

UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA FACULDADE DE
MEDICINA VETERINÁRIA GRADUAÇÃO EM MEDICINA
VETERINÁRIA

GIULIA MARQUES

**A RAÇA MANGALARGA MARCHADOR: EVOLUÇÃO, DIVERSIDADE
GENÉTICA, PARÂMETROS DEMOGRÁFICOS E MARCADORES
MOLECULARES**

UBERLÂNDIA - MG

2023

**A RAÇA MANGALARGA MARCHADOR: EVOLUÇÃO, DIVERSIDADE
GENÉTICA, PARÂMETROS DEMOGRÁFICOS E MARCADORES
MOLECULARES**

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado à
Faculdade de Medicina Veterinária da Universidade
Federal de Uberlândia como requisito parcial para
obtenção do título de Médica Veterinária.

Orientadora: Prof^a. Dr^a. Amanda MarchiMaiorano.
Coorientador: Msc. Wellington Bizarria dos Santos

UBERLÂNDIA - MG

2023

Dedico este trabalho aos meus pais e meu irmão que com muito carinho e apoio, não mediram esforços para que eu chegasse até esta etapa de minha vida.

AGRADECIMENTOS

Em primeiro lugar, sou profundamente grato a Deus por minha saúde e por guiar meus passos ao longo de todos os anos de estudos. Sua graça e bênçãos foram fundamentais para alcançar meus objetivos e superar desafios em minha jornada acadêmica. Agradeço Sua orientação constante e força nos momentos em que enfrentei dificuldades.

Aos meus pais, Vanusa e Luiz, gostaria de expressar minha profunda gratidão, por todo apoio e ajuda que ofereceram ao longo da faculdade. Desde o início estiveram ao meu lado, prontos para me ajudar, sou muito grata por ter pais tão dedicados e amorosos, cujo apoio inabalável me trouxeram até aqui. Obrigada por tudo que fizeram por mim, amo vocês.

Dedico com carinho este trabalho às minhas avós, por todo amor, cuidado e orações que me proporcionaram.

Aos meus queridos amigos, gostaria de agradecer por todos os momentos que pude contar com vocês para compartilhar ideias, discutir conceitos e superar desafios. O apoio de vocês, as palavras de encorajamento e confiança foram fundamentais para que eu chegasse até esta etapa final.

Agradeço a minha orientadora Amanda Marchi Maiorano, pela dedicação, apoio e orientação, que foram fundamentais para a realização deste TCC. Sou grata pela sua confiança e por acreditar no meu potencial em meio as minhas inseguranças. Sua amizade, orientação, profissionalismo e sua ajuda em todos os projetos está sendo crucial para meu aprendizado e sucesso.

O presente trabalho é parte das metas estabelecidas no processo nº 23117.015696/2022-81 aprovado pela Universidade Federal de Uberlândia com apoio da Fundação de Amparo à Pesquisa de Minas Gerais (FAPEMIG).

RESUMO

A equinocultura brasileira desempenha um importante papel na economia do país. Os equinos são usados em uma ampla variedade de atividades, tais como lida na pecuária, recreação, transporte, exposições, esportes e competições, entre outras funções. A raça Mangalarga Marchador, originária do Brasil, destaca-se como uma das raças de equinos mais populares e valorizadas no país, reconhecida por suas características de resistência, docilidade e pelas marchas picadas e batidas que a tornam única. O objetivo do presente estudo foi expor, por meio de uma revisão de literatura, os principais aspectos relacionados à evolução, diversidade genética, parâmetros demográficos e marcadores moleculares na raça Mangalarga Marchador. Por conta da ampla distribuição da raça no país, a compreensão desses aspectos são fundamentais para o desenvolvimento de estratégias de conservação e melhoramento genético, por intervenção de cruzamentos estratégicos e seleção criteriosa dos animais.

Palavras-chave: Genes, Marcha, População, SNPs

ABSTRACT

Brazilian equine farming plays an important role in the country's economy. Horses are used in a wide variety of activities, such as livestock farming, recreation, transportation, exhibitions, sports and competitions, among other functions. The Mangalarga Marchador breed, originally from Brazil, stands out as one of the most popular and valued equine breeds in the country, recognized for its characteristics of resistance, docility and the choppy and stomping gaits that make it unique. The objective of the present study was to expose, through a literature review, the main aspects related to evolution, genetic diversity, demographic parameters and molecular markers in the Mangalarga Marchador breed. Due to the wide distribution of the breed in the country, understanding these aspects is fundamental for the development of conservation and genetic improvement strategies, through strategic crossings and careful selection of animals.

Keywords: Genes, Gait, Population, SNPs

LISTA DE ILUSTRAÇÃO

Figura 1 - Número de fêmeas, machos, reprodutores (éguas e garanhões) e potros nascidos e registrados a cada ano para a população de cavalos Mangalarga Marchador	12
Figura 2 - Tipos de apoios possíveis no andamento dos equinos	13
Figura 3 - Sequência de apoios da marcha completa – pode ser Batida, Picada ou Ideal. A mecânica é similar á do passo.	14
Figura 4 - Exemplar da raça Mangalarga Machador	15
Figura 5 – Museu Nacional Mangalarga Machador	16
Figura 6 – Dendrograma de análise de agrupamento que mostra o nível de relações genéticas entre as sete raças equinas estudadas	18

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO.....	10
2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	11
2.1 CARACTERÍSTICAS GERAIS E EVOLUÇÃO DA RAÇA MANGALARGA MARCHADOR	11
2.2 DIVERSIDADE GENÉTICA.....	16
2.3 PEDIGREE	19
2.4 MARCADORES MOLECULARES	21
2.5 MICROSSATÉLITES	22
2.6 POLIMORFISMO DE NUCLEOTÍDEO ÚNICO (SNP)	23
2.7 BIOINFORMÁTICA.....	25
2.8 GENE <i>DMRT3</i>	25
2.9 A IMPORTÂNCIA DOS CROMOSSOMOS SEXUAIS.....	26
3. CONSIDERAÇÕES FINAIS	29
REFERÊNCIAS.....	30

1 INTRODUÇÃO

O Mangalarga Marchador (MM) é uma raça de cavalo originária do Sul de Minas Gerais, resultante de cruzamentos com cavalos da raça Alter há aproximadamente 200 anos (ABCCMM, 2023). A raça MM é popular no Brasil por suas docilidade, agilidade e rusticidade, sendo utilizada nas diversas modalidades de esportes, trabalho e lazer (ABCCMM, 2023). Em 2014, por meio da Lei n.º 12.975 (D.O.U. DE 20/05/2014, P. 1), o MM foi oficialmente reconhecido como uma raça nacional.

A formação da raça MM no Brasil corresponde a diversos cruzamentos, sendo grande parte proveniente dos acasalamentos de garanhões de origem Ibérica, Andaluz e Berbere, com éguas originárias de animais trazidos pelos colonizadores (COSTA, 2002). O cruzamento de diferentes raças deu início ao material genético para seleção dos animais marchadores (COSTA et al., 2005).

A morfologia do MM está diretamente ligada a categoria de marcha, se tornando indispensável para análise da qualidade dos movimentos do animal para o trabalho e esportes em geral (NASCIMENTO, 1999). Define-se marcha um andamento de quatro tempos, natural, simétrico, no qual o equino não perde totalmente o contato com o solo durante o movimento, oscilando em bípedes laterais e diagonais, intercalado com tríplice apoio (PROCÓPIO, 2005).

A Associação Brasileira dos Criadores de Cavalos Mangalarga Marchador (ABCCMM) é responsável por realizar o registro genealógico oficial da raça. Fundada em 16 de julho de 1949 em Belo Horizonte - MG. No Brasil são mais de 22 mil criadores associados e 50 núcleos distribuídos pelos estados brasileiros (ABCCMM, 2023). O MM supera as fronteiras, visto que já possui representantes em quatro países: Alemanha, Argentina, Estados Unidos e Itália (ABCCMM, 2023).

As competições de marcha, salto, adestramento, provas de rédeas, vaquejadas, exposições nacionais, campeonatos esportivos, entre outras atividades com equinos passaram a ser mais valorizadas pelos admiradores, empresas de turismo equestre e criadores da espécie (CARVALHO, 2020). O agronegócio do cavalo é um ramo importante na economia, movimentando 16,5 bilhões de reais no Brasil, proporcionando cerca de 3 milhões de empregos, de modo direto ou indireto (ABCCMM, 2021).

Por sua importância na economia brasileira, estudos são necessários sobre a evolução, diversidade genética, parâmetros demográficos e marcadores moleculares das populações de Mangalarga Marchador no Brasil. Diante do exposto, objetivou-se, por meio da consulta de

trabalhos publicados na literatura fornecer informações detalhadas para a comunidade científica e a sociedade rural da raça Mangalarga Marchador sobre os temas anteriormente mencionados.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 CARACTERÍSTICAS GERAIS E EVOLUÇÃO DA RAÇA MANGALARGA MARCHADOR

O surgimento do cavalo Mangalarga Marchador está associado à história do Brasil, visto que em 1808, a invasão de Napoleão Bonaparte na coroa portuguesa provocou a fuga de Dom João VI para colônia brasileira. Os cavalos da Coudelaria Real conduzidos juntos com a Família Real Portuguesa eram da raça Puro Sangue Lusitano (PSL) com origens da Península Ibérica, Germânicos e Berberes (PEREIRA, 2008). Em 1821, a família real presenteou Gabriel Francisco Junqueira, proprietário de uma fazenda no Brasil, com um de seus garanhões PSL (ABPSL, 2023).

Desse modo, Gabriel Francisco Junqueira começou a realizar cruzamentos entre o garanhão PSL e suas éguas, que eram nativas de sua propriedade. O resultado desses cruzamentos foi o surgimento da raça Mangalarga Marchador, originando em animais de porte médio, temperamento dócil e ideal para montarias. A fazenda Campo Alegre estabelecida no Sul de Minas Gerais, que pertence ao Barão de Alfenas, como era conhecido Gabriel Francisco Junqueira, ficou conhecida como o berço do MM, pela sua importância na criação da raça (SOUZA, 2017).

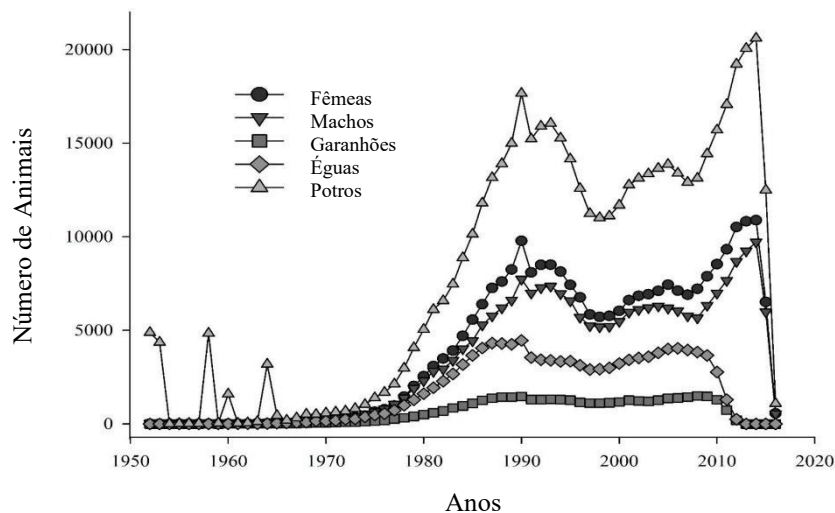
De acordo com COSTA et al. (2004), em seu estudo sobre caracterização demográfica da raça MM, foram analisados animais registrados entre os anos de 1949 a 2000, concluindo que os estados de Minas Gerais, Rio de Janeiro, São Paulo e Bahia apresentavam 80% dos animais registrados. Somente no estado de Minas Gerais eram cerca de 39,1%, representando a maior porcentagem do rebanho de equinos entre os estados.

O intervalo médio de geração (IG) é um parâmetro calculado a partir da idade média dos pais quando seus descendentes nascem levando em consideração todo o período reprodutivo de um reprodutor (PEREIRA, 2008). O IG nessa raça é considerado longo, através dos dados populacionais até 2020, em que Baena (2020) encontrou valor médio de IG em machos e fêmeas é igual a 8,4 anos. Isso implica em limitações relacionadas ao ganho genético pela seleção.

Os parâmetros demográficos dos equinos MM registrados entre os anos de 1950

a 2020 apontaram aumento a partir de 1977 (Figura 1), porém com dois grandes declínios presentes neste espaço de tempo por conta das adversidades na economia brasileira e mundial. Isso mostra que flutuações na economia podem ter influência no desenvolvimento populacional de uma raça. Os aumentos e as reduções continuaram, e em 2014 a raça registrou recordes de 10.884 fêmeas e 9.720 machos, por outro lado, em 2015 houve uma queda drástica, com o número de fêmeas decrescendo para um total de 6.511 éguas, enquanto os machos ficaram com um total de 5.987 garanhões. A diminuição do número de fêmeas pode representar uma contração populacional. Por outro lado, Lima (2015) mencionou que a tendência é que o número de cavalos diminua e a qualidade aumente.

Figura 1 - Número de fêmeas, machos, reprodutores (éguas e garanhões) e potros nascidos e registrados a cada ano para a população de cavalos Mangalarga Marchador.



Fonte: Gráfico retirado de BAENA (2020) e adaptado.

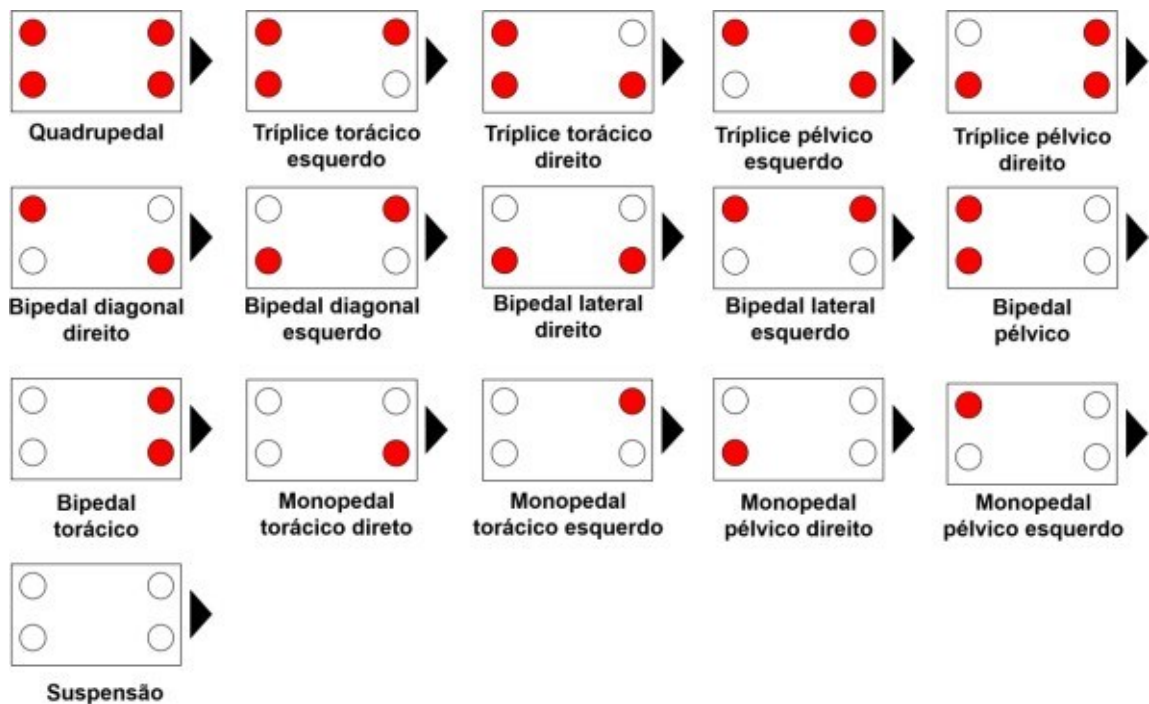
O padrão da raça para registro pela Associação tem como parâmetros gerais as seguintes características: altura dos machos, entre 1,47 - 1,57 m, e para fêmeas entre 1,40 - 1,54 m; cabeça triangular com frente larga e plana; perfil retilíneo na frente e subcôncavo no chanfro; olhos afastados e expressivos; orelhas médias, móveis, paralelas e ligeiramente voltadas para dentro; pescoço de formato piramidal; temperamento ativo e calmo, estrutura musculosa e bem proporcionada, andamento de marcha picada ou batida (ABCCMM, 2023). Esses são os requerimentos necessários para registro na ABCCMM.

Em 2019, a ABCCMM contabilizava 613.370 animais registrados na América Latina e no exterior, se tornando a raça que detém o maior número de registros entre os equinos no Brasil. O MM conta como principal característica referente à aptidão, a marcha, a qual é subdividida em marcha batida (MB) ou marcha picada (MP) (NACIMENTO, 1999).

A cinemática é uma parte da física, na qual tem como objetivo descrever os movimentos dos corpos diante do tempo e espaço e é a base para quantificar as propriedades de vários tipos de movimento (ALBERNAZ, 2010). Esta ferramenta permite avaliar os deslocamentos segmentares do corpo, além de medir os ângulos articulares nos equinos (ALBERNAZ, 2010). A literatura relata diferença entre MB e MP com associações de características morfométricas, cinemáticas, genéticas e metabólicas (FONSCECA, 2018).

Os equinos são animais quadrúpedes, portanto demonstram quatro tipos de apoios, sendo eles: apoio quadrupedal, tripedal, bipedal, monopedal ou suspensão. Conforme estabelecido em Clayton (2004) apud Fonseca (2018), estas possibilidades estão ilustradas na Figura 2.

Figura 2 - Tipos de apoios possíveis no andamento dos equinos.



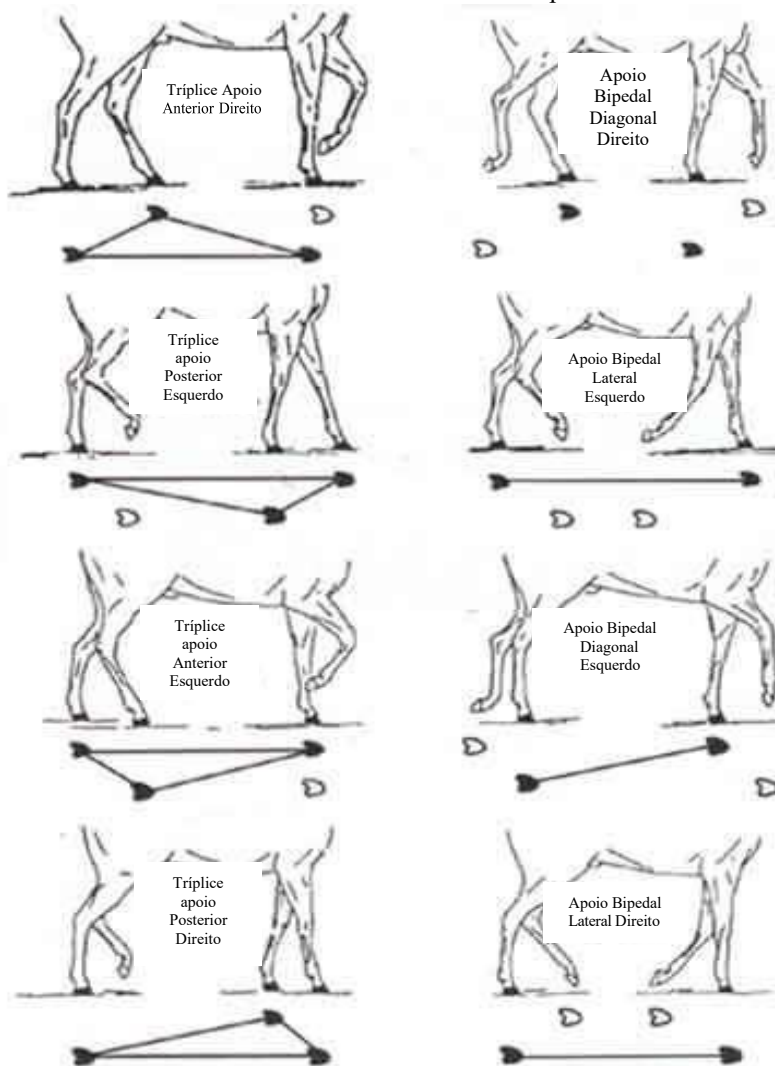
Fonte: CLAYTON (2004), apud FONSECA (2018).

A MB expressa predominância pelo deslocamento dos bípedes em diagonais com intervalo de apenas um tríplice apoio, assegurando uma maior estabilidade ao cavaleiro. Em contrapartida, a MP tem predominância de movimentos com os bípedes laterais e diagonais com intervalo de dois tríplexes apoios semelhante a andadura (LAGE et al., 2009).

Santiago et al. (2014) realizaram um estudo que objetivou comparar as medidas morfométricas de equinos MM das categorias de marcha batida e marcha picada. As características estudadas foram: medidas de altura na cernelha, comprimento da cabeça, pescoço, garupa, dorso e costado, membro anterior, dorsolombo, garupa, coxa, espádua, braço,

antebraço, canela e quartela, da largura da cabeça, escapuloumeral, umerorradial, metacarpofalangeano, pelvessolo, pelvefemoral, perna, canela do membro posterior e corpo, largura da cabeça, peito e garupa, perímetro, torácico e da canela do membro anterior, ângulo femorotibial e tibiotarsometatarsiano. Os autores concluíram que as medidas lineares, que são medidas realizadas em linha, sendo no estudo usado como métrica o programa Sistema Eclético de Proporções para o cavalo de sela, apresentaram valores semelhantes em equinos MB e MP; indicando uniformidade no rebanho, independente da categoria de marcha. Porém as variações nas angulações dos membros anteriores e posteriores foram relacionadas com as diferenças na flexão dos membros, no comprimento e na frequência das passadas entre as duas categorias de marcha. Na Figura 3 foram apresentadas as variações de tipos de apoios para a marcha em equinos, o que permite comparar as MB das MP.

Figura 3 - Sequência de apoios da marcha completa – pode ser Batida, Picada ou Ideal. A mecânica é similar á do passo.



Fonte: Imagem modificada de ANDRADE, L.S. A. "A MARCHA DO CAVALO CAMPOLINA: PASSADO – PRESENTE – FUTURO".

Anualmente acontece o Campeonato Brasileiro de Marcha (CBM) Batida e Picada, mas ambas com um único objetivo que é revelar os animais de destaque em cada categoria. Além dos concursos de marcha, os equinos participam da Exposição Nacional do Mangalarga Marchador, que ocorre anualmente em diferentes cidades, desde 1982 (ABCCMM, 2023), expressando a beleza (como na Figura 4), a marcha, a qualidade de sela e a evolução da raça. Nessas exposições, o garanhão Luar do Malboro, representado na imagem, teve destaque com 47 títulos nos eventos do MM (Figura 4).

Figura 4 – Exemplar da raça Mangalarga Machador.



Fonte: ABCCMM (2019) - LUAR DO MALBORO.

Observa-se a importância cultural do MM nas diversas expressões artísticas brasileiras. Em 2013, o cavalo foi apresentado, cantado e homenageado pela Escola de Samba Carioca Beija Flor de Nilópolis com o tema "Amigo Fiel: Do Cavalo do Amanhecer ao Mangalarga Marchador" e conquistou o título de vice-campeã no carnaval. Ademais, se construiu o Museu Nacional do Cavalo Mangalarga Marchador localizado em Cruzília, uma cidade no Sul do Estado de Minas Gerais. O local expõe detalhadamente sobre a história de formação da raça brasileira e sua importância para região, economia e cultura.

Figura 5 – Museu Nacional Mangalarga Machador.



Fonte: ABCCMM (2023).

O Mangalarga Marchador vem despertando interesse da comunidade científica há anos e muitos estudos foram realizados para conhecer a evolução da raça e sua relação com a ciência e importância social (BAENA et al., 2020; SANTIAGO et al., 2014; COSTA et al., 2005; FONSCECA, 2018; NACIMENTO, 1999; BAENA, 2019). Os pesquisadores da UFLA – Universidade Federal de Lavras e da UNESP – Universidade Estadual Paulista, Campi Botucatu e Jaboticabal apresentam-se em relevância, devido ao foco e desenvolvimento de estudos científicos na raça, os quais buscam desenvolver pesquisas com objetivos de ampliar as possibilidades e conhecimentos na raça MM, de forma intelectual, acadêmica e social.

2.2 DIVERSIDADE GENÉTICA

Pesquisas no melhoramento genético em equinos eram escassas na literatura, mas atualmente pela presença de novas ferramentas moleculares aplicadas a seleção, estudos nessa área de pesquisa vem crescendo de forma exponencial (PEREIRA et al., 2017). A seleção causada pelo clima, categoria de solo, altitude, parasitas, recursos alimentares, doenças endêmicas, manejos, demanda de mercado, estética e admiração criou diversas raças com variações genóticas e espécies que apresentam composição genética própria adaptada aos nichos ecológicos específicos (ROSA, 2005).

A definição de raça é um grupo de animais pertencentes a uma espécie específica que se tornaram uniformes em aparência, desempenho e história de seleção, ao longo das gerações de reprodução seletiva (OLDENBROEK & DERWAAI, 2014). O aumento no número de equinos das raças Marchadoras vem crescendo devido aos dois pilares presentes no Melhoramento Genético: objetivo de seleção e adaptação ao ambiente. Uma vez que os dois

pilares atuam na evolução das espécies e desenvolvimento das raças (PEREIRA, 2008).

Uma definição possível para diversidade genética é a modificação biológica hereditário resultado de um processo evolutivo promovida pela mutação na sequência nucleotídica, que é um suporte do conhecimento de um gene ou genoma, na qual contém as informações sobre as propriedades hereditárias, essa mudança acontece durante a replicação do ácido desoxirribonucleico, DNA (SANTOS, 2009). As alterações entre a população de uma mesma espécie são nomeadas de polimorfismo ou diversidade intraespecífica, ou seja, mudanças que ocorrem entre indivíduos de mesma espécie (SANTOS, 2009).

A composição genética de uma população está relacionada não apenas à composição dos indivíduos, mas também à transmissão de genes entre as gerações subsequentes e a subdivisão populacional resulta inevitavelmente em diferenças genéticas entre as subpopulações (PEREIRA, 2008). A diversidade pode ser mensurada considerando o número de alelos existentes e a frequência com que eles ocorrem em uma população, portanto, quanto mais alelos diferentes existirem maior será a diversidade genética (FILHA et al., 2022).

Visto que a diversidade genética dentro de uma população tem importância para o conhecimento e o monitoramento da biodiversidade em uma perspectiva genotípica e fenotípica, se a diversidade genética ficar reduzida, também diminui a capacidade adaptativa da população em relação as mudanças ambientais, expondo os indivíduos desta determinada população ao risco de extinção (MINTER, 2021).

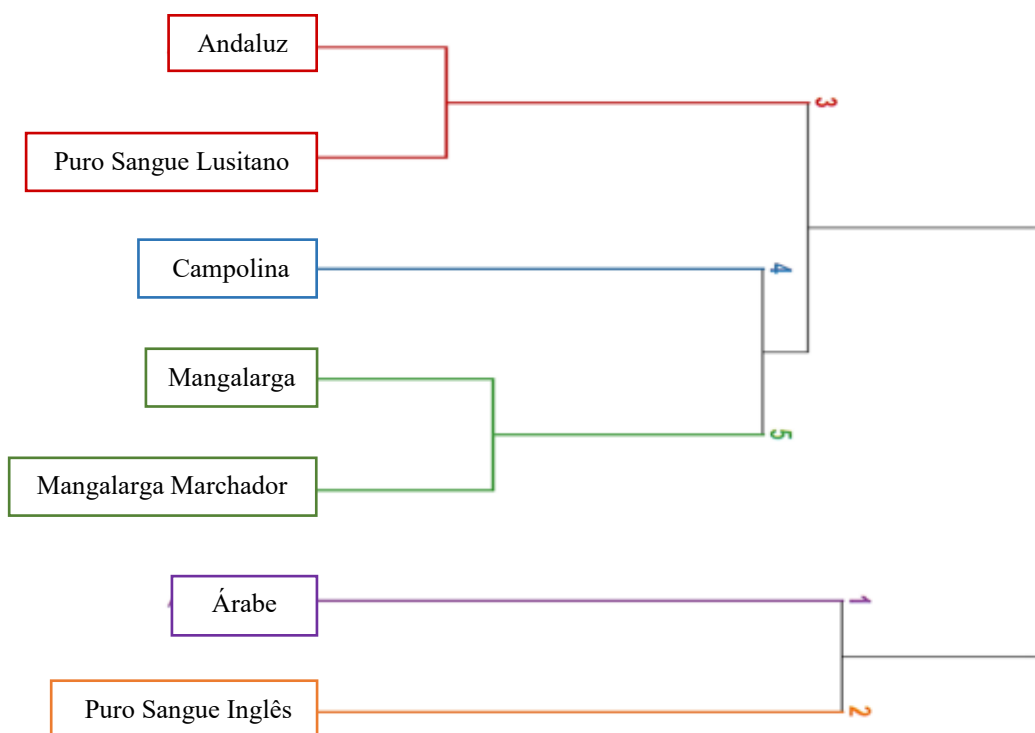
A comparação de alelos por microsatélite entre raças equinas tem sido utilizada na investigação da diversidade genética do MM, em função de verificar as diferenças genéticas com as raças pertencentes ou não de sua história evolutiva. Os microsatélites permitem identificar cada alelo por um *locus* e obter dados populacionais para calcular frequências alélicas, que podem ser usadas para determinar distâncias genéticas entre populações e até mesmo entre indivíduos da mesma população, além de realizar análises filogenéticas (CAVALCANTE, 2010).

Uma estimativa da singularidade genética de uma determinada raça é geralmente obtida medindo a distância genética e construindo uma árvore filogenética simples que expressa graficamente as relações entre diferentes populações (BAENA, 2019). Um estudo da variação genética envolvendo várias populações e vários genes permite estimar a quantidade de variação compartilhada entre as populações. Essas variações comuns entre grupos são chamadas de distâncias genéticas e permitem visualizar as relações entre grupos de indivíduos (BAENA, 2019).

Baena et al. (2020) realizaram um estudo com objetivo de investigar a diversidade genética da raça MM e relacioná-la com as raças que fizeram parte da sua história de criação. Foram usados dados de genotipagem de 13 *locis* microssatélites, espalhados por 12 diferentes cromossomos em 2.829 equinos das populações de Mangalarga Marchador e das demais raças: 99 - Árabe; 54 - Puro Sangue Inglês; 67 - Andaluz; 43 - Puro Sangue Lusitano; 61 - Campolina e 40 - Mangalarga.

Os autores descreveram maior distanciamento genético entre as raças brasileiras e ibéricas comparadas as raças árabe e inglesa (Figura 6). Nos resultados de Baena et al. (2020), ficou evidente o maior compartilhamento de alelos entre as raças brasileiras Campolina, Mangalarga e Mangalarga Marchador por serem provenientes de ancestrais comuns e pela ocorrência de fluxo gênico entre elas. A diferença na estrutura genética dentro de cada uma dessas raças pode eventualmente estar relacionada a métodos de manejos diferentes (BAENA, 2020).

Figura 6 – Dendrograma de análise de agrupamento que mostra o nível de relações genéticas entre as sete raças equinas estudadas.



Fonte: Dendrograma retirado de Baena et al. (2020) e adaptado, em que a árvore filogenética foi construída a partir da análise de microssatélites, repetição de sequência simples - SSR, pelos estudos de equinos descendentes dos principais ancestrais do MM.

Segundo COSTA et al. (2005), a diferenciação genética observada entre subpopulações, pode ser atribuída a existência de equinos que pertencem aos grupos familiares que são os principais ancestrais da raça. Essa distinção genética pode resultar em subpopulações heterogêneas se ocorrer a dispersão populacional em novos territórios ou fluxo gênico, sendo este segundo a inserção de indivíduos com algum tipo de diferença genética na população original (FABRÍCIO, 2014); desde que esses eventos tenham acontecido há muito tempo. Na presença dessa subdivisão populacional as frequências alélicas entre as subpopulações tendem a se tornar diferentes como resultado de processos aleatórios na transmissão dos alelos de uma geração para a próxima ou de diferenças casuais na frequência alélica entre os fundadores iniciais das subpopulações (GIBBON, 2016).

2.3 PEDIGREE

Na genética, uma população é uma coleção de genes, que se acumulam ao longo dos anos e estão sujeitos a diversos processos, incluindo mutação, seleção, migração e deriva genética (RODRIGUES, 2009). Os genes que pertenceram na origem de uma determinada população vão continuar influenciando também na estrutura das longas gerações (RODRIGUES, 2009). Denomina-se população fechada aquela cujo seu tamanho se mantenha constante durante um período, utilizada para atingir um nível de conservação da diversidade genética, através de estimativas com base na probabilidade de origem genética (COELI, 2000).

Com o surgimento das diferentes Associações de Criadores, foram definidos setores para realização de Registros Genealógicos em cada uma delas. Esses setores eram responsáveis por publicar os pedigrees de cada animal registrado para documentar a pureza das raças (PEREIRA, 2008). A combinação de informações das linhagens e os dados fenotípicos permite avaliações genéticas, de maneira que facilita o trabalho dos produtores nos programas de melhoramento genético (ROSA, 2013). No passado, a genealogia apresentava vantagens em relação aos marcadores moleculares por causa do seu baixo custo e facilidade de aquisição (DEON, 2009). No entanto, com a diminuição dos custos e a inovação das ferramentas de genotipagem, uma gama de estudos em população animais tornaram-se possíveis para entender melhor a diversidade, genealogia e endogamia populacional, entre outros aspectos.

Estudos em equinos têm sido realizados para avaliar a estrutura populacional dos animais a partir do pedigree, revelando informações sobre a história genética desses animais. A

integridade da linhagem é crucial para determinar o número de descendentes em cada geração e obter estimativas precisas dos parâmetros populacionais (BAENA, 2019). A presença de erros, pedigrees incompletos e a introdução recente de animais podem distorcer a estimativa de endogamia e dificultar a interpretação dos resultados (BAENA, 2019). Alguns critérios que podem ser usados para inferir sobre parâmetros populacionais é o gene de origem e o tamanho efetivo populacional (NE). As análises baseadas nos parâmetros de probabilidade de origem do gene oferecem maior eficiência na previsão da variabilidade genética, sendo menos susceptíveis a falhas ou perdas de informações nos pedigrees (CUNHA, 2008).

O princípio da variação genética é às mutações aleatórias que acontecem no material genético, ou seja, no genoma de um ser vivo. Essas alterações ocorrem na sequência dos nucleotídeos no genoma de uma célula, desse modo podem causar mudanças no código genético, sendo capaz de mudar o produto gênico ou o quanto esse gene é expresso (SOUZA et al., 2011). Nesse sentido, busca-se estipular um tamanho ideal de uma população para garantir a variabilidade genética. O NE é o tamanho que uma determinada população idealizada deveria ter para causar a mesma quantidade de oscilação genética que a população sob consideração, seja pelo mesmo número de endogamia ou pela variação nas frequências de distúrbios alélicos (SEBBENN; SEOANE, 2005). A avaliação do NE é um importante parâmetro para se compreender as estratégias seletivas de reprodução na evolução de uma população, utilizado para determinar o tamanho de uma população para que ela seja suficiente para manter a variação genética (SANTOS, 2019).

Baena et al. (2020) evidenciou que a raça MM enfrenta desafios relacionados à endogamia, que podem prejudicar diversidade genética da raça e afetar negativamente a saúde e o desempenho dos animais. Nos resultados dos estudos, notou-se que o NE foi calculado a partir das taxas de endogamia, sendo considerado baixo para as populações, indicando uma redução na diversidade genética (BAENA et al., 2020). Além disso, o coeficiente de endogamia na raça apresentou um aumento gradativo ao longo dos anos, indicando maior acasalamento entre parentes próximos. Após 2014, o número de animais consanguíneos diminuiu (BAENA et al., 2020). Estes parâmetros representam uma preocupação para a raça, em termos de manutenção da variabilidade genética. Conclui-se, portanto, que a diversidade genética do MM deve ser monitorada regularmente, por meio de acasalamentos, em que deve se evitar o uso de parentes próximos.

O resultado da redução do tamanho efetivo é a queda da variabilidade, limitando o ganho genético, aumentando a endogamia, podendo levar à extinção de raças ou rebanhos

(SEBBENN; SEOANE, 2005) em populações pequenas ou de baixo NE. A endogamia é a consequência do acasalamento de indivíduos com certo grau de parentesco, sendo assim ocorre um aumento no percentual para que recebam os mesmos genes de seus pais, resultando em animais com homozigose. É um dos maiores erros que os criadores de cavalos costumam cometer, porque a endogamia pode causar a redução no sucesso reprodutivo e perdas de características desejadas na seleção (PEREIRA, 2008).

Entende-se que quanto maior a variação genética disponível, maior a possibilidade de evolução (SOUZA et al., 2011). No entanto, é sempre importante desenvolver estratégias de reprodução que possam manter a variação genética para evitar efeitos futuros de depressão endogâmica. A realização de acasalamentos assistidos e dirigidos possibilitam realizar um programa de melhoramento e conservação da raça MM (BAENA, 2019; MORAIS, 2018).

2.4 MARCADORES MOLECULARES

Marcadores moleculares são variações encontradas no genoma que podem descrever as diferenças genéticas entre indivíduos. Diversas técnicas de biologia molecular estão disponíveis para identificar e analisar essas variações, como os microssatélites e os Polimorfismo de Nucleotídeo Único (SNP). Se os marcadores moleculares estiverem associados a uma característica de produção ou doença genética, eles podem contribuir para o processo de melhoramento genético (ROSA, 2013). Dessa forma, os marcadores moleculares se tornaram ferramentas adicionais para aumentar a eficiência dos processos de seleção, proporcionando maior segurança na escolha dos reprodutores (ROSA, 2013).

Os marcadores moleculares são altamente numerosos, além de realizar papel significativo como marco genômicos auxiliando na localização dos genes de interesse (GRIFFITHS, 2010). Os projetos de mapeamento genômico em animais têm como objetivo principal localizar genes envolvidos com a variação genômica associados a características econômicas importantes. Isso permite diagnósticos diretos dos genes ou por marcadores genômicos, além da introdução dessas regiões genômicas em populações receptoras por meio de cruzamentos seletivos ou a seleção contra loci desfavoráveis (PEREIRA, 2008).

No momento em que os marcadores seguem as leis de Mendel para características monogênicas ou têm a distribuição esperada de características poligênicas, eles são considerados marcadores genéticos (FERREIRA, 1998). Um marcador genético ideal deve exibir alta diversidade genética nos indivíduos de uma população, ser estável em diferentes ambientes, detectar um grande número de loci independentes e ter herança simples.

(CALVACANTE, 2010).

Existem vários marcadores genéticos diferentes que podem ser usados em equinos. Como já mencionado anteriormente, existem dois marcadores principais utilizados nas variações moleculares do DNA: microssatélites, relacionados às regiões repetitivas do DNA, e o outro marcador é conhecido pelas alterações de uma única base no DNA, chamado SNP (MARCHIORI, 2018).

2.5 MICROSSATÉLITES

Os microssatélites são sequências repetitivas de DNA encontrados no material genético dos animais. Dessa forma são distribuídas aleatoriamente em éxons, íntrons, regiões reguladoras e sequências não funcionais do DNA, porém são mais frequentes em regiões transcritas (GRIFFITHS, 2010). Esses marcadores são altamente polimórficos e podem ser usados para identificar indivíduos, analisar a diversidade genética e realizar estudos exploratórios de parentesco genético, o teste de parentesco. Além de microssatélites, também são conhecidos como: “SSR” (*Simple Sequence Repeats*) ou “STR” (*Short Tandem Repeats*) (GRIFFITHS, 2010).

Ao longo do processo de replicação do DNA, podem ocorrer erros que resultam em locais com tamanho diferente e alto polimorfismo. Isso possibilitando o uso do microssatélite como marcadores genéticos, já que representam alelos de genes e são amplificados usando primers complementares. Duas técnicas podem ser utilizadas para identificar microssatélites: construção e seleção de bibliotecas genômicas e a busca de sequenciais em bancos de dados genômicos disponíveis (TANURE, 2009).

Os marcadores microssatélites apresentam diversas vantagens, como alta reprodutibilidade, utilização de pequenas quantidades de DNA. Além disso, essa técnica é de baixo custo, simples e rápida, proporcionando uma alta resolução (OLIVEIRA, 2008). As limitações encontradas ao uso de microssatélites estão na necessidade de um trabalho preparatório para desenvolver os marcadores, pela construção de bibliotecas genômicas compostas, através de pequenos fragmentos de DNA. Contudo, para os animais de produção, existem microssatélites disponíveis para amostragem em laboratórios de referência (PEREIRA, 2008).

Giacomoni (2007) publicou um trabalho sobre estudos da variabilidade genética em equinos utilizando marcadores microssatélites. O autor citou o primeiro Workshop Internacional de Mapeamento Genômico Equino que ocorreu em 1995. No evento científico,

foram mapeados cerca de 12 raças diferentes de equinos com 161 marcadores. Este foi um acontecimento importante na área de pesquisa, pois proporcionou o desenvolvimento das ferramentas para os estudos da genética equina. Em torno de 1500 microssatélites já foram sequenciados até os dias de hoje nessa espécie, aplicados como principais marcadores genéticos em populações de cavalos intensamente endocruzadas, contribuindo para reconhecimento de doenças infecciosas, alérgicas e problemas musculoesqueléticos (GIACOMONI, 2007).

De forma interessante, Baena et al. (2020) construíram um dendrograma que representa a proximidade genética entre 8 raças de cavalos, incluindo o MM. O dendrograma foi construído a partir da análise de microssatélites em um total de 3.193 equinos. Foi evidenciada a maior proximidade genética do MM com as populações das raças Mangalarga e Campolina.

2.6 POLIMORFISMO DE NUCLEOTÍDEO ÚNICO (SNP)

O SNP é uma alteração que ocorre no DNA, mas especificamente em seus pares de bases (pb), isto é, mutações em suas bases nitrogenadas, assim sendo: Adenina, Citosina, Timina e Guanina (CAETANO, 2009). Os SNPs estão presentes de forma uniforme por todo o genoma dos indivíduos, responsáveis pelas diversas variações do DNA, nas quais as mais comuns são transição e transversão, encontrando-se com uma frequência próxima de um em 1.000 pb por todo o genoma (SHASTRY, 2009).

As mudanças ocorrem de forma indeterminada, de modo que podem acontecer em regiões codificadoras (éxons), ou seja, representam uma informação genética que será expressa no DNA (BOLELI, 2004; LINO, 2009) ou em regiões não codificantes. Os SNPs, também podem ocorrer em regiões intergênicas (íntrons), os quais são transcritos, mas não traduzidos, dessa forma não apresentam uma função conhecida (BOLELI, 2004; LINO, 2009), mas podem ter relação na expressão gênica.

As características dos SNPs são determinadas pela transmissão de uma geração para outra, mas é necessário que sua frequência na população seja superior a 1% (0,01) para se distinguir de uma mutação simples e receber uma nomenclatura específica (BORSTING; MORLING, 2013). Os SNPs desempenham um papel importante na identificação dos genes responsáveis por uma característica genética de alto interesse econômico, utilizados também para realização de mapeamento genético, evolução do genoma, detecção de doenças, níveis de polimorfismo e diversidade genética (CAETANO, 2009) entre as populações e espécies.

A análise do genoma dos equinos resultou no sequenciamento completo (EquCab2.0) e

na identificação de 1.162.753 SNP entre diferentes raças. O uso de métodos avançados de sequenciamento de próxima geração permitiu a identificação em massa desses polimorfismos de DNA, levando ao desenvolvimento de arranjos de SNP, também conhecidos como chips de genotipagem de SNP em larga escala (MARCHIORI, 2018).

Atualmente as ferramentas genômicas avançadas permitem pesquisas em animais domésticos. Para os equinos existem cerca de três plataformas de genotipagem disponíveis, incluindo Illumina EquineSNP50 Bead Chip (50k), Illumina Equine SNP70 Bead Chip (65k) e Affymetrix Axiom Equine genotyping array (670k SNPs), sendo que este último é mais informativo, ou seja, contém maior número de SNP. A imputação de genótipos é usada para superar a perda de informações entre os chips de genotipagem. Essas tecnologias têm sido úteis no estudo da variabilidade genética e no melhoramento genético dos equinos (McCoy & McCue, 2014; Pereira et al., 2018; Classier et al., 2018; Frisch Knecht et al., 2014; Schaefer et al., 2017).

Santos et al. (2021) usaram genotipagem de alta de densidade de SNP para identificar regiões de assinatura de seleção no genoma de cavalos MM, ou seja, uma região no genoma que foi modificada por eventos da domesticação ou seleção artificial. Os pesquisadores acompanharam as varreduras genômicas para identificar assinaturas de seleção, que são padrões de variação genética que indicam pressão seletiva em uma determinada região do genoma. Essas varreduras ajudaram a identificar regiões do genoma que podem estar relacionadas a características desejáveis principalmente relacionadas ao tipo e qualidade da marcha, temperamento, conformação e aparelho locomotor da raça Mangalarga Marchador (SANTOS et al., 2021). O uso do painel de alta densidade de SNP permitiu uma análise abrangente e precisa das variações genéticas associadas à seleção na raça equina em estudo.

Em adição aos estudos com SNP na raça, o painel de genotipagem por SNP foi usado para verificar o equilíbrio de ligação (LD) em cromossomos individuais e para realizar uma abordagem de estrutura populacional (Santos et al., 2019). Neste trabalho, 192 cavalos MM foram genotipados usando o Axiom® Horse Genotyping Array (670k) e o Equine SNP70 BeadChip (65k). Critérios de controle de qualidade foram aplicados a dados genotípicos, SNPs únicos de cromossomos sexuais, SNPs sem locus definido e taxas de chamada inferiores a 0,9. A imputação dos genótipos foi feita entre os painéis de genotipagem. Os resultados fornecem informações valiosas sobre a diversidade genética e estrutura populacional da raça Mangalarga Marchador.

2.7 BIOINFORMÁTICA

A bioinformática é um ramo das ciências computacionais que aplica as técnicas da informática à biologia. Nesse sentido, a bioinformática pode ser utilizada como uma ferramenta para se obter informações genéticas e genômicas (GRIFFITHS, 2010). A bioinformática genômica é responsável por desenvolver softwares e algoritmos com o objetivo de explorar grandes sequências de biomoléculas, sendo uma aliada na busca de informações dentro desse meio de pesquisa (GRIFFITHS, 2010).

Com o auxílio da bioinformática torna-se possível o desenvolvimento de plataformas que permitem a contextualização de algumas categorias de dados biológicos, como sequências de DNA, estruturas de peptídeos, vias metabólicas e vias de sinalização. Dessa maneira, a compreensão dos fenômenos genéticos é facilitada, através da ampliação da qualidade de resolução dos modelos biológicos e do desenvolvimentos destes. Assim, processos como: mudanças na expressão gênica; identificação de genes em diferentes organismos e a localização de proteínas que interagem com os genes são explicados com mais exatidão, contribuindo diretamente com o estudo das relações evolutivas por rastreamento de sequências de DNA e para a construção de árvores filogenéticas (FERREIRA, 2017).

Com o uso da bioinformática é possível identificar quais marcadores estão em sobreposição com genes, locus de características quantitativa (*quantitative trait loci*, QTL), e partir daí realizar análise de enriquecimento funcional para verificar com quais vias metabólicas estes genes estão relacionados. Os programas comumente empregados nos estudos de SNP, que foram mencionados no tópico anterior, são o pacote Biomart do programa R, integrado coma base de dados do Ensembl, e o programa DAVID v6.8 (<https://david.ncifcrf.gov/>).

2.8 GENE *DMRT3*

DMRT3 (*Doublesex and Mab-3-related transcription factor 3*) é um gene que codifica uma proteína associada à habilidade e comportamento de andar dos cavalos. Identificou-se que o gene está envolvido no processo locomotor, ligado a transmissão de impulsos nervosos e na detecção de interneurônios na medula espinhal ventral. O gene encontra-se presente na cromatina, mas é ativo no núcleo (DATABASE, 2023). Estudos em cavalos mostraram que variantes específicas no gene *DMRT3* estão associadas a diferentes marchas, como de quatro marchas (caminhada, tölt, trote e galope) e de cinco marchas (caminhada, tölt, trote, galope e

passo) (ANDERSSON et al., 2012).

Os alelos C, tipo selvagem, e A, mutante, do gene *DMRT3* foram identificados em cavalos (ANDERSSON et al., 2012). Os autores encontraram que variantes facilitaram a coordenação dos membros e como os cavalos se movem (ANDERSSON et al., 2012). Considera-se que o alelo A do gene *DMRT3* está ligado á marcha picada no Mangalarga Marchador, apresentando-se, por meio de dois genótipos AA e CA, em contrapartida, a marcha batida é expressa pelos genótipos CC. Contudo, entende-se que o gene *DMRT3* demonstra uma associação com a marcha, porém não a determina completamente em equinos da raça MM (SANTOS, 2021).

Estudos realizados por Filho et al. (2015) verificaram a presença de alelos mutantes *DMRT3* em cavalos Campolina e Mangalarga Marchador. O gene *DMRT3* está associado a características de locomoção. Os autores analisaram amostras de DNA de cavalos de ambas as raças e identificou a presença do alelo mutante *DMRT3* em um indivíduo com marcha batida e picada. Concluiu-se que o alelo mutante está relacionado à expressão dessas características de marcha nas raças treinadas. Com essas descobertas compreende-se melhor a genética por trás das diferentes marchas em equinos e assim podemos realizar a seleção e o melhoramento dessas raças.

Embora o gene *DMRT3* desempenhe um papel importante na coordenação dos membros em equinos, seus efeitos sobre o tipo de marcha na raça Mangalarga Marchador ainda não são bem compreendidos. A presença de parentesco e endogamia em uma população afeta as frequências genótípicas de um gene. No entanto, a influência da seleção e da estrutura da população pode causar confusão na interpretação dos efeitos do *DMRT3*. Futuros estudos de associação genômica com marcadores genéticos podem ajudar a elucidar a genética dessa característica da marcha (FONSECA, 2018).

2.9 A IMPORTÂNCIA DOS CROMOSSOMOS SEXUAIS

O DNA armazena as informações genéticas dos seres vivos e é formado por nucleotídeos organizados em uma estrutura de dupla hélice. O material genético, encontra-se armazenado e organizado nos cromossomos, que são formados por molécula de DNA e moléculas proteicas, localizando-se no núcleo das células dos animais. Os cromossomos são compostos por pares homólogos sendo herdados por parte materna e parte paterna (BOLELI, 2004).

Os cromossomos autossômicos são aqueles que não são sexuais, isto é, todos os

cromossomos que os indivíduos carregam exceto os cromossomos X e Y, no caso dos mamíferos. O cromossomo X proporciona a capacidade de entender situações sobre os efeitos da demografia e seleção no genoma dos equinos, os quais não conseguem ser detectados pelos cromossomos autossômicos (LIU et al., 2018).

Os pares de cromossomos homólogos exibem o mesmo comprimento e forma e englobam as mesmas informações genéticas para uma característica. Já os cromossomos X e Y são diferentes em sua densidade, tamanho e quantidade de genes. Os equinos domésticos apresentam 64 cromossomos nas células somáticas e 2 cromossomos sexuais, X e Y. O cromossomo X (ECA X) mede aproximadamente 124 Mpb, sendo o segundo maior submetacêntrico e representando ~5% do genoma equino (LIU et al., 2018). A determinação do sexo nos equinos, assim como no dos humanos é pelos cromossomos sexuais, de forma que indivíduos XX são biologicamente fêmeas e indivíduos XY são machos (NETO et al., 2005).

A herança ligada ao sexo, refere-se aos genes localizados em cromossomos sexuais que estão envolvidos na determinação de características. No entanto quando se tem um gene existente no cromossomo X, porém não no cromossomo Y é denominado de ligado ao X, ou seja, aqueles ligados no X vão demonstrar herança diferente dos genes que estão nos cromossomos autossomos (RYE, 2016). Visto que, estes genes estão presentes em números diferentes de cópias divididos em fêmeas e machos.

As diferenças genotípicas entre os sexos ocorrem, pois o macho tem apenas um cromossomo X que é pareado com o Y, ou seja, ele terá apenas uma cópia do gene que estiver ligado ao X, ao qual foi herdado de sua mãe. Deste modo, nota-se que características recessivas ligadas ao cromossomo X, manifestam-se frequentemente no sexo masculino que no feminino, pois precisam de apenas um gene para desenvolver ou manifestar-se (BOLELI, 2004). Por outro lado, as fêmeas são XX possuindo uma grande quantidade de genes ligados ao cromossomo na determinação de alguma característica, sendo uma cópia do cromossomo X herdada do pai e outra cópia herdada por parte materna.

Com intuito de compreender melhor o conhecimento sobre o cromossomo X dada sua importância e conservação em mamíferos, é relevante conhecer sobre variabilidade genética, assinaturas de seleção, genes e QTL. Os estudos genômicos até então existentes para marcha são focados no gene *DMRT3*, localizado no cromossomo autossômico 23 do genoma equino. Este gene foi um dos focos de assinaturas de seleção em equinos MM no estudo realizado por Santos et al. (2021).

HEYER et al. (2010) abordaram em sua pesquisa evidências de padrões demográficos e adaptação genética exclusiva do cromossomo X na espécie humana. Os autores destacaram

que por meio de análises foi possível determinar regiões genômicas no cromossomo X responsáveis por apresentarem características opostas em relação à demografia populacional e adaptação local. As diferenças genéticas entre populações humanas para o cromossomo X foram atribuídas a eventos migratórios e da história populacional. A parte relevante deste estudo e que cabe ressaltar é que o cromossomo X ser um importante objeto de estudos nos equinos uma vez que pode guardar informações genômicas sob adaptação local em diferentes condições. Liu et al. (2018) investigaram características de seleção no cromossomo X do pônei chinês Debao, identificando regiões com seleção positiva associadas a características adaptativas e de interesses econômicos na raça. No estudo foram comparados três grupos de cavalos chineses, incluindo cavalos Debao como grupos de estudo e cavalos Yili e mongóis como grupos de referência. O resultado dos pesquisadores demonstraram que cinco regiões do cromossomo X estão sobre seleção envolvendo aproximadamente 95 genes, alguns desses genes estão envolvidos no desenvolvimento ósseo, no estresse do hormônio do crescimento e na deposição de gordura. Havia uma diferença de altura entre os grupos estudados. O objetivo dos autores era comparar as alturas dos equinos, dessa forma, foram obtidas amostras de sangue de 21 cavalos Debao (altura média = 99,2 cm), 16 cavalos mongóis (altura média = 134,1 cm) e 27 cavalos Yili (altura média = 141,3 cm). Entretanto, para se ter certeza que as éguas não eram parentes de sangue, utilizou-se da extração do DNA genômico das amostras de sangue e o genótipo usando o Equine SNP70 BeadChip, que contém mais de 65.000 SNPs uniformemente distribuídos. Genes relacionados à resistência de doenças, adaptação ambiental e diferentes características fenotípicas também foram descobertos. Esses achados são relevantes para o melhoramento genético de raças e ampliam o conhecimento sobre diversidade genética e adaptação em equinos, com relação ao cromossomo X.

3 CONSIDERAÇÕES FINAIS

O contínuo crescimento do número de equinos da raça MM no Brasil, desde o seu início até os dias atuais é por conta da grande admiração de seus criadores, pela sua importância no agronegócio e ampla distribuição por todo o país. Constantemente utilizado para trabalho, lazer, terapia mediante passeios equestres e turismo. O mercado relacionado a equinocultura movimenta um ramo importante do agronegócio, ofertando diversas vagas de emprego e refletindo positivamente na economia brasileira.

Os trabalhos publicados mostram em relação a diversidade genética do MM, existe maior proximidade genética com as raças Mangalarga e Campolina, pode ser proveniente de eventos históricos da formação das raças e cruzamentos iniciais, como os aqui destacado. Através da observação dos trabalhos com foco em tamanho efetivo na população Mangalarga Marchador, verifica-se que o número de alterações no tamanho das famílias sofre flutuações periódicas. No entanto, a endogamia e tamanho populacional não é crítica na raça, porém sempre deve ser monitorada. A implementação de um programa de melhoramento genético da raça para maximizar sua variabilidade genética, preservar genes úteis e estabelecer objetivos de seleção poderia ser interessante para o melhoramento genético da população atual.

Os marcadores moleculares do tipo SNP destacam-se pela cobertura mais abrangente e detalhada do genoma equino do que microssatélites. Estudos vem surgindo para caracterizar a estrutura populacional do MM, levando-se em consideração esses aspectos de estudos genéticos por genotipagem de SNP em larga escala podem fornecer uma imagem abrangente da diversidade genética da raça e suas relações com outras populações de cavalos.

O gene DMRT3 é importante devido à sua associação com a locomoção do cavalo, mas estudos mais detalhados são necessários para obter uma melhor compreensão dos alelos DMRT3 e seu potencial como ferramentas para programas de melhoramento genético. Como os estudos genômicos da espécie equina são escassos, é necessário entender as diferenças entre as populações equinas brasileiras da raça Mangalarga Marchador em nível genômico. Essas descobertas mais abrangentes e detalhadas ajudarão projetos futuros a entender e aplicar melhor os recursos genéticos da raça MM. Diante dos fatores observados, estudos sobre as características de seleção e diversidade genética no cromossomo X na população Mangalarga Marchador poderiam fornecer informações sobre a história evolutiva e variação genética na raça. Desta forma, se tem a possibilidade de um campo de pesquisa para melhor compreender as subestruturas populacionais no MM.

REFERÊNCIAS

- ALBERNAZ, Raquel Mincarelli. **Análise cinematográfica tridimensional da articulação metacarpofalângiana de equinos submetidos à elevação da pinça ou talões**. 2010. Disponível em: <https://repositorio.unesp.br/bitstream/handle/11449/101124/albernaz_rm_dr_jabo.pdf?sequence=1>. Acesso em: 4 jun. 2023.
- ANDERSSON, L., Larhammar, M., Memic, F. *et al.* Mutações no *DMRT3* afetam a locomoção em cavalos e a função do circuito espinhal em camundongos. *Natureza* 488 , 642-646 (2012). Disponível em: <https://doi.org/10.1038/nature11399>. Acesso em: 23 maio 2023.
- ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE CRIADORES DO CAVALO PURO SANGUE LUSITANO – ABPSL. “**Associação lusitano**”. Disponível em: <http://www.associacaolusitano.com.br/site/n/nlus_conteudo.asp?op=1>. Acesso em: 4 jun. 2023.
- ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DOS CRIADORES DE CAVALO MANGALARGA MARCHADOR – ABCCMM. **História da Raça**. Belo Horizonte – MG, 2022. Portal. Disponível em: <<http://www.abccmm.org.br/araca>>. Acesso em: 10 jun. 2023.
- ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DOS CRIADORES DE CAVALO MANGALARGA MARCHADOR – ABCCMM. **História da Raça**. Belo Horizonte – MG, 2023. Portal. Disponível em: <<http://www.abccmm.org.br/araca>>. Acesso em: 26 maio 2023 .
- BAENA, Marielle M; SOUZA, Felipe M; YASMIM GARCIA RIBEIRO; *et al.* **Genetic characterization of Mangalarga Marchador horse**. p. 104899–104899, 2022. Disponível em: <<https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S1871141322000798>>. Acesso em: 31 maio 2023.
- BOLELI, C. I. et al. Abecedário genético. Projeto “Ciências da natureza e suas tecnologias: a interdisciplinaridade para o trabalho em grupo”. (**Núcleo de Ensino da Unesp–Campus de Jaboticabal**), 2004. Disponível em: <<https://www.unesp.br/prograd/PDFNE2004/artigos/eixo10/abecedario.pdf>>. Acesso em: 10 jun. 2023.
- BØRSTING, Claus et al. Polimorfismo de nucleotídeo único. **Um Guia para Perfis Forenses de DNA** , p. 205, 2016. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-382165-2.00042-8>. Acesso em: 10 jun. 2023.
- CAETANO, Alexandre Rodrigues. Marcadores SNP: conceitos básicos, aplicações no manejo e no melhoramento animal e perspectivas para o futuro. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 38, p. 64-71, 2009. Disponível em: <<https://www.scielo.br/j/rbz/a/BqbLHy97yzbwCkD8JbmyqYF/abstract/?lang=pt>>. Acesso em: 23 maio 2023.
- CARVALHO, R. B. **Características e importância econômica de algumas raças equinas criadas no Brasil**. Trabalho de Conclusão de Curso (Bacharelado em Agronomia)— Universidade de Brasília, Brasília - DF, 2020. Disponível em: <<https://bdm.unb.br/handle/10483/27743>>. Acesso em: 11 jun. 2023.
- CAVALCANTE NETO, Aderbal. **Origem do suíno casco-de-burro e sua relação genética**

com populações ibéricas e americanas. 2010. Disponível em:

<https://repositorio.unesp.br/bitstream/handle/11449/102799/cavalcanteneto_a_dr_jabo.pdf?sequence=1>. Acesso em: 31 maio 2023.

CHASSIER, Marjorie e cols. Precisão de imputação de genótipos em várias raças equinas de genótipos de média a alta densidade. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 135, n. 6, pág. 420-431, 2018. Disponível em:

<<https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/jbg.12358>>. Acesso em: 13 jun. 2023.

COELI, Cláudia Medina; VERAS, Renato Peixoto; COUTINHO, Evandro da Silva Freire. Metodologia de captura-recaptura: uma opção para a vigilância das doenças não transmissíveis na população idosa. **Cadernos de Saúde Pública**, v. 16, p. 1071-1082, 2000. Disponível em: <

https://www.scielo.org/article/ssm/content/raw/?resource_ssm_path=/media/assets/csp/v16n4/3610.pdf>. Acesso em: 13 jun. 2023.

CONFEDERAÇÃO DA AGRICULTURA E PECUÁRIA DO BRASIL - CNA. **Estudo do Complexo do Agronegócio Cavalos / Confederação da Agricultura e Pecuária do Brasil.** Brasília -DF, n. 39, p. 68, 2004. Disponível em:

<https://proceedings.science/proceedings/100086/_papers/104804/download/abstract_file1>. Acesso em: 31 maio 2023.

COSTA, M. D. **Caracterização demográfica e estrutura genética da raça Mangalarga Marchador.** Tese (Doutorado)- Escola de Veterinária, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte - MG, 2002. Disponível em:< <https://doi.org/10.1590/S0102-09352004000500020>>. Acesso em: 9 jun. 2023.

COSTA, M. D. *et al.* **Análise temporal da endogamia e do tamanho efetivo da população de equinos da raça Mangalarga Marchador.** Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia, v. 57, n. 1, p. 112–119, 2005. Disponível em:< <https://doi.org/10.1590/S0102-09352005000100015>>. Acesso em: 9 jun. 2023.

COSTA, M; BERGMANN, J; RESENDE, A; et al. **Comunicação Caracterização demográfica da raça Mangalarga Marchador** [Demográfica characterization of Mangalarga Marchador breed]. Arq. Bras. Med. Vet. Zootec., v. 56, n. 5, p. 687–690, 2004. Disponível em:

<<https://www.scielo.br/j/abmvz/a/mJhDZxvnnfjTkSMf8zhkjcH/?format=pdf&lang=pt>>. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0102-09352004000500020>. Acesso em: 26 maio 2023.

CUNHA, Elizângela Emídio et al. **VARIABILIDADE GENÉTICA POR MEIO DA PROBABILIDADE DE ORIGEM DO GENE EM CAPRINOS NATIVOS CANINDÉ1.** 2008. Disponível em: <

<http://arquivos.info.ufrn.br/arquivos/20082472279c4d065786955f83a23e6f/Canind.pdf>>. Acesso em: 26 maio 2023.

DATABASE, Gene. DMRT3 Gene - GeneCards | DMRT3 Protein | DMRT3 Antibody. **Genecards.org.** Disponível em: <<https://www.genecards.org/cgi-bin/carddisp.pl?gene=DMRT3#localization>>. Acesso em: 12 jun. 2023.

DEON, Marcos; DE RESENDE, Vilela; LOPES, Paulo; *et al.* **Introdução Seleção genômica ampla (GWS) e maximização da eficiência do melhoramento genético.** [s.l.: s.n., s.d.]. Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/CNPF-2009-09/44392/1/6_Deon.pdf>. Acesso em: 9 jun. 2023.

FERREIRA, M. E.; GRATTAPAGLIA, D. Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética. **Embrapa-Cenargen**: Brasília, 3 ed., 1998. 220 p. Disponível em: <<http://livimagens.sct.embrapa.br/amostras/00063810.pdf>>. Acesso em: 9 jun. 2023.

FERREIRA, maurício alexander de moura. **BIOINFORMÁTICA COMO FERRAMENTA NO MELHORAMENTO GENÉTICO DE PLANTAS**. Vitória, 2017. Disponível em: <https://biologia.ufes.br/sites/cienciasbiologicas.ufes.br/files/field/anexo/mauricio_alexander_de_moura_ferreira_.pdf>. Acesso em: 9 jun. 2023.

FILHO, Hélio Cordeiro Manso et al. Alelo DMRT3 mutante em equinos de marcha batida e picada das raças Campolina e Mangalarga Marchador. **Ciência Veterinária nos Trópicos**, v. 18, n. 1, pág. 58-64, 2015. Disponível em: <[https://www.bvs-vet.org.br/vetindex/periodicos/ciencia-veterinaria-nos-tropicos/18-\(2015\)-1/alelo-dmrt3-mutante-em-equinos-de-marcha-batida-e-picada-das-racas-cam/](https://www.bvs-vet.org.br/vetindex/periodicos/ciencia-veterinaria-nos-tropicos/18-(2015)-1/alelo-dmrt3-mutante-em-equinos-de-marcha-batida-e-picada-das-racas-cam/)>. Acesso em: 9 jun. 2023.

FONSECA, Mayara Gonçalves. **Mangalarga Marchador: estudo morfométrico, cinemático e genético da marcha batida e da marcha picada**. 2018. Disponível em: <https://repositorio.unesp.br/bitstream/handle/11449/154263/fonseca_mg_dr_jabo_int.pdf>. Acesso em: 4 jun. 2023.

GRIFFITHS, A. J. F. et al. **Introdução à Genética**. 11. ed. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 2016.

HEYER, E., Segurel, L. Procurando assinaturas de demografia específica do sexo e adaptação local no cromossomo X. **Genome Biol** 11, 203 (2010). Disponível em: <<https://doi.org/10.1186/gb-2010-11-1-203>>. Acesso em: 8 jun. 2023.

LAGE, M. C. G. R. et al. Associação entre medidas lineares e angulares de equinos da raça Mangalarga Marchador. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 61, p. 968-979, 2009. Disponível em: <<https://doi.org/10.1590/S0102-09352009000400027>>. Acesso em: 8 jun. 2023.

LINO, Daniela Andressa; MAIA, Fabiana Martins Costa. GENÔMICA: A APLICAÇÃO DOS AVANÇOS DA GENÉTICA NO MELHORAMENTO ANIMAL. **Sistemas de Produção Agropecuária—Ano 2009**, 2009. Disponível em: <https://www.researchgate.net/profile/Fabiana-Costa-Maia-2/publication/330211823_Melhoramento_genetico_em_abelhas_Apis_mellifera_africanizada_s_alguas_questoes_decisivas/links/5c34221592851c22a3638e6f/Melhoramento-genetico-em-abelhas-Apis-mellifera-africanizadas-alguas-questoes-decisivas.pdf#page=91>. Acesso em: 8 jun. 2023.

LIU, X.-X. e outros Detectando assinaturas de seleção no cromossomo X do pônei chinês Debaos. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 135, n. 1, pág. 84-92, 2018. Disponível em: <<https://doi.org/10.1111/jbg.12314>>. Acesso em: 8 jun. 2023.

MARCHIORI, Cíntia Maria. **Caracterização genômica de equinos das linhagens de trabalho e de corrida da raça Quarto de Milha**. 2018. Disponível em: <<https://orcid.org/0000-0001-6289-0406>>. Acesso em: 26 maio 2023.

MINTER, M., Nielsen, E., Byte, C., Bertoli, L., Cantar, M., Morales, H., Orlando, C., Segelbacher, G. e Leigh, D. (2021). **“What Is Genetic Diversity and Why Does It Matter?”** *Front. Young Minds*. 9:656168. DOI: 10.3389/frym.2021.656168. Acesso em: 10 jun. 2023

MORAIS, Cássia; Moura Baena, Marielle; De Fátima, Renata; et al. **ENDOGAMIA E RELAÇÃO GENÉTICA EM EQUINOS DA RAÇA MANGALARGA MARCHADOR NO BRASIL**. Disponível em:

<<http://www.adaltech.com.br/anais/zootecnia2018/resumos/trab-0845.pdf>>. Acesso em: 8 jun. 2023.

NASCIMENTO, J. F. **Mangalarga marchador: tratado morfofuncional**. 1. Ed. Belo Horizonte - MG: ABCCMM, 1999. p. 577

NETO, L. et al. **Análise morfológica e estrutural dos cromossomos equinos extraído a partir do cultivo primário de fibroblastos**. Departamento de Reprodução Animal e Radiologia Veterinária – FMVZ/UNESP, Botucatu-SP, 2005.

OLIVEIRA, Eder Jorge de et al. Identificação de microssatélites para o mamoeiro por meio da exploração do banco de dados de DNA. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 30, p. 841-845, 2008. Disponível em: <<https://doi.org/10.1590/S0100-29452008000300049>>. Acesso em: 8 jun. 2023

PROCÓPIO, A.M. **Análise cinemática da locomoção de equinos marchadores**. 2005. 69f. Tese (Doutorado em Zootecnia) □ Escola de Veterinária, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte. Disponível em: <<http://hdl.handle.net/1843/VETD-7VSQ79>> Acesso em: 8 jun. 2023.

RODRIGUES, D. S. **Estrutura populacional de um rebanho morada nova variedade branca no estado do Ceará**. 2009. 46 f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Centro de Ciências Agrárias, Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, 2009. Disponível em: <<http://www.repositorio.ufc.br/handle/riufc/14340>> Acesso em: 8 jun. 2023.

ROSA COSTA, Maria; RIBAMAR, José; MARQUES, Felipe; et al. **VARIABILIDADE GENÉTICA DE EQUINOS DA AMAZONIA BRASILEIRA**. [sol.: s.n., s.d.]. Disponível em: <<https://www.alice.cnptia.embrapa.br/bitstream/doc/577059/1/variabilidade.pdf>>. Acesso em: 31 maio 2023.

ROSA, A. do N. et al. Melhoramento genético aplicado em gado de corte: Programa Geneplus-Embrapa. 2013. Disponível em: <<https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/127707/1/Melhoramento-Genetico-livro-completo.pdf>>. Acesso em: 8 jun. 2023.

SANTOS, Bruna Aparecida dos. **Análise genômica da estrutura populacional em cavalos da raça brasileira Mangalarga Marchador**. **Unesp.br**, 2019. Disponível em: <<https://repositorio.unesp.br/handle/11449/181053>>. Acesso em: 19 jun. 2023.

SANTIAGO, J.M. et al. **Comparação entre as medidas morfométricas de equinos Mangalarga Marchador de marcha batida e marcha picada**. Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia, v. 66, n. 2, p. 635–639, 2014.

SANTIAGO, J.M.; REZENDE, A.S.C.; LANA, Â.M.Q.; et al. **Comparação entre as medidas morfométricas de equinos Mangalarga Marchador de marcha batida e marcha picada**. Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia, v. 66, n. 2, p. 635–639, 2014.

SANTOS, Bruna Aparecida dos. **Análise genômica da estrutura populacional em cavalos da raça brasileira Mangalarga Marchador**. 2019. Disponível em: <https://repositorio.unesp.br/bitstream/handle/11449/181053/santos_ba_me_jabo.pdf?sequenc e=3>. Acesso em: 8 jun. 2023.

SANTOS, D. *et al.* Diversidade Genética. *In:* DRUMMOND, M. *et al.* Diagnóstico do Conhecimento sobre a Biodiversidade no Estado de Minas Gerais. 1. ed. Belo Horizonte - MG: **Subsídio ao Programa Biota Minas**, 2009, p. 390-405.

SANTOS, W.B., Schettini, G.P., Maiorano, A.M. *et al.* Genome-wide scans for signatures of selection in Mangalarga Marchador horses using high-throughput SNP genotyping. *BMC Genomics* 22, 737 (2021). Disponível em: < <https://doi.org/10.1186/s12864-021-08053-8> > Acesso em: 8 jun. 2023.

SEBBENN, Alexandre Magno; SEOANE, Carlos Eduardo Sicole. Estimativa de tamanho efetivo de endogamia por marcadores genéticos. *Revista Árvore*, v. 29, p. 1-8, 2005. Disponível em: < <https://doi.org/10.1590/S0100-67622005000100001> > Acesso em: 8 jun. 2023.

SHASTRY, Barkur S. SNPs: impacto na função gênica e fenótipo. **Polimorfismos de nucleotídeo único: Métodos e protocolos**, p. 3-22, 2009. Disponível em: <doi: 10.1007/978-1-60327-411-1_1 > Acesso em: 8 jun. 2023.

SOUZA, F. A. C. **Curvas de crescimento em equinos da raça mangalarga marchador utilizando método transversal**. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Universidade Federal de Lavras, Lavras - MG, 2017. Disponível em: < <http://repositorio.ufla.br/jspui/handle/1/13202> >. Acesso em 17 maio 2023.

SOUZA, Ilíada Rainha de; TONI, Daniela Cristina de; CORDEIRO, Juliana. Genética evolutiva. **Florianópolis: BIOLOGIA/EAD/UFSC**, 2011. 231 p. il., gráficos.

TANURE, Janaína Paula Marques. **Desenvolvimento e validação de marcadores microssatélites para o feijão-comum**. 2009. Disponível em: < <https://locus.ufv.br/handle/123456789/47> >. Acesso em 17 maio 2023.