

## ESTUDO MODELO PARA ANÁLISE DE PEDIGREES EM CAVALOS PURO-SANGUE LUSITANOS

**Larissa Yahagi Rodrigues**

Faculdade de Ciência Agrárias e Veterinárias – FCAV, Jaboticabal – SP, Brasil

**José Manuel Martins Teixeira Gomes**

Coudelaria Lusitano Sport Horse, Portugal

**António Pedro Andrade Vicente**

Escola Superior Agrária do Instituto Politécnico de Santarém – ESAS – IPS, Portugal

**Vítor Hugo da Silva Mendes**

Coudelaria Lusitano Sport Horse, Portugal

**Ana Rafael Barbosa de Matos Teixeira**

HT Equine, Unipessoal LDA, Portugal

**Gustavo Henrique Alberto**

Faculdade de Ciência Agrárias e Veterinárias – FCAV, Jaboticabal – SP, Brasil

**Nuno Carolino**

Instituto Nacional de Investigação Agrária e Veterinária I.P., Santarém Portugal

**Rosa Lino Neto Pereira**

Instituto Nacional de Investigação Agrária e Veterinária I.P., Santarém Portugal

**Josineudson Augusto II Vasconcelos Silva**

Faculdade de Medicina Veterinária e Zootecnia – FMVZ, Botucatu – SP, Brasil

**Ricardo António da Silva Faria**

Instituto Nacional de Investigação Agrária e Veterinária I.P., Santarém Portugal

# RESUMO

**Objetivo:** Avaliar a diversidade genética e fornecer informações sobre os principais ancestrais e fundadores de uma população de cavalos, no início da criação de um haras. **Métodos:** Foram avaliadas 16 éguas denominadas população pLSH, nascidas entre os anos de 2016 a 2021 e os seus 483 ancestrais nascidos entre os anos 1947 a 2015, que conjuntamente com a pLSH formaram a população total ( $pT = 499$  animais). As análises do pedigree forneceram informações das gerações equivalentes conhecidas (GE), intervalo de gerações (IG), coeficiente de consanguinidade (F), tamanho efetivo da população ( $N_e$ ), aumento individual da F ( $\Delta Fi$ ) e contribuição genéticas dos ancestrais e fundadores. **Resultados:** As GE forneceram valores de 4,7 (pais) e 5,7 (pLSH), os IG foram elevados de 9,5 a 10,7 anos. Os F foram de 1,13% (pT) e 5,26% (pLSH), os F pelos dados da associação (APSL) foram mais elevados com 10,24% (pT) e 11,03% (pLSH) e a relação de parentesco de 1,88% (pT) e 3,38% (pLSH). Os  $N_e$  de 79 e 43 e,  $\Delta Fi$  de 42 a 28 (Gerações) para pT e pLSH, respectivamente. O número de ancestrais que explicam a totalidade da diversidade genética foi 142 (pT) e 22 (pLSH) animais, considerado reduzido. Os 10 principais ancestrais explicaram 39,4% (pT) e 71,1% (pLSH) da diversidade genética das populações. **Conclusão:** Observada perda da diversidade genética em detrimento da funcionalidade (Salto de obstáculos) e concentração de reprodutores em número reduzido. Pode ser revertido com um programa simultâneo para melhoramento e preservação, por meio do delineamento dos acasalamentos dirigidos com seleção dos reprodutores.

**Palavras-chave:** ancestrais; consanguinidade; diversidade genética; equinos; tamanho efetivo da população.

## INTRODUÇÃO

A possibilidade de selecionar os seus cavalos e a transformação aplicada pelo Homem ao longo do tempo, colocaram estes animais num patamar ímpar durante a sua evolução ao longo da história, destacando-se de qualquer outra espécie. O Puro-sangue Lusitano (PSL) é por muitos considerado um dos cavalos de sela mais antigos do mundo, reportadamente excelente na guerra e na caça (VICENTE, 2015). Consegue demonstrar de entre as suas características, a sua coragem, versatilidade e lealdade para com o cavaleiro.

A raça PSL foi evoluindo de tal forma, que acaba mesmo por adquirir uma versatilidade ímpar e, ao contrário do que se poderia imaginar, o facto de não permitir registos de cavalos exteriores à raça desde 1989 (ou seja, o registo dos cavalos é realizado em livro fechado, tendo como obrigatoriedade a inscrição dos seus progenitores no Livro de Reprodutores do Stud-Book da Raça Lusitana), não a impede de demonstrar todas as suas capacidades e manter as características dos seus ancestrais. As principais disciplinas equestres praticadas pelo cavalo PSL, são Equitação de trabalho (várias vezes campeões do mundo individual e equipas), Adestramento (uma das raças mais pontuadas pela FEI), Atrelagem (mais de uma vez campeões do mundo), entre outras. Não tendo como principais características, as que permitem obter capacidades de criar cavalos PSL campeões do mundo em Saltos de Obstáculos, a raça PSL por outro lado, forneceram versatilidade, coragem e ligeireza, para se tornar um excelente cavalo de Saltos de Obstáculos de nível médio para jovens cavaleiros, um mercado em constante expansão.

O monitoramento e avaliação da diversidade genética (Maignel; Boichard; Verrier, 1996) e principais ancestrais/fundadores (Boichard; Maignel; Verrier, 1997) permitem o delineamento e o desenvolvimento de programas de melhoramento genético de cavalos atletas, considerando a preservação e alterações da diversidade genética. Estudo avaliando a estrutura populacional e identificando os ancestrais mais importantes é considerado imprescindível no século XXI (Faria *et al.*, 2018a, 2018b).

Os objetivos do estudo foram avaliar a diversidade genética e descrever os principais ancestrais e fundadores da linhagem de cavalos de um criador com

um núcleo inicial de 16 éguas da raça Puro-sangue Lusitano e fornecer este estudo, como um modelo de avaliação de haras com pequenas dimensões.

## **MÉTODOS**

### **Animais, (sub)populações, qualidade do pedigree e intervalo de gerações**

Os dados de pedigree foram obtidos manualmente no Stud-book online da Associação Portuguesa de criadores do cavalos Puro-Sangue Lusitano (APSL) e inseridos todos os ancestrais que estavam disponíveis (APSL, 2025), tornando a análise robusta e precisa (100% dos ancestrais que a APSL torna públicos). A partir das 16 éguas avaliadas (população denominada pLSH), nascidas entre os anos de 2016 a 2021, foi criado um arquivo de pedigree com 483 ancestrais, nascidos de 1947 a 2015, em que o pedigree final compunha 499 cavalos e foi denominado de população total (pT).

Foram criadas ainda 2 subpopulações da pT para avaliar os pais (pP) com 26 animais e avós (pA) com 42 animais, referentes às 16 éguas da pLSH avaliadas. As subpopulações permitem análise dos animais que contribuíram ou podem contribuir mais para as gerações seguintes (SIDERITS; BAUMUNG; FUERST-WALT, 2013). A qualidade do pedigree é representada pela média das gerações equivalentes conhecidas (GE) e foi calculada segundo Maignel, Boichard e Verrier (1996). O intervalo de geração (IG) foi calculado considerando a idade dos pais quando nascem as progênes que se reproduzem (JAMES, 1972), e apresentado por quatro diferentes caminhos, Pai-filho, Pai-filha, Mãe-filho e Mãe-filha, mais as médias totais das populações avaliadas.

### **Diversidade genética**

#### **Parâmetros da consanguinidade**

O coeficiente de consanguinidade (F) individual foi calculado segundo Meuwissen e Luo (1992), e o coeficiente de parentesco (AR) individual médio como descrito por Gutiérrez e Goyache (2005). O aumento individual por ano da consanguinidade ( $\Delta Fi$ ) foi calculado conforme González-Recio, López De Maturana e Gutiérrez (2007) e o tamanho efetivo da população ( $N_e$ ) com base no  $\Delta Fi$  e

calculado como proposto por Cervantes *et al.* (2008). O valor do  $N_e$  por  $\Delta F_i$  foi utilizado no cálculo da deriva genética. Adicionalmente, foi calculado o  $N_e$  com base no aumento de consanguinidade por geração (WRIGHT, 1965). Foram ainda calculados outros valores médios de  $F$ , valores estes, que surgem na informação individual de cada animal presente no website da APSL (APSL, 2025).

A estrutura genética das subpopulações (pLSH, pP e pA) foi avaliada por meio da estatísticas  $F$  de Wright (WRIGHT, 1965), e calculada segundo Caballero e Toro (2000, 2002), permitindo avaliar as diferenças entre indivíduo, subpopulações e população total. Foram calculados os coeficientes de consanguinidade individual em relação ao total da população (FIT), média da consanguinidade da subpopulação em relação ao total da população (FST) e coeficiente de consanguinidade do indivíduo em relação à própria subpopulação (FIS).

### **Número de fundadores, probabilidade de origem do gene e deriva genética**

O número de fundadores ( $N_f$ ) é obtido pelos ancestrais que não têm pais conhecidos, foram fornecidas informações dos 10 principais fundadores da pT e pLSH. A probabilidade de origem do gene foi avaliada pelo número efetivo de fundadores ( $f_e$ ) como indicado por Lacy (1989), pelo número efetivo de ancestrais ( $f_a$ ) segundo Boichard, Maignel e Verrier (1997) e, pelo número efetivo de genomas fundadores ( $f_{ge}$ ), calculado segundo Caballero e Toro (2000).

A deriva genética representa a mudança aleatória nas frequências alélicas da população, que ocorre em ritmo acelerado quando a população sofre redução drástica em seu tamanho efetivo (FRANKHAM, 1996). A desigual participação dos ancestrais fundadores, presença do efeito gargalo e a perda de alelos fundadores entre gerações nas populações, podem ser observados se o valor das razões  $N_f/f_e$ ,  $f_e/f_a$  e  $f_{ge}/f_e$ , respectivamente, for diferente e distante do valor 1 (BOICHARD; MAIGNEL; VERRIER, 1997).

### **Contribuições genéticas dos principais ancestrais e árvore genealógica**

Os principais ancestrais (fundadores ou não) que explicaram a diversidade genética total das populações e suas contribuições genéticas marginais acumuladas foram calculadas segundo Boichard, Maignel e Verrier (1997). As informações dos 10 principais ancestrais das (sub)populações avaliadas são apresentadas,

bem como suas contribuições genéticas marginais acumuladas. A árvore genealógica dos 499 animais foi apresentada, permitindo observação visual do parentesco e focos de linhagens entre os animais.

A preparação dos dados, estatísticas do pedigree e árvore genealógica foram realizados nos programas SPSS31 (IBM, 2026) e PedGraph (GARBE; DA, 2008). Os parâmetros da estrutura genética foram obtidos pelo programa ENDOG v4.8 (GUTIÉRREZ; GOYACHE 2005).

## RESULTADOS

### Animais, (sub)populações, qualidade do pedigree e intervalo de gerações

O número de cavalos da pT, pLSH, pP e pA foram de 499, 16, 26 e 42 animais, respectivamente. A distribuição por sexo indica percentagem maior de fêmeas, com tendência de diminuição da percentagem da pP para pA (Tabela 1).

**Tabela 1** - Resumo estatístico dos animais, qualidade do pedigree, intervalo de gerações e tamanho efetivo da população do grupo de animais da raça Puro-sangue Lusitano.

| Itens                                                | Populações     |                |                |                |
|------------------------------------------------------|----------------|----------------|----------------|----------------|
|                                                      | Total (pT)     | subpopulações  |                |                |
|                                                      |                | pA             | pP             | pLSH           |
| Intervalo de anos de nascimento                      | 1947 a<br>2021 | 1986 a<br>2009 | 2004 a<br>2015 | 2016 a<br>2021 |
| <b>Animais e qualidade do pedigree (número)</b>      |                |                |                |                |
| Total                                                | 499            | 42             | 26             | 16             |
| Machos                                               | 197            | 17             | 11             | -              |
| Fêmeas                                               | 302            | 25             | 15             | 16             |
| GE, gerações equivalentes conhecidas                 | 1,9            | 3,7            | 4,7            | 5,7            |
| <b>IG, Intervalo gerações (anos)</b>                 |                |                |                |                |
| Garanhões – Filhos                                   | 10,0           | 14,3           | 10,6           | -              |
| Garanhões – Filhas                                   | 10,7           | 12,0           | 12,1           | -              |
| Matrizes – Filhos                                    | 9,5            | 9,5            | 8,6            | -              |
| Matrizes – Filhas                                    | 9,8            | 9,7            | 9,5            | -              |
| Média IG                                             | 10,0           | 11,3           | 10,3           | -              |
| <b>Ne, tamanho efetivo da população (indivíduos)</b> |                |                |                |                |
| Ne por $\Delta Fi$                                   | 79             | 48             | 79             | 43             |
| Ne por geração                                       | 42             | 45             | 43             | 28             |

pLSH, população avaliada; pP, população de pais; pA, população de avós;  $\Delta Fi$ , aumento individual da consanguinidade.

Os valores das GE indicam boa qualidade de informações do pedigree da pLSH (5,7) e pP (4,7), moderada para pA (3,7) e baixa informação na pT (Tabela 1). Os valores do IG foram elevados, em torno de 10 anos, em todas as vias de seleção avaliadas e as matrizes apresentam valores do IG menores que os ganhões (Tabela 1).

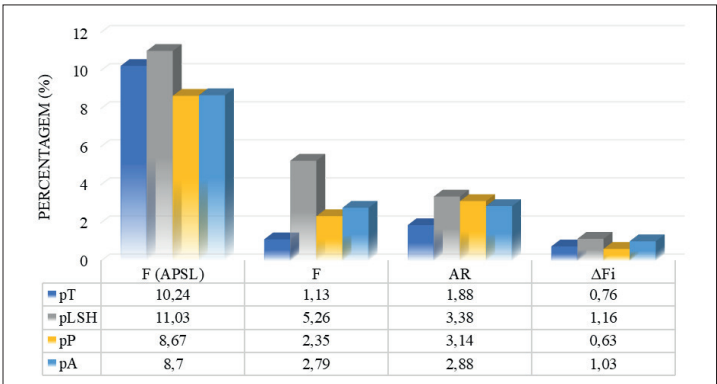
Os valores do Ne calculados pelo  $\Delta Fi$  foram superiores aos Ne obtidos por gerações, onde o maior valor observado foi igual na pT e pP (79) e o menor na pLSR em ambos os cálculos (Tabela 1). O valor do Ne por geração em todas as (sub)populações avaliadas apresentou limite inferior ao indicado (50 animais) pela FAO (FAO, 1998).

## Diversidade genética

### Parâmetros da consanguinidade

Os coeficientes de F apresentam valores consideravelmente superiores nos dados fornecidos pela APSL, comparativamente as análises realizadas no presente estudo. A pLSH apresentou valores superiores em todos os parâmetros analisados (Figura 1). A diferença entre os valores dos parâmetros F e  $\Delta Fi$  foram na pLSH perto do dobro e reduzidas no AR.

**Figura 1** - Parâmetros de consanguinidade da linhagem de animais de um haras da raça Puro-Sangue Lusitano.



F, consanguinidade; AR, parentesco;  $\Delta Fi$ , aumento individual da consanguinidade; pT, população total, pLSH, população avaliada; pP, população de pais; pA, população de avós

Foram observados 128 valores para o grau de parentesco (AR) entre as 16 éguas da pLSH (Tabela 2), variando de 0,2% (entre os animais D e G) a 37,6%

(entre animais K e L). Foram observados 55 parentescos (AR) acima de 5,0%, destes, 28 valores do AR acima de 10,0%, destes 18 valores AR acima de 15,0%, destes 14 valores acima de 20,0% e metade destes valores AR acima de 30,0%. Os 7 valores acima de 30,0% foram fornecidos pelas éguas E, I, J, K e L (Tabela 2).

**Tabela 2** - Grau de parentesco (%) entre as 16 éguas da pLSH avaliada da raça Puro-Sangue Lusitano.

| pLSH | A | B    | C     | D    | E     | F     | G    | H     | I     | J     | K     | L     | M    | N     | O     | P    |
|------|---|------|-------|------|-------|-------|------|-------|-------|-------|-------|-------|------|-------|-------|------|
| A    | - | 3,44 | 11,62 | 3,33 | 24,24 | 21,33 | 7,63 | 9,38  | 12,34 | 12,47 | 21,61 | 20,0  | 3,65 | 2,15  | 3,38  | 4,14 |
| B    | - | -    | 2,86  | 1,61 | 3,32  | 2,61  | 3,08 | 2,25  | 3,29  | 3,72  | 5,09  | 3,89  | 3,43 | 15,19 | 15,09 | 2,97 |
| C    | - | -    | -     | 0,55 | 11,21 | 8,37  | 6,77 | 8,43  | 6,04  | 3,28  | 8,84  | 8,84  | 2,96 | 1,45  | 2,95  | 3,06 |
| D    | - | -    | -     | -    | 4,92  | 4,14  | 0,22 | 0,34  | 3,90  | 5,01  | 5,77  | 6,13  | 2,06 | 1,33  | 1,30  | 2,27 |
| E    | - | -    | -     | -    | -     | 36,6a | 10,3 | 11,88 | 9,87  | 9,93  | 16,6  | 36,0  | 3,61 | 1,95  | 3,02  | 4,03 |
| F    | - | -    | -     | -    | -     | -     | 8,10 | 9,46  | 7,88  | 8,30  | 13,4  | 14,7  | 3,60 | 1,98  | 2,78  | 3,15 |
| G    | - | -    | -     | -    | -     | -     | -    | 25,9b | 2,08  | 3,30  | 3,50  | 7,27  | 5,40 | 4,25  | 4,81  | 1,69 |
| H    | - | -    | -     | -    | -     | -     | -    | -     | 3,14  | 3,98  | 5,06  | 8,64  | 5,59 | 3,20  | 4,10  | 1,80 |
| I    | - | -    | -     | -    | -     | -     | -    | -     | -     | 28,3c | 33,4c | 30,0c | 4,21 | 3,21  | 4,47  | 5,15 |
| J    | - | -    | -     | -    | -     | -     | -    | -     | -     | -     | 34,5c | 31,2c | 15,6 | 8,49  | 8,47  | 5,14 |
| K    | - | -    | -     | -    | -     | -     | -    | -     | -     | -     | -     | 37,6c | 5,65 | 3,18  | 4,18  | 6,35 |
| L    | - | -    | -     | -    | -     | -     | -    | -     | -     | -     | -     | -     | 4,89 | 2,66  | 3,41  | 5,40 |
| M    | - | -    | -     | -    | -     | -     | -    | -     | -     | -     | -     | -     | -    | 13,2  | 13,5  | 4,06 |
| N    | - | -    | -     | -    | -     | -     | -    | -     | -     | -     | -     | -     | -    | -     | 30,0  | 2,57 |
| O    | - | -    | -     | -    | -     | -     | -    | -     | -     | -     | -     | -     | -    | -     | -     | 2,99 |
| P    | - | -    | -     | -    | -     | -     | -    | -     | -     | -     | -     | -     | -    | -     | -     | -    |

a, meias irmãs por pai (Z); b, meias irmãs por pai (X); c, meias irmãs por pai (Y).

As diferenças genéticas observadas pelas estatísticas F de Wright, forneceram valores positivos mas reduzidos nas subpopulações avaliadas, valores iguais no FIT e diminuindo de pA para pP e para pLSH nos valores da FIS e FST (Tabela 3).

**Tabela 3** - Resumo das estatísticas F de Wright da linhagem de cavalos Lusitano Sport Horse da raça PSL

| Parâmetro              | Subpopulações |      |      |
|------------------------|---------------|------|------|
|                        | pA            | pP   | pLSH |
| <b>F de Wright (%)</b> |               |      |      |
| FIT                    | 0,37          | 0,37 | 0,37 |
| FIS                    | 0,25          | 0,22 | 0,20 |
| FST                    | 0,12          | 0,17 | 0,16 |

FIT, coeficientes de consanguinidade individual em relação ao total da população; FST, média da consanguinidade da subpopulação em relação ao total da população; FIS coeficiente de consanguinidade do indivíduo em relação à própria subpopulação; .pA, população dos avós; pP, população dos pais; pLSH, população principal com 16 éguas.

## Número de fundadores, probabilidade de origem do gene e deriva genética

Observando o Nf considerando que avaliamos uma população fechada, foi igual em todas as (sub)populações avaliadas (Tabela 4), com perda considerável e número reduzido quando avaliado 50% dos principais fundadores.

**Tabela 4** - Resumo estatístico do número de fundadores, probabilidade de origem do gene e deriva genética da linhagem de cavalos pLSH da raça Puro-Sangue Lusitano.

| Parâmetro                                | Populações    |               |      |      |
|------------------------------------------|---------------|---------------|------|------|
|                                          | Total<br>(pT) | subpopulações |      |      |
|                                          |               | pA            | pP   | pLSH |
| Fundadores (número)                      |               |               |      |      |
| Total (Nf)                               | 166           | 166           | 166  | 166  |
| 50%                                      | 37            | 20            | 17   | 14   |
| Probabilidade de origem do gene (número) |               |               |      |      |
| fe                                       | 67            | 44            | 41   | 35   |
| fa                                       | 62            | 29            | 21   | 15   |
| fge                                      | 53            | 18            | 12   | 7    |
| Deriva genética (número)                 |               |               |      |      |
| Nf / fe                                  | 2,48          | 3,77          | 4,05 | 4,74 |
| fe / fa                                  | 1,08          | 1,52          | 1,95 | 2,33 |
| fge / fe                                 | 0,79          | 0,41          | 0,29 | 0,20 |

fe, número efetivo de fundadores; fa, número efetivo de ancestrais; fga, número efetivo de genomas fundadores; Nf, número de fundadores; pA, população dos avós; pP, população dos pais; pLSH, população principal com 16 éguas.

Os valores da probabilidade de origem do gene pelo fe, fa e fge também apresentaram diminuição, onde os menores valores foram observados na pLSH. A deriva genética calculada por meio dos valores da probabilidade de origem do gene e do número de fundadores, pelas razões fe/Nf, fa/fe e fge/fe, forneceram resultados distantes de 1 (valor ideal), os valores mais próximos da unidade foram observados na pT e mais distantes na pLSH (Tabela 4).

Todos os fundadores são animais sem pais conhecidos ou ½ fundador se tiverem apenas um dos ascendentes desconhecidos. Os cinco principais fundadores da pT foram Firme, Estribilho, Abadia, Bailador e Guizo e para a pLSH mantiveram-se os mesmos, mas com alteração da contribuição do Guizo pelo Bailador, sendo que todos aumentaram a sua contribuição quando avaliados os fundadores da pLSH (Tabela 5). Os dez principais fundadores

representam contribuições genéticas elevadas, com 36,8% na pT tendo aumentado para 43,7% na pLSH.

**Tabela 5** - Principais fundadores com indicação do nome, sexo, ano de nascimento, número de progénies e contribuições genéticas 10 principais fundadores da pT e pLSH da linhagem de animais pLSH da raça Puro-Sangue Lusitano.

|                      | Animal      | Sexo | Ano Nascimento | Número progénies | Contribuições fundadores |
|----------------------|-------------|------|----------------|------------------|--------------------------|
| População Total (pT) | Firme       | ♂    | 1956           | 9                | 8,3%                     |
|                      | Estribilho  | ♂    | 1963           | 3                | 6,8%                     |
|                      | Abadia      | ♀    | 1959           | 2                | 4,7%                     |
|                      | Bailador    | ♂    | 1962           | 11               | 4,2%                     |
|                      | Guizo       | ♂    | 1947           | 3                | 3,2%                     |
|                      | Boca-negra  | ♂    | 1960           | 3                | 2,4%                     |
|                      | Grosa       | ♀    | 1964           | 1                | 2,0%                     |
|                      | Ervilha     | ♀    | 1963           | 2                | 2,0%                     |
|                      | Fúria       | ♂    | 1956           | 9                | 1,7%                     |
|                      | Anil        | ♂    | 1958           | 3                | 1,6%                     |
|                      | TOTAL       | -    | -              | 46               | <b>36,8%</b>             |
| População LSH (pLSH) | Firme       | ♂    | 1956           | 9                | 8,6%                     |
|                      | Estribilho  | ♂    | 1963           | 3                | 8,3%                     |
|                      | Abadia      | ♀    | 1959           | 2                | 6,0%                     |
|                      | Guizo       | ♂    | 1947           | 3                | 4,4%                     |
|                      | Bailador    | ♂    | 1962           | 11               | 3,8%                     |
|                      | Cimeira     | ♀    | 1961           | 1                | 2,7%                     |
|                      | Grosa       | ♀    | 1964           | 1                | 2,7%                     |
|                      | Boca-negra  | ♂    | 1960           | 3                | 2,6%                     |
|                      | Ervilha     | ♀    | 1963           | 2                | 2,3%                     |
|                      | Vassoura II | ♀    | 1959           | 1                | 2,1%                     |
|                      | TOTAL       | -    | -              | 36               | <b>43,7%</b>             |

♂, macho; ♀, fêmea.

### Contribuições genética dos principais ancestrais e árvore genealógica

O número de animais ancestrais (fundadores ou não) explicando a totalidade (100%) da diversidade genética foi de 142, 50, 31 e 22 animais para pT, pLSH, pP e pA, respectivamente, com 50% da diversidade genética representado por

um reduzido número de animais (Tabela 6), com 24 na pT, 12 na pA, 9 na pP e 6 animais na pLSH.

As contribuições genéticas marginais acumuladas dos dez principais ancestrais foram elevadas (Tabela 7), aumentando consideravelmente nos animais recentes (pLSH). Foram observadas repetições nas (sub)populações avaliadas, em que os ancestrais Firme, Bailador, Martini e Abadia surgem na pT e pA, Quieto, Quieta e Quadrada II surgem na pA e pP e os garanhões Escorial e Peralta dos Pinhais surgem na pP e pLSH, indicando repetição de linhagem e consequente perda de diversidade genética (Tabela 7). Por sexo, destaca-se nos dez principais ancestrais um total de 8 machos na pT, 6 fêmeas na pA e igual distribuição para pP e pLSH.

**Tabela 6 -** Resumo estatístico dos principais ancestrais e suas contribuições genéticas da linhagem de cavalos Lusitano Sport Horse da raça Puro-Sangue Lusitano.

| Parâmetro                                                            | Populações    |               |      |      |
|----------------------------------------------------------------------|---------------|---------------|------|------|
|                                                                      | Total<br>(pT) | subpopulações |      |      |
|                                                                      |               | pA            | pP   | pLSH |
| Ancestrais (número)                                                  |               |               |      |      |
| 100% da diversidade genética                                         | 142           | 50            | 31   | 22   |
| 50% da diversidade genética                                          | 24            | 12            | 9    | 6    |
| Contribuições genéticas marginais dos ancestrais mais influentes (%) |               |               |      |      |
| 10 ancestrais                                                        | 30,4          | 45,6          | 56,5 | 71,1 |
| 50 ancestrais                                                        | 71,2          | 100           | -    | -    |
| 100 ancestrais                                                       | 91,8          | -             | -    | -    |

fe, número efetivo de fundadores; fa, número efetivo de ancestrais; fga, número efetivo de genomas fundadores; a, menos de 500 animais explicam a diversidade total da subpopulação (sP00); Nf, número de fundadores; fe, número efetivo de fundadores; fa, número efetivo de ancestrais; fge, número efetivo de genomas fundadores.

Na pLSH surgem do 6º ao 10º ancestral com maior acumulado, 5 das 16 éguas avaliados (pLSH), sugerindo que os pais apresentam idêntica contribuição, porque este valor indica as contribuição acumuladas dos principais ancestrais, como indicado por Boichard, Maignel e Verrier (1997).

**Tabela 7** - Principais ancestrais com indicação do nome, sexo, ano de nascimento, número de progénies e contribuições genéticas marginais acumuladas dos 10 principais ancestrais das (sub) populações avaliadas da linhagem de animais Lusitano Sport Horses da raça Puro sangue Lusitano.

|                      | Animal        | Sexo | Ano Nascimento | Número progénies pT | Contribuições genéticas marginais |
|----------------------|---------------|------|----------------|---------------------|-----------------------------------|
| População Total (pT) | Firme         | ♂    | 1973           | 9                   | 4,9%                              |
|                      | Bailador      | ♂    | 1967           | 11                  | 4,5%                              |
|                      | Estribilho    | ♂    | 1968           | 3                   | 4,4%                              |
|                      | Martini       | ♂    | 1940           | 9                   | 3,4%                              |
|                      | Abadia        | ♀    | 1988           | 2                   | 2,5%                              |
|                      | Jogada        | ♀    | 1945           | 1                   | 2,4%                              |
|                      | Brioso III    | ♂    | 1976           | 9                   | 2,2%                              |
|                      | Fúria         | ♂    | 1977           | 3                   | 2,2%                              |
|                      | Quadrado      | ♂    | 1972           | 5                   | 2,0%                              |
|                      | Prodígio      | ♂    | 1993           | 5                   | 1,9%                              |
|                      | All           | -    | -              | 57                  | <b>30,4%</b>                      |
| População Avós (pA)  | Firme         | ♂    | 1956           | 9                   | 8,3%                              |
|                      | Quieta        | ♀    | 1974           | 5                   | 8,0%                              |
|                      | Quieto        | ♂    | 1974           | 7                   | 5,4%                              |
|                      | Abadia        | ♀    | 1959           | 2                   | 4,7%                              |
|                      | Bailador      | ♂    | 1962           | 11                  | 4,3%                              |
|                      | Cenoura       | ♀    | 1984           | 2                   | 3,6%                              |
|                      | Martini       | ♂    | 1993           | 9                   | 3,4%                              |
|                      | Quadrada II   | ♀    | 1974           | 1                   | 3,0%                              |
|                      | Juno          | ♀    | 1991           | 2                   | 2,7%                              |
|                      | Tola          | ♀    | 1975           | 3                   | 2,4%                              |
|                      | All           | -    | -              | 41                  | <b>45,6%</b>                      |
| População Pais (pP)  | Escorial      | ♂    | 2009           | 4                   | 9,6%                              |
|                      | Nilo          | ♂    | 1971           | 7                   | 8,7%                              |
|                      | Peralta Pinha | ♂    | 1996           | 4                   | 7,7%                              |
|                      | Quieta        | ♀    | 1974           | 5                   | 6,6%                              |
|                      | Quadrada II   | ♀    | 1974           | 1                   | 4,3%                              |
|                      | Estoiro       | ♂    | 1986           | 3                   | 4,3%                              |
|                      | Quieto        | ♂    | 1974           | 7                   | 4,0%                              |
|                      | Hazulua       | ♀    | 2012           | 1                   | 3,9%                              |
|                      | Hebe          | ♀    | 2012           | 1                   | 3,9%                              |
|                      | Bolota        | ♀    | 2006           | 1                   | 3,6%                              |
|                      | All           | -    | -              | 34                  | <b>56,5%</b>                      |

|                      | Animal              | Sexo | Ano Nascimento | Número progênes pT | Contribuições genéticas marginais |
|----------------------|---------------------|------|----------------|--------------------|-----------------------------------|
| População LSH (pLSH) | Interessante        | ♂    | 2013           | 4                  | 12,5%                             |
|                      | Finório             | ♂    | 1987           | 6                  | 10,9%                             |
|                      | Escorial            | ♂    | 2009           | 4                  | 7,8%                              |
|                      | Peralta Pinha       | ♂    | 1996           | 4                  | 6,3%                              |
|                      | Zuelo               | ♂    | 2004           | 2                  | 6,3%                              |
|                      | Beirão AR           | ♂    | 2006           | 117                | 6,3%                              |
|                      | Bolota JCL          | ♀    | 2006           | 11                 | 6,3%                              |
|                      | Almirante (SPA)     | ♂    | 2005           | 98                 | 5,5%                              |
|                      | Peralta Pinha (BRA) | ♂    | 1996           | 320                | 4,7%                              |
|                      | Zafico              | ♂    | 2004           | 23                 | 4,7%                              |
|                      | All                 |      |                | 589                | 71,1%                             |

♂, macho; ♀, fêmea.

O número total de progênes dos principais ancestrais na pT é igual a 57 animais, diminuído para 41, 34 e 20 na pA, pP e pLSH, respetivamente (Tabela 7). O valor de 30,4% da diversidade genética da pT é explicado por apenas dez principais ancestrais, valores que foram superiores e elevados na pA, pP e pLSH com 45,6%, 56,5% e 71,1%, respetivamente.

## DISCUSSÃO

### Animais, (sub)populações, qualidade do pedigree e intervalo de gerações

O presente estudo estabelece um modelo de avaliação da estrutura populacional de um rebanho equino, permitindo utilizar dados de pedigree como ferramenta de gestão estratégica para o haras. Em contextos produtivos, onde a base do programa de melhoramento reside na qualidade e na diversidade do plantel de éguas, a análise pormenorizada da constituição genética revela-se indispensável. Mais do que uma simples descrição estatística, esta abordagem permite ao criador identificar, de forma precoce, gargalos como a redução do tamanho efetivo e a concentração excessiva de linhagens. Conhecendo os gargalos, torna-se possível traçar acasalamentos que equilibrem o mérito genético para a funcionalidade, neste caso, para Saltos de obstáculos, com a preservação da viabilidade do rebanho a longo prazo.

O tamanho do plantel avaliado (Tabela 1) reflete a realidade da fase inicial de criação de um haras, de forma que a robustez dos resultados deste modelo de análise está diretamente ancorada na qualidade das informações genealógicas disponíveis, quantificada aqui pelo número de gerações equivalentes conhecidas (GE). Tanto a população total quanto as subpopulações avaliadas registraram valores de GE superiores aos reportados para as raças Brasileiro de Hipismo (1,72) e Crioulo (3,51) no Brasil (MEDEIROS *et al.*, 2014; MACIEL *et al.*, 2014). O valor de GE da pLSH foi idêntico aos das raças PSL no Brasil e Maremmano na Itália, com 5,7 gerações conhecidas (FARIA *et al.*, 2018b; GIONTELLA *et al.*, 2019). Populações das raças Old Kladruber e Puro Sangue Árabe turco apresentaram pedigrees mais profundos, com 15,1 e 7,8 gerações conhecidas, respectivamente (VOSTRÁ-VYDROVÁ *et al.*, 2016; DURU, 2017). A utilização de dados consistentes, provenientes de registros oficiais, garante a acurácia dos parâmetros populacionais, sendo um requisito fundamental para evitar distorções na avaliação da diversidade e dos níveis de consanguinidade. Em populações de pequena escala, onde o impacto de cada decisão de acasalamento é amplificado, um pedigree bem documentado não é apenas um requisito burocrático, mas sim uma ferramenta de diagnóstico. Ao assegurar um histórico genealógico profundo e confiável, o criador identifica com precisão a ancestralidade e potenciais fragilidades genéticas, transformando o registro genealógico em um ativo estratégico para a gestão do sucesso reprodutivo e produtivo das matrizes.

O intervalo de gerações (IG) observado neste estudo (Tabela 1) evidencia a preferência por reprodutores comprovados, mas esta preferência impõe um desafio direto ao progresso genético do haras. Longos IG são comuns em equinos, por exemplo, Vicente, Carolino e Gama (2012) e Faria *et al.* (2018b) registraram valores médios de 10,5 anos e 10,1 anos para a raça PSL em Portugal e no Brasil, similar aos valores avaliados neste trabalho. Gómez *et al.* (2020) observaram que raças criadas para esporte tendem a apresentar valores de IG superiores, como Spanish Sport Horse, Anglo-Arab Horse e Spanish Trotter Horse, com 11,84; 11,17 e 13,01 anos, respectivamente. Do ponto de vista prático, quanto maior o tempo que um garanhão ou matriz permanecem em reprodução, mais lento se torna o ciclo de renovação genética da população. A manutenção prolongada, especialmente de garanhões maduros, embora traga estabilidade na venda de

potros e segurança na transmissão de linhagens consagradas, reduz o ganho genético anual. Para acelerar a evolução do plantel em direção aos objetivos de seleção, como a aptidão funcional para Saltos de obstáculos, é necessário equilibrar o uso de reprodutores de elite com a introdução planejada de animais jovens. Dessa forma, o haras não apenas reduz o intervalo entre gerações, mas também impulsiona o melhoramento de forma contínua, permitindo que as gerações futuras expressem mais rapidamente as características desejadas.

O tamanho efetivo da população ( $N_e$ ) representa o número de indivíduos idealmente necessários em uma população para manter a taxa de consanguinidade observada no rebanho real (Tabela 1). A recomendação da FAO de um mínimo de  $N_e = 50$  deve ser vista como um limite de segurança para a sustentabilidade da criação (FAO, 2021). Quando o  $N_e$  cai abaixo deste patamar, o rebanho torna-se vulnerável a riscos no curto prazo: o aumento da consanguinidade e da deriva genética que comprometem a variabilidade genética aditiva, fundamental para o progresso genético. Como exemplo, as raças Spanish Sport Horse e Holstein registraram  $N_e$  por  $\Delta f_i$  de 64 e 55 animais, respetivamente (GÓMEZ *et al.*, 2020; ROOS *et al.*, 2015), resultados próximos aos dos animais avaliados. Na criação de cavalos de esporte, isso significa que a capacidade de resposta à seleção é limitada pela falta de diversidade genética, podendo reduzir o teto de produtividade que o criador poderia alcançar a longo prazo. Portanto, a gestão deste indicador é fundamental, exigindo estratégias que otimizem a contribuição genética dos reprodutores disponíveis, evitando a concentração em reduzidas linhagens.

## **Diversidade genética**

### **Parâmetros da consanguinidade**

A análise da consanguinidade ( $F$ ) revelou que os valores obtidos via software, quando comparados aos registros oficiais da APSL, foram distintos devido às variações na profundidade e grau de preenchimento das informações genealógicas (Figura 1). Este resultado evidencia que a acurácia do diagnóstico de consanguinidade em um haras depende diretamente da qualidade do banco de dados disponível ao criador. A observação de que a pLSH apresentou índices de consanguinidade superiores às demais subpopulações confirma a tendência

de concentração de determinadas linhagens na formação do plantel. A consanguinidade obtida para o total da raça PSL em Portugal foi 11,34 (VICENTE; CAROLINO; GAMA, 2012), similar ao resultado do deste estudo, sugerindo que a formação da pLSH tem origem em padrões de acasalamentos utilizados por grande parte dos criadores da raça.

Em populações fechadas, como um haras, o aumento no número de gerações conhecidas (GE) é fator que altera a precisão dos cálculos de consanguinidade. No Brasil, a raça PSL apresentou valores de 4,06 (F), 5,41 (AR) e de 0,96 ( $\Delta fi$ ), resultados próximos aos da pLSH, e indicativo de que maior número de gerações conhecidas em populações fechadas pode alterar resultados da diversidade genética. Isso reforça a necessidade de um controle rigoroso e contínuo sobre o histórico genealógico: quanto mais robusta for a base de dados, mais fidedigno será o nível de parentesco e consanguinidade obtidos dos animais, permitindo evitar acasalamentos que possam comprometer a saúde e o vigor da futura geração.

Os valores de parentesco (AR) observados entre as matrizes avaliadas confirmam que o rebanho possui uma base genética estreita, com metade das éguas sendo meio-irmãs entre si (Tabela 2). Para um haras em fase inicial e que busca fixar características de desempenho no Saltos de obstáculos, tal uniformidade pode ser explorada por expandir a base genética ou por padronizar as progênies. A primeira estratégia utilizaria garanhões distintos para cada grupo de meio-irmãs, o que dilui o parentesco e aumenta a diversidade do plantel futuro. A segunda estratégia reprodutiva selecionaria o mesmo reprodutor em matrizes aparentadas para testar a consistência da progênie e identificar quais linhagens melhor expressam as capacidades físicas desejadas. Independentemente da escolha, a seleção de múltiplas éguas por garanhão nesta fase é fundamental para que o criador possa avaliar, com segurança, quais acasalamentos geram progênies com potencial para o esporte, permitindo realizar descarte orientado e seleção mais rigorosa das futuras reposições.

A análise das estatísticas FIS e FST (Tabela 3) oferece um diagnóstico geral da estrutura genética do rebanho. A variação observada nestes índices, com diminuição progressiva dos valores entre as gerações de Avós (pA), Pais (pP) e éguas (pLSH), confirma seleção voltada para o uso recorrente de linhagens

aparentadas. Na prática, o FIS, quando monitorado, revela o sucesso ou a falha de esquemas de acasalamento em controlar a consanguinidade (Figura 1). Simultaneamente, a reduzida diferença nos valores de FST entre as subpopulações sugere compartilhamento de ancestrais comuns (CERVANTES *et al.*, 2008), resultado que pode ser associado à utilização intensiva de reprodutores via biotecnologias reprodutivas. Compreender estes índices é essencial visto que, enquanto a seleção busca fixar fenótipos superiores, o monitoramento do FST permite identificar a necessidade de aumentar a diversidade genética ou separar linhagens, equilibrando o ganho genético com a viabilidade do plantel a longo prazo. Considerando que a raça PSL em Portugal não possui animais sem parentesco entre si, são reduzidas as alternativas no mercado nacional para minimizar a consanguinidade sem comprometer o elevado padrão atlético conquistado, e torna-se necessário ampliar a busca por novos reprodutores. A utilização de indivíduos menos aparentados, provenientes de outros mercados, é medida essencial para manter a variabilidade genética da raça PSL. A introdução planejada de novas linhagens é a solução mais eficaz para que o criador continue evoluindo o seu plantel, garantindo a saúde e o vigor dos animais e sem renunciar às características de desempenho exigidas para o esporte.

### **Número de fundadores, probabilidade de origem do gene e deriva genética**

No presente estudo os valores decrescentes do  $N_f$ , para fe, para fa e para fge em todas as (sub)populações (Tabela 4), indicam uso preponderante de determinadas linhagens de ancestrais. A diferença entre o  $N_f$  e o fe sugere contribuições distintas dos fundadores nas (sub)populações avaliadas. Os valores de fa, indicam que reduzido número de ancestrais é responsável por grande parte da diversidade genética com perdas acentuadas na pLSH (Tabela 4). Os reduzidos valores do fge, nas três subpopulações, indicam elevada perda de alelos dos fundadores. Em comparações com outras populações da raça, os resultados apresentados são superiores aos relatados por Vicente, Carolino e Gama (2012) em Portugal, com valores de 28 (fe), 12 (fa) e 5 (fge), e na população total da raça PSL no Brasil (FARIA *et al.*, 2018b), com valores de 30 (fa), 19 (fge). Ainda assim, para o criador, este diagnóstico é um alerta: a progressiva redução nestes valores quantifica a perda de alelos originais da raça devido à deriva genética

e à seleção intensiva. Ignorar este processo pode comprometer a resiliência do plantel a longo prazo. Portanto, a gestão do rebanho deve priorizar o equilíbrio da contribuição genética dos ancestrais, buscando linhagens menos representadas no pedigree. Planejar acasalamentos que protejam este patrimônio genético é a forma mais eficaz de garantir que o progresso funcional no Saltos de obstáculos não ocorra em detrimento da variabilidade genética essencial para a sustentabilidade e a longevidade competitiva do haras. Os valores dos indicadores de deriva genética ( $f_e/N_f$ ) e de redução de alelos fundadores entre gerações ( $f_{ge}/f_e$ ) confirmam a perda progressiva da variabilidade original e a contribuição desigual de fundadores na população avaliada (Tabela 4). As perdas com base no parâmetro  $f_{ge}/f_e$  também foram relatadas nas raças Holstein, Old Kladruber e Quarto de Milha (ROOS *et al.*, 2015; VOSTRÁ-VYDROVÁ *et al.*, 2016; FARIA *et al.*, 2018a). O efeito de gargalo genético ( $f_e/f_a$ ) observado é um reflexo da utilização intensa de número restrito de reprodutores, um cenário comum em populações submetidas à seleção rigorosa, como o caso de equinos criados para esportes. Estes efeitos foram igualmente observados na raça Lusitana, American Shire e Quarto de Milha (VICENTE; CAROLINO; GAMA 2012; STEPHENS; SPLAN, 2013; FARIA *et al.*, 2018a), reforçando a hipótese de uso de poucos reprodutores. Para o criador, estes dados reiteram que a diversidade genética não é fixa e pode ser consumida a cada acasalamento.

Monitoramentos regulares destes parâmetros são essenciais para evitar a escalada da consanguinidade e o declínio do tamanho efetivo do plantel, permitindo tomadas de decisão preventivas, evitando que a perda de variabilidade comprometa a sustentabilidade e a capacidade de resposta do plantel às demandas da seleção.

### **Contribuições genética dos principais ancestrais e árvore genealógica**

A análise da contribuição dos 10 principais ancestrais (Tabela 5), revela uma concentração acentuada da diversidade genética em número restrito de linhagens. Estudos da raça PSL em Portugal (VICENTE; CAROLINO; GAMA, 2012) indicaram 62% para os 10 principais fundadores dos animais nascidos de 2005 a 2009, superior ao observado neste trabalho. O estudo da raça no Brasil (FARIA *et al.*, 2018), indicou 43,5 para os 10 fundadores com maior contribuição

de 2003 a 2012, sendo um valor idêntico a pLSH (Tabela 5). Esta predominância, observada tanto pLSH quanto em diversas populações da raça, é indicativo de que a seleção se concentra recorrentemente em reprodutores com idênticas linhagens. Os valores são indicativos de dependência genética: quanto maior a parcela da variabilidade explicada por apenas 10 animais, mais limitada é a capacidade do criador em realizar novas seleções sem elevar os níveis de consanguinidade.

Corrigir este cenário exige que os programas de melhoramento complementem a seleção pelo desempenho individual dos reprodutores com o delineamento estratégico dos acasalamentos. Essa abordagem deve ser utilizada como ferramenta ativa de preservação da variabilidade pela introdução planejada de fundadores distintos. Tais medidas são imperativas para garantir que o rebanho mantenha a flexibilidade necessária para sustentar a evolução funcional do plantel a longo prazo.

As contribuições genéticas marginais acumuladas (Tabela 6) confirmam que um grupo restrito de animais detém a maior responsabilidade pela diversidade do plantel avaliado. Especificamente na pLSH, os cinco principais ancestrais identificados são os garanhões Interessante, Finório, Escorial, Peralta dos Pinhais e Zuelo, enquanto na pT destacam-se Firme, Bailador, Estribilho, Martini e a matriz Abadia (Tabela 7). Identificar estes ancestrais permite ao criador mapear linhagens e mensurar a influência de reprodutores predominantes no seu rebanho em comparação com o restante da raça PSL (VICENTE; CAROLINO; GAMA, 2012; FARIA *et al.*, 2018), permitindo uma gestão mais precisa sobre a base genética do plantel. A elevada contribuição desses poucos indivíduos deve ser o ponto de partida para a seleção dos futuros reprodutores. Ao direcionar os acasalamentos das éguas pLSH para linhagens que equilibrem essas influências, promove-se o aumento da diversidade nas futuras progênes, garantindo a renovação genética necessária para o sucesso do haras.

## CONCLUSÃO

No geral, os criadores da raça PSL possuem pouco controle dos intervalos de geração, ocasionando pequeno ganho genético dos cavalos ao longo das décadas. A perda da diversidade genética e concentração em reduzido número

de reprodutores denota falha dos programas de melhoramento e definição de determinadas linhagens. Não sendo elevado, o número de animais ainda existentes em Portugal, Brasil e França, com fundadores/ancestrais distintos aos da linhagem da LSH, indica possível solução da diversidade genética. Delineamento dos acasalamentos em conjunto com seleção dos reprodutores deve ser promovido, definindo metas para os cavalos de Saltos de Obstáculos Lusitano Sport Horses da raça Puro Sangue Lusitano.

## Agradecimentos

Ao criador José Gomes da Coudelaria/Haras Lusitano Sport Horse pela autorização de utilização dos dados para a publicação do presente estudo, o nosso muito obrigado.

## REFERÊNCIAS

APSL – ASSOCIAÇÃO PORTUGUESA DE CRIADORES DE CAVALOS PURO-SANGUE LUSITANO. APSL. 2025.

BARTOLOMÉ, E. *et al.* Influence of foreign breeds on the genetic structure of the Spanish Sport Horse population. **Livestock Science**, v. 142, p. 70–79, 2011. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2011.06.021>. Acesso em: 16 abr. 2026.

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, p. 5–23, 1997. Disponível em: <https://doi.org/10.1186/1297-9686-29-1-5>. Acesso em: 16 abr. 2026.

CABALLERO, A.; TORO, M. Analysis of genetic diversity for the management of conserved subdivided populations. **Conservation Genetics**, v. 3, p. 289–299, 2002. Disponível em: <https://doi.org/10.1023/A:1019956205473>. Acesso em: 16 abr. 2026.

CABALLERO, A.; TORO, M. Interrelations between effective population size and other pedigree tools for the management of conserved populations. **Genetic Research**, v. 75, p. 331–343, 2000. Disponível em: <https://doi.org/10.1017/S0016672399004449>. Acesso em: 16 abr. 2026.

CERVANTES, I. *et al.* Application of individual increase in inbreeding to estimate realized effective sizes from real pedigrees. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 125, p. 301–310, 2008. Disponível em: <https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.2008.00755.x>. Acesso em: 16 abr. 2026.

DURU, S. Pedigree analysis of the Turkish Arab horse population: structure, inbreeding and genetic variability. **Animal**, v. 11, p. 1449–1456, 2017. Disponível em: <https://doi.org/10.1017/S175173111700009X>. Acesso em: 16 abr. 2026.

FOOD AND AGRICULTURAL ORGANIZATION (FAO). Animal Production and Health Division. **Secondary guidelines for development of national farm animal genetic resources management plans: management of small populations at risk**. Roma: FAO, 1998. 219 p. Disponível em: <http://www.fao.org/3/a-w9361e.pdf>. Acesso em: 16 abr. 2026.

FARIA, R. A. S. *et al.* Assessment of pedigree information in the Quarter Horse: population, breeding and genetic diversity. **Livestock Science**, v. 214, p. 135–141, 2018a. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2018.06.001>. Acesso em: 16 abr. 2026.

FARIA, R. A. S. *et al.* Genetic diversity of Lusitano Horse in Brazil using pedigree information. **Journal of Equine Veterinary Science**, v. 69, p. 149–158, 2018b. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.jevs.2018.07.009>. Acesso em: 16 abr. 2026.

FRANKHAM, R. Introduction to quantitative genetics. **Trends in Genetics**, v. 12, p. 280, 1996. Disponível em: [https://doi.org/10.1016/0168-9525\(96\)81458-2](https://doi.org/10.1016/0168-9525(96)81458-2). Acesso em: 16 abr. 2026.

GARBE, J. R.; DA, Y. **Pedigraph: a software tool for the graphing and analysis of large complex pedigree: user manual, version 2.4**. [S. l.]: Department of Animal Science, 2008.

GIONTELLA, A. *et al.* Analysis of founders and performance test effects on an autochthonous horse population through pedigree analysis: structure, genetic variability and inbreeding. **Animal**, 2019. Disponível em: <https://doi.org/10.1017/S1751731118001180>. Acesso em: 16 abr. 2026.

GÓMEZ, M. D. *et al.* Phenotypic and genetic analysis of reproductive traits in horse populations with different breeding purposes. **Animal**, v. 14, p. 1351–1361, 2020. Disponível em: <https://doi.org/10.1017/S1751731120000087>. Acesso em: 16 abr. 2026.

GONZÁLEZ-RECIO, O.; LÓPEZ DE MATURANA, E.; GUTIÉRREZ, J. P. Inbreeding depression on female fertility and calving ease in Spanish dairy cattle. **Journal of Dairy Science**, 2007. Disponível em: <https://doi.org/10.3168/jds.2007-0203>. Acesso em: 16 abr. 2026.

GOYACHE, F. *et al.* Using pedigree information to monitor genetic variability of endangered populations: the Xalda sheep breed of Asturias as an example. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 120, p. 95–105, 2003. Disponível em: <https://doi.org/10.1046/j.1439-0388.2003.00378.x>. Acesso em: 16 abr. 2026.

GUTIÉRREZ, J. P. *et al.* Pedigree analysis of eight Spanish beef cattle breeds. **Genetics Selection Evolution**, v. 35, p. 43–63, 2003. Disponível em: <https://doi.org/10.1051/gse>. Acesso em: 16 abr. 2026.

GUTIÉRREZ, J. P.; GOYACHE, F. A note on END OG: a computer program for analysing pedigree information. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, 2005. Disponível em: <https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.2005.00512.x>. Acesso em: 16 abr. 2026.

IBM. **IBM SPSS Statistics**. [S. l.]: IBM, 2017. Disponível em: <https://doi.org/10.1080/02331889108802322>. Acesso em: 16 abr. 2026.

JAMES, J. W. Computation of genetic contributions from pedigrees. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 42, p. 272–273, 1972. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/BF00277555>. Acesso em: 16 abr. 2026.

LACY, R. C. Analysis of founder representation in pedigrees: founder equivalents and founder genome equivalents. **Zoo Biology**, v. 8, p. 111–123, 1989. Disponível em: <https://doi.org/10.1002/zoo.1430080203>. Acesso em: 16 abr. 2026.

MACIEL, F. C. *et al.* Population structure and genealogical analysis of the Brazilian Crioula Horse. **Animal Genetic Resources**, 2014. Disponível em: <https://doi.org/10.1017/S2078633613000489>. Acesso em: 16 abr. 2026.

MAIGNEL, L.; BOICHARD, D.; VERRIER, E. Genetic variability of French dairy breeds estimated from pedigree information. *In*: **INTERBULL BULLETIN**. [S. l.]: Interbull, 1996. p. 48–56.

MEDEIROS, B. R. *et al.* Brazilian Sport Horse: pedigree analysis of the Brasileiro de Hipismo breed. **Italian Journal of Animal Science**, v. 13, p. 657–664, 2014. Disponível em: <https://doi.org/10.4081/ijas.2014.3146>. Acesso em: 16 abr. 2026.

MEUWISSEN, T.; LUO, Z. Computing inbreeding coefficients in large populations. **Genetics Selection Evolution**, v. 24, p. 305–313, 1992. Disponível em: <https://doi.org/10.1186/1297-9686-24-4-305>. Acesso em: 16 abr. 2026.

ROOS, L. *et al.* Investigations into genetic variability in Holstein horse breed using pedigree data. **Livestock Science**, v. 177, p. 25–32, 2015. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2015.04.013>. Acesso em: 16 abr. 2026.

SIDERITS, M.; BAUMUNG, R.; FUERST-WATTL, B. Pedigree analysis in the German Paint Horse: genetic variability and the influence of pedigree quality. **Livestock Science**, v. 151, p. 152–157, 2013. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2012.10.018>. Acesso em: 16 abr. 2026.

STEPHENS, T. D.; SPLAN, R. K. Genetic variability of the American Shire Horse via pedigree analysis. **Journal of Equine Veterinary Science**, 2013. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.jevs.2013.03.029>. Acesso em: 16 abr. 2026.

TAVEIRA, R. Z.; MOTA, M. D. S.; OLIVEIRA, H. N. Population parameters in Brazilian Thoroughbred. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 121, p. 384–391, 2004. Disponível em: <https://doi.org/10.1111/j.1439-0388.2004.00472.x>. Acesso em: 16 abr. 2026.

VICENTE, A. A.; CAROLINO, N.; GAMA, L. T. Genetic diversity in the Lusitano horse breed assessed by pedigree analysis. **Livestock Science**, v. 148, p. 16–25, 2012. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2012.05.002>. Acesso em: 16 abr. 2026.

VICENTE, A. P. A. **Characterization and selection of the Lusitano horse breed**. 2015. Tese (Doutorado) – Faculdade de Medicina Veterinária, Universidade de Lisboa, Lisboa, 2015. Disponível em: <http://hdl.handle.net/10400.5/8646>. Acesso em: 16 abr. 2026.

VOSTRÁ-VYDROVÁ, H. *et al.* Pedigree analysis of the endangered Old Kladruber horse population. **Livestock Science**, v. 185, p. 17–23, 2016. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.livsci.2016.01.001>. Acesso em: 16 abr. 2026.

WRIGHT, S. The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating. **Evolution**, v. 19, n. 3, p. 395–420, 1965. Disponível em: <https://doi.org/10.1111/j.1558-5646.1965.tb01731.x>. Acesso em: 16 abr. 2026.