RESULTADOS	10
3.1 Integralidade do pedigree	10
3.2 Intervalo de Gerações e estrutura genética da população	10
4 DISCUSSÃO	15
4.1 Integralidade do pedigree	15
4.2 Intervalo de Gerações e estrutura genética da população	16
5 CONCLUSÃO	24
6 AGRADECIMENTOS	25
7 REFERÊNCIAS	25

1 INTRODUÇÃO

A busca por equinos de andamento cômodo, aptos para caçadas e lida com o gado, faz parte da história cultural do sul de Minas Gerais. Com a chegada da família real portuguesa ao Brasil, a genética dos cavalos da Coudelaria de Álder foi introduzida no rebanho da Fazenda Campo Alegre, de propriedade do Barão de Alfenas, marco inicial da formação da raça Mangalarga. Devido à habilidade esportiva e andamento diagonalizado e cômodo dos equinos descendentes da tropa do Barão de Alfenas, a raça logo se expandiu entre os criadores paulistas, que a disseminou por São Paulo e estados vizinhos. Com a expansão do rebanho e surgimento de novos criadores, a seleção se intensificou (ALMEIDA *et al.*, 2021).

O grande número de novos criadores e a conseqüente falta de padronização dos animais evidenciou a necessidade da criação de diretrizes comuns. Em 1934 foi fundada a Associação Brasileira de Criadores de Cavalos da Raça Mangalarga (ABCCRM) e, com a definição do padrão racial, iniciaram-se os trabalhos para uniformização do rebanho (ABCCRM, 2021a).

Ao longo das décadas, diferentes critérios de seleção foram adotados. Inicialmente os criadores valorizavam mais a função dos equinos do que propriamente sua conformação e beleza. Porém, entre as décadas de 1960 e 1970, em função da concorrência imposta pelo aumento na importação de raças equinas estrangeiras, a criação de cavalos passou a enfatizar mais a morfologia e beleza estética, resultando em perdas zootécnicas (PRADO, 2008; ALMEIDA *et al.*, 2021), como por exemplo o andamento marchado. Atualmente, a ABCCRM orienta a seleção da raça para enquadrá-la no conceito atual do moderno cavalo de sela para trabalho e esporte, mantendo as características peculiares da raça, principalmente o andamento cômodo, sem a perda da beleza estética (ABCCRM, 2021a).

Diferente de outras espécies domésticas, nas fazendas o rebanho equino geralmente não é muito numeroso e sua seleção não tem objetivos econômicos bem definidos. Além disso, as características avaliadas como andamento, premiações em competições e funcionalidade associada à morfologia não são de mensuração objetiva. Isto faz com que os aspectos relativos à estrutura genética das populações equinas, principalmente os relacionados à endogamia e ao tamanho efetivo, apresentem particularidades próprias (COSTA *et al.*, 2005).

O estudo da estrutura genética de uma população permite que sejam identificados os eventos históricos que afetaram a diversidade genética das raças, bem como possibilita

descrever a evolução do nível de endogamia e definir o parentesco entre os indivíduos para monitoramento da diversidade genética. Adicionalmente, permite a identificação de indivíduos fundadores, ancestrais, ou seja, de relevante contribuição genética na população (TINO *et al.*, 2020).

O estudo genético das raças de equinos é de suma importância para o melhoramento genético, conservação das raças e conhecimento da estrutura genética. A possibilidade de caracterização de uma determinada raça através de dados de *pedigree* faz-se necessária como auxílio à evolução genética. Os equinos são animais que podem chegar a altos valores de mercado, principalmente aqueles que se destacam nos esportes equestres, contudo, também são animais cujo melhoramento é mais complexo, pois características atléticas podem apresentar baixa herdabilidade. Em adição, há poucos estudos genéticos referentes às raças, principalmente à Mangalarga, sendo observado apenas um estudo de 2006 realizado por Mota, Prado e Sobreiro, que utiliza dados de *pedigree*, entretanto, não avaliam todos os parâmetros genéticos e, posteriormente ao estudo, milhares de novos animais foram registrados na raça. Por esses motivos, é necessária a atualização dos parâmetros já avaliados e a avaliação dos que ainda não foram estudados para raça Mangalarga.

2 OBJETIVOS

2.1 Geral

Analisar a estrutura populacional e demografia da raça Mangalarga.

2.2 Específicos

Avaliar a integralidade do *pedigree* composto por informações genealógicas de 206.426 cavalos Mangalarga, registrados no período de 1919 a 2018;

Estimar os seguintes parâmetros: coeficiente de endogamia, coeficiente de parentesco médio, tamanho efetivo da população, número efetivo de animais fundadores, número efetivo de ancestrais, e intervalo médio de gerações;

Avaliar a endogamia ao longo dos anos.

3 REVISÃO DE LITERATURA

3.1. Histórico da raça Mangalarga

O cavalo Mangalarga originou-se a partir do cruzamento entre éguas sem raça definida e animais da Coudelaria de Álder, introduzidos no Brasil com a chegada da família real portuguesa. A raça Mangalarga teve o processo de seleção iniciado em 1812 na fazenda Campo Alegre, no sul de Minas, onde Gabriel Francisco Junqueira, o Barão de Alfenas, instalou-se e acasalou suas éguas com um garanhão da Coudelaria de Álder, que havia ganhado de presente do Príncipe regente D. João VI (JUNQUEIRA, 2014; ABCCRM, 2021a).

Grande parte dos animais produzidos na fazenda Campo Alegre foram adquiridos por outros criatórios dos estados de Minas Gerais e São Paulo, sendo disseminados principalmente por membros da família Junqueira e seus descendentes (ALMEIDA, 2019).

Francisco Antônio Junqueira introduziu animais em sua fazenda Invernada, com a finalidade de uso para esportes (na época, caça de veados) e lida com o gado. Esse fato se tornou um marco para seleção funcional do Mangalarga (ABCCRM, 2021a). O andamento característico da raça denominado “marcha trotada”, favoreceu o uso desses animais nos trabalhos dentro da pecuária de corte (MOTA; PRADO; SOBREIRO, 2006). Com a expansão da raça e o surgimento de novos criadores no estado de São Paulo, a seleção se intensificou.

Valorizando mais a funcionalidade dos equinos do que a conformação e beleza, por cerca de 100 anos os criadores utilizaram critérios próprios de seleção, tornando o rebanho funcionalmente superior, contudo, morfológicamente heterogêneo. Com a falta de homogeneidade do rebanho, Paulo de Lima Corrêa (estudioso da época) e outros dois criadores influentes (Dr. Celso Torquato Junqueira e Renato Junqueira Neto) iniciaram um projeto de padronização da raça (ABCCRM, 2021a). Com a instauração de uma comissão e sucessivas reuniões, foi elaborado um anteprojeto dos estatutos, contribuindo assim para a fundação, em 15 de setembro de 1934, da Associação Brasileira de Criadores de Cavalos da Raça Mangalarga (ABCCRM).

A ABCCRM desempenhou papel fundamental para uniformização do rebanho, estabelecendo o padrão racial. Inicialmente foram registrados animais com base na morfologia e andamento, com ascendência desconhecida (livro aberto) (ALMEIDA, 2019).

Em 1943 a ABCCRM estabeleceu que somente fossem aceitos os filhos de progenitores já registrados (fechamento do livro), o que para muitos foi uma decisão precipitada, pois

impediu que animais com potencial para contribuição com a evolução da raça fossem registrados (PRADO, 2008; SIMÕES, 2014).

Mesmo com o fechamento precoce do livro a raça continuou seu processo de expansão, até que no início da década de 1970 aconteceu a primeira retração no crescimento do rebanho Mangalarga. Acredita-se que o deslocamento da pecuária de corte para outras regiões do país e a migração da população rural para os grandes centros urbanos tenham contribuído para a redução do rebanho. Em momento tão frágil na jovem história da raça Mangalarga, ocorreu crescimento na importação das raças estrangeiras, o que levou os criadores a tentarem mudar o perfil da raça para se adequarem ao padrão racial do cavalo de sela internacional (PRADO, 2008).

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, 2021b).

3.2. O cavalo Mangalarga

A raça Mangalarga é conhecida como “o cavalo de sela brasileiro”, *slogan* que recebeu graças a seu andamento cômodo (BRASIL, 2016). O cavalo Mangalarga 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, 2019).

De acordo com o padrão racial da ABCCRM, aos 36 meses os machos e fêmeas devem apresentar altura mínima de 1,50 m e 1,45 m, respectivamente. Em sua harmonia geral, deve ser retilíneo, mediolíneo e eumétrico, apresentando temperamento dócil e vivo (temperamento de cavalo de sela). São admissíveis para registro todas as pelagens, exceto a pseudoalbina (em função da maior sensibilidade à radiação solar), apalusa e persa (devido à ausência dessas últimas duas pelagens nos ancestrais que deram origem à raça), apresentando saúde perfeita com ausência de vícios redibitórios (ABCCRM, 2021c).

Para garantir qualidade zootécnica superior é necessário rigor no registro genealógico, além de assegurar evolução da raça e aperfeiçoamento do padrão racial. Na raça Mangalarga, para 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, 2021c).

A marcha trotada é uma das principais características do cavalo Mangalarga (ABCCRM, 2021c). 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).

A marcha trotada é geneticamente transmissível aos descendentes (SIMOES, 2014). Santos *et al.* (2018) comentaram que embora a morfologia contribua muito para a qualidade de movimentação dos cavalos, fatores genéticos são fundamentais para que os equinos marchem, além de fatores ambientais como equitação, treinamento e manejo.

3.3. Estrutura Genética da população

Para o desenvolvimento de estratégias de seleção, é necessário o conhecimento sobre a estrutura genética populacional, com informações em relação ao número de machos e fêmeas reprodutores, idade dos pais, distribuição de partos, intervalo de geração e variação nos tamanhos das famílias (LEAL, 2015).

Buscando elucidar a existência e distribuição de variabilidade em um rebanho, os estudos de estrutura da população usam como base o tamanho efetivo populacional, o número e contribuição dos animais fundadores e a endogamia (BUSSIMAN *et al.*, 2017).

A avaliação da estrutura genética das populações visa reconhecer a existência de heterogeneidades nas distribuições das frequências genotípicas e alélicas, possibilitando observar se há ocorrência de inter cruzamento entre grupos (SOARES, 2014).

Esta avaliação pode ser realizada a partir da utilização de marcadores moleculares ou de informações de registro genealógico (*pedigree*). A vantagem de se utilizar o *pedigree* é que se trata de uma ferramenta simples e de baixo custo (MALHADO *et al.*, 2008). No entanto, para garantir a precisão das estimativas dos parâmetros, deve-se utilizar um banco de dados estruturado. Assim, um estudo prévio sobre a integralidade do *pedigree* torna-se fundamental.

A integralidade do *pedigree* diz respeito à quantidade de informações genealógicas sobre as raças e a qualidade que estas possuem (LOPA, 2015). Esta pode ser analisada a partir dos seguintes critérios: número de gerações completas e máximas traçadas para cada indivíduo e as gerações completas equivalentes. O primeiro é definido como aqueles que separam a prole da geração mais distante onde os ancestrais 2^g do indivíduo são conhecidos. O segundo é o número de gerações que separam o indivíduo de seu ancestral mais distante. As

gerações completas equivalentes são dadas pela soma das proporções dos ancestrais conhecidos sobre todas as gerações traçadas (BOICHARD; MAIGNEL; VERRIER, 1997).

Uma baixa integralidade do *pedigree* pode limitar estudos acerca da estrutura genética de populações, principalmente quando os dados de parentesco são incompletos ou equivocados, algo muito comum em animais de produção (TEIXEIRA NETO *et al.*, 2012). Isto porque pode gerar estimas imprecisas de importantes parâmetros como a endogamia.

3.4. Endogamia

A endogamia ou consanguinidade pode ser definida como o acasalamento de indivíduos mais aparentados entre si, do que o parentesco médio esperado, se eles fossem escolhidos, ao acaso, na população (LOPES, 2005). Este sistema de acasalamento tende a aumentar a homozigose e, conseqüentemente, diminuir a heterozigose (ELER, 2014).

Esta redistribuição da variância genética promove a diferenciação entre linhas e a uniformidade genética dentro delas (LOPES, 2005). Assim, o acasalamento entre parentes é uma prática usada por alguns criadores de raças puras, pois, além de selecionar características desejáveis de certa linhagem, mantém uma padronização racial (FORMIGONI, 2008). Por isso na equideocultura há predileção por animais geneticamente relacionados, pois os criadores visam acasalamentos que envolvam animais campeões.

Por outro lado, o incremento da homozigose aumenta a oportunidade para os genes recessivos, antes encobertos pela heterozigose, se expressarem (LOPES, 2005). Ressalta-se que estes muitas vezes possuem efeitos indesejados ou deletérios. Assim, uma importante consequência da endogamia é a redução do valor fenotípico médio de características reprodutivas e relacionadas à eficiência fisiológica, gerando redução da fertilidade, da sobrevivência e do vigor dos animais. Este processo é denominado depressão endogâmica e é o principal motivo pelo qual se deve controlar o nível de consanguinidade de um rebanho (LOPES, 2005).

A endogamia pode ser quantificada a partir do Coeficiente de Consanguinidade (F), parâmetro definido como a probabilidade de que dois alelos em um loco sejam idênticos por descendência, ou seja, venham de um mesmo ancestral comum (ELER, 2014).

Nos estudos com raças equinas observaram-se diferentes níveis de endogamia nas populações, como observado a seguir. Os equinos da raça Campolina apresentaram coeficiente médio de endogamia de 2,45%, esse valor baixo se deve ao fato de animais de genealogia desconhecida terem contribuído geneticamente, além de utilizarem fêmeas mais

endogâmicas com machos não endogâmicos, o que manteve certo grau de endogamia, contudo, com valores baixos (BUSSIMAN *et al.*, 2017).

Dias *et al.* (2000) avaliaram informações de 11.508 animais da raça Brasileiro de Hipismo e observaram coeficiente de endogamia de praticamente zero. Esse baixo coeficiente médio de endogamia deveu-se à existência de apenas 151 animais endogâmicos, pois há grande número de raças em acasalamentos utilizados para formação do Brasileiro de Hipismo.

A população total de Pura Raça Espanhola apresentou endogamia média de 7,51% (PERDOMO-GONZÁLEZ *et al.*, 2020), indicando maior relação de parentesco entre os animais dessa população.

Em um estudo com a raça Crioula onde se considerou os animais nascidos no Brasil e os importados, foi observado coeficiente de endogamia igual a 0,88%, sendo que para os nascidos no Brasil esse valor foi de 1,41%. Os baixos níveis de endogamia encontrados na raça Crioula no Brasil pode ser explicado pela população base com grande número de animais, grande número de fundadores e ancestrais, e da introdução de animais de outros países (Argentina, Uruguai e Chile), assim como introdução de animais de diferentes raças. (MACIEL *et al.*, 2014).

Elevadas taxas de endogamia podem levar a perdas de ganho genético, redução do valor fenotípico, evidenciado pelos caracteres relacionados à capacidade reprodutiva ou eficiência fisiológica (FALCONE; MACKAY, 1996). A depressão endogâmica leva a redução na lucratividade da atividade, assim é necessário manter baixos níveis de endogamia no rebanho. As possíveis causas da depressão endogâmica são: segregação de genes recessivos que só possuem efeitos desfavoráveis em estado de homozigose; interação entre genes situados em locos diferentes, ou seja, efeito epistático (GONÇALVES, 2010).

Estudos indicam que níveis acima de 10% de coeficiente de endogamia podem causar efeitos deletérios. 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.

Gonçalves (2010), avaliando equinos da raça Árabe, concluiu que o nível de endogamia superior a 5% teve impacto negativo sobre a reprodução, peso corporal e algumas características morfométricas.

Cunningham (1991) registrou na raça Puro Sangue Inglês endogamia de 12,5%. O autor observou decréscimo da taxa de nascimento de animais com diferentes níveis de

endogamia. Para cada 10% de aumento da endogamia, observou-se decréscimo de 7% da taxa de nascimento.

A taxa de consanguinidade (ΔF) foi estimada para cada geração a partir da fórmula a seguir:

$$(\Delta F) = \frac{F_t - F_{t-1}}{1 - F_{t-1}}$$

Onde, F_t e F_{t-1} = endogamia média da progênie e de seus pais, respectivamente.

3.5. Tamanho efetivo da população

O número efetivo ou tamanho efetivo da população representa o número de indivíduos que daria origem à taxa de consanguinidade ou incremento da consanguinidade apropriado para as condições consideradas, caso os indivíduos se acasalassem como na população ideal (LOPES, 2005). Este parâmetro ajuda a prever a perda e a distribuição da variação genética, as probabilidades de fixação de alelos benéficos ou prejudiciais, aptidão e sobrevivência de uma população (WANG, 2005).

O tamanho efetivo da população é afetado pela proporção de machos e fêmeas, longevidade e variação no tamanho da família (FAO, 2021). A seleção artificial também afeta o tamanho efetivo da população e, portanto, pode reduzir a diversidade genética. O manejo local cria subdivisões genéticas dentro das raças, levando a algum grau de isolamento reprodutivo. Além disso, as técnicas de reprodução artificial podem diminuir rapidamente a diversidade genética, mas também pode levar a algum fluxo gênico em pequenos subconjuntos de uma raça (ASSIS *et al.*, 2009).

O número efetivo pode influenciar na endogamia da população, visto que, quanto menor o tamanho efetivo, maiores chances de cruzamentos entre animais aparentados (PERDOMO-GONZÁLEZ *et al.*, 2020).

O tamanho efetivo nas raças equinas é muito variável, pois cada raça possui origens e formações diferentes. A raça Campolina apresentou tamanho efetivo de 8509 animais (PROCÓPIO; BERGMAM; COSTA, 2003). Em uma avaliação mais atual, foi observado tamanho efetivo populacional dessa raça na geração mais recente de 93 (BUSSIMAN *et al.*, 2017). Uma vez que o tamanho efetivo calculado com base no número de animais foi de 2846, sugere-se a possível redução na variabilidade genética para a população atual.

Na raça Brasileiro de Hipismo dentre os 11.508 indivíduos registrados, o número efetivo de animais foi de 253 (DIAS *et al.*, 2000).

Apesar do tamanho populacional relativamente grande da raça Mangalarga Marchador (300.000 equinos registrados até 2009), o tamanho efetivo estimado da população foi proporcionalmente baixo, sendo estimado em 9.174,24 animais (ASSIS *et al.*, 2009).

O tamanho efetivo populacional (N_e) foi calculado de acordo com Falconer e Mackay (1996) pela seguinte fórmula: $N_e = 1/2\Delta F$

3.6. Fundadores e ancestrais

Através de análise de pedigree, baseada nos registros genealógicos, é possível encontrar informações sobre os primeiros contribuintes da população estudada. Os animais fundadores são os ancestrais sem genealogia conhecida, cujos pais são desconhecidos. A população base do rebanho, aquela que dá origem aos animais da população, é formada pelos “Fundadores Fantasmas” que possuem apenas um parente desconhecido (BAENA, 2019). O número efetivo dos fundadores representa o número de fundadores com igual contribuição e que produziria a mesma diversidade genética encontrada na população estudada (LACY, 1989). A partir deste parâmetro, pode-se avaliar a preservação da diversidade genética dos fundadores até a população atual (RODRIGUES, 2009).

Nessa mesma análise é possível identificar os animais ancestrais, que são os indivíduos que podem ser fundadores, influenciando mais que seus ascendentes na variabilidade genética presente na população (BAENA, 2019). A estimativa do número efetivo de ancestrais, fundadores ou não, explica a completa diversidade genética da população (RODRIGUES, 2009).

A variabilidade genética é influenciada pelo número de fundadores de uma população, sendo que quanto menor a quantidade de fundadores, menor a variabilidade genética (RODRIGUES, 2009). A contribuição genética é maior à medida que são produzidos mais descendentes (LAAT, 2001).

Para estimar a variabilidade genética e conhecer as consequências da política de cruzamentos realizada na população, uma das informações mais interessantes vem da análise da contribuição genética proveniente de animais fundadores e de ancestrais (BAENA, 2019).

Apesar da grande quantidade de animais no banco de dados do cavalo Pura Raça Espanhola (mais de 300 mil), apenas 1.023 ancestrais são responsáveis por 100% da variabilidade genética, dos quais apenas sete são responsáveis por 50% do *pool* genético da população (PERDOMO-GONZÁLEZ *et al.*, 2020). Já na raça Mangalarga Marchador, 16 ancestrais contribuíram com mais de 39% da genética da população atual (COSTA *et al.*,

2005).

Mota, Prado e Sobreiro (2006) encontraram número efetivo de fundadores de 16,1 para um total de 438 fundadores da raça Mangalarga. Estes dados indicam a ocorrência de perda de diversidade, visto que nem todos os fundadores contribuíram em mesma quantidade para formação da raça. Também foi observado número efetivo de ancestrais igual a 15, sendo que cinco animais contribuíram com aproximadamente 50% de todos os genes da população.

Foi estimado o número efetivo de animais fundadores, a partir da seguinte expressão:

$$fe = \frac{1}{\sum_{k=1}^f q_k^2}$$

Onde: q_k = é a possibilidade do gene originar-se do ancestral k.

Foi estimado o número efetivo de ancestrais a partir da equação:

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

Onde: q_j = contribuição marginal de um ancestral j, que é a contribuição genética feita por um antepassado que não é explicada por outros antepassados escolhidos antes.

3.7. Coeficiente Médio de Parentesco (AR)

O coeficiente médio de parentesco de cada indivíduo é definido como a probabilidade de que um alelo escolhido aleatoriamente entre uma população inteira pertença a um dado animal no pedigree (GUTIÉRREZ; GOYACHE, 2005).

Para prever a consaguinidade de uma população a longo prazo, o coeficiente médio de parentesco pode ser utilizado como alternativa ou como complemento ao coeficiente de endogamia, pois considera a porcentagem de pedigree completo originado do fundador (RODRIGUES, 2009).

O coeficiente de parentesco médio pode também ser utilizado como índice para manter estoque genético original, além de comparar a consaguinidade entre subpopulações (GOYACHE *et al.*, 2003). Assim, pode ser utilizado para a gestão de populações, selecionando os animais com menores valores de coeficiente de parentesco para a reprodução. Seu uso deve ser realizado em conjunto com outros parâmetros, como coeficiente de endogamia, número efetivo de fundadores e intervalo de gerações (RODRIGUES, 2009).

Os equinos da raça Campolina apresentaram coeficiente de parentesco médio de 2,2% (BUSSIMAN *et al.*, 2017). De acordo com os autores, esse valor baixo se deve ao fato de animais de genealogia desconhecida terem contribuído geneticamente. A população total dos equinos Pura Raça Espanhola apresentou um coeficiente de parentesco médio de 11,31%

(PERDOMO-GONZÁLEZ *et al.*, 2020), indicando alta relação entre os animais dessa população. Na população total da raça Crioula foi observado coeficiente médio de parentesco de 0,65% (animais nascidos no Brasil e importados) (MACIEL *et al.*, 2014).

3.8. Intervalo de gerações e número de gerações

Teoricamente, quanto mais cedo o animal entra em reprodução, menor será o intervalo de gerações e a possibilidade de mais descendência é dedutível (LEAL, 2015). O intervalo de gerações é definido pela idade média dos pais ao nascimento da progênie, (pai-filho, pai-filha, mãe-filho e mãe-filha) utilizando as datas de nascimento de cada indivíduo e dos seus pais (RODRIGUES, 2009).

Na raça Mangalarga foi observado média de idade ao primeiro filho de 9,24 para os pais e de 9,75 para as mães, resultando em um intervalo médio entre gerações de 9,49 (MOTA; PRADO; SOBREIRO, 2006). Estes autores observaram um número médio de filhos por garanhão de 23,8, e de 4,4 para éguas. Bussiman *et al.* (2017) encontraram valores de intervalo de geração médio (L) de 9,0 anos para raça Campolina, sendo maior nas fêmeas do que nos machos, 8,9 e 8,3, respectivamente. Como o intervalo é baixo os ganhos genéticos podem ser rapidamente alcançados.

Dias *et al.* (2000) encontraram idade média dos pais ao nascimento dos filhos (intervalo médio de gerações) de 9,86 anos nos animais da raça Brasileiro de Hipismo, sendo a idade dos garanhões ao nascimento de sua progênie de 10,42 e das éguas de 9,31 anos. A raça Campolina apresentou número máximo de gerações traçadas de 6,5 e intervalo de gerações de 8,7 anos (PROCÓPIO; BERGMAM; COSTA, 2003).

REFERÊNCIAS

ABCCRM. **História**. São Paulo [s. d]. Disponível em: <https://www.cavalomangalarga.com.br/historia.aspx>. Acesso em: 11 jun. 2021a.

ABCCRM. **O que é**. São Paulo [s. d]. Disponível em: <https://www.cavalomangalarga.com.br/oquee.aspx>. Acesso em: 11 jun. 2021b.

ABCCRM. **Serviço de Registro Genealógico (SRG)**. São Paulo [s. d]. Disponível em: <https://www.cavalomangalarga.com.br/documentos/Regulamentosrg2021.pdf>. Acesso em: 11 jun. 2021c.

ALMEIDA, Juliete Amanda Theodora de. **Análise temporal de parâmetros demográficos e biométricos da raça mangalarga**. 2019. Dissertação (Mestrado em CIÊNCIA ANIMAL E PASTAGENS)- Universidade Federal Rural de Pernambuco, Garanhuns, 2019. Disponível em: <http://www.tede2.ufrpe.br:8080/tede2/bitstream/tede2/8430/2/Juliete%20Amanda%20Theodora%20de%20Almeida.pdf>. Acesso em: 22 jun. 2021.

ALMEIDA, Juliete Amanda Theodora. *et al.* Temporal analysis of demographic and biometric parameters of the Mangalarga breed. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.51:7, 2021. DOI: <https://doi.org/10.1590/0103-8478cr20200697>. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/cr/a/zGXL6SGBFxyNKZ35KqmQbQC/?lang=en>. Acesso em: 12 jul. 2021.

BAENA, Marielle Moura. **Population Structure and Genetic Characterization of the Mangalarga Marchador Horse Breed**. 2019. Tese (doutorado) - Universidade Federal de Lavras, Minas Gerais, 2019. Disponível em: http://repositorio.ufla.br/jspui/bitstream/1/33454/2/TESE_Population%20structure%20and%20genetic%20characterization%20of%20the%20Mangalarga%20Marchador%20horse%20breed.pdf. Acesso em: 22 ago. 2021.

BOICHARD, D; MAIGNEL, L.; VERRIER, E. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. **Genetics Selection Evolution**, v. 29, n. 1, p. 5-23, 1997. DOI: <https://doi.org/10.1186/1297-9686-29-1-5>. Disponível em: <https://gsejournal.biomedcentral.com/articles/10.1186/1297-9686-29-1-5>. Acesso em: 23 set. 2021.

BREDA, Fernanda Cristina *et al.* Endogamia e limite de seleção em populações selecionadas obtidas por simulação. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 33, p. 2017-2025, 2004. DOI: <https://doi.org/10.1590/S1516-35982004000800013>. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/rbz/a/ZRCQqLz7fFkpxSmnbb6zsbH/>. Acesso em: 12 jan. 2022.

BUSSIMAN, Fernando de Oliveira *et al.* **Estrutura populacional de equinos da raça Campolina**. In: SIMPÓSIO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO ANIMAL, 12, Ribeirão Preto, **Anais** [...] Ribeirão Preto: SBMA, 2017. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/323397084_Estrutura_populacional_de_equinos_da_raca_Campolina. Acesso em: 14 jan. 2021.

COSTA, M.D. *et al.* Estudo da subdivisão genética da raça Mangalarga Marchador. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v.57, n.2, p.272-280, 2005. DOI:

<https://doi.org/10.1590/S0102-09352005000200021>. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/abmvz/a/Xk4SH7rzqwLQDKdhRpryKdF/>. Acesso em: 14 jan. 2021.

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

DEASSIS, J.B. *et al.* Genetic diversity and population structure in Brazilian Mangalarga Marchador horses. **Genetics and Molecular Research**, v.8, p.1519-1524, 2009. DOI: <https://doi.org/10.4238/vol8-4gmr647>. Disponível em: <https://www.geneticsmr.com/articles/774>. Acesso em: 18 set. 2021.

DIAS, I.M.G. *et al.* Formação e estrutura populacional do equino Brasileiro de Hipismo. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, vol.52 n.6 Belo Horizonte Dec. 2000. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0102-09352000000600016>. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/abmvz/a/ZNJSdnvwBMZVyYnkL6K8qBd/?lang=pt>. Acesso em: 20 nov. 2020.

ELER, Joanir Pereira. **Teorias e métodos em melhoramento genético animal: I bases do melhoramento genético animal**. São Paulo: Pirassununga, 2014.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. 4a edição - Harlow: Longman Group Limited, 1996.

FAO. **In situ conservation of livestock and poultry**. Disponível em < <http://www.fao.org/docrep/004/t0559e/t0559e04.htm> > Acesso em 12 de jun. 2021.

FORMIGONI, Ivan B. **Endogamia: efeitos prós e contras que devem ser bem trabalhados**. 2008. Disponível em <<https://www.scotconsultoria.com.br/noticias/artigos/21298/endogamia:-efeitos-pros-e-contras-que-devem-ser-bem-trabalhados.htm>>. Acesso em: 13 jul. 2021.

GONÇALVES, Renderson Welington. **Efeito da endogamia nas características morfológicas e reprodutivas dos equinos da raça Mangalarga Marchador**. 2010. Dissertação (Mestrado em Produção Animal)- Universidade Estadual de Montes Claros, Unimontes, 2010. Disponível em: <https://www.posgraduacao.unimontes.br/ppgz/wp-content/uploads/sites/24/2019/11/Renderson-Welington-Gon%C3%A7alves.pdf>. Acesso em: 24 ago. 2021.

GOYACHE, F. *et al.* Using pedigree information to monitor genetic variability of endangered population: the Xalda sheep breed of Asturias as an example. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 120, p. 95-105, 2003. DOI: <https://doi.org/10.1046/j.1439-0388.2003.00378.x>. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1046/j.1439-0388.2003.00378.x>. Acesso em: 20 nov. 2020.

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

LAAT, Daiane Mariele de. **Contribuição Genética de Fundadores e Ancestrais na Raça Campolina**. 2001. Dissertação (Mestrado em Genética)- Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, 2001. Disponível em: <http://www.pggenetica.icb.ufmg.br/defesas/11M.PDF>. Acesso em: 18 set. 2021.

LACY, Robert C. Analysis of founder representation in pedigrees: founder equivalents and founder genome equivalents. **Zoo biology**, v. 8, n. 2, p. 111-123, 1989. DOI: <https://doi.org/10.1002/zoo.1430080203>. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1002/zoo.1430080203>. Acesso em: 20 nov. 2020.

LEAL, Luciano da Rosa. **Estrutura populacional e diversidade genética da raça árabe no Brasil**. 2015. Dissertação (Mestrado em Ciência Animal)- Universidade Federal do Pampa, Uruguaiana, 2015. Disponível em: <https://cursos.unipampa.edu.br/cursos/ppgca/files/2012/09/Luciano-da-Rosa-Leal.pdf>. Acesso em: 14 nov. 2021.

LOPA, Thais Maria Bento Pires. **Estudo da estrutura populacional da raça Braford com base no pedigree**. 2015. Dissertação (Mestrado em Ciência Animal)- Universidade Federal do Pampa, Uruguaiana, 2015. Disponível em: <https://dspace.unipampa.edu.br/bitstream/rii/504/1/THAIS%20MARIA%20BENTO%20PIRES%20LOPA.pdf>. Acesso em: 12 jan. 2021.

LOPES, Paulo Sávio. **Teoria do melhoramento animal**. Belo Horizonte: FEPMVZ-Editora, 2005.

MACIEL, F. C *et al.* Population structure and genealogical analysis of the Brazilian Crioula Horse. *Recursos genéticos animais*, v. 54, p. 115-125, 2014. DOI: <https://doi.org/10.1017/S2078633613000489>. Disponível em: <https://www.cambridge.org/core/journals/animal-genetic-resources-resources-genetiques-animales-recursos-geneticos-animales/article/abs/population-structure-and-genealogical-analysis-of-the-brazilian-crioula-horse/1EDCAAFB1543B8A1F475F1350EAC357D>. Acesso em: 20 jan. 2021.

MALHADO, Carlos Henrique Mendes *et al.* Melhoramento e estrutura populacional em bubalinos da raça Mediterrâneo no Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.43, n.2, p. 215-220, 2008. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2008000200009>. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/pab/a/PRbgVwBvXBzGynGsVpkN6jJ/>. Acesso em: 20 jan. 2021.

MOTA, M.D.S.; DE A. PRADO, R.S.; SOBREIRO, J. Caracterização da população de cavalos Mangalarga no Brasil. **Archivos de Zootecnia**, vol. 55, núm. 209, p. 31-37, 2006. ISSN 0004-0592.

PABLO GUTIERREZ, Juan; GOYACHE, Felix. ENDOG: programa de computador voltado para análise de informações de pedigree. *Jornal de Genética e Procriação animal*, 122; 172-176, 2005.

PERDOMO-GONZÁLEZ, Davina L. *et al.* Genetic structure analysis of the Pura Raza Español horse population through partial inbreeding coefficient estimation. **Animals**, v. 10, n. 8, p. 1360, 2020. DOI: <https://doi.org/10.3390/ani10081360>. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2076-2615/10/8/1360>. Acesso em: 19 nov. 2020.

PRADO, Raul Sampaio de Almeida. **Raízes Mangalarga**. São Paulo: Empresa das Artes, 2008.

PROCÓPIO, A. M.; BERGMANN, J. A. G.; COSTA, M. D. Formação e demografia da raça Campolina. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 55, p. 361-365,

2003. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0102-09352003000300018>. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/abmvz/a/C6Qrpk9pP3F7rwBrtzqZXVL/?lang=pt>. Acesso em: 18 nov. 2020.

RODRIGUES, Daliane da Silva. **Estrutura populacional de um rebanho morada nova variedade branca no Estado do Ceará**. 2009. Dissertação (Mestrado em Produção e Melhoramento Animal) - Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, 2009. Disponível em: https://repositorio.ufc.br/bitstream/riufc/14340/1/2009_dis_dsrodrigues.pdf. Acesso em: 08 jun. 2021.

SANTOS, Jéssyka Emmanuely Silva dos *et al.* Effectiveness of the morphofunctional evaluation method of Campolina and Mangalarga Marchador breeds. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 47, p. 1-6, 2018. DOI: <https://doi.org/10.1590/rbz4720170280>. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/rbz/a/4c5fvs8MVZpHV7N5QK9b3gm/?lang=en>. Acesso em: 20 set. 2021.

SIMÕES, Fausto. **Mangalarga e o Cavalo de Sela Brasileiro**. 4. ed. São Paulo, SP: Editora dos Criadores, 2014.

SOARES, Sabrina Delgado. **DIVERSIDADE GENÉTICA EM POPULAÇÃO DE MELHORAMENTO DE MOGNO AFRICANO (*Khaya ivorensis* A. Chev.)**. 2014. Dissertação (Programa de Pós-graduação em Genética e Biologia Molecular), Universidade Federal de Goiás. Goiânia, 2014. Disponível em: <http://repositorio.bc.ufg.br/tede/bitstream/tede/4544/5/Disserta%20c3%a7%20c3%a3o%20-%20Sabrina%20Delgado%20Soares%20-%202014.pdf>. Acesso em: 20 nov. 2021.

TEIXEIRA NETO, Milton Rezende. *et al.* Variabilidade genética na raça bubalina Mediterrânea avaliada por meio de análise de pedigree. **Ciência Rural**, v. 42, n. 11, p. 2037-2042, 2012. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0103-84782012001100021>. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/cr/a/CdKxWCNBYzSLC3fdkXWRSsC/?lang=pt>. Acesso em: 20 ago. 2021.

TINO, C. R. S. *et al.* Análise da estrutura populacional de ovinos deslanados do núcleo de conservação. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 72, p. 560-564, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1590/1678-4162-10502>. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/abmvz/a/XcsFQxSFGRDvmBpKzpkGLLr/?lang=pt>. Acesso em: 10 abr. 2021.

WANG, Jinliang. Estimation of effective population sizes from data on genetic markers. **Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences**, v. 360, n. 1459, p. 1395-1409, 2005. DOI: <https://doi.org/10.1098/rstb.2005.1682>. Disponível em: <https://royalsocietypublishing.org/doi/10.1098/rstb.2005.1682>. Acesso em: 20 out. 2021.

CAPÍTULO I

ANÁLISE POPULACIONAL DA RAÇA MANGALARGA

RESUMO

Objetivou-se com o trabalho estudar a estrutura populacional da raça Mangalarga, através de dados de *pedigree*. Foram utilizadas informações genealógicas de 206.426 animais da raça Mangalarga, registrados no período de 1919 a 2018. Usando o software ENDOG v4.6, foram estimados os parâmetros: integralidade do *pedigree*, nível de identificação dos ancestrais, intervalo de gerações, número de fundadores (N_f), número de ancestrais, número efetivo de fundadores (f_e), número efetivo de ancestrais (f_a), coeficiente de endogamia (F) e coeficiente médio de parentesco médio (AR), número de animais da população referência, população base, população base real, número de ancestrais que deram origem a população de referência, número de ancestrais que explicam 50%, ancestrais que mais contribuíram para a variabilidade genética da raça, porcentagem de indivíduos endogâmicos (End), média de consanguinidade para indivíduos endogâmicos (FEnd), número efetivo (N_e) da raça, número médio de gerações máximas e completas. Dentre os resultados obtidos, foi possível identificar na raça Mangalarga ancestrais até a quinta geração. Além disso, para as quatro passagens gaméticas a idade média dos pais ao nascimento de sua prole foi de $9,43 \pm 5,46$ anos, já em relação ao intervalo de gerações, registrou-se média geral de $9,07 \pm 4,75$ anos. Do total de 206.426 animais, 7,20% fazem parte da população base (fundadores e ancestrais). Com número de ancestrais 8.908, sendo apenas 44 o número efetivo de ancestrais. O número efetivo de fundadores foi igual a 100,31 animais. Quanto à variabilidade genética na raça, 50% dela é explicada por contribuições de apenas 48 animais. O coeficiente de endogamia (F) e o coeficiente médio de parentesco (AR) para toda população foram de 2,26 % e 2,41%, respectivamente. Dentre os ancestrais que mais contribuíram para a variabilidade genética da raça, nove animais são responsáveis por 21,58% da variabilidade, sendo que deles apenas dois são fêmeas. A partir de 1980 houve crescimento da F e AR e entre 2010 e 2020 observou-se desaceleração desses dois parâmetros no rebanho Mangalarga. Conclui-se que a raça Mangalarga apresenta boa qualidade de informações sobre os dados de *pedigree*. Apresentam

uma seleção mais focada na linha paterna. A endogamia e coeficiente de parentesco médio foram baixos para população total. Além disso, alguns projetos feitos pela ABCCRM tiveram efeito positivo na diluição da endogamia ao longo das décadas.

Palavras-chave: equino, endogamia, fundadores, *pedigree*

ABSTRACT

This study aimed to investigate the population structure of the Mangalarga breed from pedigree data. Genealogic information on 206,426 Mangalarga horses registered between 1919 and 2018 was used. Using the ENDOG v4.6 software, the following parameters were estimated: integrality of pedigree, level of identification of ancestors, generation gap, number of founders (N_f), number of ancestors, effective number of founders (f_e), effective number of ancestors (f_a), inbreeding coefficient (F) and mean coefficient of mean kinship (AR), number of animals in the reference population, base population, actual base population, number of ancestors that originated the reference population, number of ancestors that explain 50%, ancestors that most contributed to genetic variability of the breed, percentage of endogamic individuals (End), mean consanguinity for endogamic individuals (FEnd), effective number (N_e) of the breed, and mean number of maximum and complete generations. Among the results obtained, ancestors could be identified in the Mangalarga breed up to the fifth generation. Moreover, for the four gametic passages, the mean parent age at the birth of their offspring was 9.43 ± 5.46 years, while the overall mean generation gap was 9.07 ± 4.75 years. Of the 206,426 animals, 7.20% are part of the base population (founders and ancestors). The number of ancestors was 8,908, whereas the effective number of ancestors was only 44. The effective number of founders was 100.31 animals. Regarding the genetic variability of the breed, 50% of it is explained by contributions from only 48 animals. The coefficient of endogamy (F) and the mean coefficient of kinship (AR) for the entire population were 2.26% and 2.41%, respectively. Among the ancestors that most contributed to the genetic variability of the breed, nine animals are responsible for 21.58% of the variability, only two of which female. Starting in 1980, F and AR increased, while a deceleration of those two parameters was observed in the Mangalarga herd between 2010 and 2020. It is concluded that the Mangalarga breed has good quality of information on pedigree data. The breed selection focuses more on the paternal lineage. Endogamy and mean coefficient of kinship were low

for the entire population. In addition, some projects carried out by the ABCCRM had a positive effect in diluting endogamy over the decades.

Keywords: equine, endogamy, founders, pedigree

1. INTRODUÇÃO

A busca por equinos de andamento cômodo, aptos para caçadas e lida com o gado, faz parte da história cultural do sul de Minas Gerais. Com a chegada da família real portuguesa ao Brasil, a genética dos cavalos da Coudelaria de Áter foi introduzida no rebanho da Fazenda Campo Alegre, de propriedade do Barão de Alfenas, marco inicial da formação da raça Mangalarga (PRADO, 2008; ALMEIDA *et al.*, 2021).

Devido à habilidade esportiva e andamento diagonalizado e cômodo dos equinos descendentes da tropa do Barão de Alfenas, a raça logo se expandiu entre os criadores paulistas, que a disseminaram por São Paulo e estados vizinhos. Com a expansão do rebanho e surgimento de novos criadores, a seleção se intensificou (PRADO, 2008; SIMÕES, 2014; ALMEIDA *et al.*, 2021).

O grande número de novos criadores e a consequente falta de padronização dos animais evidenciou a necessidade da criação de diretrizes comuns. Assim, em 1934 foi fundada a Associação Brasileira de Criadores de Cavalos da Raça Mangalarga (ABCCRM) e, com a definição do padrão racial, iniciaram os trabalhos para uniformização do rebanho (JUNQUEIRA, 2004; PRADO, 2008; SIMÕES, 2014).

Apesar da importância da ABCCRM, parte dos criadores de cavalo Mangalarga não se filiou por não concordar com o padrão definido, principalmente no tocante ao andamento. Assim, após 15 anos de fundação da ABCCRM, foi reconhecida oficialmente uma nova raça, a Mangalarga Marchador e fundada a Associação Brasileira de Criadores do Cavalo Mangalarga Marchador (ABCCMM), onde foram registrados animais com origem semelhante aos da raça Mangalarga, porém pertencentes a criadores que buscavam outras características morfofuncionais (ABCCMM, 2021).

Ao longo das décadas, diferentes critérios de seleção foram adotados. Inicialmente os criadores valorizavam mais a função exigida do que propriamente a conformação e beleza.

Porém, entre as décadas de 1960 e 1970, com o aumento na importação de raças equinas estrangeiras e o intuito de tornar o cavalo Mangalarga mais competitivo mercadologicamente, a seleção da raça passou a enfatizar mais a morfologia e beleza estética, resultando em perdas zootécnicas (PRADO, 2008; ALMEIDA *et al.*, 2021).

Atualmente, a ABCCRM vem orientando a seleção da raça para enquadrá-la no conceito atual do moderno cavalo de trabalho e esporte, mantendo as características peculiares da raça, principalmente o andamento cômodo, sem a perda da beleza estética (ABCCRM, 2021).

Diferente de outras espécies domésticas, nas fazendas o rebanho equino não é muito numeroso e geralmente a seleção não tem objetivos econômicos tão bem definidos. Além disso, as características avaliadas como andamento, premiações em competições e funcionalidade associada à morfologia não são de mensuração objetiva. Isto faz com que os aspectos genéticos populacionais dos equinos, principalmente os relacionados à endogamia e ao tamanho efetivo, apresentem particularidades próprias (COSTA *et al.*, 2005).

Estudos sobre a estrutura genética de uma população permitem que sejam identificados os eventos históricos que afetam a diversidade genética das raças, bem como possibilita descrever a evolução do nível de endogamia, o parentesco entre os indivíduos, e conseqüentemente, o monitoramento da diversidade genética. Adicionalmente, permite a identificação de indivíduos fundadores, ancestrais, ou seja, animais de relevante contribuição genética na população (TINO *et al.*, 2020).

Neste contexto, objetivou-se estudar a estrutura populacional e demografia da raça Mangalarga, a partir de dados de *pedigree*, desde a sua origem até 2018.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1. Dados do *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. Em seguida, realizou-se uma análise para a detecção de possíveis erros que pudessem comprometer o bom funcionamento do programa e a confiabilidade das estimativas. Após a exclusão das informações inconsistentes, obteve-se um arquivo com dados de 206.426 animais.

2.2. Análises estatísticas

Para a análise da integralidade do *pedigree* e a caracterização da estrutura genética populacional da raça Mangalarga, os dados foram submetidos ao software ENDOG 4.6 (GUTIÉRREZ; GOYACHE, 2005).

2.3. Integralidade do pedigree

Para cada indivíduo do *pedigree* foi calculado o número de gerações completas traçadas (geração mais distante em que todos os pais são conhecidos), o número máximo de gerações traçadas (número de gerações que separa o indivíduo de seu ancestral mais distante) e o número equivalente de gerações (somatório de $(1/2)^n$ onde n é o número máximo de gerações que separam o indivíduo de seu ancestral conhecido), como descrito por Gutiérrez e Goyache (2005).

2.4. Intervalo de gerações e estrutura genética da população

Calculou-se, a nível de população, o intervalo de gerações, definido como a idade média dos pais ao nascimento da sua progênie que será mantida para a reprodução (JAMES, 1977; GUTIÉRREZ; GOYACHE, 2005), e a idade média dos pais ao nascimento de seus filhos (usados para a reprodução ou não), considerando as quatro passagens genéticas (pai-filho, pai-filha, mãe-filho, mãe-filha).

Foi estimado o número efetivo de animais fundadores, a partir da expressão:

$$fe = \frac{1}{\sum_{k=1}^f q_k^2}$$

onde: q_k = é a possibilidade do gene originar-se do ancestral k.

Foi estimado o número efetivo de ancestrais a partir da equação:

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

onde: q_j = contribuição marginal de um ancestral j, que é a contribuição genética feita por um antepassado que não é explicada por outros antepassados escolhidos antes.

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). A taxa de consanguinidade (ΔF) foi estimada para cada geração a partir da fórmula a seguir:

$$(\Delta F) = \frac{F_t - F_{t-1}}{1 - F_{t-1}}$$

onde, F_t e F_{t-1} = endogamia média da progênie e de seus pais, respectivamente.

O tamanho efetivo populacional (N_e) foi calculado de acordo com Falconer e Mackay (1996) pela seguinte formula: $N_e = 1/2\Delta F$.

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).

Os ancestrais sem pais conhecidos foram considerados como fundadores (geração 0). As gerações completas equivalentes foram representadas por $(1/2)^n$ onde n é o número de gerações que separam o indivíduo de cada ancestral conhecido (MAIGNEL *et al.*, 1996).

3. RESULTADOS

3.1. Integralidade do pedigree

A partir dos dados de pedigree, foram observados números médios para gerações completas, máximas e equivalentes iguais de 1,49; 5,86 e 2,75, respectivamente.

Foi possível identificar ancestrais até a quinta geração, com aumento progressivo das informações de ancestralidade ao longo do tempo, chegando ao mais alto percentual de pais e mães identificados na geração mais recente (Figura 1). Do total de informações sobre os ancestrais do *pedigree* dos 206.426 animais, a porcentagem média para pais, avós, bisavós, trisavós e tataravós conhecidos foi de 87,25%, 73,41%, 43,12%, 32,24% e 14,92%, respectivamente, evidenciando que nos primeiros registros feitos na raça, as informações sobre paternidade eram ausentes ou incompletas. Além disso, em todas as gerações observou-se maior número de informações sobre os ancestrais dos machos do que das fêmeas.

3.2. Intervalo de gerações e estrutura genética da população

Para as quatro passagens gaméticas da raça Mangalarga, a idade média dos pais ao nascimento de sua prole foi de $9,43 \pm 5,46$ anos (Tabela 1), sendo a menor idade dos pais ao nascimento do primeiro filho de 3,97 anos e a maior de 14,89 anos. Já em relação ao intervalo de gerações, registrou-se média geral de $9,07 \pm 4,75$ anos, sendo a menor idade dos pais ao nascimento do primeiro filho de 4,48 anos e a maior de 13,62 anos.

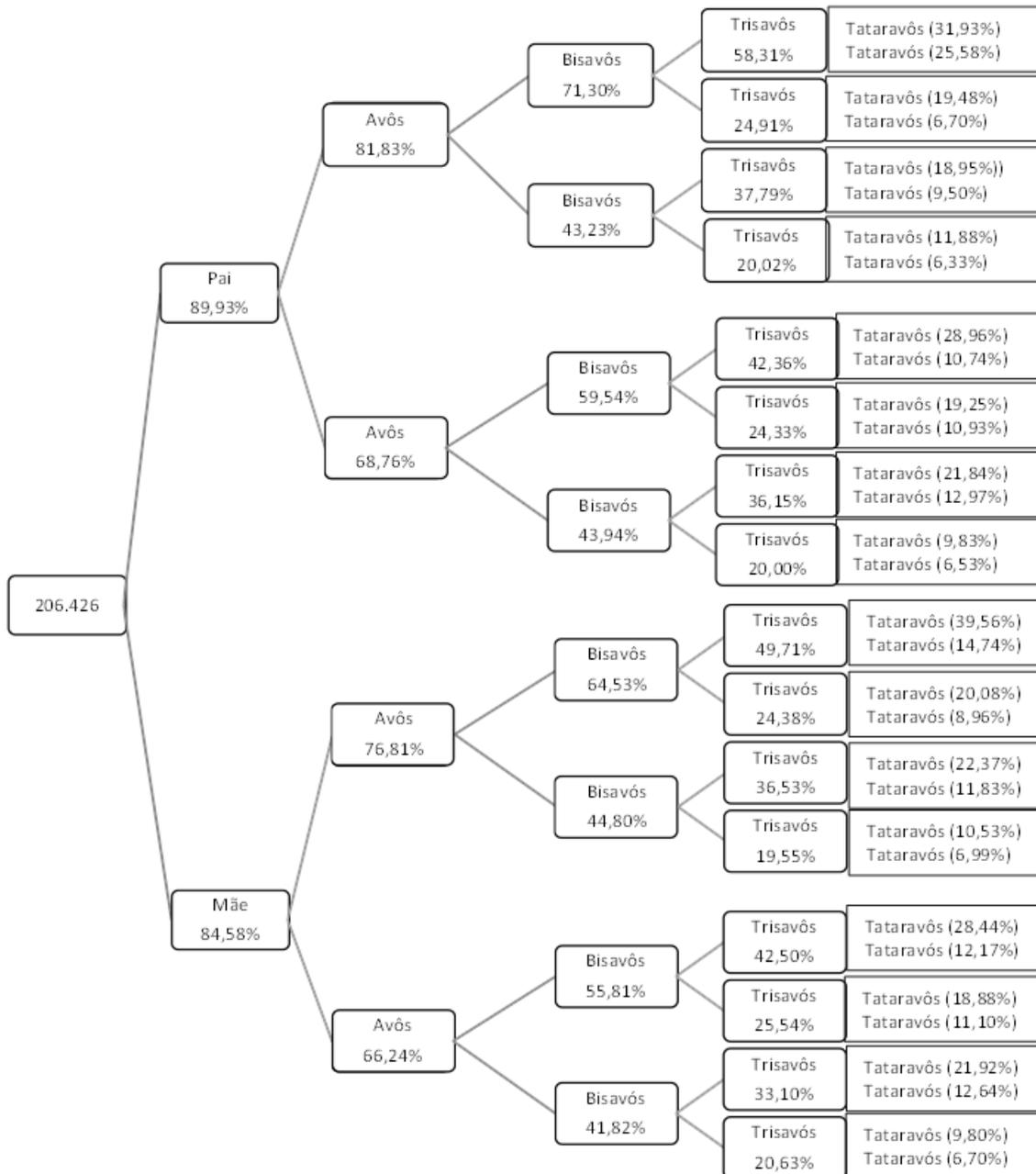


Figura 1. Integralidade do *pedigree* e nível de identificação dos ancestrais até a quinta geração para a raça Mangalarga.

Na Tabela 2 estão apresentados os parâmetros relacionados à estrutura populacional do rebanho estudado, determinados a partir da população base. Do total de 206.426 animais, 7,20% fazem parte da população base (fundadores e ancestrais).

O número de ancestrais (8.908) foi obtido inicialmente da subtração da população base (35.514) pela população base real (26.310). Do resultado encontrado dessa subtração (9.204),

foram subtraídos ainda os animais que não reproduziram (296), pois apenas os animais que deixaram descendentes são contabilizados como ancestrais.

Tabela 1. Idade média (anos) dos pais no nascimento de sua prole e intervalo de gerações (anos) para as quatro passagens gaméticas para a raça Mangalarga.

Idade média (anos)		
	Filho	Filha
Pai	9,3 ± 4,69	9,5 ± 5,03
Mãe	9,4 ± 5,86	9,5 ± 6,14
Intervalo Médio		9,43 ± 5,46
Intervalo de gerações (anos)		
	Filho	Filha
Pai	9,63 ± 5,26	9,05 ± 4,57
Mãe	9,30 ± 4,68	8,93 ± 4,82
Intervalo Médio		9,07 ± 4,75

O número efetivo de fundadores foi igual a 100,31 animais, indicando que poucos fundadores contribuíram igualmente para a diversidade genética da população estudada. Assim, de um total de 8.908 animais ancestrais, 44 é o número mínimo de ancestrais que explica a completa diversidade genética da população. Quanto à variabilidade genética na raça, 50% dela é explicada por contribuições de apenas 48 animais, evidenciando forte influência de poucos reprodutores.

A relação entre o número efetivo de fundadores e número efetivo de ancestrais (*felfa*) foi de 2,28, o que indica diminuição da variabilidade genética devido à contribuição desigual do fundador, sinalizando a existência do efeito fundador, ou seja, uma população com a base de formação estreita.

O coeficiente de endogamia (F) e o coeficiente médio de parentesco (AR) para toda população foram de 2,26 % e 2,41%, respectivamente.

Dentre os ancestrais que mais contribuíram para a variabilidade genética da raça, nove animais são responsáveis por 21,58% da variabilidade da raça, sendo que deles apenas dois são fêmeas (Tabela 3).

Entre 1944 e 1969, período em que ainda não eram utilizadas na raça as técnicas de inseminação artificial e transferência de embriões, nasceram os animais que mais contribuíram geneticamente para o cavalo Mangalarga. Dentre eles, o garanhão Turbante JO, que mudou os rumos do rebanho Mangalarga, deixando um total de 1686 filhos, contribuindo com 3,64% da variabilidade genética da raça. Pelo enorme sucesso deste animal, seu pai (Gigante JO) e irmãos foram amplamente utilizados para a reprodução, tornando o garanhão Gigante JO (114 filhos) o ancestral de maior influência na raça, com contribuição de 5,18%. Nesse mesmo sentido, o garanhão Paladino, que deixou 215 filhos, contribuindo com 3,45% de variabilidade, é o terceiro ancestral mais influente na raça, sendo pai da fêmea Dança JO.

Tabela 2. Parâmetros populacionais da raça Mangalarga com base em dados de *pedigree*

Parâmetro	Valores
Número total de animais	206.426
Número de animais da população referência	170.912
População base (com pelo menos um pai desconhecido) - N_f	35.514
População base real (com um só pai conhecido = meio fundador) - N_f	26.310
Número de ancestrais que deram origem a população de referência	8.908
Número efetivo de animais fundadores ($\widetilde{f_e}$)	100,31
Número efetivo de ancestrais ($\widetilde{f_a}$)	44
Número de ancestrais que explicam 50%	48
F (%)	2,26
AR (%)	2,41
F_e/f_a	2,28

F= coeficiente de endogamia; AR= coeficiente de parentesco médio.

A avaliação dos dados de pedigree informou 14 gerações máximas (cujos dados envolvem todos os animais, incluindo os que não possuem pais conhecidos) (Tabela 4).

Na geração zero e um observou-se valor nulo para a consanguinidade (F) e a partir da geração três os valores de F sofreram incremento gradativo até a geração 13.

Semelhante à consanguinidade, os valores do coeficiente de parentesco (AR) também apresentaram crescimento constante até a geração 10, seguido de leve variação nos valores até a geração 14.

Tabela 3. Descrição dos ancestrais que mais contribuíram para a variabilidade genética da raça Mangalarga

Ordem	Ancestral	Ano de nascimento	Sexo	Número de filhos	Contribuição (%)
1	Gigante JO	06/09/1958	M	114	5,18051
2	Turbante JO	23/12/1969	M	1686	3,64568
3	Paladino	24/10/1959	M	215	3,45565
4	Chapéu JO	12/11/1963	M	87	2,02983
5	Maxixe	16/10/1944	M	85	1,85568
6	Rigoni	27/09/1962	M	121	1,77286
7	Dança JO	25/08/1966	F	18	1,36159
8	Feitiço	06/09/1965	M	93	1,16786
9	Congada	29/10/1955	F	8	1,10853

A porcentagem de indivíduos endogâmicos (End) foi nula nas gerações zero e um, seguido de crescimento contínuo até a geração seis, onde houve o pico de 22,08%. A partir da geração sete observou-se redução contínua de End.

Já a média de consanguinidade para indivíduos endogâmicos (FEnd), embora tenha sido nula nas gerações zero e um, apresentou o maior valor na geração dois (17,22%) e a partir da geração três, oscilou entre 3,97 e 7,79%.

O parâmetro número efetivo (Ne) foi o que mais oscilou, apresentando menor valor na geração nove (Ne=38) e maior na geração 10 (Ne=3659).

Tabela 4. Valores de consanguinidade (F) e coeficiente de parentesco (AR), incremento da porcentagem de indivíduos endogâmicos em relação a geração anterior (End), aumento percentual na média de F para indivíduos endogâmicos (FEnd) e Número efetivo (Ne) da raça Mangalarga, por número de gerações máximas conhecidas.

Geração	N	F (%)	AR (%)	End (%)	FEnd (%)	Ne
0	17106	0	$2,56 \times 10^{-5}$	-	-	-
1	4784	0	0,12	-	-	-
2	5340	0,61	0,33	3,52	17,22	82,4
3	7346	0,94	0,52	4,43	11,78	150,3
4	13053	0,90	1,18	3,62	7,79	-
5	27591	1,24	1,99	11,76	5,31	163,3
6	41982	1,82	2,54	22,08	4,00	85,5
7	39856	2,65	3,00	21,34	3,97	58,8
8	21932	3,86	3,59	16,39	4,64	40,2
9	11177	5,12	4,11	9,73	5,51	38,0
10	7894	5,13	4,28	3,81	5,31	3659,0
11	5371	5,17	4,17	1,27	5,28	1221,8
12	2667	5,76	4,41	1,30	5,81	80,1
13	313	6,90	4,31	0,43	6,93	41,4
14	14	5,47	4,13	0,32	5,47	-

Nas três primeiras décadas de registro da raça Mangalarga (1920 a 1940), tanto o valor de F quanto o de AR foram próximos de zero (Figura 2). Entre 1950 e 1970 houve crescimento lento de ambos os parâmetros, seguido de aumento acentuado a partir de 1980. Entre 2010 e 2018 observou-se desaceleração de F e AR no rebanho Mangalarga.

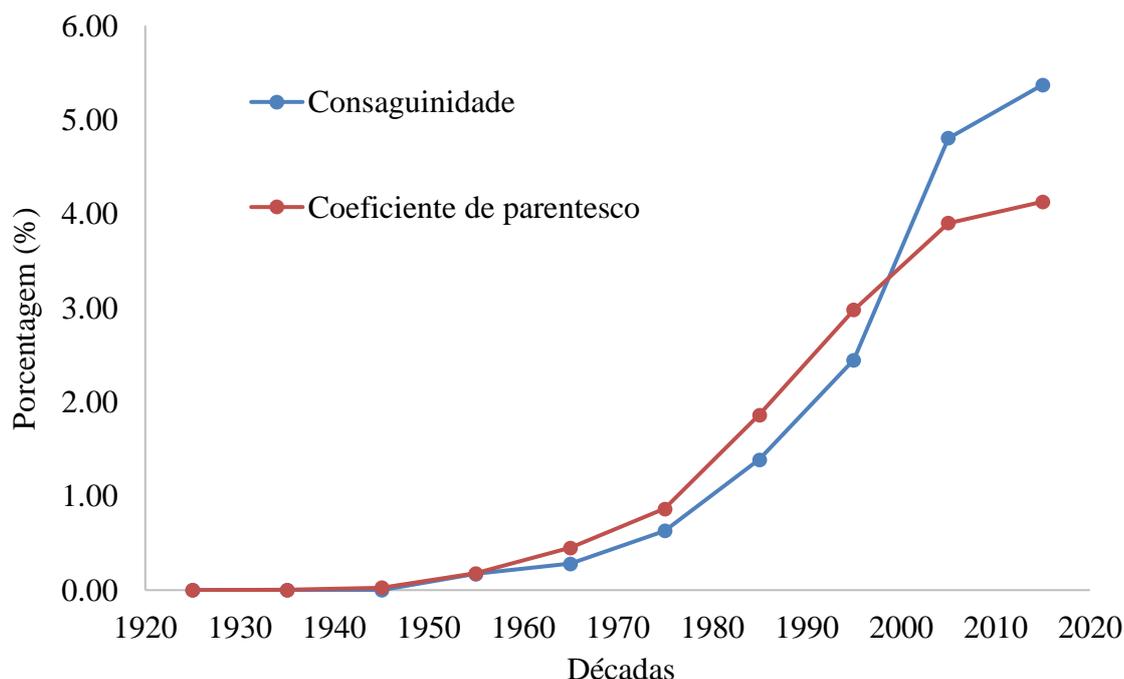


Figura 2. Consanguinidade (F) e coeficiente de parentesco médio (AR) por década, na raça Mangalarga.

4. DISCUSSÃO

4.1 Integralidade do pedigree

A integralidade do *pedigree* diz respeito à quantidade de informações genealógicas sobre as raças e a qualidade que estas possuem (GIONTELLA, 2020). A utilização de *pedigrees* com baixa integralidade pode gerar estimativas imprecisas de parâmetros genéticos e populacionais, limitando o progresso genético.

No presente estudo, observou-se uma diferença entre os números médios de gerações máximas (5,86) e completas (1,49). Tal fato indica que há uma quantidade considerável de pais desconhecidos no pedigree (BERNARDES *et al.*, 2016). Observando a Figura 1,

percebe-se que o volume de informações genealógicas é menor nas gerações mais remotas e maior nas gerações mais recentes, o que pode ser explicado pela história da raça Mangalarga, como apresentado a seguir.

Com a fundação da ABCCRM e definição de um padrão para a raça, iniciou-se o registro genealógico dos animais, assim como o processo de uniformização. Inicialmente havia a possibilidade de registrar os animais em livro aberto, ou seja, sem a necessidade de informações sobre os seus antepassados e assim, sua origem. O objetivo era garantir um aumento do número de animais registrados, propiciando uma rápida expansão da raça.

Durante o período em que o livro se manteve aberto, o registro de fêmeas nesta categoria era mais comum do que o de machos, o que refletiu em uma menor quantidade de informações ao longo das gerações para a linha materna e mais informações completas para a linha paterna.

O fechamento do livro de registro genealógico ocorreu em meados de 1943, assim, apenas animais com origem conhecida passaram a ser registrados (SIMÕES, 2014). Atualmente, as exigências para registro incluem além da comprovação de ser filho de pais registrados na ABCCRM, uma pontuação que varia entre machos (pontuação mínima igual a 70 pontos) e fêmeas (pontuação mínima igual a 60 pontos) (ABCCRM, 2021b).

Tal fato indica, possivelmente, maior preocupação da ABCCRM com a qualidade dos machos introduzidos no rebanho, que geralmente deixam maior número de descendentes, disseminando mais seus genes no rebanho. Semelhante ao observado por Baena *et al.* (2020) em estudo com a raça Mangalarga Marchador, na raça Mangalarga as gerações mais recentes também apresentaram um pedigree mais completo, sugerindo que a ABCCRM melhorou a qualidade das informações de registro.

4.2 Intervalo de gerações e estrutura genética da população

Cada espécie animal possui características fisiológicas próprias que influenciam na reprodução e, por consequência, no intervalo de gerações e na idade média ao nascimento do primeiro filho. Nos equinos, a reprodução deve acontecer após o registro definitivo na associação, o que ocorre por volta dos 36 meses de idade. Além disso, na equideocultura é comum testar o desempenho dos animais em competições, antes de serem ou não usados para a reprodução.

Segundo Valera *et al.* (2000), normalmente o comportamento reprodutivo dos equinos não corresponde ao verdadeiro potencial das raças, sendo isto em grande parte devido aos costumes e às atividades esportivas a que são submetidos os seus reprodutores. Normalmente, os garanhões começam a reproduzir após demonstrarem seu valor como atletas. Assim, são escolhidos os melhores competidores, machos e fêmeas, para serem os pais das gerações seguintes (BAENA *et al.*, 2020), eliminando os animais com defeitos.

Outro fator que contribui para o longo intervalo entre gerações é um período de gestação de 11 meses. Desta forma, considerando os três anos necessários para os equinos Mangalarga receberem o registro genealógico definitivo, somado a isso os 11 meses de gestação, a primeira progênie nascerá quando um dos pais tenha pelo menos três anos e 11 meses de idade.

A grande variação da idade dos pais ao nascimento do primeiro filho (seja para reprodução ou não) e do intervalo de gerações está relacionada ao objetivo de criação e ao investimento tecnológico de cada criador. Além disso, os machos castrados também entram no cálculo, aumentando os intervalos de gerações, já que nunca deixarão descendentes. Já no caso das fêmeas, algumas não são oficializadas como mães, pois elas (receptoras) geram filhos de outras éguas (doadoras), a partir da técnica de transferência de embriões, que começou a ser utilizada em meados da década de 90. Soma-se a isso a existência de fêmeas que são usadas exclusivamente para atividade de esporte e lazer, sem objetivo reprodutivo.

De acordo com Jonas (2008), o intervalo médio de gerações na espécie equina é de oito a 12 anos. Para a FAO (2013), o ideal para o intervalo médio de gerações em populações alvo de conservação é de oito anos.

Grandes intervalos de gerações também foram registrados em outras raças equinas. Observou-se intervalo de gerações 9,49 anos na raça Mangalarga (MOTA; PRADO; SOBREIRO, 2006), 10,2 anos na raça Brasileiro de Hipismo (DIAS *et al.*, 2000), 8,0 anos na raça Puro Sangue Inglês (LANGLOIS, 1976), 8,3 anos na raça Campolina (PROCÓPIO *et al.*, 2003) e de 10,43 anos na raça Mangalarga Marchador (BAENA *et al.*, 2020). O que todas essas raças têm em comum é o fato de serem enquadradas no tipo sela, cujos indivíduos geralmente precisam comprovar suas qualidades esportivas antes de serem utilizados na reprodução.

Já nas raças equinas de tração, como a raça Bretã, foram observados menores intervalos de geração, pois como não são normalmente utilizados em esportes equestres, entram mais cedo em reprodução (PARÉS, 1995).

Segundo Valera *et al.* (2000), normalmente os garanhões começam a reproduzir após demonstrarem seu valor como atletas, por essa razão iniciam sua atividade reprodutiva mais tarde que as fêmeas. Porém, na raça Mangalarga, pequenas diferenças entre o intervalo de gerações e idade média dos pais ao nascimento dos filhos nas quatro passagens genéticas indica que a reposição de machos e fêmeas está sendo feita ao mesmo tempo no rebanho, permitindo exploração igualitária do potencial genético de ambos os sexos.

A população base (animais que possuem um ou mais pais desconhecidos, ancestrais e fundadores) consiste na origem da variabilidade genética da raça. Do total de animais da raça Mangalarga, 7,20% integram a população base, valor próximo ao encontrado para a raça Mangalarga Marchador (5,54%) (BAENA *et al.*, 2020) e superior ao observado na Pura Raça Espanhola (0,63%) (PERDOMO-GONZÁLEZ *et al.*, 2020).

Em adição, o número efetivo de ancestrais e fundadores foi menor que a população base real. Quanto menor o percentual de animais que compõem a população base, menor a variabilidade genética, pois indica que menos animais contribuíram para fundação da raça, além de indicar baixo número de ancestrais e fundadores. Poucos fundadores também indicam que houve predileção por uso de reprodutores para formação da raça, o que é algo já notório na espécie, visto que os reprodutores são geralmente escolhidos pelo desempenho nas competições.

A razão f_e/f_a desejável é de 1, pois indica uso igual de fundadores e ancestrais. O valor encontrado neste estudo (2,28) indica a existência de efeito fundador e, portanto, diminuição da variabilidade genética devido a contribuição desigual do fundador. Portanto, alguns reprodutores se popularizaram e produziram mais filhos do que outros. Isso ocorreu porque animais campeões (em esportes como o pólo, enduro; em exposições), tiveram predileção na reprodução que, somado ao uso de técnicas reprodutivas, resultaram em maior número de animais com mesma origem genética.

Isso também foi observado em outras raças equinas, como a população de cavalos da Pura Raça Espanhol que apresentaram f_e/f_a de 1,74 (PERDOMO-GONZÁLEZ *et al.*, 2020), 1,51 na raça Campolina (BUSSIMMAN *et al.*, 2018) e 2,03 na raça Árabe (CERVANTES *et al.*, 2008). O efeito fundador contribui para a redução do tamanho efetivo e da variação genética da população, com consequentes perdas de alelos por oscilação genética (TEIXEIRA NETO *et al.*, 2012).

Ainda sobre a população base, os fundadores e ancestrais, que são os primeiros animais da raça, seguem uma linha paternal, ou seja, o critério de seleção da raça Mangalarga privilegia o garanhão como principal influenciador da variabilidade genética do rebanho. Isso reforça a observação de que as informações acerca dos machos são mais completas. Mesmo a presença de duas fêmeas na relação de animais que mais contribuíram para a raça pode estar

relacionada ao fato delas terem sido mães de machos que tiveram grande contribuição genética no rebanho Mangalarga.

As fêmeas possuem limitações fisiológicas que lhes possibilitam gerar apenas um potro por ano, enquanto os machos, mesmo sem o emprego de técnicas reprodutivas, são capazes de cobrir dezenas de éguas em uma única estação de monta. Isso justifica a baixa participação das fêmeas entre os animais que mais contribuíram geneticamente para a raça.

Em adição, com a utilização de técnicas reprodutivas, principalmente a inseminação artificial, que teve seu uso iniciado na década de 1930 (SEVERO, 2015), o número de descendentes deixados pelos machos se tornou ainda maior. A técnica de transferência de embriões aumenta a participação do lado materno na variabilidade (BAENA *et al.*, 2020), porém no rebanho Mangalarga ela começou a ser usada somente no final da década de 90, contribuindo para a baixa participação das fêmeas na variabilidade genética da raça Mangalarga. Vale ressaltar que essas técnicas reprodutivas também influenciam na consanguinidade do rebanho.

Já em relação as 14 gerações máximas conhecidas na raça Mangalarga, o pequeno número de animais atribuídos as duas gerações mais recentes (13 e 14), justifica-se por se tratar de gerações máximas, em grande parte compostas por animais ainda jovens, com menos de 36 meses, que ainda não foram registrados em definitivo na ABCCRM e, por isso, não considerados no presente estudo.

Quanto ao número efetivo ou tamanho efetivo da população, este é geralmente menor que o número de indivíduos da população, porque as populações reais não obedecem a todas as premissas do modelo de deriva genética (WRIGHT, 1931). De acordo com Wang (2005), esse parâmetro ajuda a prever a perda e a distribuição da variação genética, as probabilidades de fixação de alelos benéficos ou prejudiciais, aptidão e sobrevivência de uma população. Nesse sentido, nas gerações oito, nove e 13 da raça Mangalarga o número efetivo

foi menor que o recomendado pela FAO (2003) (Ne mínimo de 50), sinalizando possível redução na variabilidade genética para estas gerações.

Apesar de o atual rebanho Mangalarga ter origem em um pequeno grupo de animais, indicando que houve efeito fundador, observou-se baixo coeficiente de endogamia para a população (2,26%). Fatores como, projetos de resgate genético e a introdução de animais de diferentes pelagens podem ter refletido na baixa taxa de endogamia.

Os coeficientes de endogamia são importantes para o monitoramento de populações ameaçadas e para programas de acasalamento (FALCONER; MACKAY, 1996; FAO, 1998), contudo, esses resultados podem não ser próximos da real situação da raça, isto leva ao pesquisador a reflexão que nenhum parâmetro simples e avaliado isoladamente pode ser útil para classificar o status de risco de uma população (GOYACHE; GUTIÉRREZ; FERNANDEZ, 2003).

Além disso, o coeficiente de endogamia (F), o incremento da porcentagem de indivíduos endogâmicos em relação à geração anterior (End), o aumento percentual na média de F para indivíduos endogâmicos (FEnd) e Número efetivo (Ne) depende do conhecimento de sua ascendência. O F e o End depende dos fundadores, sendo mais real à medida que conhecemos os ancestrais da raça. Sendo assim, quanto mais se conhece a genealogia dos ascendentes de um indivíduo, mais confiável será o resultado estimado em relação à base populacional definida (MUNIZ *et al.*, 2012).

Em relação ao FEnd, nas primeiras gerações (dois e três), o alto valor indica que não se teve cuidado com os acasalamentos entre os indivíduos aparentados ou se tem baixa quantidade de informações sobre a integridade do pedigree, reforçando o fato desses parâmetros serem sensíveis às informações que estão disponíveis.

A ausência de consanguinidade na primeira e segunda geração da raça Mangalarga ocorreu porque elas foram constituídas justamente pelos animais fundadores, ou seja,

indivíduos sem informações de *pedigree*, o que impossibilitou calcular o coeficiente de consanguinidade. Reforçando esse fato, segundo Simões (2014), o livro de registro da raça Mangalarga permaneceu aberto até meados do final da década de 1930, período em que os animais foram selecionados apenas pelo fenótipo, desconsiderando a origem.

Com o avanço das gerações, mais animais foram registrados na ABCCRM, possibilitando rastreio dos ancestrais e, conseqüentemente, cálculo da taxa de consanguinidade do rebanho. Isso justifica a elevação da consanguinidade na raça a partir da terceira geração.

Segundo Almeida *et al.* (2021), nas últimas duas décadas houve redução de mais de 70% no número de equinos registrados em definitivo na ABCCRM. Nesse sentido, a retração do número efetivo de equinos Mangalarga aumentou a probabilidade de cruzamento entre animais aparentados, justificando a elevação das taxas de consanguinidade no rebanho.

Por outro lado, mesmo com redução no número de animais registrados na ABCCRM, a elevação do coeficiente de consanguinidade não foi tão expressiva e isso pode estar relacionado a mudanças nas diretrizes da ABCCRM nos últimos 10 anos, que passaram a buscar animais com algumas características diferentes das anteriormente selecionadas. Assim, os padrões de seleção foram redirecionados, algo comum no mundo equestre, passando a utilizar reprodutores que antes não eram considerados nos programas de seleção dos plantéis.

Nas décadas de 50 e 60 registrou-se o início do crescimento ascendente das curvas de consanguinidade e coeficiente de parentesco do rebanho Mangalarga, justamente o período em que nasceram os nove indivíduos de maior contribuição genética para a raça (1944 a 1969). Além de terem nascido na fase inicial de crescimento das curvas, provavelmente esses nove animais tiveram forte influência nas décadas de 70 e 80, período marcado pela aceleração das curvas de consanguinidade e coeficiente de parentesco.

A década de 80 é considerada a época de ouro da equideocultura brasileira, quando houve crescimento dos rebanhos equinos criados no país (ALMEIDA *et al.*, 2021). Com a raça Mangalarga não foi diferente e nesse momento de aumento populacional, os criadores passaram a multiplicar em seus criatórios o tipo de animal que mais vencias nas pistas de julgamento. Assim, a valorização dos indivíduos campeões e de seus ascendentes e descendentes, juntamente com o maior acesso às biotécnicas reprodutivas, levaram a maior utilização desses animais na reprodução, contribuindo para o incremento da consanguinidade e coeficiente de parentesco nesse período.

Já a desaceleração das curvas de consanguinidade e coeficiente de parentesco a partir de 2010 pode estar associada aos novos critérios de julgamentos dos animais de acordo com as pelagens e aos projetos de resgate genético.

Segundo Almeida *et al.* (2021), na raça Mangalarga a pelagem alazã foi predominante nos animais registrados, com percentual de 88,9% na primeira década deste século. Esse predomínio da pelagem alazã também ocorreu nas pistas de julgamento, onde a maioria dos equinos campeões eram dessa pelagem. Por isso, a partir de 2004, uma decisão fomentadora da ABCCRM instituiu o julgamento e premiação em separado dos animais das pelagens pampa, alazã amarela, castanha, baia, tordilha e preta/zaina. Ao não mais competirem com os animais de pelagem alazã, os equinos das outras pelagens passaram a vencer mais competições e foram mais utilizados na reprodução.

Como resultado dessa decisão, Almeida *et al.* (2021) observaram que após a decisão da ABCCRM houve redução de 16% na frequência da pelagem alazã, acompanhada de aumento expressivo na frequência de outras pelagens como a pampa (12,8%). Nesse contexto, maior utilização de equinos de outras pelagens na reprodução pode ter contribuído para desaceleração das curvas de crescimento ascendente da consanguinidade e coeficiente de parentesco a partir de 2010.

Além disso, outro fator que pode ter contribuído para a desaceleração dessas curvas são os projetos de resgate da raça, como o Projeto Raízes, que teve início em 2000 (ABCCRM, 2020), com objetivo de resgatar éguas Mangalarga de criatórios antigos e que não estavam sendo utilizados para reprodução. Esse resgate ocorreu por causa das novas diretrizes da ABCCRM que passou a valorizar mais o andamento marchado. Assim, essas éguas recuperaram sua importância e foram introduzidas nos rebanhos para reprodução, o que também pode ter contribuído para desaceleração das curvas de consanguinidade e coeficiente de parentesco.

5. CONCLUSÃO

A análise dos parâmetros populacionais, estimados no presente estudo, indica que a população de equinos da raça Mangalarga foi formada a partir de uma base estreita. Ainda assim não apresenta elevado nível endogâmico, mas, faz-se necessária a gestão genética da raça, para evitar o incremento da consanguinidade média ao longo das gerações e o consequente comprometimento das funções fisiológicas dos animais devido ao efeito da depressão endogâmica.

6. AGRADECIMENTOS

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e ao Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal e Pastagens pela concessão da bolsa de estudos e o apoio ao presente trabalho.

7. REFERÊNCIAS

ABCCMM, Associação Brasileira dos Criadores do Cavalo Mangalarga Marchador, 2021. Quem somos. <http://www.abccmm.org.br/quemsomos>. (Acessado em 28 de dezembro de 2021).

ABCCRM, ASSOCIAÇÃO DOS CRIADORES DE CAVALO DA RAÇA MANGALARGA, 2020. Projeto Resgate Genético Mangalarga.

https://r.search.yahoo.com/_ylt=AwrFFu.GULpiMIME5FTz6Qt.;_ylu=Y29sbwNiZjEEcG9zAzEEdnRpZAMEc2VjA3Ny/RV=2/RE=1656406279/RO=10/RU=https%3a%2f%2fwww.cavalomangalarga.com.br%2fdocumentos%2f4r6k0g8vaoc3.pdf/RK=2/RS=6PwL563v67.hYkEVUErMfNK8GKk- (Acessado em 11 de junho de 2021).

ABCCRM, ASSOCIAÇÃO DOS CRIADORES DE CAVALO DA RAÇA MANGALARGA, 2021a. O que é. <https://www.cavalomangalarga.com.br/oquee.aspx>. (Acessado em 11 de junho de 2021).

ABCCRM, ASSOCIAÇÃO DOS CRIADORES DE CAVALO DA RAÇA MANGALARGA, 2021b. REGULAMENTO S.R.G.

https://www.cavalomangalarga.com.br/documentos/regulamento_srg_2021.pdf. (Acessado em 11 junho de 2021).

ALMEIDA, J. A. T. et al., 2021. Temporal analysis of demographic and biometric parameters of the Mangalarga breed. *Cienc Rural*, Santa Maria 51:7, e20200697. <https://doi.org/10.1590/0103-8478cr20200697>

BAENA, M. M. et al., 2020. Population structure and genetic diversity of Mangalarga Marchador horses. *Livest Sci.* 239, 104109. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2020.104109>.

BERNARDES, P.A. et al., 2016. Population structure of Tabapuã beef cattle using pedigree analysis. *Livest Sci.* 187, 96-101. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2016.03.002>.

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

CERVANTES, A. I. et al., 2008. Population history and genetic variability in the Spanish Arab Horse assessed via pedigree analysis, *Livest Sci.* 113, 24-33. <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2007.02.011>.

COSTA, M.D. et al., 2005. Análise temporal da endogamia e do tamanho efetivo da população de equinos da raça Mangalarga Marchador. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.* 57, 112-119. <https://doi.org/10.1590/S0102-09352005000200021>.

DIAS, I.M.G. et al., 2000. Formação e estrutura populacional do equino Brasileiro de Hipismo. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.* 52, 647-654. <https://doi.org/10.1590/S0102-09352000000600016>

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C., 1996. *Introduction to quantitative genetics*. 4a edição - Harlow: Longman Group Limited.

FAO, 2003. *In situ conservation of livestock and poultry*. <http://www.fao.org/docrep/004/t0559e/t0559e04.htm>. (Acessado em 12 de junho de 2021).

FAO, 2013. *In vivo conservation of animal genetic resources*. FAO Animal Production and Health Guidelines. No. 14. Rome.

GIONTELLA, A. et al., 2020. Genetic Variability and Population Structure in the Sardinian Anglo-Arab Horse. *Animals*, 10(6), 1018. <https://doi.org/10.3390/ani10061018>.

GOYACHE, F. et al., 2003. Using pedigree information to monitor genetic variability of endangered population: the Xalda sheep breed of Asturias as an example. *J. Anim. Breed. Genet.* 120, 95-105. <https://doi:10.1046/j.1439-0388.2003.00378.x>.

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

JAMES, J.W., 1977. A note on selection differentials and generation length when generations overlap. *Anim. Prod.* 24, 109-112. <https://doi.org/10.1017/S0003356100039271>.

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

LANGLOIS, B., 1976. Estimation de quelques paramètres démographiques du Pur Sang Anglais en France. *Ann. Génét. Sél. Anim.* 8, 315-329. <https://doi.org/10.1186/1297-9686-8-3-315>

MAIGNEL, L. et al., 1996. Genetic variability of French dairy breeds estimated from pedigree information. *INTERBULL bulletin*, n. 14, p. 49-54. ISSN : 1011-6079

MEUWISSEN, T.H.E.; LUO, Z., 1992. Computing inbreeding coefficients in large populations. *Genet. Sel. Evol.* 24, 305–313. <https://doi.org/10.1186/1297-9686-24-4-305>.

MOTA, M.D.S.; DE A. PRADO, R.S.; SOBREIRO, J., 2006. Caracterização da população de cavalos Mangalarga no Brasil. *Arch. Zootec.* 55, 31-37. ISSN 0004-0592.

MUNIZ, L.M.S. et al., 2012. A raça Gir Mocha na região Nordeste do Brasil: estrutura genética populacional via análise de pedigree. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.* 64(6), 1656-1664. <https://doi.org/10.1590/S0102-09352012000600035>.

TEIXEIRA NETO, M. R. et al., 2012. Genetic variability in Mediterranean buffalos evaluated by pedigree analysis. *Cienc Rural* 42, 2037-2042. <https://doi.org/10.1590/S0103-84782012001100021>.

PARÉS, P., 1995. Manejo de los sementales Bretones Ceretanos: La necesidad de “consumir en reproducción”. *AYMA*, 35, 9-13.

PERDOMO-GONZÁLEZ, P.I.D. et al., 2020. Genetic structure analysis of the Pura Raza Español horse population through partial inbreeding coefficient estimation. *Animals*, 10(8), 1360. <https://doi.org/10.3390/ani10081360>.

PRADO, R. S. A., 2008. Raízes Mangalarga. São Paulo: Empresa das Artes.

PROCÓPIO, A. M. et al., 2003. Formação e demografia da raça Campolina. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.* v. 55, p. 361-365. <https://doi.org/10.1590/S0102-09352003000300018>

SEVERO, N. C., 2015. História da inseminação artificial no Brasil. *Rev. Bras. Repr. Animal* 39, 17-21.

SIMÕES, F., 2014. *Mangalarga e o Cavalo de Sela Brasileiro*. 4. ed. São Paulo, SP: Editora dos Criadores.

TINO, C. R. S. et al., 2020. Análise da estrutura populacional de ovinos deslanados do núcleo de conservação. *Arq. Bras. Med. Vet. e Zootec.* 72, 560-564. <https://doi.org/10.1590/1678-4162-10502>

VALERA M. et al., 2000. La raça equina autóctone Puro Sangue Lusitano: estudo genético dos parâmetros reprodutivos de importância nos esquemas de conservação e melhoramento. *Arch. Zootec.* 49, 185-186. ISSN 0004-0592

WANG, J., 2005. Estimation of effective population sizes from data on genetic markers. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 360, 1395-1409. <https://doi.org/10.1098/rstb.2005.1682>

WRIGHT, S., 1931. Evolution in Mendelian populations. *Genetics*. 16, 0097–0159.