

**UNIVERSIDADE FEDERAL DE MINAS GERAIS**

**Estudo de características morfométricas em equinos**

**Mangalarga Marchador por meio de modelo**

**animal e componentes principais**

**Suzana Maruch**

Belo Horizonte

2018

**Suzana Maruch**

**Estudo de características morfométricas em equinos**

**Mangalarga Marchador por meio de modelo**

**animal e componentes principais**

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Zootecnia da Escola de Veterinária da Universidade Federal de Minas Gerais como requisito parcial para obtenção do grau de Doutora em Zootecnia.

Área de concentração: Produção Animal

Prof. Orientador: Dra. Adalgiza Souza Carneiro de Rezende

Profs. Coorientadores: Dr. Fabio Luiz Buranelo Toral e Dra. Maria Dulcinéia da Costa

Belo Horizonte

2018

## **AGRADECIMENTOS**

Agradeço primeiramente a Deus, por estar acima de tudo, por ser minha dianteira e retaguarda em todos os momentos.

À minha família (Antonio, Dora, Heloisa e André) por estar sempre presente, até mesmo os que estavam fisicamente longe, que me apoiaram para que este Doutorado pudesse se tornar realidade.

À Prof.<sup>a</sup> Adalgiza por ter sido minha orientadora e por ter me dado a oportunidade de chegar até aqui. Ao Fabio Toral, um grande exemplo de profissional, que auxiliou com seu amplo conhecimento de Melhoramento Animal, por estar presente em todos os momentos em que eu tanto precisei de ajuda, além de ter se tornado um amigo que pude contar.

As minhas amigas que ultrapassam as paredes do LADA pelas muitas experiências vividas juntas. Este trabalho é nosso!

À Associação Brasileira de Criadores de Cavalos Mangalarga Marchador pela cessão dos dados que possibilitaram a execução desse trabalho.

## SUMÁRIO

1.	INTRODUÇÃO GERAL .....	8
2.	REVISÃO DE LITERATURA .....	10
2.1.	<b>Mangalarga Marchador</b> .....	10
2.2.	<b>Conformação e função</b> .....	11
2.3.	<b>Critérios de seleção para equinos Marchadores</b> .....	17
2.4.	<b>Análise multivariada</b> .....	18
2.5.	<b>Modelo Animal</b> .....	20
2.6.	<b>Parâmetros genéticos para medidas morfométricas</b> .....	23
2.7.	<b>Ganho genético e resposta correlacionada</b> .....	26
2.8.	<b>REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS</b> .....	30
3.	ARTIGO 1 .....	39
3.1.	<b>Introdução</b> .....	40
3.2.	<b>Material e Métodos</b> .....	41
	3.2.1. Dados .....	41
	3.2.2. Análises .....	43
	3.2.3. Tendência genética .....	45
3.3.	<b>Resultados</b> .....	45
3.4.	<b>Discussão</b> .....	49
3.5.	<b>Conclusões</b> .....	53
3.6.	<b>Referências bibliográficas</b> .....	54
4.	ARTIGO 2 .....	58
4.2.	<b>Material e Métodos</b> .....	61

4.2.1. Dados.....	61
4.2.2. Análises de componentes principais.....	63
4.2.3. Análises multicaracterística.....	65
4.2.4. Resposta correlacionada nas características descartadas.....	68
<b>4.3. Resultados .....</b>	<b>70</b>
4.3.1. Análise de componentes principais .....	70
4.3.2. Análise multicaracterística .....	73
4.3.3. Resposta correlacionada nas características descartadas.....	77
<b>4.4. Discussão .....</b>	<b>83</b>
<b>4.5. Conclusão .....</b>	<b>89</b>
<b>4.6. Referência bibliográficas .....</b>	<b>90</b>
<b>4.7. Tabelas suplementares .....</b>	<b>93</b>
5. CONSIDERAÇÕES FINAIS .....	97
6. ANEXO .....	98

## LISTA DE TABELAS

Tabela 3. 1. Estatística descritiva para medidas morfométricas de equinos Mangalarga Marchador.....	43
Tabela 3.2. Médias a posteriori (limites inferiores e superiores dos intervalos de alta densidade com 90% das amostras) dos parâmetros genéticos de medidas morfométricas de equinos Mangalarga Marchador .....	46
Tabela 4.1. Estatística descritiva para medidas morfométricas de equinos Mangalarga Marchador.....	63
Tabela 4.2. Autovalores e percentuais de variância explicados pelos componentes principais (PC) das medidas morfométricas de equinos Mangalarga Marchador.....	71
Tabela 4.3. Médias a posteriori (limites inferiores e superiores dos intervalos de alta densidade com 90% das amostras) da correlação genética entre as características utilizadas na análise multicaracterística das medidas morfométricas de equinos Mangalarga Marchador...	74
Tabela 4.4. Médias a posteriori (limites inferiores e superiores dos intervalos de alta densidade com 90% das amostras) da correlação fenotípica (abaixo da diagonal) e correlação residual (acima da diagonal) das características utilizadas na análise multicaracterística das medidas morfométricas de equinos Mangalarga Marchador.....	75
Tabela 4.5. Médias a posteriori (limites inferiores e superiores dos intervalos de alta densidade com 90% das amostras) da correlação genética (abaixo da diagonal) das características obtidas por análises bicaracterísticas das medidas morfométricas de equinos Mangalarga Marchador.....	79
Tabela 4.6. Médias a posteriori (limites inferiores e superiores dos intervalos de alta densidade com 90% das amostras) da correlação fenotípica (abaixo da diagonal) e correlação residual (acima da diagonal) entre características obtidas por meio de análises bicaracterística das medidas morfométricas de equinos Mangalarga Marchador .....	81

Tabela 4.7. Médias a posteriori (limites inferiores e superiores dos intervalos de alta densidade com 90% das amostras) da relação do ganho genético indireto para a característica y (horizontal) quando a seleção é praticada na característica x (vertical) utilizando as análises bicaracterística de medidas morfométricas de equinos Mangalarga Marchador.....	83
Tabela Suplementar 4. 1s. Médias a posteriori (limites inferiores e superiores dos intervalos de alta densidade com 90% das amostras) dos parâmetros genéticos <sup>1</sup> de medidas morfométricas <sup>2</sup> estimados por meio do modelo multicaracterístico com os seis primeiros componentes principais de equinos Mangalarga Marchador .....	93
Tabela Suplementar 4. 2s. Médias a posteriori (limites inferiores e superiores dos intervalos de alta densidade com 90% das amostras) dos parâmetros genéticos <sup>1</sup> de medidas morfométricas <sup>2</sup> obtidos por meio de análise bicaracterística de equinos Mangalarga Marchador.....	94
Tabela Suplementar 4. 3s. Médias a posteriori (limites inferiores e superiores dos intervalos de alta densidade com 90% das amostras) do ganho genético direto (diagonal), correlação genética (acima da diagonal) e correlação residual (abaixo da diagonal) das características utilizadas nas análises bicaracterísticas de medidas morfométricas de equinos Mangalarga Marchador.....	95
Tabela Suplementar 4. 4s. Autovetores dos dois primeiros componentes principais (CP1 e CP2).....	96

## LISTA DE FIGURAS

- Figura 3. 1. Regressões dos valores genéticos (VG) em função do ano de nascimento de equinos da raça Mangalarga Marchador para as características altura de cernelha (AC), altura de garupa (AG), comprimento de cabeça (CCA), comprimento de corpo (CCO), comprimento de espádua (CE), comprimento de garupa (CG); os VG de cada animal (pontos cinzas), médias dos VG para cada ano (pontos verdes), tendência genética dos VG (linha preta). .....47
- Figura 3. 2. Regressões dos valores genéticos (VG) em função do ano de nascimento de equinos da raça Mangalarga Marchador para as características comprimentos de pescoço (CP), comprimento dorso lombo (DL), larguras de cabeça (LC), largura da garupa (LG), perímetro de canela (PC) e perímetro de tórax (PT); os VG de cada animal (pontos cinzas), médias dos VG para cada ano (pontos verdes), tendência genética dos VG (linha preta). .....48
- Figura 4. 1. Inspeção gráfica dos animais de acordo com o primeiro componente principal (CP1) e o segundo componente principal agrupados por ano de nascimento (a), região da fazenda (b), sexo (c), mês de nascimento (d) e idade do animal ao julgamento. .... 72
- Figura 4. 2. Ganhos genéticos diretos por geração obtidos da análise multicaracterística quando realizou o descarte das variáveis por meio de componentes principais para equinos da raça Mangalarga Marchador para as características de altura de garupa (AG), comprimento de garupa (CG), comprimento de pescoço (CP), comprimento de dorso lombo (DL), largura de cabeça (LC) e largura de garupa (LG). ..... 77



## RESUMO

Nesta tese, foram desenvolvidos dois trabalhos com os objetivos de avaliar a evolução genética para características morfométricas, determinar quais destas medidas mais explicam a variabilidade fenotípica e verificar como a utilização dessas pode afetar a resposta esperada a seleção em equinos Mangalarga Marchador. Foram utilizados dados de 38.341 animais, nascidos entre os anos de 1987 a 2012, e uma matriz de parentesco com 77.719 animais. No primeiro trabalho, para estimação dos parâmetros e valores genéticos foram avaliadas 12 características morfométricas sendo, altura na cernelha (AC); altura na garupa (AG); comprimento de cabeça (CCA); comprimento de corpo (CCO); comprimento de espádua (CE); comprimento de garupa (CG); comprimento de pescoço (CP); comprimento de dorso lombo (DL); largura de cabeça (LC); largura de garupa (LG); perímetro de canela (PC); perímetro de tórax (PT). Foram estimadas tendências genéticas para cada característica onde o valor genético foi regredido em função do ano de nascimento. As herdabilidades foram altas e variaram de 0,48 a 0,65. Os coeficientes de variação aditivos foram baixos e variaram de 1,61% a 5,23%. As tendências genéticas de 11 das 12 características avaliadas foram significativas, evidenciando pequenos ganhos para as características ao longo do período avaliado. As herdabilidades para as características morfométricas para a raça Mangalarga Marchador foram altas, em contrapartida a variabilidade e as tendências genéticas foram baixas, indicando que a seleção pode ser praticada para essas características, mas os ganhos efetivos serão baixos. Uma vez que os dados morfométricos são amplamente utilizados na seleção fenotípica de equinos, torna-se importante avaliar geneticamente tais características, que indicam possibilidade de obter-se ganhos genéticos selecionando para as mesmas. No segundo trabalho as características fenotípicas foram submetidas à análise de componentes principais e posteriormente a eliminação das variáveis com autovalor abaixo de 0,70 foi realizada a avaliação genética por meio de um modelo multicaracterístico com seis

características que mantidas por apresentar maior capacidade em explicar a variância total observada, sendo estas AG, CG, CP, DL, LC e LG. Uma segunda análise multicaracterística em que as 12 características foram agrupadas duas a duas e analisadas por meio do modelo foi realizada afim de validar os resultados da análise multivariada em selecionar variáveis que, de fato, devem ser utilizadas como critérios de seleção em delineamentos de programas de melhoramento de equinos Mangalarga Marchador. Por meio da análise multivariada verificou-se que seis autovalores foram inferiores a 0,70, indicando que este é o número de variáveis a serem descartadas no modelo. Após a exclusão das variáveis, as características que permaneceram no modelo foram capazes de explicar 80,04% da variabilidade total observada. As médias à posteriori das herdabilidades obtidas por meio do modelo multicaracterístico com seis características foram iguais a AG (0,48), CG (0,32), CP (0,29), DL (0,38), LC (0,36) e LG (0,30). As correlações genéticas estimadas por este mesmo modelo variaram de baixas a moderadas e de modo geral, as correlações residuais e fenotípicas variaram de baixas a moderadas. As herdabilidades obtidas por meio do modelo multicaracterístico com duas características foram de baixas a moderadas. As correlações genéticas foram altas entre AC e AG, entre CCO e AC e entre CCO e AG. Verificou-se que, por meio da análise de componentes principais é possível selecionar as medidas morfométricas mais representativas para a raça Mangalarga Marchador. Dessa maneira a avaliação genética dos animais não necessita de ser realizada com todas as características e tornando a seleção mais eficiente.

## ABSTRACT

In this thesis, two studies were developed to evaluate the genetic evolution for morphometric traits, to determine which of these measures most explain the phenotypic variability and to verify how the use of these can affect the expected response to selection in Mangalarga Marchador equines. Data from 38,341 animals, born between 1987 and 2012, and a relationship matrix with 77,719 animals were used. In the first work, for the estimation of genetic parameters and values, 12 morphometric traits were evaluated, being height at withers (AC); height at croup (AG); head length (CCA); body length (CCO); shoulder length (CE); croup length (CG); neck length (CP); back and loin length (DL); head width (LC); croup width (LG); perimeter of cannon bone (PC); perimeter of thorax (PT). Genetic trends were estimated for each trait where the genetic value was regressed according to the year of birth. The heritabilities were high and ranged from 0.48 to 0.65. The additive coefficients of variation were low and ranged from 1.61% to 5.23%. The genetic trends of 11 of the 12 traits evaluated were significant, evidencing small gains for the traits during the evaluated period. The heritabilities for the morphometric traits for the Mangalarga Marchador breed were high, in contrast the variability and the genetic tendencies were low, indicating that the selection can be practiced for these traits, but the effective gains will be low. Since morphometric data are widely used in the phenotypic selection of equines, it is important to genetically evaluate these traits, which indicate the possibility of obtaining genetic gains by selecting them. In the second study the phenotypic traits were submitted to the analysis of main components and later the elimination of the variables with eigenvalues below 0.70, the genetic evaluation was performed by means of a multi-character model with six traits that were maintained due to their greater capacity to explain the variance being AG, CG, CP, DL, LC and LG. A second multivariate analysis in which the 12 traits were grouped two by two and analyzed through the

model was performed in order to validate the results of the multivariate analysis in selecting variables that, in fact, should be used as selection criteria in program designs improvement of equine Mangalarga Marchador. Through the multivariate analysis it was verified that six eigenvalues were less than 0.70, indicating that this is the number of variables to be discarded in the model. After excluding the variables, the traits that remained in the model were able to explain 80.04% of the total variability observed. The averages a posteriori of the heritabilities obtained through the multi-character model with six traits were equal to AG (0.48), CG (0.32), CP (0.29), DL (0.38), LC (0, 36) and LG (0.30). Genetic correlations estimated by this same model ranged from low to moderate and, in general, residual and phenotypic correlations ranged from low to moderate. The heritabilities obtained through the multi-character model with two traits were low to moderate. Genetic correlations were high between AC and AG, between CCO and AC and between CCO and AG. It was verified that, through the analysis of main components, it is possible to select the most representative morphometric measurements for the Mangalarga Marchador breed. In this way the genetic evaluation of the animals does not need to be performed with all the traits and making the selection more efficient.

## 1. INTRODUÇÃO GERAL

O processo de seleção em animais domésticos começou há milhares de anos, mesmo que de modo empírico, sendo atualmente realizado de maneira mais fundamentada. Historicamente, a seleção nas espécies de animais domésticos é praticada de acordo com os interesses do homem visando atender as demandas no contexto em que está inserido. Neste sentido, há séculos, o cavalo serviu à espécie humana como alimento, e após a domesticação, foi utilizado como meio de transporte e força de tração. Na interiorização e desbravamento do território nacional os equinos tiveram grande relevância, além do importante desempenho nas usinas açucareiras, nas minas e nos cafezais. Recentemente, no Brasil, a principal importância econômica dos equinos está ligada ao trabalho, especialmente na lida com o gado, seguida pela utilização para lazer e esporte (Lima et al., 2004).

O valor econômico dos equinos está intrinsecamente relacionado à caracterização morfológica, devido à influência que esta exerce no desempenho dos animais (Meira et al., 2013). Por esse motivo, medidas morfométricas são frequentemente utilizadas como critérios de seleção em plantéis de raças tipo sela, como acontece nas raças brasileiras que marcham.

Para acompanhar a evolução das características de interesse em um plantel de equinos, avaliações genéticas devem ser realizadas de modo a auxiliar a identificação dos indivíduos geneticamente superiores. Assim, os parâmetros genéticos obtidos por meio das avaliações permitem a estimativa dos valores genéticos de cada indivíduo, de modo que os animais de mérito genético superior sejam selecionados como pais da próxima geração. Assim, os objetivos com o presente trabalho foram avaliar a evolução genética para características morfométricas, determinar quais destas medidas mais explicam a variabilidade

fenotípica e verificar como a utilização dessas pode afetar a eficiência da avaliação genética em equinos Mangalarga Marchador.

## **2. REVISÃO DE LITERATURA**

### **2.1. Mangalarga Marchador**

O Mangalarga Marchador é originalmente brasileiro, da Comarca do Rio das Mortes, no Sul de Minas Gerais e surgiu há cerca de 200 anos, por meio do cruzamento de cavalos da raça Alter, trazidos da Coudelaria de Alter do Chão (Portugal), com outros cavalos selecionados pelos criadores daquela região mineira (ABCCMM, 2016). A raça teve início na fazenda Campo Alegre, no Sul de Minas, que pertencia a Gabriel Francisco Junqueira (Barão de Alfenas), a quem é atribuído o mérito pela formação da raça (ABCCMM, 2016). Dentre os principais núcleos de criação, considerados pelos criadores como linhagens, estão as Fazendas Abaíba, Ara, Bela Cruz, FR, Herdade, Itamotinga, Passa Tempo, Porto, Tabatinga, Engenho da Serra, Juca Carneiro, Criminosos, Leme, Caxambu e Água Limpa (Bortoni, 1991; Casiuch, 1997; Costa, 2002).

O Serviço de Registro Genealógico da Associação Brasileira dos Criadores do Cavalo Mangalarga Marchador (ABCCMM) é responsável pelo registro e controle do pedigree da raça. Hoje existem, aproximadamente, 30 mil criadores e proprietários de Mangalarga Marchador no Brasil, sendo mais de 11 mil associados, e destes, cinco mil em Minas Gerais. No exterior, o Mangalarga Marchador tem representações oficiais na Alemanha, Itália, Estados Unidos e Argentina (ABCCMM, 2016).

Os objetivos iniciais da seleção desses animais marchadores foram baseados nas preferências e interpretações pessoais dos criadores por ocasião da formação da raça. Com o crescimento gradativo do número de animais com características semelhantes, tornou-se necessário definir um padrão para que todos os criadores convergissem para um objetivo

comum que, de acordo com a ABCCMM, seria a raça Mangalarga Marchador (Gonçalves, 2010).

O Padrão Racial do Mangalarga Marchador foi estabelecido em 1950, desde então os animais têm sido avaliados por técnicos credenciados pela ABCCMM no que diz respeito à conformação e qualidade como animais de sela, principalmente em relação a marcha, andamento característico da raça. Adicionalmente à mensuração de diversas partes do corpo dos animais, são atribuídas notas para os componentes corporais e proporções, levando-se em consideração o comprimento, a profundidade, o balanço, a harmonia e a simetria de desenvolvimento de todas as regiões do animal (Zamborlini et al., 1996).

## **2.2. Conformação e função**

A aparência externa, ou a conformação do cavalo, tem sido critério de seleção potencialmente utilizados pelos criadores (van Weeren e Crevier-Denoix, 2006). Estudos de morfometria foram realizados com a raça Mangalarga Marchador e outras raças por diversos autores (Zamborlini et al., 1996; Costa et al., 2001; McManus et al., 2005; Pinto et al., 2005; Procópio et al., 2007; McManus et al., 2008; Lage et al., 2009; Mota et al., 2010; Gonçalves et al., 2012; Meira et al., 2013; Godoi et al., 2013; Santiago et al., 2013, Santiago et al., 2014 a, b; Rezende et al., 2014; Meneses et al., 2014; Santiago et al., 2016 e Barcelos, 2016), demonstrando a importância dessas medidas para a espécie equina. A perfeição das características morfológicas está intrinsecamente relacionada a sua função, por esse motivo a avaliação morfométrica é importante e muito utilizada para a escolha de equinos (Barbosa, 1993; Godoi et al., 2013; Santiago et al., 2013), sendo a formação esquelética a peça chave para determinação da conformação (Brooks et al., 2010).



Cada região do corpo de um animal tem uma função e deve ser bem proporcionada e possuir boa estrutura. Dependendo da função a que os animais se destinam, espera-se um padrão de comportamento diferente das formas anatômicas. Dessa maneira, equinos de diferentes funções, possuem diferentes atributos ou belezas zootécnicas. Quando se considera o exterior de um animal, beleza zootécnica é sinônimo de bom, ou seja, este deve se encaixar em um tipo físico que definirá em grande parte seu padrão morfológico e beneficiará o melhor desempenho de sua função (Cid, 1999; Inglês et al., 2004). As partes do animal devem ser analisadas isoladamente, cada uma sendo avaliada por sua função na dinâmica e harmonia do corpo do animal como um todo (Barbosa, 1993). As medidas lineares devem ser conhecidas para avaliar a proporcionalidade entre elas. De acordo com Cid (1999), o corpo do cavalo divide-se nas regiões da cabeça, tronco e membros.

A cabeça está relacionada ao perfil plástico, às qualidades raciais, ao comportamento e à conduta dos animais. Gonçalves et al. (2012) relataram ter encontrado menores medidas nas fêmeas quando comparadas aos machos para largura de cabeça e afirmaram que essa medida, juntamente com o comprimento da cabeça, constitui variável importante, pois é indicativo da expressão racial dos animais, além de, na fêmea, demonstrar feminilidade. A cabeça é desproporcional quando a largura é superior à terça parte do comprimento, o que pode descaracterizar o animal racialmente, mesmo que possua ótima conformação das outras regiões do corpo (Berbari Neto, 2005).

A cabeça e o pescoço, reunidos (articulados e em posição anatômica), formam o balancim céfalo cervical, espécie de contrapeso, que é essencial para o equilíbrio (porque é ele que controla a oscilação do centro de gravidade do tronco) e para a impulsão do animal (Nascimento, 1999). Deve-se atentar, ainda, para como a cabeça se insere no pescoço, pois isso irá afetar o suporte e movimentação da cabeça em todas as direções, o movimento dela deve ser livre e apresentar uma ampla margem de ação (Jones, 1987).

O pescoço está relacionado com a impulsão e movimento, um animal que o tem curto, tem menos impulso e deslocamento curto no anterior. Já nos animais de pescoço excessivamente longo, os músculos tendem ao subdesenvolvimento, estando, desta forma, mais propensos à fadiga (Andrade, 2002). Por esse motivo, o comprimento de pescoço é uma medida morfométrica de mensuração importante nos animais. Geralmente um cavalo de musculatura débil no pescoço tende a cansar mais rapidamente, carregando a cabeça em uma posição mais baixa, o que resultará em um deslocamento irregular e pouco produtivo de seus membros anteriores (Andrade, 2002). O pescoço ideal é aquele em que as vértebras cervicais formam uma curvatura mais longa após a cabeça e uma curvatura menor junto à cernelha (Thomas, 2005).

A largura e comprimento da cernelha tem significativa influência na biomecânica dos movimentos mais complexos, podendo influenciar até mesmo o estilo, a velocidade e a capacidade para executar variações biomecânicas. Uma cernelha alta, longa seca e bem dirigida facilita a biomecânica da flexão, extensão, sustentação, inflexão e rotação axial (Nascimento, 1999).

O padrão racial do Mangalarga Marchador é baseado na aparência externa e na mensuração da altura na cernelha dos animais, sendo que a marcha o andamento obrigatório e sua ausência é desclassificatória. Os animais inscritos nos Livros de Registros Definitivos devem possuir ascendência em reprodutores da raça Mangalarga Marchador e apresentar a altura na cernelha entre 1,47 e 1,57m, nos machos, e 1,40 e 1,54m, nas fêmeas (ABCCMM, 2016).

A altura na cernelha, entre todas as medidas lineares, é uma das mais seguras, por mostrar menores variações decorrentes do instrumento de mensuração ou dos erros cometidos pelo mensurador (Santos, 1989). Nos cavalos de sela, o ideal é que a cernelha seja bem

definida, alta, comprida, longa, bem musculada e larga na base, pronunciando-se com uma inclinação gradual em direção ao dorso (Camargo e Chieffi, 1971; Harris, 1993; e Nascimento, 1999). A cernelha “empastada”, baixa e curta, dificulta o trabalho de sustentação passiva que o ligamento nugal exerce sobre a cabeça, além de estar associada a andamentos curtos e ásperos (Nascimento, 1999).

O peito deve ser amplo (Jones, 1987), pois uma região peitoral moderadamente larga e bem musculada indica pulmões, tórax e músculos bem desenvolvidos (Nascimento, 1999). A capacidade torácica é medida pela profundidade e não pela largura do tórax. As costelas, sendo longas e bem arqueadas, indicam perímetro torácico desejável (Inglês et al., 2004).

As espáduas influenciam diversas fases da locomoção, estando ligadas com a cernelha, pescoço, tórax e dorso (Jones, 1987). Espáduas oblíquas absorvem melhor o impacto gerado pelo contato do casco com o solo, resultando em maior amortecimento e suavidade durante a locomoção (Jones, 1987). Lage et al. (2009) observaram em equinos Mangalarga Marchador uma associação positiva entre o comprimento da espádua e o rendimento da marcha, evidenciando a importância dessa região zootécnica para o andamento. Animais que tem as espáduas e garupa curtas, o dorso-lombo tende a ser comprido e defeituoso, o que torna o animal impróprio para qualquer gênero de trabalho (Torres e Jardim, 1987).

Santiago et al. (2014b) em trabalho com éguas Mangalarga Marchador campeãs de exposições Nacionais da raça observaram que essas tiveram comprimento médio do dorso-lombo de 51,1cm, sendo 2,5 cm maiores do que a média das éguas registradas no serviço genealógico da ABCCMM.

De acordo com Nascimento (1999), o dorso e o lombo devem ser retos, curtos e bem musculados, tendo uma passagem entre eles de forma harmoniosa. Estas características tem

influência para um melhor desempenho da função biológica dessa região na transmissão mecânica das forças de propulsão caudo-cranial.

A garupa deve ser bem conformada, sendo comprida, larga, bem dirigida e deve ter movimentos suaves. A boa forma dessa região depende da arquitetura e posição espacial dos seus ossos, da organização e do volume dos ventres musculares, do comprimento das linhas que unem as tuberosidades do ílio entre si com a tuberosidade do ísquio, bem como da sua harmoniosa ligação com as regiões lombar, ancas, inserção da cauda e face lateral da coxa (Nascimento, 1999). O grande comprimento da garupa, relaciona-se à impulsão e velocidade no cavalo. A garupa é avaliada quanto à sua largura, comprimento e altura. Seu comprimento e largura devem ser parecidos, de forma a garantir adequado afastamento das articulações coxofemorais e boa amplitude de movimentos dos posteriores.

Em trabalho comparando equinos Mangalarga Marchador de marcha batida e picada, Santiago et al. (2014a) relataram que a garupa mais comprida dos equinos de marcha batida em relação aos de marcha picada, tanto em machos quanto em fêmeas, pode estar relacionada à necessidade de maior força de contração para obtenção de passadas mais amplas, quesito selecionado nos animais que apresentam a marcha da modalidade batida. Esses autores observaram, ainda, maior amplitude de passada nas fêmeas de marcha batida, que apresentaram maior comprimento de coxa do que as fêmeas de marcha picada.

Segundo o regulamento da ABCCMM (2016), a altura na garupa não deve ultrapassar a da cernelha, podendo, apenas nas fêmeas, ter uma superioridade desta de até 2 cm em relação a altura na cernelha.

O perímetro da canela está relacionado com a qualidade óssea do esqueleto e com a funcionalidade da região anatômica, determinando, juntamente com o perímetro torácico, a capacidade de carga do animal (Berbari Neto, 2005). Barbosa (1993) relatou que a boa largura

da canela é dada não só pelo volume do osso, mas também pelos tendões, que devem ser firmes e bem implantados, o que garante bom desenvolvimento dos músculos e garantia de solidez da região. Além dessas características, nas raças de sela, a canela deverá ser seca, ou seja, os animais deverão ter pouco tecido conjuntivo abaixo da pele, nessa região, o que facilitará a visualização do contorno dos tendões.

Conforme Oom e Ferreira (1987), os cavalos bem proporcionados devem ter a razão entre a altura na cernelha com o comprimento do corpo igual a 1, sendo assim, devem ser tão altos quanto compridos. Santiago et al. (2013) constataram que tanto a relação entre os comprimentos do corpo e da cabeça, quanto a proporção entre o comprimento do corpo e a altura na cernelha, foram muito próximas tanto em machos campeões da raça quanto os demais machos registrados na ABCCMM. Gonçalves et al. (2012) analisando medidas morfométricas na mesma raça relataram que o comprimento de corpo nos machos são cerca de 3 cm a mais do que as fêmeas. Esses autores afirmaram que isso pode ser devido aos machos terem alturas de cernelha e garupa mais elevadas do que as fêmeas.

Pinto et al. (2005) em estudo com potros Mangalarga Marchador, mensurados do nascimento aos 12 meses constataram que, os machos são, em geral, maiores que as fêmeas nas medidas lineares que variam em função do sexo, nas diferentes idades avaliadas, exceto a medida de perímetro torácico, que apresentou valor médio maior nas potras.

Santiago et al. (2013) compararam 12 medidas lineares de equinos machos Mangalarga Marchador registrados na associação, com a média dos sete primeiros lugares de categorias em três exposições nacionais da raça e o sistema eclético de Lesbre (1930). Esses autores constataram que, proporcionalmente, os campeões e os demais registrados são semelhantes, mas que animais dessa raça tem proporções diferentes das preconizadas por Lesbre (1930).

Meira et al. (2013) em estudo com 12 características morfológicas e uma de andamento da raça Mangalarga Marchador, com o objetivo de determinar quais as principais características morfofuncionais para a raça, afirmaram que sete variáveis puderam ser descartadas pois apresentaram baixa variabilidade ou foram redundantes por estarem correlacionadas com as de maior importância. Esses autores recomendaram que o uso de apenas seis das 13 mensurações (pontuação da marcha, altura na garupa, comprimento do dorso, comprimento da garupa, largura da cabeça e perímetro da canela) são suficientes como critério de seleção na raça.

### **2.3. Critérios de seleção para equinos Marchadores**

A seleção, uma das principais ferramentas do melhoramento genético, é o processo em que se pretende escolher os pais para a geração seguinte, de maneira a favorecer o aumento da frequência alélica nos locos que controlam as características de interesse econômico (Pereira, 2012), com o objetivo de obter ganho genético. De acordo com Queiroz et al. (2005), para que um programa de melhoramento genético tenha sucesso é necessário que os objetivos e os critérios de seleção estejam bem definidos

O critério de seleção é a forma pela qual os animais que irão à reprodução serão avaliados para alcançar o objetivo de seleção. Pereira (2012) descreveu que as características presentes em um critério de seleção podem ser as mesmas do objetivo ou devem estar correlacionadas a ele. De maneira geral, é para essas características definidas como critérios de seleção que são estimados os parâmetros genéticos.

Os criadores de animais domésticos procuram mudar as propriedades genéticas das populações por meio de seleção e acasalamento (Gonçalves et al., 2011). O equino, assim como outras espécies domesticadas, foi moldado através da seleção dentro de raças em

diversos tipos morfológicos, muitas vezes para adequar a funções específicas (Brooks et al., 2010). O estudo de Santiago et al., (2014b) mostrou que as características físicas são instrumentos importantes na determinação de como um cavalo se move e atua. Na equideocultura, os proprietários de cavalos tem usado como critério de seleção a conformação de seus animais para a escolha dos acasalamentos, auxiliados pelos resultados nas provas de desempenho e classificações em esportes promovidos pelas Associações de Raças.

As tabelas de pontuação, aliadas à morfometria constituem ferramenta para seleção e valorização dos animais da raça Mangalarga. Nelas, os equinos recebem pontos, baseados em um julgamento subjetivo das suas principais características morfológicas, funcionais e comportamentais. Estes animais são avaliados parados e em movimento, sendo os de maior pontuação considerados superiores. Em uma escala de zero a cem, os animais desta raça devem obter um mínimo de 50 pontos para serem registrados e pelo menos 75 pontos são exigidos para que possam ser utilizados como reprodutores (Mota e Prado, 2005).

#### **2.4. Análise multivariada**

A análise multivariada é formada por diferentes métodos que podem ser usados quando são feitas várias medições de cada indivíduo de uma ou mais amostras. Essa análise consiste em técnicas exploratórias de sintetização da estrutura da variabilidade dos dados, consistindo em analisar várias variáveis que são medidas simultaneamente numa mesma unidade experimental (Mingotti, 2005). Um ponto importante da análise multivariada é o aproveitamento da informação conjunta das variáveis envolvidas (Regazzi, 2002). Em geral, a estatística multivariada busca simplificar ou facilitar a interpretação do fenômeno que está sendo estudado por meio da construção de índices ou variáveis alternativas que sintetizam a informação original dos dados, possibilitando diminuir a quantidade de variáveis analisadas

em um estudo (Mingoti, 2005). A análise de componentes principais uma técnica útil para tal finalidade.

### **Componentes principais**

A análise de componentes principais (ACP) que permite simplificar a estrutura multivariada dos dados e, posteriormente, permite a dispersão gráfica dos indivíduos ou genótipos em dois ou três eixos coordenados e, portanto, permitem a visualização de grupos mais e menos divergentes (Resende et al., 2014). Os componentes principais apresentam propriedades especiais em termos de variância no qual o primeiro componente principal é uma combinação linear normalizada com máxima variância e o segundo componente principal possui a segunda maior variância, e assim consecutivamente, além disso, representam vetores linearmente independentes (Anderson, 2003). Dessa forma, a análise procura distribuir a variação nas variáveis de forma a obter o conjunto de eixos ortogonais não correlacionados com a menor perda possível de informação, sendo a estrutura de interdependência destas variáveis representada pela sua matriz de variâncias e covariâncias ou pela matriz de correlação (Regazzi, 2002).

A ACP consiste em transformar um conjunto original de variáveis em um outro de dimensão equivalente, mas com propriedades importantes e de grande interesse em certos estudos de melhoramento genético, como no estudo da divergência genética (Costa et al., 2005; Pinto et al., 2005), assim usando um número reduzido de variáveis. As novas variáveis que se posicionam próximas umas das outras têm características parecidas e são positivamente correlacionadas, já as que se posicionam em lados opostos tendem a ter correlações de valores negativos entre elas (Costa et al., 2005).



Quando o número de características mensuradas é grande, há possibilidade de que algumas sejam de pouca contribuição para a avaliação dos indivíduos (Yamaki et al., 2009). Com a ACP há redução do número de características avaliadas, assim, pode ser gasto menos tempo para mensurar as variáveis e ocorrer melhoria na precisão da avaliação dos animais, além de tornar mais simples a análise e a interpretação dos resultados (Yamaki et al., 2009; Pinto et al., 2015), sem perder a estrutura de variabilidade conjunta dos dados.

Em trabalho com equinos jovens da raça Mangalarga Marchador, Pinto et al. (2005) relataram que a ACP foi eficiente para reduzir o número de medidas morfométricas necessárias para avaliação morfométrica dos animais. Meira et al. (2013) também avaliaram medidas morfométricas de equinos da raça Mangalarga Marchador por meio de ACP, porém com animais adultos e observaram que seis das 13 características avaliadas foram efetivas para explicar a variabilidade dos dados e que as outras características são redundantes por estarem correlacionadas com as de maior importância.

## **2.5. Modelo Animal**

Modelos estatísticos utilizados para estimar os parâmetros genéticos utilizam a metodologia de modelos mistos. De tal forma, considera-se que o fenótipo de determinado indivíduo é influenciado por um ou mais efeitos não genéticos, mas que influenciam o fenótipo de interesse, e da mesma forma, por um ou mais efeitos de origem genética (aditiva ou materna, por exemplo). As estimativas dos parâmetros genéticos, ao se realizar uma avaliação genética, pode ser feita utilizando-se diferentes modelos, dentre eles os unicaracterístico e multicaracterístico. Os principais fatores que irão diferenciar esses modelos estatísticos e os parâmetros genéticos estimados a partir deles são: a metodologia utilizada, o

número de características que se pretende estudar por avaliação e a forma como a associação dessas características é interpretada pelo modelo (Normando et al., 2010).

Modelos que estudam uma característica isoladamente são ditos unicaracterísticos. Na forma matricial esses modelos, considerando-se os efeitos fixos, e efeitos aleatórios genético aditivo e residual, podem ser representados da seguinte maneira:

$$y = Xb + Za + e ,$$

em que:  $y$ , representa o vetor de fenótipos medidos;  $X$  e  $Z$ , representam as matrizes de incidência dos efeitos fixos e aleatórios, respectivamente;  $b$ , é a matriz de efeitos fixos;  $a$ , é a matriz de efeitos aleatórios; e  $e$  é o vetor de resíduos do modelo.

Por estudar as características isoladamente, o modelo unicaracterístico não permite avaliar a relação entre duas variáveis diferentes, ou seja, não é possível, por meio deste modelo estimar correlação genética e residuais entre duas características. Dessa forma, os parâmetros genéticos, como a herdabilidade e correlações podem ser estimados.

A utilização desse modelo é muito interessante quando o objetivo do avaliador é, especificamente, observar a tendência de evolução genética dos plantéis para cada característica isoladamente, ou estimar parâmetros genéticos e praticar seleção para apenas uma característica, sem se preocupar com a evolução de outras características de interesse nos criatórios. Isso porque são modelos que cumprem essa função com precisão satisfatória, uma vez que não considera a influência da covariância entre uma característica e a outra na estimação dos parâmetros e valores genéticos. Esses modelos são amplamente utilizados quando o arquivo de dados é grande pois a demanda computacional para processamento dos dados é alta.

Entretanto, uma vez que a estrutura de correlação entre as características se torna objeto de estudo do avaliador, o modelo unicaracterístico deixa de ser uma alternativa viável

para avaliação genética (Meyer, 1991). A partir das correlações genéticas, é possível prever o que se espera em uma característica quando se altera a média de outra correlacionada a ela. Este tipo de resposta, definido como resposta correlacionada, pode determinar o sucesso ou insucesso de um programa de melhoramento genético animal, uma vez que em um sistema de produção existem vários fenótipos de interesse econômico.

Modelos que permitem estimar parâmetros genéticos para duas ou mais características simultaneamente são denominados multicaracterísticos. Em forma matricial podem ser descritos como:

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ y_n \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & \varphi \\ \varphi & X_n \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_n \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & \varphi \\ \varphi & Z_n \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_n \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_n \end{bmatrix}$$

em que:  $y_h$ , representa o vetor com as observações das característica  $h$  ( $h=1$  a  $n$ );  $X_h$  e  $Z_h$ , representam as matrizes de incidência dos efeitos fixos e aleatórios da característica  $h$ , respectivamente;  $b_h$ , representa a matriz com a solução dos efeitos fixos;  $a_h$ , representa a matriz com a solução dos efeitos aleatórios; e  $e_h$ , representa o vetor de resíduos associado a cada observação.

Por ser um modelo que considera mais de uma característica e que permite avaliar a interação entre elas, é um modelo mais parametrizado e mais dispendioso computacionalmente. Por outro lado, a estrutura de correlação permite estimar os parâmetros genéticos com maior precisão, tornando esse modelo especialmente recomendado para programas de melhoramento genético que praticam seleção para mais de uma característica (Meyer, 1991).

Como programas de melhoramento genético são realizados em outras espécies, para equinos também podem ser implementados, com ferramentas estatísticas, otimizando a

criação e chegando aos objetivos para cada raça de acordo com sua função, sobretudo, para raças marchadoras.

## **2.6. Parâmetros genéticos para medidas morfométricas**

As avaliações genéticas são realizadas com o objetivo de identificar indivíduos geneticamente superiores para determinada característica e permitem acompanhar a evolução genética dos plantéis ao longo das gerações de acasalamentos. Dessa forma, sua realização consiste na estimação de parâmetros genéticos para caracterização das populações. A acurácia da estimativa desses parâmetros depende de um conjunto de fatores, entre eles, o número de informações utilizadas, o modelo estatístico e o método de estimação dos componentes de covariância (Barbosa et al., 2008).

As estimativas dos parâmetros genéticos para características de importância econômica são fundamentais para o desenvolvimento dos programas de melhoramento por auxiliar na determinação adequada das diretrizes de seleção e possibilitar uma seleção mais eficiente e maior ganho genético na população (Oliveira, 2015). Os parâmetros genéticos mais explorados em programas de melhoramento genético são: variâncias (genética aditiva e fenotípica), herdabilidades e correlações genéticas entre as características que compõem os objetivos de seleção ou são utilizadas como critérios de seleção.

A análise das variâncias permite determinar o quanto da variação observada (variância fenotípica -  $\sigma_p^2$ ) é devido aos fatores genéticos aditivos (variância genética aditiva -  $\sigma_a^2$ ) e o quanto é devido a outros efeitos de origem não genética aditiva (variância residual -  $\sigma_e^2$  e de ambiente permanente, por exemplo) (Pereira, 2012). Existem dois motivos distintos para fazer comparações de variação genética para características quantitativas: o primeiro é

comparar as evoluções ou a capacidade de responder à seleção; e o segundo é fazer inferências sobre as forças que mantêm a variabilidade genética (Houle, 1992).

A partir das estimativas de variância é possível estimar, ainda, a herdabilidade ( $h^2$ ), que é dada por:

$$h_d^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_p^2}, \text{ em que } \sigma_p^2 = \sigma_a^2 + \sigma_e^2.$$

A herdabilidade é uma medida de precisão por meio da qual o valor fenotípico representa o valor genético do indivíduo (Lopes et al., 2000). Sendo assim, a herdabilidade caracteriza a porção da variância fenotípica causada pela variação dos valores genéticos aditivos, ou também pode ser determinada como a regressão dos valores genéticos em função dos valores fenotípicos (Falconer e Mackay, 1996; Lopes et al., 2000). Mas, a função mais importante da herdabilidade no estudo genético de características métricas é seu papel preditivo, expressando a confiabilidade do valor fenotípico como guia para o valor genético (Falconer e Mackay, 1996).

Também, por meio das estimativas de variância, torna-se possível estimar a correlação genética ( $r_{g_{j,j'}}$ ) entre características de interesse; que é dada por:

$$r_{g_{j,j'}} = \frac{\sigma_{a_j a_{j'}}}{\sqrt{\sigma_{a_j}^2 \times \sigma_{a_{j'}}^2}},$$

Em programas de melhoramento é fundamental o conhecimento da magnitude de correlação genética, pois a seleção é normalmente feita para várias características em conjunto, tornando necessário o conhecimento das relações entre elas para se estimar o impacto que a seleção em uma característica terá sobre a (s) outra (s) (Oliveira, 2012). Desta forma, o impacto da seleção sobre características correlacionadas é obtido por meio da

resposta correlacionada, definida como a mudança média no mérito genético de uma determinada característica quando a seleção é praticada em outra característica.

A partir das estimativas de variância é possível ainda, estimar outros parâmetros genéticos, menos estudados e explorados nos programas de melhoramento animal convencionais, a exemplo do coeficiente de variação genético aditivo ( $CV_a$ ), dado por:

$$CV_a(\%) = \frac{\sqrt{\sigma_a^2}}{\bar{X}},$$

$\bar{X}$  representa a média da característica.

Charlesworth & Charlesworth (1987) descreveram esse parâmetro em trabalho que comparou variabilidades genéticas de *Drosófilas*, mas esse coeficiente ainda está pouco difundido em trabalhos de melhoramento animal. Esse parâmetro é tido como parâmetro evolutivo e apresenta algumas particularidades que o torna de interpretação interessante dentro de um programa de melhoramento genético, principalmente quando avaliado em conjunto com a herdabilidade, pois, de acordo com Hansen et al. (2003), as características que tem apenas as herdabilidades medidas, e estes valores são elevados, elas não são necessariamente as que apresentam maior capacidade de evoluir. Os valores de  $CV_a$  são muito sensíveis a medidas de baixa variabilidade (Hansen et al., 2003).

Diversos estudos na literatura relatam parâmetros genéticos para equinos com valores medianos. Molina et al. (1999) encontraram média de herdabilidade, para raça Puro Sangue Espanhol, com valores de  $0,72 \pm 0,10$  para a característica de comprimento de corpo,  $0,35 \pm 0,11$  para perímetro de canela,  $0,58 \pm 0,14$  altura de cernelha e perímetro de tórax ( $0,48 \pm 0,09$ ). Demonstrando que nessa raça essas características são fortemente influenciadas por fatores genéticos. Já Bramante et al. (2016) encontraram herdabilidades moderadas para três características morfométricas de altura de cernelha, perímetro de canela e perímetro de torax

de cavalos da raça Murgese (0,27, 0,31 e 0,24, respectivamente). De acordo com esses autores herdabilidades baixas ou moderadas podem ser resultado de efeitos ambientais não considerados no modelo ou pela baixa influência dos genes sobre a característica.

Por meio da estimativa dos parâmetros genéticos supracitados torna-se, portanto, possível realizar uma caracterização genética ampla das diferentes populações a serem inseridas em programas de melhoramento animal. É importante ressaltar que esses parâmetros devem ser estimados para características que, de fato, sejam importantes para aumentar a produtividade e lucro do plantel que se pretende melhorar.

### **2.7. Ganho genético e resposta correlacionada**

O principal objetivo dos programas de melhoramento genético de grande parte dos animais domésticos é alterar a média das características de interesse zootécnico e como consequência potencializar o desempenho. Em equinos, particularmente para características morfométricas, tal objetivo não é verificado, pois a opção por padrões morfológicos específicos para a funcionalidade de cada raça deve ser considerada (Zamborlini et al., 1996).

Mesmo quando padrões de determinada característica devem ser mantidos, os programas de melhoramento dispõem de duas principais ferramentas para alcançar tal objetivo, a seleção e os sistemas de acasalamento. Neste sentido, o desenvolvimento de avaliações genéticas que possibilitem a identificação e seleção dos animais de mérito genético adequado afim de que acasalamentos possam ser direcionados é essencial para obtenção dos ganhos genéticos esperados com a seleção. Sendo que, a resposta à seleção, medida por meio do ganho genético é dada por:

$$\Delta G = h^2 \times i \times \sigma_p,$$

em que,  $\Delta G$  representa o ganho genético obtido na característica por meio de seleção direta;  $h^2$ , a herdabilidade da característica;  $i$ , a intensidade de seleção e  $\sigma_p$ , o desvio padrão fenotípico.

Verifica-se assim, que a resposta à seleção está diretamente relacionada à herdabilidade da característica sob seleção ( $h^2$ ), à intensidade de seleção aplicada à população ( $i$ ) e ao diferencial de seleção ( $\sigma_p$ ), dado pela diferença entre a média do grupo selecionado e a média da população (Pereira, 2012). Sendo assim, os principais aspectos a serem verificados quando a seleção é realizada a fim de melhorar ou fixar alguma característica de importância zootécnica são, a facilidade de mensuração do fenótipo, a importância do componente genético medido por meio da herdabilidade e o número de animais que podem e devem ser selecionado para que seja possível alcançar o objetivo de seleção estabelecido pelo programa de melhoramento.

É importante ressaltar que o número de dados fenotípicos mensurados é diretamente proporcional ao tempo despendido para coleta e processamento de dados, bem como o investimento em mão de obra qualificada para tal. Neste sentido, nem sempre o uso de um grande volume de informações fenotípicas coletadas e processadas nas avaliações genéticas é conveniente. Meira et al. (2013) verificaram que dentre treze características morfofuncionais de cavalos Mangalarga Marchador sete foram redundantes, ou seja, não haveria necessidade de mensura-las, por serem altamente correlacionadas com características que mais contribuíram para explicação da variância total.

Considerando que algumas características alvos dos programas de melhoramento podem ser altamente correlacionadas, a mensuração e processamento das mesmas, em conjunto, pode ser desnecessária, uma vez que a seleção indireta acarretará respostas correlacionadas tão eficientes quanto se a seleção fosse realizada de modo direto. Altas



correlações genéticas entre as características altura de garupa e altura de cernelha (0,96), entre altura de garupa e comprimento de corpo (0,80) e entre altura de cernelha e comprimento de corpo (0,80) em cavalos Mangalarga Marchador, foram verificadas por Zamborlini et al. (1996).

A resposta correlacionada ou resposta indireta ocorre quando a seleção é exercida em uma característica  $j$  e há uma resposta verificada em uma característica  $j'$ , tal resposta é dada por:

$$\Delta G_{j,j'} = i_{j'} h_{j'} h_j r_{a(j,j')} \sigma_{p(j)},$$

em que,  $\Delta G_{j,j'}$  é a resposta correlacionada em  $j$  quando a seleção é praticada em  $j'$ ,  $i_{j'}$  é a intensidade de seleção praticada na característica  $j'$ ,  $h_{j'}$  e  $h_j$ , são a raiz quadrada da herdabilidade da característica  $j'$  e  $j$ , respectivamente,  $r_{a(j,j')}$ , é a correlação genética entre as características  $j'$  e  $j$ , e  $\sigma_{p(j)}$ , é o desvio padrão fenotípico da característica  $j$ .

Desta maneira, a resposta correlacionada é diretamente proporcional à intensidade de seleção e herdabilidade da característica sob seleção, ou seja, quanto maiores à intensidade de seleção aplicada e a herdabilidade da característica selecionada, maiores serão os ganhos alcançados na característica correlacionada. Ainda, maiores ganhos serão alcançados quanto maior for a correlação entre a característica sob seleção a aquela para qual se espera resposta.

Para demonstrar a eficiência relativa ( $ER$ ) da seleção indireta Toral et al. (2011) utilizaram a relação entre a resposta indireta e direta, dado por:

$$ER = \frac{\Delta G_{j,j'}}{\Delta G_j},$$

Sempre que tal relação é igual à unidade, a seleção indireta é tão eficiente quanto à seleção direta, quando tal relação for maior que a unidade a seleção indireta é mais eficiente e sempre que a relação for menor que a unidade a seleção indireta é menos eficiente que a

seleção direta. Sendo assim, quando a eficiência da resposta correlacionada é considerada, é possível direcionar a coleta de dados fenotípicos de modo que apenas uma das características altamente correlacionadas seja mensurada. Como consequência os custos com coleta e processamento de dados são reduzidos, sem que, no entanto, ocorram prejuízos para às avaliações genéticas.

## 2.8. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ANDERSON, T.W. An introduction to multivariate statistical analysis. New York: John Wiley, 2003.

ANDRADE, L.S. *Manual do julgamento de equinos*. Conformação versus Função. 1ed. Belo Horizonte: Equicenter Publicações, 2002. 114p.

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE CRIADORES DE CAVALO MANGALARGA MARCHADOR - ABCCMM. Belo Horizonte, 2016. Disponível em: <[www.abccmm.org.br](http://www.abccmm.org.br)>, Acesso em: 11 abril 2016.

BARBOSA, C.G. *Estudo morfométrico na raça Mangalarga Marchador: uma abordagem multivariada*. 1993. 76f. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) - Escola de Veterinária, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte.

BARBOSA, L.; LOPES, P.S.; REGAZZI, A.J.; TORRES, R.A.; SANTANA JUNIOR, M.L.; VERONEZE, R. Estimaco de parâmetros genéticos em suínos usando Amostrador de Gibbs. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.37, n.7, p.1200-12006, 2008.

BARCELOS, K.M.C. *Estudo Morfométrico e do Desenvolvimento de Potros campees da raça Mangalarga Marchador*. 2016. 201f. Tese (Doutorado em Zootecnia) - Escola de Veterinária, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte.

BERBARI NETO, F. *Evoluo de Medidas Lineares e Avaliaco de Índices Morfométricos em Garanhes da raça Campolina*. 2005. 84f. Dissertao (Mestrado em Zootecnia – Produo Animal) – Universidade Estadual do Norte Fluminense, Campos dos Goytacazes.

BORTONI, R.F. *Mangalarga Marchador e os outros cavalos de sela do Brasil*. 1991. 190p.

BRAMANTE, G.; CITO, A.M.; CIANI, E.; PIERAGOSTINI, E. Multi-trait animal model estimation of genetic parameters for morphometric measurements in the Murgesse horse breed. *Livestock Science*, v.191, p.139–142, 2016.

BROOKS, S.A.; MAKVANDI-NEJAD, S.; CHU, E.; ALLEN, J.J.; STREETER, C.; GU, E.; MCCLEERY, B.; MURPHY, B.A.; BELLONE, R.; SUTTER, N.B. Morphological variation in the horse: defining complex traits of body size and shape. *Animal Genetics*, v. 41, p. 159-165. 2010.

CASIUCH, R. *O romance da raça: histórias do cavalo Mangalarga Marchador*. São Paulo: Empresa das Artes, 1997. 254 p.

CAMARGO, M.X.; CHIEFFI, A. *Ezoognósia*. São Paulo: CPA/ Instituto de Zootecnia, 1971. 320p

CHARLESWORTH, D.; CHARLESWORTH, B. The effect of investment in attractive structures on allocation to male and female functions in plants. *Evolution*, v.41, p.948-968, 1987.

CID, P.S. *Hipologia – Exterior do Cavalo*. Alpiarça: Garrido artes gráficas, 1999. 139p.

COSTA, M.D.; BERGMANN, J.A. G.; PEREIRA, C.S.; PEREIRA, J.C.C.; REZENDE, A.S.C. Tendência genética de medidas lineares de pôneis da raça Brasileira. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, v.53, n.2, 2001.

COSTA, M.D. *Caracterização demográfica e estrutura genética da raça Mangalarga Marchador*. 2002. 99 p. Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte.

COSTA, M.D.; BERGMANN, J.A.G.; REZENDE, A.S.C.; FONSECA, C.G.; FARIA, F.J.C. Estudo da subdivisão genética da raça Mangalarga Marchador. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, v.57, n.2, p.272-280, 2005.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F. (4.ed.) *Introduction to quantitative genetics*. New York: Longman Group Limited, 1996.

GODOI, F.N.; BERGMANN, J.A.G.; ALMEIDA, F.Q.; SANTOS, D.C.C.; MIRANDA, A.L.S.; VASCONCELOS, F.O.; OLIVEIRA, J.E.G.; KAIPPER, R.R.; ANDRADE, A.M. Morfologia de potros da raça Brasileiro de Hipismo. *Ciência Rural*, v.43, n.4, p.736-742, 2013.

GONÇALVES, R.W. *Efeito da endogamia nas características morfométricas e reprodutivas dos equinos da raça Mangalarga Marchador*. 2010. 87 p. Dissertação (Mestrado em Zootecnia) Universidade Estadual de Montes Claros, Janaúba.

GONÇALVES, R.W.; COSTA, M.D.; ROCHA JÚNIOR, V.R.; COSTA, M.R.; SILVA, E.S.P.; RIBEIRO, A.M.F. Efeito da endogamia sobre características reprodutivas em um rebanho da raça Mangalarga Marchador. *Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal*, v.12, n.3, p.641-649, 2011.

GONÇALVES, R.W.; COSTA, M.D.; REZENDE, A.S.C.; ROCHA JÚNIOR, V.R.; LEITE, J.R.A. Efeito da endogamia sobre características morfométricas em cavalos da raça

Mangalarga Marchador. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, v.64, n.2, p.419-426, 2012.

HANSEN, T.F.; PÉLABON, C.; SCOTT ARMBRUSTER, W.; CARLSON, L.M. Evolvability and genetic constraint in *Dalechampia* blossoms: components of variance and measures of evolvability. *Journal of Evolutionary Biology*, v.16, p.754-766, 2003.

HOULE, D. Comparing Evolvability and Variability of quantitative traits. *Genetics*, v.130, p.195-204, 1992.

INGLÊS F.P.L.D., VIANNA S.A.B.; PROCÓPIO A.M. *Padrão racial comentado do cavalo Campolina*. Belo Horizonte. Associação Brasileira dos Criadores do Cavalo Campolina, 2004.

JONES, W.E. *Genética e Criação de Cavalos*. São Paulo: Roca, 1987. 666p.

LAGE, M.C.G.R.; BERGMANN, J.A.G.; PROCÓPIO, A.M.; PEREIRA, J.C.C.; BIONDINI, J. Associação entre medidas lineares e angulares de equinos da raça Mangalarga Marchador. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, v.61, n.4, p.968-979, 2009.

LESBRE, F.X. *Precis d'Exterieur du Cheval*. Paris: Vigot Frères. 1930.

LIMA, R.A.S.; SHIROTA, R.; BARROS, G.S.C. *Estudo do complexo do agronegócio cavalo*. Piracicaba: CEPEA/ESALQ/USP, 2004. 251p.

LOPES, P.S.; TORRES, R.A.; PIRES, A.V. *Teoria do melhoramento animal*. Viçosa-MG, 2000. 102 p.

MCMANUS, C.M.; FALCÃO, R.A.; SPRITZE, A.; COSTA, D.; LOUVANDINI, H.; DIAS, L.T.; TEIXEIRA, R.A.; REZENDE, M.J.M.; GARCIA, J.A.S. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.34, n.5, p.1553-1562, 2005.

MCMANUS, C.M.; SANTOS, S.A.; SILVA, J.A.; LOUVANDINI, H.; ABREU, U.G.P.; SERENO, J.R.B.; MARIANTE, A.S. *Brazilian Journal of Veterinary Research and Animal Science*, v.45, n.5, p.362-370, 2008.

MEIRA, C.T.; PEREIRA, I.G.; FARAH, M.M.; PIRES, A.V.; GARCIA, D.A.; CRUZ, V.A.R. Seleção de características morfofuncionais de cavalos da raça Mangalarga Marchador por meio da análise de componentes principais. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, v.65, n.6, p.1843-1848, 2013.

MENESES, A.C.A.; COSTA, M.D.; MARUCH, S.; MOREIRA, P.R.; MARTINS NETO, T. Medidas lineares e angulares de animais da raça Quarto de Milha utilizados em uma prova de vaquejada. *Revista Brasileira Ciência Veterinária*, v. 21, n. 4, p. 256-261, 2014.

MEYER, K. Estimating variances and covariances for multivariate animal models by restricted maximum likelihood. *Genetic Selection Evolution*, v.23, p.67-83, 1991.

MINGOTI, S.A. Análise de dados através de métodos de estatística multivariada: uma abordagem aplicada. Belo Horizonte: Editora UFMG, 292p., 2005.

MOLINA, A.; VALERA, M.; DOS SANTOS, R.; RODERO, A. Genetic parameters of morphofunctional traits in Andalusian horse. *Livestock Production Science*, v.60, p.295–303, 1999.

MOTA, M.D.S.; PRADO, R.S.A. Estudo genético da pontuação total em equinos Mangalarga. *Archivos de Zootecnia*, v.54, n.205, p. 25-30, 2005.

MOTA, M.D.S.; OLIVEIRA, H.N.; PUOLI FILHO, J.N.P. Avaliação do crescimento em potros da raça Quarto de milha. *Revista Electrónica de Veterinaria*, v.11, n.1, 2010.

NASCIMENTO, J.F. *Mangalarga Marchador: tratado morfofuncional*. Belo Horizonte: Associação Brasileira dos Criadores do Cavalo Mangalarga Marchador, 1999. 578p.

NORMANDO, D.; TJADERHANE, L.; QUINTÃO, C.C.A. A escolha do teste estatístico – um tutorial em forma de apresentação em PowerPoint. *Dental Press Journal Orthodontics*, v.15, n.1, p. 101-106. 2010

OLIVEIRA, P.R. *Parâmetros genéticos de características de crescimento e carcaça em suínos*. 2015. 38 p. Monografia (Graduação)-Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis.

OLIVEIRA, T.A. *Estimação de parâmetros genéticos para características de crescimento, reprodução e categóricas em uma população de bovinos de corte compostos (Bos taurus x Bos indicus) sob abordagem bayesiana e modelos lineares generalizados mistos*. 2012. 153 p. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba.

OOM, M.M.; FERREIRA, J.C. *Estudo biométrico do cavalo Alter*. Revista Portuguesa de Ciências Veterinárias, v.83, n.482, p.101-148, 1987.

PEREIRA, J.C.C. *Melhoramento genético aplicado à produção animal*. Belo Horizonte: FEPMVZ Editora, 2012. 758.

PINTO, L.F.B.; ALMEIDA, F.Q.; QUIRINO, C.R.; AZEVEDO, P.C.N.; CABRAL, G.C.; CORASSA, A. Análise multivariada das medidas morfométricas de potros da raça Mangalarga Marchador: Análise de Componentes Principais. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.34, n.2, p.589-599, 2005.



PINTO, R.M.; CAMPOS, D.H.S.; TOMASI, L.C.; CICOGNA, A.C.; OKOSHI, K.; PADOVANI, C.R. Análise multivariada na seleção de animais em pesquisas experimentais. *Arquivo Brasileiro de Cardiologia*, v.104, n.2, p.97-103, 2015.

PROCÓPIO, A.M.; BERGMANN, J.A.G.; MENZEL, H.J.; BRÊTAS, M. S.; HERR, J.; FANTINI, P. Curvas ângulo-tempo das articulações dos eqüinos marchadores. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, v.59, n.1, p.41-48, 2007.

QUEIROZ, S.A.; PELICIONI, L.C.; SILVA, B.F.; SESANA, J.C.; MARTINS, M.I.E.G.; SANCHES, A. Selection indices for a dual purpose breed caracu. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.34, p.827-837, 2005.

REGAZZI, A. J. Análise multivariada: notas de aula. Viçosa: UFV, 2002.

RESENDE, M.D.V.; SILVA, F.F.; AZEVEDO, C.F. *Estatística matemática, biométrica e computacional: modelos mistos, multivariados, categóricos e generalizados (REML/BLUP) inferência bayesiana, regressão aleatória, seleção genômica, QTL-GWAS, estatística espacial e temporal, competição sobrevivência*. 21ed. Viçosa, 881p. (159-205), 2014.

REZENDE, M.P.G.; SOUZA, J.C.; MOTA, M.F.; JARDIM, R.J.D.; RAMIRES, G.G.; SILVA, R.M.; SOUZA, C.F. Morfometria corporal de equinos utilizados em trabalho, esporte e lazer em três municípios do Mato Grosso do Sul. *Veterinária e Zootecnia*. v.21, n.4, p.569-583, 2014.

SANTIAGO, J.M.; REZENDE, A.S.C.; FONSECA, M.G.; ABRANTES, R.G.P.; LAGE, J.; LANA, A.M.Q. Comparação entre as medidas morfométricas do rebanho atual de machos Mangalarga Marchador e dos campeões da raça. *Boletim de Indústria Animal*, v.70, n.1, p.46-52, 2013.

SANTIAGO, J.M.; REZENDE, A.S.C.; LANA, A.M.Q.; FONSECA, M.G.; ABRANTES, R.G.P.; LAGE, J.; ANDRADE, J.M.; RESENDE, T.M. 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, 2014a.

SANTIAGO, J.M.; REZENDE, A.S.C.; LANA, A.M.Q.; FONSECA, M.G.; ABRANTES, R.G.P.; LAGE, J.; ANDRADE, J.M.; RESENDE, T.M. Medidas morfométricas do rebanho atual de fêmeas Mangalarga Marchador e das campeãs da raça. *Revista Brasileira Saúde Produção Animal*, v.15, n.1, p.141-148, 2014b.

SANTIAGO, J.M.; REZENDE, A.S.C.; LANA, A.M.Q.; Fonseca, M.G.; Lage, J. Evolution of morphometric measures in the Mangalarga Marchador breed. *Revista Caatinga*, v.29, p.191-199, 2016.

SANTOS, S.A. *Estudo sobre algumas características de crescimento de cavalos Brasileiro de Hipismo produzidos no haras Pioneiro*. 1989. 91f. Tese (Mestrado em Zootecnia) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba.

THOMAS, H.S. *The Horse Conformation*. Storey Publishing, 2005. 387p.

TORAL, F.L.B.; ROSO, V.M.; ARAÚJO, C.V.; REIS FILHO, J.C. Genetic parameters and response to selection for post-weaning weight gain, visual scores and carcass traits in Hereford and Hereford × Nellore cattle. *Livestock Science*, v.137, p.231-237, 2011.

TORRES, A.P.; JARDIM, W.R. *Criação do cavalo e de outros eqüinos*. 3.ed. São Paulo: Nobel, 1987. 654p.

VAN WEEREN, P.R.; CREVIER-DENOIX, N. Equine conformation: clues to performance and soundness? *Equine Veterinary Journal*, v.38, n.7, p.591-596, 2006.

YAMAKI, M.; MENEZES, G.R.O.; PAIVA, A.L.C.; BARBOSA, L.; SILVA, R.F.; TEIXEIRA, R.B.; TORRES, R.A.; LOPES, P.S. Estudo de características de produção de matrizes de corte por meio da análise de componentes principais. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, v.61, n.1, p.227-231, 2009.

ZAMBORLINI, L.C.; BERGMANN, J.A.G.; PEREIRA, C.S.; FONSECA, C.G.; REZENDE, A.S.C. Estudo genético-quantitativo de medidas lineares de equinos da raça Mangalarga Marchador - I. Estimativas dos fatores de ambiente e parâmetros genéticos. *Revista Brasileira de Ciência Veterinária*, v.3, n.2, p.33-37, 1996.

### 3. ARTIGO 1

#### **Análise genética de equinos Mangalarga Marchador**

**Resumo.** Objetivou-se com este trabalho estimar parâmetros genéticos e avaliar a evolução genética ao longo de 26 anos para características morfométricas de equinos Mangalarga Marchador. Foram avaliadas 12 características morfométricas de 38.341 animais, nascidos entre os anos de 1987 a 2012, totalizando uma matriz de parentesco 77.719 animais. Foi utilizado o modelo animal em análises unicaracterísticas por meio de métodos bayesianos via amostrador de Gibbs para estimação dos parâmetros e valores genéticos. Foram estimadas tendências genéticas para cada característica no qual regrediu-se o valor genético em função do ano de nascimento. As herdabilidades foram altas e variaram de 0,48 a 0,65. Os coeficientes de variação aditivos foram baixos, e variaram de 1,61% a 5,23%. As tendências genéticas de 11 das 12 características foram significativas, demonstrando pequenos ganhos ao longo dos anos para as características. Como as herdabilidades para as características morfométricas para a raça foram altas e a variabilidade e tendências genéticas foram baixas, a seleção pode ser praticada para essas características, entretanto os ganhos efetivos serão baixos. Uma vez que os dados morfométricos são amplamente utilizados na seleção fenotípica de equinos, torna-se importante avaliar geneticamente essas características, que indicam, possibilidade de obter-se obter ganhos genéticos selecionando para as mesmas.

**Palavras-chave:** cavalo, herdabilidade, tendência genética, valor genético.

### 3.1. Introdução

O cavalo teve importante participação na evolução humana, desde o desenvolvimento das primeiras civilizações até os dias atuais. Sua crescente atuação lhe garantiu uma posição de destaque no cenário mundial, sendo encontrado em suas mais diversas raças em todos os continentes. No Brasil eles tiveram grande relevância na interiorização e desbravamento do território nacional, além do desempenho nas usinas açucareiras, minas e nos cafezais. O setor da equideocultura movimenta no Brasil mais de 16 bilhões de reais por ano e atualmente, é responsável pela ocupação, direta e indireta, de 3 milhões de pessoas (Lima e Cintra, 2015). Com tamanha representatividade da espécie no país, é necessário que se busque animais superiores, tanto morfológicamente, quanto no desempenho em provas.

O Mangalarga Marchador é hoje a raça equina brasileira mais numerosa (Gonçalves et al., 2012), contando com mais de 500.000 animais registrados junto a Associação Brasileira de Criadores Cavalos Mangalarga Marchador (2017). Os animais desta raça tem como andamento a marcha, na qual o cavalo apresenta o tríplice apoio, que o mantém em constante contato com o solo, proporcionando maior comodidade ao cavaleiro. Por isso é muito utilizada em competições, trabalho em fazendas e lazer. A criação dos equinos tem como principal objetivo as características relacionadas ao andamento. Sua locomoção é tida como principal fonte de contribuição à pecuária, no manejo diário nas propriedades rurais. Tanto a conformação quanto a locomoção podem ser avaliadas de forma indireta pela morfometria dos indivíduos e já são incluídas em programas de melhoramento de algumas raças de cavalos de sela (Rustin et al., 2009). A caracterização morfológica dos equinos está intrinsecamente

relacionada ao seu valor econômico, devido à influência que exerce no desempenho dos animais (Meira et al., 2013). Por esse motivo, medidas morfométricas são frequentemente utilizadas como critérios de seleção em plantéis de cavalos.

Selecionar os animais com base no seu valor genético ao invés da utilização apenas do seu fenótipo é mais vantajoso, uma vez que permite avaliar também o potencial genético de diferentes indivíduos, excluindo-se os impactos que o ambiente em que foram criados exerce sobre a manifestação do fenótipo observado. O uso de características morfométricas lineares também permite realizar a seleção para o mérito genético do animal com base no seu valor fenotípico, o que permite implantação de programa de melhoramento em raças equinas (Sánchez-Guerrero et al., 2017). Já que, cavalos que apresentam conformação dentro dos padrões de sua raça, tem maior chance de apresentar melhor performance do que os que não tem (Wallin et al., 2003).

Implementar análises de parâmetros genéticos para criação de equinos, pode tornar mais eficaz a seleção para conformação e andamento (Rustin et al., 2009). Com isso, é importante quantificar adequadamente os parâmetros e valores genéticos dos animais nos programas de melhoramento para selecionar os animais com maior confiabilidade. Por esse motivo, objetivou-se com este trabalho estimar parâmetros genéticos e avaliar a evolução genética ao longo de 26 anos para características morfométricas de equinos Mangalarga Marchador.

## **3.2. Material e Métodos**

### **3.2.1. Dados**

O banco de dados utilizado para a realização deste trabalho foi fornecido pelo Serviço de Registro Genealógico da Associação Brasileira dos Criadores de Cavalo

Mangalarga Marchador (ABCCMM). Foram utilizados registros de 38.431 animais, sendo 8.405 machos e 30.026 fêmeas, distribuídos em 1.169 fazendas por todo território brasileiro. Esses animais foram filhos de 6.956 garanhões com 5,52 filhos em média (mínimo=1; máximo=326) e 24.076 mães com 1,60 filhos em média (mínimo=1; máximo=27). A matriz de pedigree foi composta por 77.719 animais.

Foram avaliadas 12 características mensuradas por técnicos credenciados e treinados pela ABCCMM, em animais a partir dos três anos de idade, para realização do registro definitivo. As características foram: altura na cernelha (AC); altura na garupa (AG); comprimento de cabeça (CCA); comprimento de corpo (CCO); comprimento de espádua (CE); comprimento de garupa (CG); comprimento de pescoço (CP); comprimento de dorso lombo (DL); largura de cabeça (LC); largura de garupa (LG); perímetro de canela (PC); perímetro de tórax (PT), como descritas por Cabral et al. (2004) e Gonçalves et al. (2012).

O banco de dados continha apenas registros de animais que possuíam pai e mãe conhecidos, informações de todas as 12 medidas lineares, fossem fêmeas ou machos inteiros, nascidos e criados até a data do registro definitivo na mesma fazenda, registrados entre três e cinco anos, nascidos entre 1987 e 2012 e pertencentes a fazendas com 10 animais ou mais animais. As estatísticas descritivas para o arquivo de dados em estudo encontram-se na Tabela 3.1.

Tabela 3. 1. Estatística descritiva para medidas morfométricas<sup>1</sup> de equinos Mangalarga Marchador

Características	n	$\bar{X}$	dp	Min.	Max.	CV(%)
AC (cm)	38.431	146,71	3,56	140	171	2,43
AG (cm)	38.431	145,67	3,38	135	157	2,32
CCA (cm)	38.431	56,41	2,02	42	87	3,58
CCO (cm)	38.431	149,13	4,13	133	176	2,77
CE (cm)	38.431	51,29	2,39	40	68	4,66
CG (cm)	38.431	50,58	2,69	36	63	5,32
CP (cm)	38.431	60,81	2,97	40	80	4,88
DL (cm)	38.431	48,58	3,64	35	68	7,49
LC (cm)	38.431	19,88	1,21	17	32	6,07
LG (cm)	38.431	49,51	2,11	39	62	4,27
PC (cm)	38.431	17,91	0,84	15	26	4,70
PT (cm)	38.431	171,11	5,76	143	197	3,36

<sup>1</sup>AC = altura na cernelha; AG = altura na garupa; CCA = comprimento de cabeça; CCO = comprimento de corpo; CE = comprimento de espádua; CG = comprimento de garupa; CP = comprimento de pescoço; DL = comprimento de dorso lombo; LC = largura de cabeça; LG = largura de garupa; PC = perímetro de canela; PT = perímetro de tórax; n = número de animais,  $\bar{X}$  = média, dp = desvio-padrão, Min. = menor observação, Max. = maior observação, CV(%) = coeficiente de variação.

### 3.2.2. Análises

Foram realizadas análises unicaracterísticas por meio do modelo animal, utilizando-se inferência bayesiana. Nessas análises foram considerados os efeitos fixos de sexo, fazenda, ano e mês de nascimento. O modelo estatístico em forma matricial utilizado para as análises unicaracterísticas foi:

$$y = Xb + Za + e,$$



em que:  $y$ , vetor de observações da característica morfométrica;  $X$ , matriz de incidência dos efeitos fixos;  $b$ , vetor de efeitos fixos;  $Z$ , matriz de incidência dos efeitos genéticos;  $a$ , vetor dos efeitos aleatórios genéticos aditivos;  $e$ , o erro associado a cada observação.

As seguintes pressuposições foram assumidas para os efeitos incluídos no modelo unicaracterístico: distribuições a priori do tipo flat,  $\beta$  ( $\beta$  constante); distribuições normais para  $\underline{a}$  ( $\underline{a} | A, \sigma_a^2 \sim N(0, A\sigma_a^2)$ ) e  $\underline{e}$  ( $\underline{e} | \sigma_e^2 \sim N(0, I_{N_i} \sigma_e^2)$ ); e qui-quadrado invertida e escalonadas para  $a_a^2$  ( $a_a^2 \sim \chi^{-2}(v_a, S_a^2)$ ) e  $\sigma_e^2$  ( $\sigma_e^2 \sim \chi^{-2}(v_e, S_e^2)$ ). Em que,  $A$ , é a matriz de parentesco,  $I_{N_i}$ , matriz identidade de ordem  $N_i$  ( $N_i$  = número de observações);  $\sigma_a^2$ , a variância genética aditiva;  $\sigma_e^2$ , a variância residual; e  $v_a$ ,  $v_e$ , e  $S_a^2$ ,  $S_e^2$ , os hiperparâmetros das distribuições qui-quadrado invertidas e escalonadas. Informações sobre as distribuições condicionais completas a posteriori são encontradas em Sorensen e Gianola (2008).

As amostras das distribuições condicionais completas foram obtidas por meio do amostrador de Gibbs utilizando o programa GIBBS1F90 (Misztal et al. 2015). Foram geradas cadeias de Gibbs de 220.000 iterações com descarte inicial de 20.000 amostras e intervalo de amostragem a cada 20 iterações. O tamanho da cadeia foi definido em análises preliminares, segundo o método de Raftery e Lewis (1992), disponível no pacote BOA (Smith 2007), do *software* R (The R Foundation for Statistical Computing, 2015). A convergência das cadeias foi avaliada por intermédio do critério proposto por Geweke (1992) disponível no mesmo programa e por inspeção visual dos valores amostrados a cada iteração.

As distribuições a posteriori foram obtidas por meio do programa POSTGIBBSF90 (Misztal et al. 2015) foram estimadas as médias a posteriori, e intervalos de alta densidade com 90% das amostras. Os parâmetros genéticos calculados foram a herdabilidade ( $h^2$ ) e o coeficiente de variação genético aditivo ( $CV_a$ ), como segue:

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_p^2}; CV_a(\%) = \frac{\sqrt{\sigma_a^2}}{\bar{X}};$$

em que:  $\sigma_p^2 = \sigma_a^2 + \sigma_e^2$ , e representa a variância fenotípica para a característica.

### 3.2.3. Tendência genética

As tendências genéticas dos efeitos diretos para todas as características avaliadas foram calculadas por meio de regressões lineares dos valores genéticos em função do ano de nascimento dos animais. Os coeficientes das regressões das tendências genéticas foram testados utilizando a estatística do Teste *F*.

## 3.3. Resultados

Os coeficientes de variação fenotípicos (Tabela 3. 1) para as 12 medidas morfométricas foram baixos, variando de 2,32 para altura de garupa (AG) a 7,49 para comprimento de dorso lombo (DL).

As herdabilidades estimadas para todas as características mensuradas em cavalos Mangalarga Marchador apresentaram valores altos (Tabela 3. 2), com médias a posteriori variando de 0,48 a 0,65. Os coeficientes de variação aditivos ( $CV_a$ ) foram baixos, com médias a posteriori variando de 1,61% a 5,23%.

Tabela 3. 2. Médias a posteriori (limites inferiores e superiores dos intervalos de alta densidade com 90% das amostras) dos parâmetros genéticos<sup>1</sup> de medidas morfométricas<sup>2</sup> de equinos Mangalarga Marchador

Característica	$\sigma_a^2$	$\sigma_e^2$	$\sigma_p^2$	$h^2$	$CV_a(\%)$
<b>AC (cm)</b>	5,60 (5,35; 5,85)	4,18 (4,01; 4,35)	9,78 (9,64; 9,91)	0,57 (0,55; 0,59)	1,61 (1,58; 1,65)
<b>AG (cm)</b>	5,70 (5,45; 5,95)	4,11 (3,93; 4,28)	9,82 (9,67; 9,94)	0,58 (0,56; 0,60)	1,64 (1,60; 1,68)
<b>CCA (cm)</b>	2,01 (1,92; 2,10)	1,84 (1,77; 1,90)	3,85 (3,80; 3,90)	0,52 (0,50; 0,54)	2,52 (2,46; 2,57)
<b>CCO (cm)</b>	8,55 (8,18; 8,93)	6,90 (6,64; 7,17)	15,46 (15,23; 15,66)	0,55 (0,53; 0,57)	1,96 (1,92; 2,01)
<b>CE (cm)</b>	2,78 (2,65; 2,90)	2,51 (2,42; 2,60)	5,29 (5,21; 5,36)	0,53 (0,51; 0,54)	3,25 (3,18; 3,32)
<b>CG (cm)</b>	3,83 (3,60; 3,91)	3,18 (3,07; 3,29)	6,93 (6,84; 7,03)	0,54 (0,52; 0,56)	3,83 (3,75; 3,91)
<b>CP (cm)</b>	4,22 (4,04; 4,41)	3,79 (3,65; 3,91)	8,02 (7,91; 8,13)	0,53 (0,51; 0,55)	3,38 (3,31; 3,46)
<b>DL (cm)</b>	6,46 (6,22; 6,68)	4,64 (4,48; 4,79)	11,10 (10,95; 11,24)	0,58 (0,57; 0,60)	5,23 (5,14; 5,32)
<b>LC (cm)</b>	0,86 (0,83; 0,89)	0,46 (0,44; 0,48)	1,32 (1,30; 1,34)	0,65 (0,64; 0,67)	4,67 (4,59; 4,74)
<b>LG (cm)</b>	2,06 (1,97; 2,16)	2,22 (2,14; 2,29)	4,28 (4,22; 4,34)	0,48 (0,46; 0,50)	2,90 (2,83; 2,97)
<b>PC (cm)</b>	0,31 (0,29; 0,32)	0,31 (0,30; 0,32)	0,62 (0,61; 0,62)	0,50 (0,48; 0,52)	3,09 (3,02; 3,16)
<b>PT (cm)</b>	16,83 (16,11; 17,60)	15,33 (14,81; 15,87)	32,16 (31,71; 32,58)	0,52 (0,50; 0,54)	2,40 (2,35; 2,45)

<sup>1</sup> $\sigma_a^2$  = variância genética aditiva;  $\sigma_e^2$  = variância residual;  $\sigma_p^2$  = variância fenotípica,  $h^2$  = herdabilidade,  $CV_a$  = coeficiente de variação aditiva; <sup>2</sup>AC = altura na cernelha; AG = altura na garupa; CCA = comprimento de cabeça; CCO = comprimento de corpo; CE = comprimento de espádua; CG = comprimento de garupa; CP = comprimento de pescoço; DL = comprimento de dorso lombo; LC = largura de cabeça; LG = largura de garupa; PC = perímetro de canela; PT = perímetro de tórax.

A análise de tendência genética para as 12 características estudadas foi obtida por meio da regressão dos valores genéticos preditos em função do ano de nascimento. De acordo com essas análises (Figuras 3. 1 e 3. 2), observou-se que as tendências genéticas de 11 das 12 características foram significativas, mas de pequena magnitude no período de 26 anos para todas as características morfométricas, apenas para DL não foi significativa ( $P=0,6807$ ).

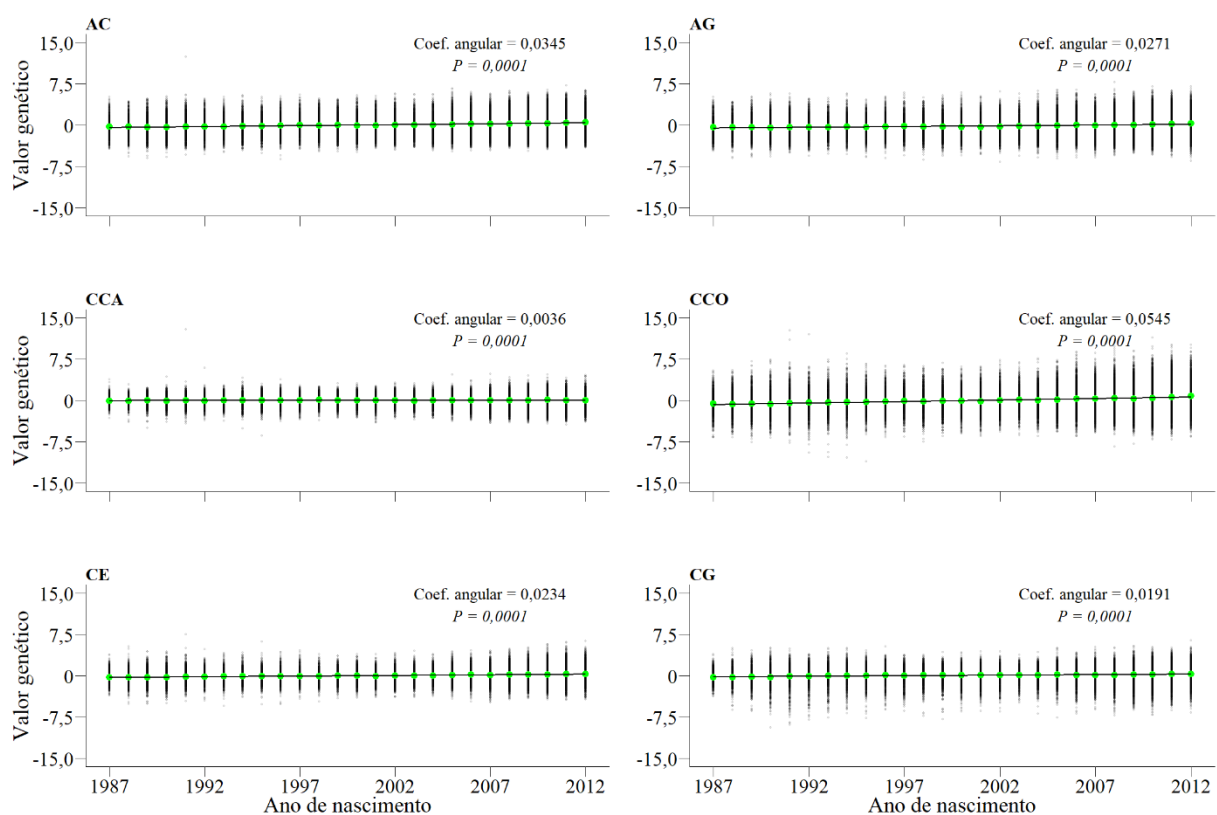


Figura 3. 1. Regressões dos valores genéticos (VG) em função do ano de nascimento de equinos da raça Mangalarga Marchador para as características altura de cernelha (AC), altura de garupa (AG), comprimento de cabeça (CCA), comprimento de corpo (CCO), comprimento de espádua (CE), comprimento de garupa (CG); os VG de cada animal (pontos cinzas), médias dos VG para cada ano (pontos verdes), tendência genética dos VG (linha preta).

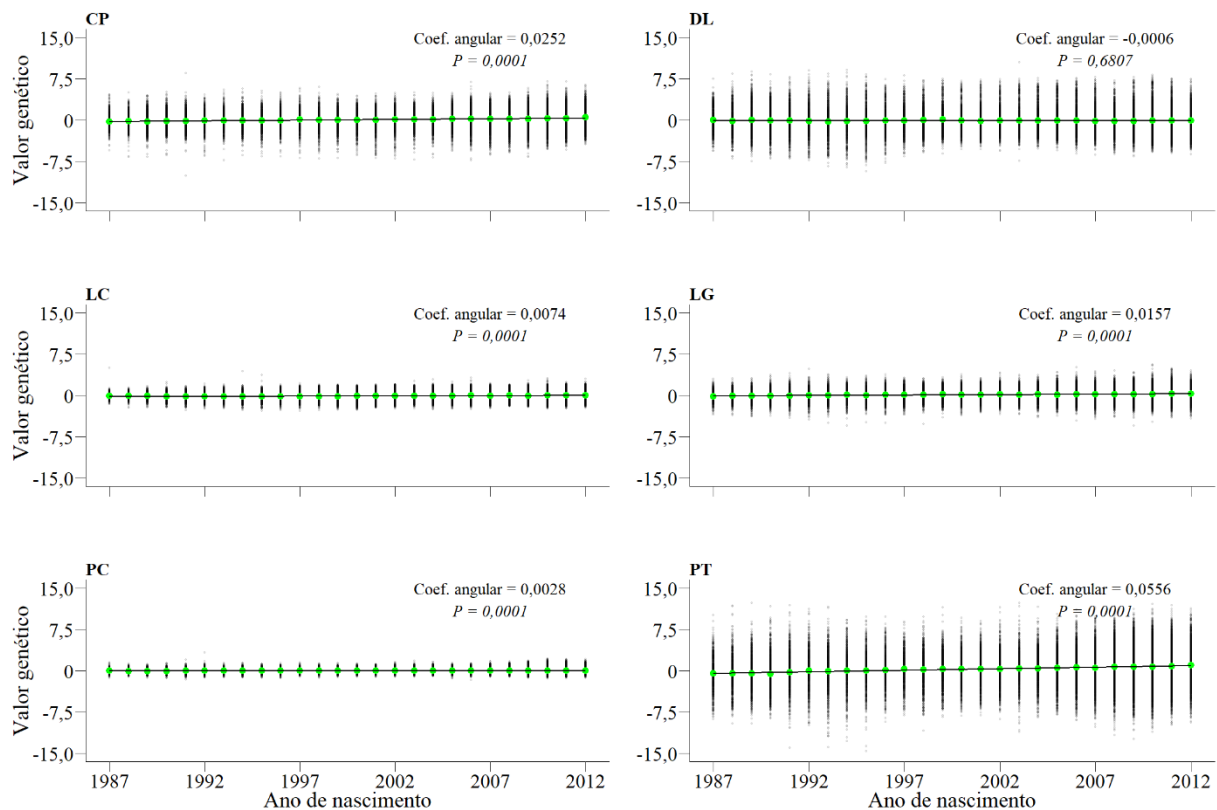


Figura 3. 2. Regressões dos valores genéticos (VG) em função do ano de nascimento de equinos da raça Mangalarga Marchador para as características comprimentos de pescoço (CP), comprimento dorso lombo (DL), larguras de cabeça (LC), largura da garupa (LG), perímetro de canela (PC) e perímetro de tórax (PT); os VG de cada animal (pontos cinzas), médias dos VG para cada ano (pontos verdes), tendência genética dos VG (linha preta).

Dividindo os coeficientes angulares das equações de regressão (Figura 3. 1 e 3. 2) pelos desvios padrões genéticos de cada característica, observou-se mudanças inferiores a 1,00% nas características CCA, CG, LC e PC ao longo dos anos avaliados, correspondendo a 0,25, 0,99, 0,80 e 0,51%, respectivamente. As demais características que se alteraram de forma significativa no período avaliado também apresentaram poucas mudanças, embora proporcionalmente maiores do que as características supracitadas. Dessa forma, para AC, AG,

CCO, CE, CP, LG e PT observou-se mudanças de 1,46, 1,13, 1,86, 1,40, 1,23, 1,09 e 1,36% ao ano, respectivamente.

### **3.4. Discussão**

A escolha de características morfométricas que estão geneticamente relacionadas com o desempenho do andamento permite uma avaliação precoce dos animais. Desta forma, tal avaliação pode economizar recursos que são despendidos até que o cavalo apresente seu potencial para ser equitado. Assim, há melhor direcionamento dos recursos para os animais que realmente possuem habilidades morfológicas desejáveis à sua função (Sánchez-Guerrero et al., 2017). Como as características de andamento são avaliadas em idade mais avançada, há possibilidade de delinear um programa de seleção mais conciso para cavalos tipo sela, com pré-seleção de animais antes da idade adulta a partir da análise de características indicativas, como aquelas relacionadas com morfometria. Sabendo que a conformação influencia nas habilidades dos cavalos, ela também foi introduzida em programas de melhoramento da raça Belgian Warmblood, além dos resultados em competições de andamentos, que já eram anteriormente usados nas escolhas dos acasalamentos (Rustin et al., 2009).

As médias para altura de cernelha (AC) encontradas neste estudo (Tabela 3. 1) estão dentro do intervalo (140,0 a 157,0 cm) preconizado pelo padrão da raça estudada neste trabalho, o que ocorreu por causa do uso de dados apenas de animais registrados na associação do Mangalarga Marchador. Esse registro é concedido apenas para animais que apresentam alguns pré-requisitos como estar entre valores estabelecidos e regulamentados e a medida da altura de garupa (AG) não deve ultrapassar a AC, sendo desclassificante apenas nos machos e aceitável em até 2,0 cm nas fêmeas (ABCCMM, 2016). Essa restrição na coleta de dados pode prejudicar as estimativas de componentes de variância, pois o banco de dados é

composto apenas por animais registrados, que já foram pré-selecionados, o que pode diminuir a variabilidade genética.

A variância fenotípica (Tabela 3. 2) para as características largura de garupa (LG) e perímetro de canela (PC) foi influenciada por fatores ambientais e genéticos aditivos de maneira semelhante, uma vez que houve sobreposição dos intervalos de alta densidade entre as variâncias genéticas aditiva e residual. Os efeitos genéticos aditivos contribuíram mais do que os efeitos ambientais para explicar a variância fenotípica das características altura de cernelha (AC), altura de garupa (AG), comprimento de cabeça (CCA), comprimento de corpo (CCO), comprimento de espádua (CE), comprimento de garupa (CG), comprimento de pescoço (CP), DL, largura de cabeça (LC) e perímetro de tórax (PT).

Os baixos valores encontrados no presente estudo para os coeficientes de variação aditivos ( $CV_a$ ) demonstram que as 12 características morfométricas apresentam baixo potencial evolutivo, mesmo com valores altos para as herdabilidades. Por isso, é importante realizar uma avaliação conjunta entre o  $CV_a$  e a herdabilidade pois, segundo Hansen et al. (2003) mesmo características que apresentam altos valores de herdabilidade podem não apresentar alto potencial evolutivo, uma vez que altos valores de herdabilidade sugerem apenas alta variabilidade genética. Houle (1992) afirmou que o  $CV_a$  é o parâmetro mais indicado para inferir a respeito da evolução de características, em razão deste ser um parâmetro muito sensível a medidas de baixa variabilidade Hansen et al. (2003). Em raças equinas, que possuem tipos morfológicos pré-estabelecidos, baixos valores de  $CV_a$  são desejáveis. Estes podem ser alcançados selecionando-se animais com valores genéticos próximos de zero.

Uma forma de aumentar a variabilidade genética entre os animais de um rebanho é a manutenção e o acasalamento de indivíduos de linhagens distintas, o que resulta em baixos

valores de endogamia. Com isso, deve-se fazer acasalamentos direcionados, para a endogamia ser mantida em valores abaixo de 5%, assim, não comprometendo as características morfométricas (Gonçalves et al., 2012). Os altos valores de herdabilidade verificados pelo presente trabalho corroboram os resultados de Faria et al. (2004). Os autores também avaliaram as herdabilidades para as medidas morfométricas AC, comprimento de corpo (CCO), perímetro de canela (PC) e perímetro de tórax (PT) em potros de três raças criadas no Brasil e encontraram valores variando de moderados a altos (0,43, 0,20, 0,54 e 0,38, respectivamente). Da mesma maneira, Molina et al. (1999) encontraram média de herdabilidade, para raça Puro Sangue Espanhol (raça equina tipo sela da Espanha), de  $0,72 \pm 0,10$  para CCO e  $0,35 \pm 0,11$  para PC. Estes autores também observaram valores próximos para AC ( $0,58 \pm 0,14$ ) e PT ( $0,48 \pm 0,09$ ) aos estimados neste trabalho. Demonstrando que nessas raças essas características são fortemente influenciadas por fatores genéticos.

Diferente dos valores de herdabilidade verificados pelo presente trabalho, Bramante et al. (2016) encontraram herdabilidades moderadas para três características morfométricas de AC, PC e PT de cavalos da raça Murgese (0,27, 0,31 e 0,24, respectivamente). Herdabilidades baixas ou moderadas podem ser resultado de efeitos ambientais não considerados no modelo ou pela baixa influência dos genes sobre a característica. Entretanto, especificamente para essa raça é possível que tais valores de herdabilidade tenham sido verificados devido à falta de uniformidade, pois segundo os autores as linhagens que deram origem a ela ainda estão sendo padronizadas.

Em estudo com medidas morfométricas de cavalos Pura Raça Espanhola Sánchez-Guerrero et al. (2017), observaram valores de herdabilidade moderados de 0,15 para comprimento de garupa (CG) e largura de cabeça (LC), e alto para PC (0,53). Sánchez et al. (2013) também realizaram estudo com animais dessa mesma raça, e observaram valores de baixos a altos para medidas de AC, comprimento de cabeça (CCA), CG, comprimento de



pescoço (CP), LC e PC (0,21, 0,35, 0,17, 0,14, 0,09 e 0,30, respectivamente). Rustin et al. (2009) encontraram herdabilidades de moderadas a altas (0,15 a 0,55) para características conformacionais de cavalos Belgian Warmblood e afirmaram que são características herdáveis e que a seleção pode ser realizada para modificação das medidas de características de conformação. Os resultados dos trabalhos citados são diferentes dos apresentados no presente trabalho não só por analisarem dados de raças distintas, mas também por utilizarem metodologias distintas na padronização dos dados para estimar os parâmetros genéticos. No presente trabalho as medidas morfométricas foram mensuradas diretamente no corpo dos animais com a utilização de instrumentos métricos, enquanto os demais autores utilizaram um sistema de pontuação linear de avaliação visual para atribuição de valores às diferentes regiões corporais. Segundo Sánchez et al. (2013), os parâmetros genéticos obtidos através do sistema de pontuação linear também são capazes de gerar informações de qualidade para características de conformação para a Pura Raça Espanhola. Mas, a mensuração pode ser mais confiável do que o sistema de score empregado em algumas raças, pois este é obtido diretamente nos animais, já o score é feito de forma subjetiva e, em alguns casos, por mais de um avaliador.

Os coeficientes angulares obtidos para as regressões dos valores genéticos em função do ano de nascimento dos cavalos foram positivos e, de maneira geral, significativos, demonstrando que houve tendência de aumento nas medidas com o passar dos anos, mesmo que discreto (Figuras 3. 1 e 3. 2). Costa et al, (2001) avaliaram as tendências genéticas de 10 medidas morfométricas (AC, AG, CCA, CCO, CG, CP, DL, LC, LG e LP) de pôneis da raça Brasileira, e encontraram valores negativos para todas as medidas no período avaliado. Esses autores constataram que esses resultados foram favoráveis para quase todas as medidas, exceto para DL, LG e LP, já que é desejável a redução das medidas na raça, uma vez que os menores animais são mais valorizados. Com isso, pode-se observar que as características

morfométricas respondem tanto a seleção positiva quanto a negativa, dependendo do interesse de criação. Para a raça Mangalarga Marchador os tipos morfológicos são pré-estabelecidos como padrões da raça, por isso, pouca alteração no tamanho dos animais é desejável.

Para o Mangalarga Marchador, são necessários estudos de associação entre morfometria e andamento, a fim de definir melhor o direcionamento e critérios de seleção para criação de um programa de melhoramento genético para a raça. É importante destacar que, assim como características morfométricas, as características cinemáticas devem ser avaliadas (Solé et al., 2014), mesmo que de difícil e dispendiosa mensuração. Prado e Mota (2008) estimaram correlações entre andamento e características de conformação e encontraram valores moderados (0,55) entre as medidas. Os autores inferiram que a seleção aplicada à conformação pode levar a mudanças genéticas favoráveis para andamento. O andamento pode ser influenciado pelas proporções corporais e é muito valorizado em cavalos tipo sela. Assim, quando avaliadas em conjunto, será possível direcionar a seleção não só baseada na morfometria, mas também com a avaliação do andamento (Valera et al., 2008). Por isso, deve ser ressaltada a necessidade da coleta de dados cinemáticos afim de melhorar a qualidade das informações utilizadas para a seleção da raça.

### **3.5. Conclusões**

As herdabilidades para as características morfométricas de equinos Mangalarga Marchador são altas, já a variabilidade e as tendências genéticas são baixas, indicando que a seleção pode ser praticada para essas características, mas os ganhos efetivos são baixos. Há tendência a aumento nas dimensões dos animais dessa categoria ao longo dos anos.

### 3.6. Referências bibliográficas

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE CRIADORES DE CAVALO MANGALARGA MARCHADOR - ABCCMM. Belo Horizonte, 2016. Disponível em: <[www.abccmm.org.br](http://www.abccmm.org.br)>, Acesso em: 11 abril 2016.

BRAMANTE, G.; CITO, A.M.; CIANI, E.; PIERAGOSTINI, E. Multi-trait animal model estimation of genetic parameters for morphometric measurements in the Murgesse horse breed. *Livestock Science*, v.191, p.139–142, 2016.

CABRAL, G.C.; ALMEIDA, F.Q.; QUIRINO, C.R. et al. Avaliação morfométrica de equinos da raça Mangalarga Marchador: medidas lineares. *Revista Brasileira de Zootecnia*, v.33, p.989-1000, 2004.

COSTA, M.D.; BERGMANN, J.A. G.; PEREIRA, C.S.; PEREIRA, J.C.C.; REZENDE, A.S.C. Tendência genética de medidas lineares de pôneis da raça Brasileira. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, v.53, n.2, 2001.

FARIA, R.; E SILVA, M. de A.; BUENO, R. S.; TORRES, R. de A.; LOPES, P. S.; EUCLYDES, R. F.; PEREIRA, J. C. C.; BERGMANN, J. A. G.; FRIDRICH, Â. B.; FERREIRA, I. C. Avaliação genética e fenotípica de características de conformação em potros de três raças equinas. *Revista Ceres*, v. 51, n. 295, p. 333–344, 2004.

GEWEKE, J. “Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculation of posterior moments”, in *Bayesian Statistics 4* (eds. J.M. Bernardo, J.O. Berger, A.P. David and A.F.M. Smith), pp. 169–193, Oxford University Press, Oxford.1992.

GONÇALVES, R.W.; COSTA, M.D.; REZENDE, A.S.C.; ROCHA JÚNIOR, V.R.; LEITE, J.R.A. Effect of inbreeding on morphometric traits in Mangalarga Marchador horses. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, v.64, n.2, p.419–426, 2012.

HANSEN, T.F.; PÉLABON, C.; SCOTT ARMBRUSTER, W.; CARLSON, L.M. Evolvability and genetic constraint in *Dalechampia* blossoms: components of variance and measures of evolvability. *Journal of Evolutionary Biology*, v.16, p.754-766, 2003.

HOULE, D. Comparing Evolvability and Variability of quantitative traits. *Genetics*, v.130, p.195-204, 1992.

LIMA, R.A.S. e CINTRA, A.G. *Revisão do Estudo do Complexo do Agronegócio do Cavalo*, Brasília: Câmara de Equideocultura do Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento, 2015.

MEIRA, C.T.; PEREIRA, I.G.; FARAH, M.M.; PIRES, A.V.; GARCIA, D.A.; CRUZ, V.A.R. Seleção de características morfofuncionais de cavalos da raça Mangalarga Marchador por meio da análise de componentes principais. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, v.65, n.6, p.1843-1848, 2013.

MISZTAL, I.; TSURUTA, S.; LOURENCO, D.; AGUILAR, I.; LEGARRA, A.; VITEZICA, Z. *Manual for BLUPF90 family of programs* [Internet]. Athens: University of Georgia; 2015. Available: [ftp://tech.obihiro.ac.jp/suzuki/blupf90\\_all2.pdf](ftp://tech.obihiro.ac.jp/suzuki/blupf90_all2.pdf)

MOLINA, A.; VALERA, M.; DOS SANTOS, R.; RODERO, A. Genetic parameters of morphofunctional traits in Andalusian horse. *Livestock Production Science*, v.60, p.295–303, 1999.

PRADO, R,S,A.; MOTA, M,D,S, Correlações entre deslocamento e conformação em equinos Mangalarga. *Archivos de Zootecnia*, v,57, n,218, p,165-169, 2008.

RAFTERY, A.L; LEWIS, S. One long run with diagnostics: implementation strategies for Markov Chain Monte Carlo. *Statistic Science*, v.7, p.493-497, 1992.

RUSTIN, M.; JANSSENS, S.; BUYS, N.; GENGLER, N. Multi-trait animal model estimation of genetic parameters for linear type and gait traits in the Belgian Warmblood horse. *Journal Animal Breeding and Genetics*, v.126, p.378-386, 2009.

SÁNCHEZ, M.J.; GÓMEZ, M.D.; MOLINA, A.; VALERA, M. Genetic analyses for linear conformation traits in Pura Raza Español horses. *Livestock Science*, v.157, p.57-64. 2013.

SÁNCHEZ-GUERRERO, M.J.; CERVANTES, I.; MOLINA, A.; GUTIÉRREZ, J. P.; M. VALERA. J. P. Designing an early selection morphological linear traits index for dressage in the Pura Raza Español horse. *Animal*, v.11, n.6, p948-957, 2017.

SMITH, B.J. Boa: an R package for MCMC output convergence assessment and posterior inference. *Journal of Statistical Software*, v.21, 37p., 2007.

SOLÉ, M.; SANTOS, R.; MOLINA, A.; GALISTEO, A.; VALERA, M. Genetic analysis of kinematic traits at the trot in Lusitano horse subpopulations with different types of training. *Animal*, v.8, n.2, p.192–199, 2014.

SORENSEN, M.K.; NORBERG, E.; PEDERSEN, J.; CHEISTENSENS, L.G. Invited review: crossbreeding in dairy cattle: A Danish Perspective. *Journal Dairy Science*, v. 91, p. 4116-4128, 2008.

SUONTAMA, M.; VAN DER WERF, J.H.J.; JUGA, J.; OJALA, M. Genetic correlations for foal and studbook traits with racing traits and implications for selection strategies in the Finnhorse and Standardbred trotter. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, v.130, p.178–189, 2013.

VALERA, M.; GALISTEO, A.M.; MOLINA, A.; MIRÓ, F.; GÓMEZ, M.D.; CANO, M.R.; AGÜERA, E. Genetic parameters of biokinematic variables of the trot in Spanish Purebred horses under experimental treadmill conditions. *The Veterinary Journal*, 8p., 2007.

WALLIN, L.; STRANDBERG, E.; PHILIPSSON, J. Genetic correlations between field test results of Swedish Warmblood Riding Horses as 4-year-olds and lifetime performance results in dressage and show jumping. *Livestock Production Science*, v.82, p.61-71, 2003.

#### 4. ARTIGO 2

### **Componentes principais para escolha de variáveis morfométricas e seus parâmetros genéticos em equinos**

**Resumo.** O objetivo com este trabalho foi determinar as características morfométricas de equinos Mangalarga Marchador que mais explicam a variabilidade fenotípica por meio da análise de componentes principais e verificar como a utilização dessas características podem afetar a eficiência da seleção em um programa de melhoramento genético. Foram utilizados registros de 38.431 animais, sendo 8.405 machos e 30.026 fêmeas, distribuídos em 1.169 fazendas, sendo a matriz de pedigree composta por 77.719 animais. As características estudadas foram: altura na cernelha (AC); altura na garupa (AG); comprimento de cabeça (CCA); comprimento de corpo (CCO); comprimento de espádua (CE); comprimento de garupa (CG); comprimento de pescoço (CP); comprimento de dorso lombo (DL); largura de cabeça (LC); largura de garupa (LG); perímetro de canela (PC); perímetro de tórax (PT). Os dados fenotípicos foram submetidos à análise de componentes principais e posteriormente a eliminação das variáveis com autovalor abaixo de 0,70 foi realizada a avaliação genética por meio de um modelo multicaracterístico com seis características para as variáveis AG, CG, CP, DL, LC e LG que foram mantidas por apresentar maior capacidade em explicar a variância total observada. As 12 características foram, então, agrupadas duas a duas e analisadas por meio do modelo animal multicaracterístico via inferência bayesiana. Seis componentes principais e seus autovalores apresentam-se inferiores a 0,7, indicando que este é o número de variáveis a serem descartadas no modelo. Após a exclusão das variáveis, as características que permaneceram no modelo foram capazes de explicar 80,04% da variabilidade total observada.

As médias à posteriori das herdabilidades obtidas por meio do modelo multicaracterístico com seis características foram iguais a AG (0,48), CG (0,32), CP (0,29), DL (0,38), LC (0,36) e LG (0,30). As correlações genéticas estimadas pelo modelo MULT com seis características variaram de baixas a moderadas. De modo geral, as correlações residuais e fenotípicas estimadas pelo modelo multicaracterístico com seis características variaram de baixas a moderadas. As herdabilidades obtidas por meio do modelo multicaracterístico com duas características foram de baixas a moderadas. As correlações genéticas estimadas por meio do modelo multicaracterístico com duas características foram altas entre AC e AG, entre CCO e AC e entre CCO e AG. Por meio da análise de componentes principais é possível selecionar as medidas morfométricas mais representativas para a raça Mangalarga Marchador. Dessa maneira a avaliação genética dos animais não necessita de ser realizada com todas as características e tornando a seleção eficiente.

**Palavras-chave:** análise discriminatória, Mangalarga Marchador, componentes principais, correlação genética, medidas lineares.



#### 4.1. Introdução

No Brasil, os equinos são muito valorizados em virtude, principalmente, das características de morfologia e andamento. Dentre as raças equinas manejadas no Brasil a Mangalarga Marchador é a mais numerosa (Gonçalves et al., 2012) e conta com um efetivo de mais de 500.000 animais registrados na Associação (ABCCMM, 2018). A avaliação corporal desses animais é realizada por meio da mensuração de medidas lineares, executada por técnicos credenciados para registros definitivos nas associações.

Por meio dos dados fenotípicos disponibilizados pelas associações é possível estimar os parâmetros genéticos para as características de interesse e obter os valores genéticos dos animais. Desta maneira, a seleção baseada nos valores genéticos estimados é potencialmente mais adequada para escolha dos pais da próxima geração. É importante ressaltar que o número de dados coletados pelas associações é muito elevado e provavelmente muitas das medidas morfológicas realizadas são redundantes (Meira et al., 2013).

Na prática, é pouco frequente uma relação perfeita entre as características, por exemplo, correlações iguais à unidade. O que normalmente é verificado, em alguns casos, são associações muito fortes entre diversas variáveis, o que pode significar a existência de alguma informação redundante. Neste sentido, reduzir a dimensionalidade dos dados por meio de uma análise de componentes principais, de modo que apenas informações mais relevantes fossem mantidas é uma alternativa para a redução do número de medidas morfológicas mensuradas pelas associações de criados de equinos. Neste sentido o custo e tempo dispendido poderia ser reduzido uma vez que a mensuração de medidas redundantes seria eliminada.

A análise de componentes principais (ACP) baseia-se na transformação do conjunto de dados original em um conjunto de componentes principais onde cada componente retém a porcentagem da variância original que decresce do primeiro ao último componente principal (Morrisson, 1976). Assim, por meio da ACP características redundantes seriam identificadas e eliminadas, por contribuírem com pequena fração da variância.

Quando apenas características que, de fato, são relevantes são consideradas no momento das avaliações genéticas, principalmente em situações onde o conhecimento das (co)variâncias e correlações é desejável, a parametrização do modelo pode ser reduzida, bem como o tempo e processamento dispendido para as análises. Assim, quando correlações precisam ser estimadas, o emprego de modelos multicaracterísticos pode ser uma alternativa nas avaliações genéticas. Por meio do conhecimento das correlações entre características que contribuem altamente para explicação da variância é possível verificar a influência que a seleção de uma poderia exercer sobre a resposta da outra, sejam elas correlacionadas positiva ou negativamente.

Diante do exposto, o objetivo neste trabalho foi determinar as características morfométricas de equinos Mangalarga Marchador que mais explicam a variabilidade fenotípica por meio da análise de componentes principais e verificar como a utilização dessas características podem afetar a resposta esperada a seleção.

## **4.2. Material e Métodos**

### **4.2.1. Dados**

O banco de dados utilizado para a realização deste trabalho foi fornecido pelo Serviço de Registro Genealógico da Associação Brasileira dos Criadores de Cavalos Mangalarga Marchador (ABCCMM). Foram utilizados registros de 38.431 animais, sendo

8.405 machos e 30.026 fêmeas, distribuídos em 1.169 fazendas. Desse total de animais, 6.956 eram garanhões com 5,52 filhos em média (mínimo = 1; máximo = 326), e 24.076 mães com 1,60 filhos em média (mínimo = 1; máximo = 27). A matriz de pedigree foi composta por 77.719 animais.

As características estudadas foram: altura na cernelha (AC); altura na garupa (AG); comprimento de cabeça (CCA); comprimento de corpo (CCO); comprimento de espádua (CE); comprimento de garupa (CG); comprimento de pescoço (CP); comprimento de dorso lombo (DL); largura de cabeça (LC); largura de garupa (LG); perímetro de canela (PC); perímetro de tórax (PT).

O banco de dados continha apenas registros de animais que possuíam pai e mãe conhecidos, informações de todas as 12 medidas lineares, fossem fêmeas ou machos inteiros, nascidos e criados até a data do registro definitivo na mesma fazenda, registrados entre três e cinco anos, nascidos entre 1987 e 2012 e pertencentes a fazendas com 10 animais ou mais. As estatísticas descritivas para o arquivo de dados em estudo encontram-se na Tabela 4. 1.

Tabela 4. 1. Estatísticas descritivas para medidas morfométricas<sup>1</sup> de equinos Mangalarga Marchador

Características	n	$\bar{X}$	dp	Min.	Max.	CV (%)
AC (cm)	38.431	146,71	3,56	140	171	2,43
AG (cm)	38.431	145,67	3,38	135	157	2,32
CCA (cm)	38.431	56,41	2,02	42	87	3,58
CCO (cm)	38.431	149,13	4,13	133	176	2,77
CE (cm)	38.431	51,29	2,39	40	68	4,66
CG (cm)	38.431	50,58	2,69	36	63	5,32
CP (cm)	38.431	60,81	2,97	40	80	4,88
DL (cm)	38.431	48,58	3,64	35	68	7,49
LC (cm)	38.431	19,88	1,21	17	32	6,07
LG (cm)	38.431	49,51	2,11	39	62	4,27
PC (cm)	38.431	17,91	0,84	15	26	4,70
PT (cm)	38.431	171,11	5,76	143	197	3,36

n = número de animais,  $\bar{X}$  = média, dp = desvio-padrão, Min = valor mínimo, Max = valor máximo, CV(%) = coeficiente de variação; <sup>1</sup>AC = altura na cernelha; AG = altura na garupa; CCA = comprimento de cabeça; CCO = comprimento de corpo; CE = comprimento de espádua; CG = comprimento de garupa; CP = comprimento de pescoço; DL = comprimento de dorso lombo; LC = largura de cabeça; LG = largura de garupa; PC = perímetro de canela; PT = perímetro de tórax.

#### 4.2.2. Análises de componentes principais

Os dados fenotípicos foram submetidos à análise de componentes principais. Para tal, optou-se pela utilização de uma matriz de correlação ao invés de uma matriz de covariância para amenizar possíveis discrepâncias acentuadas entre as variâncias e permitir as comparações entre os autovetores em um componente. A técnica de componentes principais, a partir da matriz de correlação, consiste em transformar um conjunto de  $p$  variáveis em um

novo conjunto. Para a realização da análise, uma vez que utilizou-se a matriz de correlação, os fenótipos das 12 características foram padronizadas para média zero e variância um.

O critério para descarte de variáveis utilizado foi baseado nas recomendações de Jolliffe (1972), que sugere que o número de variáveis descartadas deve ser igual ao número de componentes principais cuja variância (autovalor) é inferior a 0,7; e na sugestão de Khattree e Dayanand (2000) os quais consideram que a variável que apresentar o maior coeficiente em valor absoluto no componente principal de menor autovalor (menor variância), deverá ser menos importante para explicar a variância total e, portanto, passível de descarte. Assim, o processo de descarte consiste em considerar o componente correspondente ao menor autovalor e rejeitar a variável associada ao maior coeficiente de ponderação (em valor absoluto). A razão para isso é que variáveis altamente correlacionadas aos componentes principais de menor variância representam variação praticamente insignificante. Todas as análises foram feitas utilizando-se o procedimento PRINCOMP do programa SAS 9.0 (2002).

Após a determinação do número de componentes necessário para o estudo das 12 características morfométricas apresentadas no presente trabalho, avaliou-se graficamente a capacidade dos dois primeiros componentes principais, que explicam a maior parcela da variância total, em explicar o fenótipo dos equinos Mangalarga Marchador e, ainda, se por meio desses componentes é possível observar diferentes grupos de animais em função de todos os efeitos que possam favorecer a separação desses grupos. Para realização dessa inspeção gráfica a solução para cada animal dentro de cada componente foi obtida como segue:

$$S_{X_y} = cp_{1_y} \times ps_{X_1} + cp_{2_y} \times ps_{X_2} + cp_{3_y} \times ps_{X_3} + \dots + cp_{11_y} \times ps_{X_{11}} + cp_{12_y} \times ps_{X_{12}} ;$$

em que:  $S_{X_y}$  é a solução para o animal  $X$  ( $X = 1$  a 38.431) na componente  $y$  ( $y = 1$  ou 2);  $cp_{k_y}$  é o coeficiente de ponderação  $k$  ( $k = 1$  a 12) do autovetor do componente  $y$ ; e  $ps_l$  é o fenótipo padronizado do animal  $X$  para a característica  $l$  ( $l = 1$  a 12).

Foram feitas figuras para inspeção gráfica dos fatores que poderiam apresentar capacidade em separar os animais em grupos de fenótipos de acordo com os dois primeiros componentes. As figuras foram feitas de acordo com os efeitos fixos considerados nas análises genéticas por meio do modelo animal, sendo esses os efeitos que influenciam a média dos fenótipos medidos, que foram ano e mês de nascimento, sexo, fazenda – classificada por região, e idade em que os animais obtiveram registro definitivo. Para o ano de nascimento, os animais foram agrupados em três classes (1- 1987 a 1997, 2- 1998 a 2007 e 3- 2008 a 2012). No total, foram 5 classes formadas para o efeito fazenda (regiões Norte, Nordeste, Centro-Oeste, Sudeste e Sul). Para idade, foram formadas 4 classes (3 - 3,5 anos; > 3,5 - 4,0 anos, > 4,0 – 4,5 anos e >4,5 anos). Cada mês de nascimento e cada sexo foi considerado uma classe diferente.

#### 4.2.3. Análises multicaracterística

Posteriormente a eliminação das variáveis com autovalor abaixo de 0,70 foi realizada a avaliação genética por meio de um modelo multicaracterístico para as variáveis que foram mantidas por apresentar maior capacidade em explicar a variância total observada.

As análises multicaracterísticas foram realizadas por meio do modelo animal, utilizando-se inferência bayesiana. O modelo estatístico em forma matricial pode ser representado como:

$$y = X\beta + Za + e,$$

em que:  $y$ , vetor de observações da característica morfométricas;  $X$ , matriz de incidência dos efeitos fixos;  $b$ , vetor de efeitos fixos;  $Z$ , matriz de incidência dos efeitos genéticos;  $a$ , vetor dos efeitos aleatórios genéticos aditivos;  $e$ , o erro associado a cada observação. Os efeitos fixos considerados na análise foram sexo, fazenda, ano e mês de nascimento e considerou-se a idade à avaliação como covariável.

O modelo estatístico em forma matricial utilizado para as análises foi:

$$\begin{bmatrix} y_1 \\ \vdots \\ y_n \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 & \Phi & \dots & \Phi \\ \Phi & X_2 & \dots & \Phi \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \Phi & \Phi & \dots & X_n \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta_1 \\ \beta_2 \\ \vdots \\ \beta_n \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_1 & \Phi & \dots & \Phi \\ \Phi & Z_2 & \dots & \Phi \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \Phi & \Phi & \dots & Z_n \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_1 \\ a_2 \\ \vdots \\ a_n \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_1 \\ e_2 \\ \vdots \\ e_n \end{bmatrix};$$

em que:  $y_j$ , representa o vetor com observações da característica  $j$  ( $j = 1$  a  $n$ , em que  $n$  é o número de características mantidas após a realização da análise multivariada);  $X_j$ , a matriz de incidência para os efeitos fixos;  $\beta_j$ , o vetor de soluções para os efeitos fixos,  $Z_j$ , a matriz de incidência dos efeitos aleatórios;  $a_j$ , o vetor de soluções para o valor genético de cada animal para a característica  $j$ , e  $e_j$ , o vetor de efeito residual associado a cada observação da característica  $j$ . Foram assumidas as seguintes distribuições a priori para o MTM:

$$\begin{bmatrix} \beta_1 & \beta_2 & \dots & \beta_n \end{bmatrix}^t \sim \text{constante}, \quad \begin{bmatrix} a_1 & a_2 & \dots & a_n \end{bmatrix}^t \Big| A, G_0 \sim N\left([00\dots 0]^t, G_0 \otimes A\right) \quad e$$

$\begin{bmatrix} e_1 & e_2 & \dots & e_n \end{bmatrix}^t \Big| R_0 \sim N\left([00\dots 0]^t, R_0 \otimes I_{N_i}\right)$ , em que  $G_0$  representa a matriz de (co)variâncias genéticas aditivas entre as características;  $\otimes$ , o operador produto direto entre matrizes e  $R_0$ , a

matriz de (co)variância residual entre as características, tal que  $G_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{a_1}^2 & \sigma_{a_1 a_2} & \cdots & \sigma_{a_1 a_n} \\ \sigma_{a_1 a_2} & \sigma_{a_2}^2 & \cdots & \sigma_{a_2 a_n} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \sigma_{a_1 a_n} & \sigma_{a_2 a_n} & \cdots & \sigma_{a_n}^2 \end{bmatrix}$

e  $R_0 = \begin{bmatrix} \sigma_{e_1}^2 & \sigma_{e_1 e_2} & \cdots & \sigma_{e_1 e_n} \\ \sigma_{e_1 e_2} & \sigma_{e_2}^2 & \cdots & \sigma_{e_2 e_n} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \sigma_{e_1 e_n} & \sigma_{e_2 e_n} & \cdots & \sigma_{e_n}^2 \end{bmatrix}$ . Distribuições de Wishart invertida foram assumidas para as

matrizes de covariância  $G_0 (G_0 \sim IW(\Sigma_a^2, n_a))$  e  $R_0 (R_0 \sim IW(\Sigma_e^2, n_e))$ , em que  $\Sigma_a^2$ ,  $\Sigma_e^2$ ,  $n_a$  e  $n_e$  representam os hiperparâmetros das distribuições de Wishart invertidas. Informações sobre as distribuições condicionais completas a posteriori são encontradas em Sorensen e Gianola (2008).

As amostras das distribuições condicionais completas foram obtidas por meio do amostrador de Gibbs utilizando o programa GIBBS1F90 (Misztal et al. 2015). Foram geradas cadeias de Gibbs de 110.000 amostras com descarte inicial de 10.000 amostras e intervalo de amostragem a cada 10 iterações. O tamanho da cadeia foi definido em análises preliminares, segundo o método de Raftery e Lewis (1992), disponível no pacote BOA (Smith 2007), do *software* R (The R Foundation for Statistical Computing, 2015). A convergência das cadeias foi avaliada por intermédio do critério proposto por Geweke (1992) disponível no mesmo programa e por inspeção visual dos valores amostrados a cada iteração.

As distribuições a posteriori foram obtidas por meio do programa POSTGIBBSF90 (Misztal et al. 2015) foram estimadas as médias a posteriori, e intervalos de alta densidade com 90% das amostras (HPD90), no intuito de verificar a incerteza na predição. Os parâmetros genéticos calculados foram a herdabilidade do efeito direto ( $h^2$ ), correlações genéticas ( $r_{g,j,j}$ ), correlações residuais ( $r_{e,j,j}$ ) e correlações fenotípicas ( $r_{p,j,j}$ ), como segue:



$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_p^2}, r_{a_j, j'} = \frac{\sigma_{a_j a_{j'}}}{\sqrt{\sigma_{a_j}^2 \times \sigma_{a_{j'}}^2}}, r_{e_j, j'} = \frac{\sigma_{e_j e_{j'}}}{\sqrt{\sigma_{e_j}^2 \times \sigma_{e_{j'}}^2}}, r_{p_j, j'} = \frac{\sigma_{p_j p_{j'}}}{\sqrt{\sigma_{p_j}^2 \times \sigma_{p_{j'}}^2}},$$

em que:  $\sigma_p^2 = \sigma_a^2 + \sigma_e^2$ , que representa a variância fenotípica para as características analisadas.

Por meio dos parâmetros genéticos estimados pelo modelo multicaracterístico (herdabilidades e desvio padrão fenotípico) estimou-se os ganhos genéticos diretos para cada característica selecionada pela análise de componentes principais. Para o cálculo do ganho genético, definiu-se uma intensidade de seleção de machos e fêmeas de forma que a proporção de cada sexo fosse mantida igual à do banco de dados utilizado no presente estudo. Para tal, assumiu-se que não foi praticada seleção nas fêmeas e selecionou-se 38,8% dos machos. Dessa forma, a intensidade de seleção utilizada no presente estudo foi de 0,485 e o cálculo do ganho genético foi feito como segue:

$$\Delta G = i \times h^2 \times \sigma_p,$$

em que  $\Delta G$  representa o ganho genético direto,  $i = 0,485$  e representa a intensidade de seleção e  $\sigma_p$ , representa o desvio padrão fenotípico para cada característica.

#### 4.2.4. Resposta correlacionada nas características descartadas

As 12 características foram, finalmente, agrupadas duas a duas e analisadas via modelo animal bicaracterístico, via inferência bayesiana. Na forma matricial esses modelos podem ser descritos como:

$$\begin{bmatrix} y_j \\ \sim \\ y_{j'} \\ \sim \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_j & \varphi \\ \varphi & X_{j'} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \beta_j \\ \sim \\ \beta_{j'} \\ \sim \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} Z_j & \varphi \\ \varphi & Z_{j'} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a_j \\ \sim \\ a_{j'} \\ \sim \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_j \\ \sim \\ e_{j'} \\ \sim \end{bmatrix},$$

em que:  $\tilde{y}_j$ , representa o vetor com observações da característica  $j$  ( $j = 1$  a  $12$ ). Como o modelo bicaracterístico é um modelo multicaracterístico, as pressuposições assumidas para o modelo já estão descritas no tópico anterior.

Para as análises bicaracterísticas foram consideradas cadeias de 220.000 iterações, com descarte inicial de 20.000 amostras e amostragens a cada 20 iterações. O tamanho da cadeia foi definido em análises preliminares, segundo o método de Raftery e Lewis (1992), disponível no pacote BOA (Smith 2007), do software R (The R Foundation for Statistical Computing, 2015). A convergência das cadeias foi avaliada por intermédio do critério proposto por Geweke (1992) disponível no mesmo programa e por inspeção visual dos valores amostrados a cada iteração.

As correlações genéticas ( $r_{a_{j,j}}$ ), residuais ( $r_{e_{j,j}}$ ) e fenotípicas ( $r_{p_{j,j}}$ ) foram estimadas para cada combinação de características. Para obtenção dos demais parâmetros, as amostras das distribuições a posteriori de cada análise bicaracterística foram agrupadas, de forma que a estimativa destes para cada característica foi feita a partir de 110.000 amostras. Os parâmetros genéticos calculados a partir dessas amostras para cada característica foram: variâncias genética aditiva ( $\sigma_a^2$ ), residual ( $\sigma_e^2$ ) e fenotípica ( $\sigma_p^2$ ) e herdabilidades ( $h^2$ ).

A partir dos parâmetros genéticos estimados para as 12 características em estudo, calculou-se o ganho genético direto para cada característica. Para tal, aplicou-se uma intensidade de seleção ( $i$ ) de 0,485, como descrito anteriormente. Por meio das estimativas de correlação genética entre as características estimou-se também o quanto de mudança genética seria esperada em uma característica, caso a seleção fosse praticada em outra correlacionada a ela. Essa mensuração foi feita por meio do cálculo da resposta correlacionada a seleção.

$$\Delta G_{j,j'} = r_{a_{j,j'}} \times h_j \times h_{j'} \times i_{j'} \times \sigma_{p_{j'}} ,$$

em que:  $\Delta G_{j,j'}$  é a resposta correlacionada esperada em uma característica  $j$  quando a seleção for feita para a característica  $j'$ ; e  $h$  é a raiz quadrada da herdabilidade.

A eficiência relativa da seleção indireta ( $ER$ ) para todas as características foi então avaliada da seguinte maneira:  $ER = \frac{\Delta G_{j,j'}}{\Delta G_j}$ .

### **4.3. Resultados**

#### **4.3.1. Análise de componentes principais**

Os autovalores estimados para a matriz de correlação das 12 características morfométricas avaliados estão apresentadas na Tabela 4. 2. Seis autovalores apresentam-se inferiores a 0,7, indicando que este é o número de variáveis a serem descartadas do banco de dados. Iniciando-se do último autovetor, e realizando-se a exclusão para a característica que apresentou maior coeficiente de ponderação em valor absoluto em cada autovetor, foram excluídas as características AC, CCO, CE, PT, CCA e PC, nessa ordem.

Tabela 4. 2. Autovalores e percentuais de variância explicados pelos componentes principais (PC) das medidas morfométricas de equinos Mangalarga Marchador

Componente principal	Autovalor	Variância total (%)	Autovalor acumulado	Variância acumulada (%)
PC1	4,7276	39,40	4,7276	39,40
PC2	1,2561	10,47	5,9837	49,87
PC3	1,1000	9,17	7,0837	59,04
PC4	0,9831	8,19	8,0668	67,23
PC5	0,8263	6,89	8,8931	74,12
PC6	0,7117	5,93	9,6048	80,04
PC7	0,6032	5,03	10,2079	85,07
PC8	0,5173	4,31	10,7252	89,38
PC9	0,4353	3,63	11,1604	93,00
PC10	0,4196	3,50	11,5801	96,50
PC11	0,3383	2,82	11,9184	99,32
PC12	0,0816	0,68	12,0000	100,00

Após a exclusão das variáveis, as características que permaneceram no modelo foram capazes de explicar 80,04% da variabilidade. De toda a variação total disponível entre as médias de medidas morfométricas, a metade dela pode ser explicada pelos dois primeiros componentes – uma vez que estes estão associados aos maiores autovalores (Tabela 4. 2). O primeiro componente apresentou maior contribuição (39,40% da variação total – Tabela 4. 2). Já o segundo componente explicou 10,47% da variação total observada (Tabela 4. 2). Ainda, o percentual de variância explicado pelo terceiro ao sexto componente correspondeu a 9,17, 8,19, 6,89 e 5,93%, respectivamente.

Os ponderadores de cada característica para os dois primeiros componentes estão apresentados na Tabela 4.4s. Por meio deles estimou-se a solução para cada animal em cada um dos dois componentes (Figura 4. 1). Os efeitos ano e mês de nascimento, assim como o efeito de fazendas e idade ao julgamento, não apresentaram potencial em agrupar os indivíduos em grupos distintos, quando avaliado apenas a solução dos animais para os dois primeiros componentes (Figura 4. 1). Quando essas soluções de cada animal foram analisadas em função do sexo, entretanto, observou-se tendência ao agrupamento de machos e fêmeas em grupos distintos (Figura 4. 1).

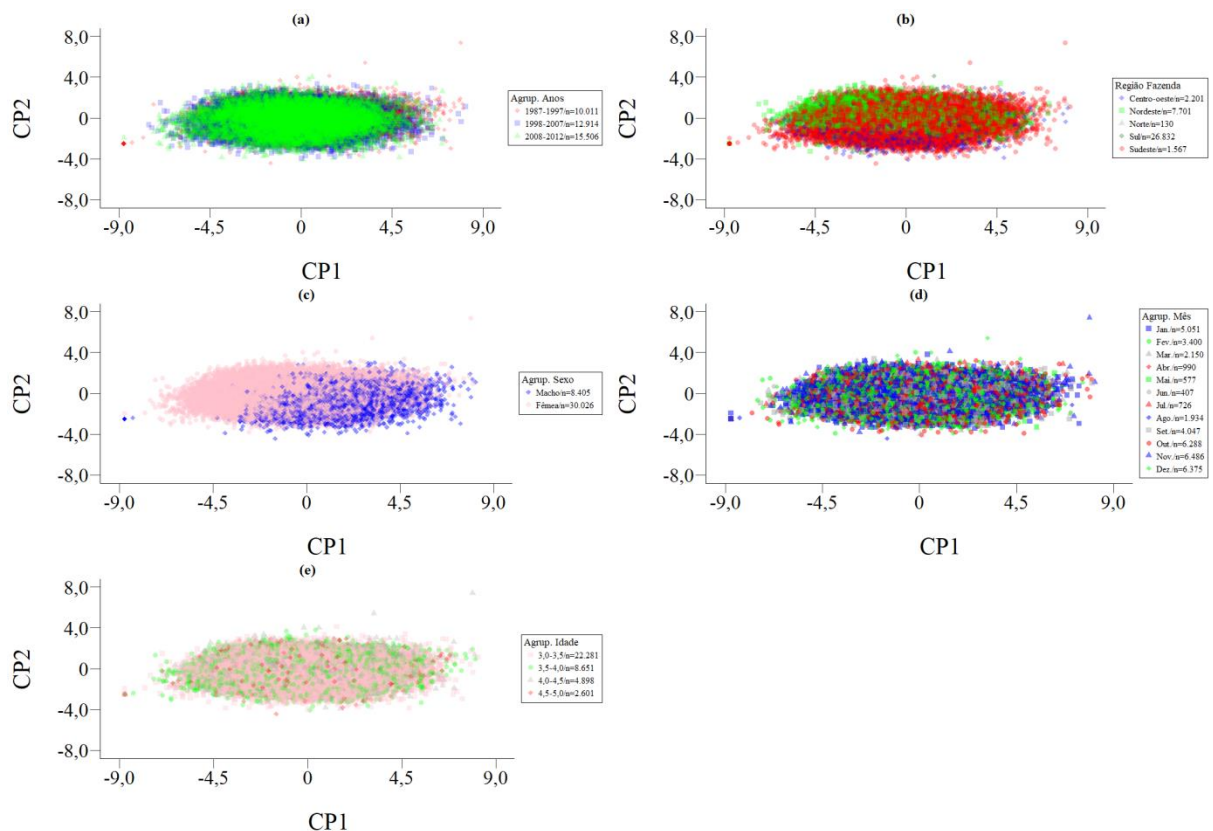


Figura 4. 1. Inspeção gráfica dos animais de acordo com o primeiro componente principal (CP1) e o segundo componente principal agrupados por ano de nascimento (a), região da fazenda (b), sexo (c), mês de nascimento (d) e idade do animal ao julgamento.

#### 4.3.2. Análise multicaracterística

As variâncias e herdabilidades estimadas por meio do modelo multicaracterístico para as seis características selecionadas pela análise de componentes principais podem ser observadas na Tabela 4. 1s. As correlações genéticas estimadas por esse modelo variaram de baixas a moderadas, com exceção das correlações entre CP x DL e entre CP x LC, que não diferiram de zero, dado que os intervalos de alta densidade com 90% das amostras (HPD90) passaram pelo zero (Tabela 4. 3). As características mais fortemente associadas geneticamente foram entre CP x AG, CP x CG, LG x AG, e LG x CG, com correlações genéticas (HPD90) de 0,50 (0,46; 0,54), 0,46 (0,41; 0,51), 0,48 (0,44; 0,52) e 0,47 (0,43; 0,51), respectivamente (Tabela 4. 3). Por outro lado, as características menos correlacionadas geneticamente foram DL x CG, LC x AG, LC x CG, LC x DL, LG x DL, e LG x LC (Tabela 4. 3).

Tabela 4. 3. Médias a posteriori (limites inferiores e superiores dos intervalos de alta densidade com 90% das amostras) da correlação genética entre as características utilizadas na análise multicaracterística das medidas morfométricas de equinos Mangalarga Marchador

	<b>AG</b>	<b>CG</b>	<b>CP</b>	<b>DL</b>	<b>LC</b>
<b>CG</b>	0,40 (0,36; 0,43)				
<b>CP</b>	0,50 (0,46; 0,54)	0,46 (0,41; 0,51)			
<b>DL</b>	0,33 (0,29; 0,37)	0,21 (0,16; 0,25)	0,02 (-0,03; 0,07)		
<b>LC</b>	0,19 (0,15; 0,24)	0,16 (0,12; 0,21)	0,01 (-0,04; 0,06)	0,20 (0,16; 0,24)	
<b>LG</b>	0,48 (0,44; 0,52)	0,47 (0,43; 0,51)	0,40 (0,35; 0,44)	0,24 (0,20; 0,29)	0,23 (0,19; 0,28)

AG = altura na garupa; CG = comprimento de garupa; CP = comprimento de pescoço; DL = comprimento de dorso lombo; LC = largura de cabeça; LG = largura de garupa.

No geral, as correlações residuais e fenotípicas estimadas pelos modelos multicaracterístico também variaram de baixas a moderadas (Tabela 4. 4). A exemplo das correlações genéticas, as correlações residuais e fenotípicas entre CP x DL não diferiram de zero, pois houve sobreposição dos HPD90. Entre CP x LC, entretanto, observou-se correlação residual e fenotípica, porém baixa (Tabela 4. 4).

Tabela 4. 4. Médias a posteriori (limites inferiores e superiores dos intervalos de alta densidade com 90% das amostras) da correlação fenotípica (abaixo da diagonal) e correlação residual (acima da diagonal) das características utilizadas na análise multicaracterística das medidas morfométricas de equinos Mangalarga Marchador

	<b>AG</b>	<b>CG</b>	<b>CP</b>	<b>DL</b>	<b>LC</b>	<b>LG</b>
<b>AG</b>		0,34 (0,33; 0,35)	0,38 (0,37; 0,39)	0,23 (0,22; 0,23)	0,17 (0,16; 0,18)	0,39 (0,38; 0,39)
<b>CG</b>	0,31 (0,29; 0,33)		0,33 (0,32; 0,34)	0,26 (0,25; 0,27)	0,17 (0,16; 0,17)	0,43 (0,43; 0,44)
<b>CP</b>	0,32 (0,30; 0,34)	0,28 (0,26; 0,29)		0,00 (-0,01; 0,01)	0,03 (0,02; 0,04)	0,32 (0,31; 0,33)
<b>DL</b>	0,15 (0,13; 0,17)	0,29 (0,27; 0,31)	-0,01 (-0,03; 0,01)		0,11 (0,10; 0,12)	0,17 (0,16; 0,18)
<b>LC</b>	0,15 (0,13; 0,17)	0,17 (0,15; 0,19)	0,04 (0,02; 0,06)	0,06 (0,05; 0,08)		0,17 (0,17; 0,18)
<b>LG</b>	0,34 (0,32; 0,36)	0,42 (0,40; 0,43)	0,29 (0,27; 0,31)	0,13 (0,11; 0,15)	0,15 (0,13; 0,17)	

AG = altura na garupa; CG = comprimento de garupa; CP = comprimento de pescoço; DL = comprimento de dorso lombo; LC = largura de cabeça; LG = largura de garupa.

As características que apresentam menores associações entre os resíduos, a propósito, foram CP x LC, com correlação residual (HPD90) de 0,03 (0,02; 0,04 – Tabela 4. 4). A maior correlação residual (HPD90) observada foi entre CG x LG, sendo essa associação de 0,43 (0,43; 0,44). Em reflexo às associações observadas entre os valores genéticos e entre os resíduos, as características mais fortemente associadas fenotipicamente (HPD90) foram LG x CG, com correlação de 0,42 (0,40; 0,43) e as mais fracamente associadas foram LC x CP e



LC x DL, com correlação de 0,04 (0,02; 0,06) e 0,06 (0,05; 0,08), respectivamente (Tabela 4.4).

Por meio da seleção para as seis características é possível obter ganhos genéticos para as seis características analisadas após a realização da análise multicaracterística (Figura 4.2). A característica AG apresentou o maior potencial de mudança genética ao longo das gerações, com um ganho genético de 0,69 cm e a LC apresentou o menor potencial, de 0,17 cm.

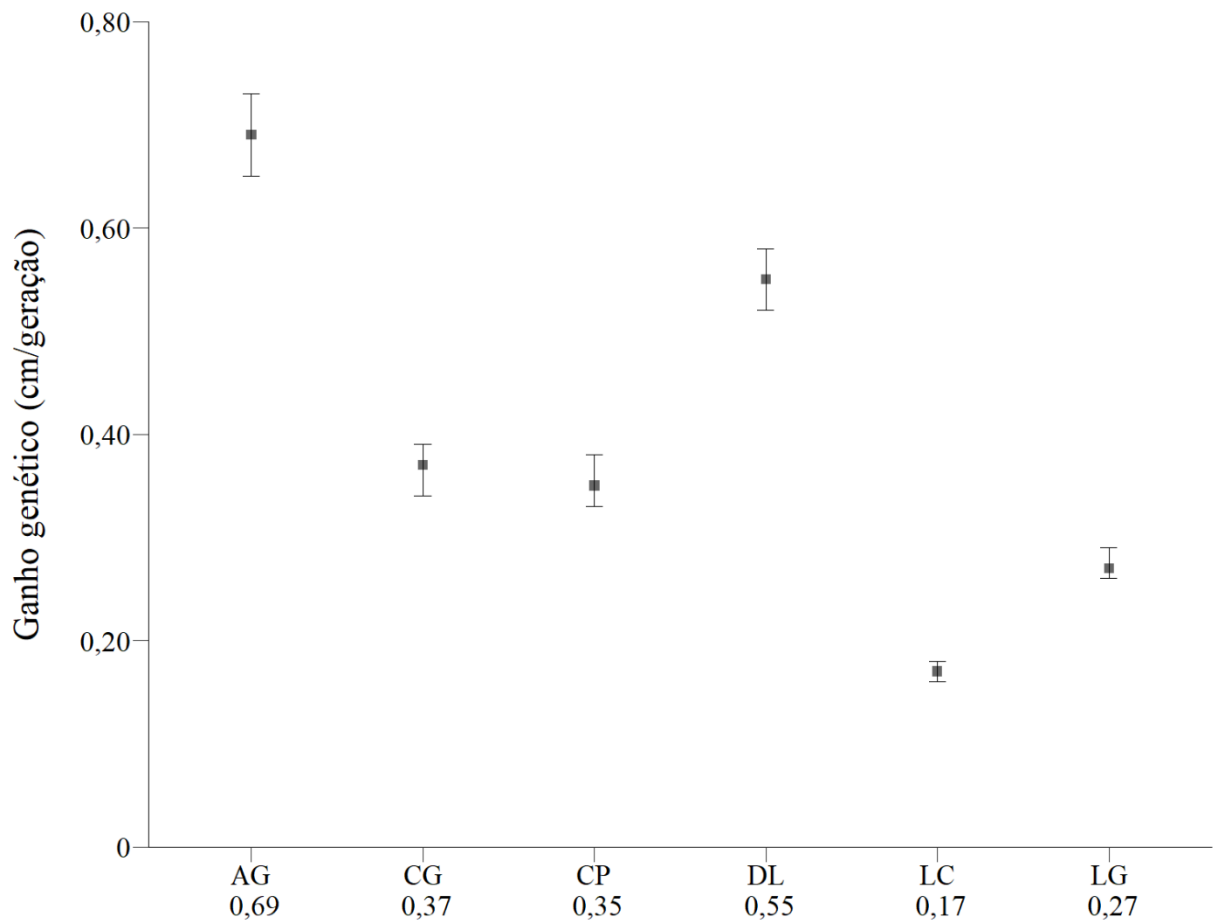


Figura 4. 2. Ganhos genéticos diretos por geração obtidos da análise multicaracterística quando realizou o descarte das variáveis por meio de componentes principais para equinos da raça Mangalarga Marchador para as características de altura de garupa (AG), comprimento de garupa (CG), comprimento de pescoço (CP), comprimento de dorso lombo (DL), largura de cabeça (LC) e largura de garupa (LG).

#### 4.3.3. Resposta correlacionada nas características descartadas

As variâncias e herdabilidades estimadas por meio do modelo bicaracterístico para as 12 características em estudo podem ser observadas na Tabela 4. 2s. A estrutura de correlação genética entre as medidas morfométricas pode ser observada na Tabela 4. 5. Observa-se que apenas as características CP x DL, CP x LC e LC x CE não estão associadas geneticamente,

dado que o HPD90 passa pelo zero (Tabela 4. 5). As estimativas mais baixas de correlações genéticas foram entre LC x AC, LC x AG, LC x CCO, LC x PC, LC x PT e CP x PC, sendo o menor valor médio obtido para a correlação entre LC x PC, de 0,10 (Tabela 4. 5). Por outro lado, a maior correlação genética (HPD90) obtida foi entre AG x AC, de 0,95 (0,94; 0,95 – Tabela 4. 5).

Tabela 4. 5. Médias a posteriori (limites inferiores e superiores dos intervalos de alta densidade com 90% das amostras) da correlação genética (abaixo da diagonal) das características obtidas por análises bicaracterísticas das medidas morfométricas de equinos Mangalarga Marchador

	AC	AG	CCA	CCO	CE	CG	CP	DL	LC	LG	PC
	0,95										
AG	(0,94; 0,95)										
	0,53	0,5									
CCA	(0,50; 0,57)	(0,46; 0,54)									
	0,78	0,76	0,49								
CCO	(0,76; 0,80)	(0,74; 0,78)	(0,45; 0,54)								
	0,54	0,52	0,55	0,56							
CE	(0,51; 0,58)	(0,48; 0,55)	(0,50; 0,59)	(0,52; 0,60)							
	0,41	0,39	0,44	0,5	0,56						
CG	(0,37; 0,45)	(0,35; 0,43)	(0,39; 0,48)	(0,47; 0,54)	(0,52; 0,60)						
	0,53	0,49	0,37	0,5	0,38	0,45					
CP	(0,49; 0,56)	(0,46; 0,53)	(0,32; 0,42)	(0,46; 0,54)	(0,32; 0,43)	(0,41; 0,50)					
	0,3	0,33	0,3	0,41	0,25	0,2	0,01				
DL	(0,27; 0,34)	(0,29; 0,37)	(0,26; 0,35)	(0,37; 0,44)	(0,20; 0,29)	(0,16; 0,24)	(-0,04; 0,05)				
	0,19	0,19	0,31	0,18	0,04	0,16	0	0,2			
LC	(0,15; 0,23)	(0,15; 0,23)	(0,26; 0,35)	(0,14; 0,23)	(-0,01; 0,09)	(0,11; 0,20)	(-0,05; 0,05)	(0,16; 0,24)			
	0,50	0,48	0,39	0,53	0,48	0,47	0,39	0,23	0,22		
LG	(0,46; 0,53)	(0,44; 0,51)	(0,35; 0,44)	(0,49; 0,57)	(0,43; 0,52)	(0,42; 0,51)	(0,34; 0,44)	(0,19; 0,28)	(0,18; 0,27)		
	0,42	0,41	0,22	0,47	0,37	0,38	0,15	0,29	0,1	0,36	
PC	(0,37; 0,46)	(0,37; 0,45)	(0,17; 0,28)	(0,43; 0,52)	(0,31; 0,42)	(0,33; 0,43)	(0,09; 0,20)	(0,25; 0,34)	(0,05; 0,15)	(0,31; 0,41)	
	0,56	0,52	0,37	0,58	0,52	0,35	0,21	0,3	0,14	0,51	0,52
PT	(0,52; 0,60)	(0,48; 0,56)	(0,31; 0,42)	(0,54; 0,62)	(0,47; 0,56)	(0,31; 0,40)	(0,16; 0,27)	(0,25; 0,34)	(0,09; 0,19)	(0,47; 0,55)	(0,47; 0,56)

AC = altura na cernelha; AG = altura na garupa; CCA = comprimento de cabeça; CCO = comprimento de corpo; CE = comprimento de espádua; CG = comprimento de garupa; CP = comprimento de pescoço; DL = comprimento de dorso lombo; LC = largura de cabeça; LG = largura de garupa; PC = perímetro de canela; PT = perímetro de tórax.

Apenas DL x CP também apresentaram correlações nulas entre os fenótipos e os resíduos, devido aos HPD90 passarem pelo valor zero (Tabela 4. 6). As correlações residuais mais baixas foram entre LC x CP, LC x DL e PC x CCA, com médias a posteriori (HPD90) de 0,04 (0,03; 0,06), 0,07 (0,05; 0,08) e 0,04 (0,02; 0,06), respectivamente (Tabela 4. 6). As características que apresentaram correlação residual mais alta foram AG x AC, com média a posteriori (HPD90) de 0,86 (0,86; 0,87 – Tabela 4. 6). De modo geral, as demais correlações residuais mantiveram-se moderadas entre as características (Tabela 4. 6).

Tabela 4. 6. Médias a posteriori (limites inferiores e superiores dos intervalos de alta densidade com 90% das amostras) da correlação fenotípica (abaixo da diagonal) e correlação residual (acima da diagonal) entre características obtidas por meio de análises bicaracterística das medidas morfométricas de equinos Mangalarga Marchador

	AC	AG	CCA	CCO	CE	CG	CP	DL	LC	LG	PC	PT
<b>AC</b>		0,86 (0,86; 0,87)	0,28 (0,26; 0,30)	0,60 (0,58; 0,61)	0,37 (0,35; 0,38)	0,34 (0,32; 0,36)	0,37 (0,35; 0,39)	0,11 (0,08; 0,13)	0,16 (0,13; 0,18)	0,37 (0,35; 0,38)	0,20 (0,18; 0,22)	0,41 (0,39; 0,43)
<b>AG</b>	0,90 (0,90; 0,91)		0,30 (0,28; 0,32)	0,55 (0,53; 0,57)	0,34 (0,32; 0,36)	0,31 (0,29; 0,33)	0,32 (0,30; 0,34)	0,15 (0,13; 0,17)	0,15 (0,13; 0,17)	0,34 (0,32; 0,36)	0,17 (0,15; 0,19)	0,37 (0,34; 0,38)
<b>CCA</b>	0,37 (0,36; 0,38)	0,37 (0,36; 0,38)		0,26 (0,24; 0,28)	0,31 (0,29; 0,32)	0,29 (0,27; 0,30)	0,31 (0,30; 0,33)	0,21 (0,19; 0,23)	0,27 (0,25; 0,28)	0,26 (0,24; 0,27)	0,04 (0,02; 0,06)	0,13 (0,12; 0,15)
<b>CCO</b>	0,68 (0,67; 0,68)	0,64 (0,63; 0,65)	0,34 (0,33; 0,35)		0,34 (0,32; 0,36)	0,38 (0,36; 0,39)	0,29 (0,27; 0,31)	0,17 (0,15; 0,19)	0,15 (0,13; 0,17)	0,42 (0,40; 0,43)	0,23 (0,21; 0,25)	0,39 (0,37; 0,41)
<b>CE</b>	0,42 (0,42; 0,43)	0,40 (0,39; 0,41)	0,37 (0,37; 0,38)	0,41 (0,40; 0,42)		0,48 (0,47; 0,50)	0,27 (0,25; 0,28)	0,14 (0,12; 0,16)	0,19 (0,17; 0,21)	0,38 (0,37; 0,40)	0,14 (0,12; 0,15)	0,32 (0,30; 0,34)
<b>CG</b>	0,36 (0,35; 0,37)	0,34 (0,33; 0,35)	0,33 (0,32; 0,34)	0,42 (0,41; 0,43)	0,51 (0,50; 0,51)		0,28 (0,26; 0,30)	0,29 (0,27; 0,31)	0,17 (0,15; 0,19)	0,42 (0,40; 0,43)	0,20 (0,18; 0,22)	0,34 (0,32; 0,36)
<b>CP</b>	0,42 (0,41; 0,43)	0,38 (0,37; 0,39)	0,33 (0,32; 0,34)	0,36 (0,35; 0,37)	0,30 (0,29; 0,31)	0,33 (0,32; 0,34)		-0,01 (-0,03; 0,01)	0,04 (0,03; 0,06)	0,29 (0,28; 0,31)	0,11 (0,10; 0,13)	0,21 (0,19; 0,23)
<b>DL</b>	0,19 (0,18; 0,20)	0,23 (0,22; 0,24)	0,24 (0,23; 0,25)	0,26 (0,25; 0,27)	0,17 (0,17; 0,18)	0,26 (0,25; 0,27)	0,00 (-0,01; 0,01)		0,07 (0,05; 0,08)	0,13 (0,12; 0,15)	0,15 (0,13; 0,16)	0,09 (0,07; 0,11)
<b>LC</b>	0,17 (0,16; 0,18)	0,17 (0,16; 0,18)	0,28 (0,27; 0,29)	0,16 (0,15; 0,17)	0,14 (0,13; 0,15)	0,17 (0,16; 0,17)	0,03 (0,02; 0,04)	0,11 (0,11; 0,12)		0,15 (0,13; 0,17)	0,11 (0,09; 0,13)	0,14 (0,12; 0,16)
<b>LG</b>	0,41 (0,40; 0,42)	0,39 (0,38; 0,39)	0,30 (0,29; 0,31)	0,45 (0,45; 0,46)	0,41 (0,40; 0,42)	0,43 (0,43; 0,44)	0,32 (0,31; 0,33)	0,17 (0,16; 0,18)	0,17 (0,16; 0,18)		0,15 (0,13; 0,17)	0,41 (0,39; 0,43)
<b>PC</b>	0,27 (0,26; 0,28)	0,26 (0,25; 0,26)	0,09 (0,08; 0,10)	0,31 (0,30; 0,31)	0,20 (0,19; 0,21)	0,25 (0,24; 0,26)	0,12 (0,11; 0,13)	0,19 (0,18; 0,20)	0,11 (0,10; 0,12)	0,21 (0,20; 0,22)		0,26 (0,24; 0,27)
<b>PT</b>	0,46 (0,45; 0,47)	0,42 (0,41; 0,43)	0,20 (0,19; 0,21)	0,45 (0,45; 0,46)	0,38 (0,37; 0,39)	0,34 (0,34; 0,35)	0,21 (0,20; 0,22)	0,16 (0,15; 0,17)	0,14 (0,13; 0,15)	0,44 (0,43; 0,45)	0,33 (0,32; 0,34)	

AC = altura na cernelha; AG = altura na garupa; CCA = comprimento de cabeça; CCO = comprimento de corpo; CE = comprimento de espádua; CG = comprimento de garupa; CP = comprimento de pescoço; DL = comprimento de dorso lombo; LC = largura de cabeça; LG = largura de garupa; PC = perímetro de canela; PT = perímetro de tórax.

Fenotipicamente, as características mais fracamente associadas foram LC x CP, com correlação média (HPD90) de 0,03 (0,02; 0,04 – Tabela 4. 6). No outro extremo, as características mais correlacionadas fenotipicamente foram AG x AC, com valor médio (HPD90) de 0,90 (0,90; 0,91 – Tabela 4. 6). CCO também apresentou-se fortemente correlacionada fenotipicamente com AC e com AG, com médias (HPD90) de correlação fenotípica de 0,68 (0,67; 0,68) e 0,64 (0,63; 0,65), respectivamente (Tabela 4. 6). De modo geral, as demais características apresentaram-se moderadamente correlacionadas entre si (Tabela 4. 6).

A partir dos parâmetros genéticos estimou-se o ganho genético direto e a resposta correlacionada para cada característica, que estão apresentados na Tabela 4. 3s. A eficiência relativa da seleção indireta está apresentada na Tabela 4. 7. De maneira geral, a seleção direta mostrou-se mais eficiente que a seleção indireta para todas as características estudadas (Tabela 4. 7). A única exceção observada é a maior eficiência da seleção indireta para LG ao se praticar seleção para AC, que pode ser observada pelo valor de  $ER > 1$  (Tabela 4. 7).

Tabela 4. 7. Médias a posteriori (limites inferiores e superiores dos intervalos de alta densidade com 90% das amostras) da relação do ganho genético indireto para a característica y (horizontal) quando a seleção é praticada na característica x (vertical) utilizando as análises bicaracterística de medidas morfométricas de equinos Mangalarga Marchador

	AC	CCA	CCO	CE	PC	PT
AG	0,96 (0,94; 0,97)	0,65 (0,59; 0,70)	0,82 (0,79; 0,85)	0,66 (0,61; 0,72)	0,54 (0,48; 0,60)	0,65 (0,60; 0,71)
CG	0,34 (0,31; 0,38)	0,47 (0,41; 0,52)	0,45 (0,41; 0,48)	0,59 (0,54; 0,64)	0,41 (0,35; 0,47)	0,36 (0,31; 0,41)
CP	0,40 (0,37; 0,43)	0,37 (0,31; 0,42)	0,42 (0,38; 0,46)	0,37 (0,32; 0,43)	0,15 (0,09; 0,21)	0,21 (0,15; 0,26)
DL	0,27 (0,24; 0,31)	0,36 (0,30; 0,41)	0,40 (0,36; 0,44)	0,29 (0,23; 0,34)	0,35 (0,29; 0,40)	0,33 (0,28; 0,39)
LC	0,17 (0,13; 0,20)	0,34 (0,29; 0,40)	0,17 (0,13; 0,21)	0,05 (-0,01; 0,10)	0,12 (0,06; 0,17)	0,16 (0,10; 0,21)
LG	0,22 (0,20; 0,24)	0,40 (0,35; 0,46)	0,45 (0,42; 0,49)	0,48 (0,43; 0,53)	0,37 (0,32; 0,43)	0,50 (0,45; 0,55)

AC = altura na cernelha; AG = altura na garupa; CCA = comprimento de cabeça; CCO = comprimento de corpo; CE = comprimento de espádua; CG = comprimento de garupa; CP = comprimento de pescoço; DL = comprimento de dorso lombo; LC = largura de cabeça; LG = largura de garupa; PC = perímetro de canela; PT = perímetro de tórax.

#### 4.4. Discussão

Em uma análise de componentes principais (ACP), os componentes são apresentados por ordem decrescente de importância para a estrutura conjunta de variabilidade dos dados. Isto é, o primeiro explica o máximo possível da variabilidade, o segundo, o máximo da variabilidade ainda retida no conjunto após o desconto do efeito do primeiro, e assim sucessivamente, até o último componente (Pinto et al., 2015). Por meio dessa análise é possível eliminar variáveis redundantes e ou que são pouco explicativas em uma etapa preliminar ao processo de avaliação genética, facilitando e agilizando a estimativa de parâmetros genéticos sem perda significativa de informação (Meira et al., 2013).

As ACP foram realizadas a partir de 12 características morfométricas avaliadas no ato do registro definitivo de cavalos Mangalarga Marchador na Associação da raça, com o objetivo de determinar quais delas são de fato necessárias para se manter a padronização na



raça e se algumas delas são medidas de forma desnecessária, acarretando em maior volume de trabalho na coleta dos dados. Essa abordagem é frequentemente utilizada por pesquisadores em estudos com equinos, dado a alta similaridade entre algumas das medidas recomendadas pelas associações das diversas raças (Cervantes et al., 2009; Meira et al., 2013; Pinto et al., 2015).

Os resultados da análise de componentes principais encontradas no presente estudo corroboram com os de Meira et al. (2013), que em estudo semelhante realizado com equinos Mangalarga Marchador a partir de 13 características, sendo 12 características morfométricas e uma de andamento, identificaram que seis destas seriam suficientes para explicar 78,57% da variabilidade total observada nos animais em estudo. O presente estudo assemelha-se ao desses pesquisadores não apenas no número de características selecionado, mas no percentual de variância total explicado pelos seis primeiros componentes (80,04% no presente estudo) e no percentual de variância explicado pelos dois primeiros componentes (Tabela 4. 2). O percentual de variância explicado pelos dois primeiros componentes no estudo de Meira et al. (2013) foi 39,58 e 10,94% para o primeiro e segundo componente, respectivamente, enquanto no presente estudo os percentuais foram de 39,40 e 10,47% (Tabela 4. 2). Ainda, das seis características mantidas por Meira et al. (2013), quatro coincidem com as do presente estudo, são elas: AG, CG, DL e LC.

Em relação aos efeitos considerados potenciais para a diferenciação dos animais em grupos (Figura 4. 1), Cervantes et al. (2009) também identificaram o efeito significativo do sexo sobre o fenótipo observado dos equinos em estudo (Figura 1 – c), principalmente pelo seu efeito em variáveis relacionadas à largura e tórax em fêmeas e aos comprimentos em machos. Essas diferenças podem ser explicadas pelas diferentes intensidades de seleção praticadas para machos e fêmeas nas fazendas e, ainda, pelo fato de a associação ser mais flexível quanto aos limites impostos para algumas medidas morfométricas no momento do

registro de fêmeas do que para o registro de machos – como para AG até dois centímetros mais alto que a AC em fêmeas (ABCCMM, 2018). Assim como no presente estudo Cervantes et al. (2009) observaram que a idade em que o animal foi avaliado não propiciou a separação dos animais em grupos de fenótipos distintos (Figura 1 – e). Outro efeito considerado por esses pesquisadores foi o objetivo de seleção, determinado pela aptidão a que os animais eram treinados. Tal efeito não se aplica ao presente estudo uma vez que foram considerados apenas animais da raça Mangalarga Marchador, criados especificamente enquanto cavalos tipo sela (Cervantes et al., 2009).

Uma vez que a análise de componentes principais indicou que seis características seriam suficientes para explicar a variabilidade de fenótipos observados dos equinos, foi realizado uma análise multicaracterística para avaliar a viabilidade na utilização dessas características em avaliações genéticas e como critérios de seleção em programas de melhoramento genético. As variâncias e herdabilidades estimadas indicaram que há variabilidade genética para todas as variáveis analisadas (Tabela 4. 1s). A presença de variabilidade genética para as características analisada pelo modelo multicaracterístico já foi verificada, inclusive, para equinos de raças distintas (Sánchez et al., 2013; Guerrero et al., 2017). Embora haja variabilidade genética, o ganho genético observado ao se aplicar uma intensidade de seleção média de 0,485 foi baixo para todas as características (Figura 2), sendo maior para a variável de maior medida fenotípica (AG) e menor para medida de menor tamanho (LC).

Por meio das estimativas a posteriori das correlações é possível avaliar a associação entre as variáveis e, até certo ponto, verificar se após a realização de uma análise de componentes principais as características altamente correlacionadas foram, de fato, excluídas da análise. Essa comparação pode ser feita por meio das estimativas de correlações fenotípicas (Tabela 4.4).

As características selecionadas pela análise de componentes principais devem ser pouco correlacionadas entre si. Isso se deve ao fato da análise de componentes principais assegurar um sistema de eixos ortogonais para a representação gráfica dos animais (Figura 1) e a exclusão de informações redundantes do arquivo de dados como estratégia à redução da dimensionalidade atribuída ao alto número de variáveis medidas (Pinto et al., 2015). Dessa forma, observou-se correlações fenotípicas nulas entre determinadas características e de baixas a moderadas para as demais (Tabela 4. 4). Meira et al. (2013) observou comportamento semelhante das correlações entre as características selecionadas por análise de componente principal, considerando uma matriz de correlação de Pearson e um arquivo de dados de fenótipo corrigidos.

O comportamento observado para as correlações fenotípicas no presente estudo se manteve para as correlações genéticas e residuais (Tabela 4. 3), indicando que de fato, as características selecionadas após a realização da análise de componentes principais são pouco relacionadas entre si. Zamborlini et al. (1996) em estudo com equinos Mangalarga Marchador observaram correlações genéticas moderadas e similares às do presente estudo entre as seis características em estudo, exceto entre CP x DL, CP x LC e LG x CG. Para CP x DL e CP x LC os pesquisadores estimaram correlações genéticas de 0,37 e 0,33, respectivamente, enquanto o presente estudo indicou que essas características são não correlacionadas (Tabela 4. 3). Para LG x CG, Zamborlini et al. (1996) estimaram correlações genéticas altas, de 0,70, contrastando com os valores moderados encontrados no presente trabalho (0,47 – Tabela 4. 3).

Para se definir se as características mantidas pela análise de componentes principais apresentam correlações realmente baixas frente às demais correlações existentes, ao se considerar o arquivo com 12 características e avaliar se essa correlação era baixa a nível fenotípico, mas com alguma associação mais alta que a descrevesse, ou se o comportamento

das correlações se mantinha a nível genético e ambiental, procedeu-se com as análises bicaracterística, com as 12 características agrupadas duas a duas.

As estimativas a posteriori dos parâmetros genéticos para as 12 variáveis obtidas via análises bicaracterística estão apresentadas na tabela 4. 2s. A título de validação, as estimativas de variâncias genética aditiva, residual e fenotípica e das herdabilidades para as seis características selecionadas pela análise componentes principais obtidas pelas análises bicaracterística e multicaracterística não diferiram entre si, dado a sobreposição dos HPD90 (Tabelas 4. 1s e 2s). Dessa forma, considerou-se que as análises bicaracterística foram bem ajustadas. De fato, é possível observar que para características altamente correlacionadas fenotipicamente, a análise de componentes principais foi eficiente em manter apenas as mais representativas, reduzindo consideravelmente o nível de associação observados entre as características (Tabela 4. 6). A exemplo, AG x AC são características fortemente relacionadas, com correlação fenotípica (HPD90) de 0,90 (0,90; 0,91 – Tabela 4. 6). Ainda, essa associação é alta tanto a nível genético (Tabela 4. 5), quanto a nível ambiental (Tabela 4. 6). A análise de componentes principais sugeriu, então, que a variável AC fosse excluída do arquivo de dados, visto que já estaria bem representada pela variável AG.

Ainda, foram mantidas pela análise de componentes principais as variáveis DL e LC. É possível observar que, de fato, não existem outras variáveis que as representem bem dentre as 11 restantes (Tabela 4. 6). A exclusão dessas variáveis, acarretaria, então, em perda de informação para se estudar o conjunto total de dados. Também para as estimativas realizadas a partir dos modelos bicaracterísticos, o comportamento observado para as correlações fenotípicas se mantiveram a nível genético aditivo e ambiental (Tabelas 4. 5 e 4. 6).

Uma vez excluídas as variáveis AC, CCA, CCO, CE, PC e PT do arquivo de dados, o ideal é que elas continuem sendo bem representadas pelas variáveis restantes não só a nível fenotípico, mas também genético. Em um programa de melhoramento genético, isso significa

que a utilização das variáveis consideradas como critérios de seleção promoveria ganhos em todas as 12 variáveis. Esse ganho é medido por meio da resposta correlacionada a seleção, que está apresentada na Tabela 4. 3s. De fato a seleção para as seis características selecionadas promoveria ganhos em todas as 12 variáveis mensuradas em equinos (Tabela 4. 3s), de forma proporcional à correlação genética observada entre as características (Tabela 4. 5). Esse fato é importante uma vez que a análise de componentes principais pode sugerir a exclusão de características importantes para a formação da raça, a exemplo do que aconteceu com a AC. A AC é a principal característica exigida para o registro de equinos Mangalarga Marchador na associação da raça (ABCCMM, 2018). A recomendação para não utilizá-la durante a avaliação genética de nada diminui a importância dessa variável para a raça e é importante que ela esteja bem representada no processo de avaliação. Como a utilização de AG como critério de seleção promoveria um ganho genético correlacionado em AC semelhante ao ganho genético direto estimado para AC (Tabela 4. 3s) é possível afirmar que essa variável está bem representada no arquivo de dados que contém apenas as seis variáveis.

A forma mais direta de avaliar a eficiência relativa da seleção indireta é por meio da relação entre a resposta correlacionada e o ganho genético direto (Tabela 4. 7), o que já foi feito por outros pesquisadores em bovinos (Toral et al., 2011). Para bovinos, em que o objetivo tende a ser sempre obter ganhos em determinada característica, tal relação indica quando compensa praticar seleção indireta em detrimento da seleção direta.

No presente estudo, tal relação foi utilizada para medir a magnitude da resposta indireta a seleção em relação ao ganho direto, afim de avaliar a capacidade das seis variáveis selecionadas pela análise de componentes principais em promover ganho em todas as variáveis de forma efetiva. Nesse sentido, observa-se que a seleção para AC promoveria maiores ganhos em LG do que a própria seleção para LG (Tabela 4. 7). A não utilização de AC, entretanto, não prejudica a avaliação genética visto que LG foi selecionada pela análise

de componentes principais. Por outro lado, a seleção para AG promove ganhos consideráveis em todas as variáveis excluídas pela análise de componentes principais, correspondentes a mais de 50% do ganho obtido pela seleção direta para cada variável (Tabela 4. 7). Tal fato comprova que a redução do número de características recomendadas como critérios de seleção e utilizadas em avaliações genéticas, quando feita via análises de componentes principais, é uma boa alternativa para solucionar os obstáculos advindos do excesso de características utilizadas em programas de melhoramento genético. Esses obstáculos são, além de computacionais (Meyer, 1191), principalmente relacionados à dificuldade encontrada em se delinear programas e sistemas de acasalamentos baseados em muitas características, o que pode levar à maior dificuldade em se atingir os objetivos de seleção.

#### **4.5. Conclusão**

A utilização de análises de componentes principais é uma boa alternativa para seleção de medidas morfométricas mais explicativas dos fenótipos observados em equinos Mangalarga Marchador. A utilização dessas análises como etapa preliminar às avaliações genéticas nesses animais é uma solução viável para simplificar avaliações genéticas da raça e aumentar a aplicabilidade de programas de melhoramento que considerem medidas morfométricas como critérios de seleção.

#### 4.6. Referência bibliográficas

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE CRIADORES DE CAVALO MANGALARGA MARCHADOR - ABCCMM, Belo Horizonte, 2016, Disponível em: <www,abccmm,org,br>.

Acesso em: 29 janeiro 2018.

CERVANTES, I.; BAUMUNG, R.; MOLINA, A.; DRUML, T.; GUTIÉRREZ, J.P.; SÖLKNER, J.; VALERA, M. Size and shape analysis of morphofunctional traits in the Spanish Arab horse. *Livestock Science*, v.125, p.43-49, 2009.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F. (4.ed.) Introduction to quantitative genetics. New York: Longman Group Limited, 1996.

GEWEKE, J. *Evaluating the accuracy of sampling-based approaches to the calculation of posterior moments*, in Bayesian Statistics 4 (eds. J.M. Bernardo; J.O. Berger; A.P. David; A.F.M. Smith), p. 169–193, Oxford University Press, Oxford.1992.

GONÇALVES, R.W.; COSTA, M.D.; REZENDE, A.S.C.; ROCHA JÚNIOR, V.R.; LEITE, J.R.A. Efeito da endogamia sobre características morfométricas em cavalos da raça Mangalarga Marchador. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, v.64, n.2, p.419-426, 2012.

JOHNSON, R. A.; WICHERN, D. W. *Applied multivariate statistical analysis*. 4. ed. Nova Jersey: PrenticeHall, inc., 1998.

JOLLIFFE, I.T. Discarding variables in a principal component analysis. *Journal of the Royal Statistical Society (Applied Statistics)*, v.21, n.2, p.160-173, 1972.

KHATTREE, R; NAIK. D.N. Multivariate data reduction and discrimination with SAS software. Cary: SAS Institute Inc., 558p, 2000.

MEIRA, C.T.; PEREIRA, I.G.; FARAH, M.M.; PIRES, A.V.; GARCIA, D.A.; CRUZ, V.A.R. Seleção de características morfofuncionais de cavalos da raça Mangalarga Marchador por meio da análise de componentes principais. *Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia*, v.65, n.6, p.1843-1848, 2013.

MISZTAL, I.; TSURUTA, S.; LOURENCO, D.; AGUILAR, I.; LEGARRA, A.; VITEZICA, Z. Manual for BLUPF90 family of programs [Internet]. Athens: University of Georgia; 2015. Dispon: [ftp://tech.obihiro.ac.jp/suzuki/blupf90\\_all2.pdf](ftp://tech.obihiro.ac.jp/suzuki/blupf90_all2.pdf)

MORRISON, D.F. *Multivariate statistical methods*. 2.ed. Singapore: McGraw Hill, 1976. 415p.

PINTO, R.M.; CAMPOS, D.H.S.; TOMASI, L.C.; CICOGNA, A.C.; OKOSHI, K.; PADOVANI, C.R. Análise multivariada na seleção de animais em pesquisas experimentais. *Arquivo Brasileiro de Cardiologia*, v.104, n.2, p.97-103, 2015.

R DEVELOPMENT CORE TEAM. 2015. *R: A language and environment for statistical computing*. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria.

RAFTERY, A.L; LEWIS, S. One long run with diagnostics: implementation strategies for Markov Chain Monte Carlo. *Statistic Science*, v.7, p.493-497, 1992.

SÁNCHEZ, M.J.; GÓMEZ, M.D.; MOLINA, A.; VALERA, M. Genetic analyses for linear conformation traits in Pura Raza Español horses. *Livestock Science*, v.157, p.57-64. 2013



SÁNCHEZ-GUERRERO, M.J.; CERVANTES, I.; MOLINA, A.; GUTIÉRREZ, J. P.; M. VALERA, J. P. Designing an early selection morphological linear traits index for dressage in the Pura Raza Español horse. *Animal*, v.11, n.6, p948-957, 2017.

SMITH, B.J. Boa: an R package for MCMC output convergence assessment and posterior inference. *Journal of Statistical Software*, v.21, 37p., 2007.

SORENSEN, M.K.; NORBERG, E.; PEDERSEN, J.; CHEISTENSENS, L.G. Invited review: crossbreeding in dairy cattle: A Danish Perspective. *Journal Dairy Science*, v. 91, p. 4116-4128, 2008.

STATISTICAL ANALYSIS SYSTEM - SAS. User's guide. Cary: 2002. 595p.

TORAL, F.L.B.; ROSO, V.M.; ARAÚJO, C.V.; REIS FILHO, J.C. Genetic parameters and response to selection for post-weaning weight gain, visual scores and carcass traits in Hereford and Hereford × Nelore cattle. *Livestock Science*, v.137, p.231-237, 2011.

ZAMBORLINI, L.C.; BERGMANN, J.A.G.; PEREIRA, C.S.; FONSECA, C.G.; REZENDE, A.S.C. Estudo genético-quantitativo de medidas lineares de equinos da raça Mangalarga Marchador - I. Estimativas dos fatores de ambiente e parâmetros genéticos. *Revista Brasileira de Ciência Veterinária*, v.3, n.2, p.33-37, 1996.

#### 4.7. Tabelas suplementares

Tabela Suplementar 4. 1s. Médias a posteriori (limites inferiores e superiores dos intervalos de alta densidade com 90% das amostras) dos parâmetros genéticos<sup>1</sup> de medidas morfométricas<sup>2</sup> estimados por meio do modelo multicaracterístico com os seis primeiros componentes principais de equinos Mangalarga Marchador

<b>Característica</b>	$\sigma_a^2$	$\sigma_e^2$	$\sigma_p^2$	$h^2$
<b>AG (cm)</b>	4,25 (4,01; 4,51)	4,63 (4,45; 4,80)	8,89 (8,75; 9,01)	0,48 (0,46; 0,50)
<b>CG (cm)</b>	1,78 (1,64; 1,90)	3,76 (3,66; 3,86)	5,54 (5,47; 5,61)	0,32 (0,30; 0,34)
<b>CP (cm)</b>	1,86 (1,71; 2,00)	4,64 (4,51; 4,75)	6,50 (6,41; 6,58)	0,29 (0,26; 0,31)
<b>DL (cm)</b>	3,39 (3,20; 3,59)	5,43 (5,28; 5,58)	8,82 (8,70; 8,94)	0,38 (0,37; 0,40)
<b>LC (cm)</b>	0,33 (0,31; 0,35)	0,60 (0,58; 0,61)	0,93 (0,92; 0,94)	0,36 (0,34; 0,38)
<b>LG (cm)</b>	1,08 (1,00; 1,16)	2,53 (2,46; 2,59)	3,61 (3,56; 3,65)	0,30 (0,28; 0,32)

<sup>1</sup> $\sigma_a^2$  = variância genética aditiva;  $\sigma_e^2$  = variância residual;  $\sigma_p^2$  = variância fenotípica;  $h^2$  = herdabilidade; <sup>2</sup>AG = altura na garupa; CG = comprimento de garupa; CP = comprimento de pescoço; DL = comprimento de dorso lombo; LC = largura de cabeça; LG = largura de garupa.

Tabela Suplementar 4. 2s. Médias a posteriori (limites inferiores e superiores dos intervalos de alta densidade com 90% das amostras) dos parâmetros genéticos<sup>1</sup> de medidas morfométricas<sup>2</sup> obtidos por meio de análise bicaracterística de equinos Mangalarga Marchador

<b>Características</b>	$\sigma_a^2$	$\sigma_e^2$	$\sigma_p^2$	$h^2$
<b>AC (cm)</b>	4.18 (3.92; 4.41)	4.71 (4.53; 4.89)	8.89 (8.76; 9.02)	0.47 (0.45; 0.49)
<b>AG (cm)</b>	4.24 (4.00; 4.49)	4.64 (4.46; 4.81)	8.88 (8.75; 9.01)	0.48 (0.45; 0.50)
<b>CCA (cm)</b>	0.88 (0.80; 0.95)	2.21 (2.15; 2.27)	3.09 (3.05; 3.13)	0.28 (0.26; 0.31)
<b>CCO (cm)</b>	5.40 (5.06; 5.77)	8.02 (7.76; 8.29)	13.43 (13.24; 13.62)	0.40 (0.38; 0.43)
<b>CE (cm)</b>	1.22 (1.12; 1.32)	3.03 (2.95; 3.11)	4.25 (4.20; 4.31)	0.29 (0.27; 0.31)
<b>CG (cm)</b>	1.76 (1.62; 1.88)	3.77 (3.67; 3.87)	5.53 (5.46; 5.61)	0.32 (0.30; 0.34)
<b>CP (cm)</b>	1.84 (1.68; 1.99)	4.65 (4.53; 4.78)	6.49 (6.40; 6.58)	0.28 (0.26; 0.30)
<b>DL (cm)</b>	3.37 (3.17; 3.56)	5.44 (5.29; 5.59)	8.81 (8.70; 8.93)	0.38 (0.36; 0.40)
<b>LC (cm)</b>	0.33 (0.31; 0.35)	0.60 (0.58; 0.62)	0.93 (0.92; 0.94)	0.35 (0.33; 0.37)
<b>LG (cm)</b>	1.06 (0.97; 1.14)	2.54 (2.47; 2.61)	3.60 (3.55; 3.65)	0.29 (0.27; 0.31)
<b>PC (cm)</b>	0.14 (0.13; 0.15)	0.36 (0.35; 0.37)	0.50 (0.49; 0.51)	0.27 (0.25; 0.30)
<b>PT (cm)</b>	8.02 (7.37; 8.64)	18.40 (17.86; 18.88)	26.42 (26.06; 26.77)	0.30 (0.28; 0.33)

<sup>1</sup> $\sigma_a^2$  = variância genética aditiva;  $\sigma_e^2$  = variância residual;  $\sigma_p^2$  = variância fenotípica, <sup>2</sup>AG = altura na garupa; CG = comprimento de garupa; CP = comprimento de pescoço; DL = comprimento de dorso lombo; LC = largura de cabeça; LG = largura de garupa.

Tabela Suplementar 4. 3s. Médias a posteriori (limites inferiores e superiores dos intervalos de alta densidade com 90% das amostras) da resposta indireta à seleção esperada nas variáveis não incluídas na avaliação genética<sup>1</sup> quando se pratica seleção nas características recomendadas como critérios de seleção<sup>2</sup>

Variável	AC	CCA	CCO	CE	PC	PT
AG	0,65 (0,62; 0,69)	0,16 (0,14; 0,18)	0,59 (0,56; 0,63)	0,19 (0,17; 0,21)	0,05 (0,04; 0,06)	0,49 (0,45; 0,54)
CG	0,23 (0,20; 0,26)	0,11 (0,10; 0,13)	0,32 (0,29; 0,35)	0,17 (0,15; 0,19)	0,04 (0,03; 0,04)	0,27 (0,23; 0,32)
CP	0,27 (0,25; 0,30)	0,09 (0,07; 0,10)	0,30 (0,27; 0,33)	0,11 (0,09; 0,13)	0,01 (0,01; 0,02)	0,16 (0,11; 0,20)
DL	0,19 (0,16; 0,21)	0,08 (0,07; 0,10)	0,28 (0,25; 0,31)	0,08 (0,07; 0,10)	0,03 (0,03; 0,04)	0,25 (0,21; 0,29)
LC	0,11 (0,09; 0,14)	0,08 (0,07; 0,10)	0,12 (0,09; 0,15)	0,01 (0,00; 0,03)	0,01 (0,01; 0,02)	0,12 (0,08; 0,16)
LG	0,15 (0,13; 0,16)	0,10 (0,08; 0,11)	0,32 (0,29; 0,36)	0,14 (0,12; 0,16)	0,03 (0,03; 0,04)	0,38 (0,34; 0,43)

<sup>1</sup>AC = altura na cernelha; <sup>2</sup>AG = altura na garupa; <sup>1</sup>CCA = comprimento de cabeça; <sup>1</sup>CCO = comprimento de corpo; <sup>1</sup>CE = comprimento de espádua; <sup>2</sup>CG = comprimento de garupa; <sup>2</sup>CP = comprimento de pescoço; <sup>2</sup>DL = comprimento de dorso lombo; <sup>2</sup>LC = largura de cabeça; <sup>2</sup>LG = largura de garupa; <sup>1</sup>PC = perímetro de canela; <sup>1</sup>PT = perímetro de tórax.

Tabela Suplementar 4. 4s. Autovetores dos dois primeiros componentes principais (CP1 e CP2)

Variáveis <sup>1</sup>	CP1	CP2
AC	0.386618	-0.25505
AG	0.378809	-0.18145
CCA	0.242849	0.435647
CCO	0.370168	-0.16401
CE	0.318133	0.085991
CG	0.294777	0.231048
CP	0.250113	-0.28183
DL	0.134989	0.506761
LC	0.129887	0.472384
LG	0.290611	0.131933
PC	0.222211	-0.20059
PT	0.302401	-0.08681

<sup>1</sup>AC = altura na cernelha; AG = altura na garupa; CCA = comprimento de cabeça; CCO = comprimento de corpo; CE = comprimento de espádua; CG = comprimento de garupa; CP = comprimento de pescoço; DL = comprimento de dorso lombo; LC = largura de cabeça; LG = largura de garupa; PC = perímetro de canela; PT = perímetro de tórax.

## 5. CONSIDERAÇÕES FINAIS

Os resultados apresentados na presente tese são importantes para auxiliar no direcionamento de acasalamentos de animais que atendam aos padrões da raça. Assim, pode-se montar um programa de melhoramento genético eficiente para manter a qualidade desejada para estes equinos. Como comprovado no primeiro artigo existe variabilidade genética para as medidas morfométricas mensuradas nos equinos no momento do registro definitivo. Logo, pequenas mudanças podem ser obtidas nas medidas morfométricas, em busca da criação de animais com medidas corporais dentro dos padrões raciais. Ainda, por se tratar de uma espécie em que a padronização é importante, em detrimento dos ganhos em medidas para as características, as avaliações genéticas aqui apresentadas também fornecem informações importantes para direcionar a evolução dos plantéis à padronização, e não ao crescimento ou aumento de alguma medida.

Como a utilização de um número muito grande de critérios de seleção, principalmente quando altamente correlacionados, pode levar a perdas na eficiência dos ganhos obtidos por meio de seleção, realizou-se o segundo trabalho. A utilização de análises de componentes principais é uma boa alternativa para seleção de características mais explicativas, para então proceder uma avaliação genética. Com menos características recomendadas como critérios de seleção, mas que representem bem todas as 12 medidas por serem geneticamente correlacionadas entre si, é possível alcançar de forma mais eficiente os objetivos de seleção. Com a diminuição do número de características a serem mensuradas, pode tornar mais rápido e menos dispendioso o trabalho dos técnicos de registro.

## **6. ANEXO**

### **PADRÃO DA RAÇA**

APROVADO PELO CDT – CONSELHO DELIBERATIVO TÉCNICO

DA ABCCMM EM 24/06/98

APROVADO PELO MAPA EM 05/07/2000

#### **I - APARÊNCIA GERAL:**

1 - Porte médio, ágil, estrutura forte e bem proporcionada, expressão vigorosa e sadia, visualmente leve na aparência, pele fina e lisa, pelos finos, lisos e sedosos, temperamento ativo e dócil.

2 - Altura:

Para machos a ideal é de 1,52m, admitindo-se para o registro definitivo a mínima de 1,47m e a máxima de 1,57m.

Para fêmeas a ideal é de 1,46m, admitindo-se para o registro definitivo a mínima de 1,40m e a máxima de 1,54m.

#### **II - CABEÇA:**

1 - Forma: triangular, bem delineada, média e harmoniosa, fronte larga e plana;

2 - Perfil: retilíneo na fronte e de retilíneo a sub-côncavo no chanfro;

3 - Olhos: afastados e expressivos, grandes, salientes, escuros e vivos, pálpebras finas e flexíveis;

4 - Orelhas: médias, móveis, paralelas, bem implantadas, dirigidas para cima, de preferência com as pontas ligeiramente voltadas para dentro;

5 - Garganta: larga e bem definida;

6 - Boca: de abertura média, lábios finos, móveis e firmes;

7 - Narinas: grandes, bem abertas e flexíveis;

8 - Ganachas: afastadas e descarnadas.

#### **III- EXPRESSÃO E CARACTERIZAÇÃO:**

O que exprime e caracteriza a raça em sua cabeça, aparência geral e conformação.

#### **IV - PESCOÇO:**

De forma piramidal, leve em sua aparência geral, proporcional, oblíquo, de musculatura forte, apresentando equilíbrio e flexibilidade, com inserções harmoniosas, sendo a do tronco no

terço superior do peito, admitindo-se, nos machos, ligeira convexidade na borda dorsal - como expressão de caráter sexual secundário - crinas ralas, finas e sedosas.

#### **V - TRONCO:**

- 1 - Cernelha: bem definida, longa, proporcionando boa direção à borda dorsal do pescoço;
- 2 - Peito: profundo, largo, musculoso e não saliente;
- 3 - Costelas: longas, arqueadas, possibilitando boa amplitude torácica;
- 4 - Dorso: de comprimento médio, reto, musculado, proporcional, harmoniosamente ligado à cernelha e ao lombo;
- 5 - Lombo: curto, reto, proporcional, harmoniosamente ligado ao dorso e à garupa, coberto por forte massa muscular;
- 6 - Ancas: simétricas, proporcionais e bem musculadas;
- 7 - Garupa: longa, proporcional, musculosa, levemente inclinada, com a tuberosidade sacral pouco saliente e de altura não superior à da cernelha;
- 8 - Cauda: de inserção média, bem implantada, sabugo curto, firme, dirigido para baixo, de preferência com a ponta ligeiramente voltada para cima quando o animal se movimenta. Cerdas finas, ralas e sedosas.

#### **VI - MEMBROS ANTERIORES:**

- 1 - Espáduas: longas, largas, oblíquas, musculadas, bem implantadas, apresentando amplitude de movimentos;
- 2 - Braços: longos, musculosos, bem articulados e oblíquos;
- 3 - Antebraços: longos, musculosos, bem articulados, retos e verticais;
- 4 - Joelhos: largos, bem articulados e na mesma vertical do antebraço;
- 5 - Canelas: retas, curtas, descarnadas, verticais, com tendões fortes e bem delineados;
- 6 - Boletos: definidos e bem articulados;
- 7 - Quartelas: de comprimento médio, fortes, oblíquas e bem articuladas;
- 8 - Cascos: médios, sólidos, escuros e arredondados.
- 9 - Aprumos: corretos.

#### **VII - MEMBROS POSTERIORES:**

- 1 - Coxas: musculosas e bem inseridas;
- 2 - Pernas: fortes, longas, bem articuladas e aprumadas;
- 3 - Jarretes: descarnados, firmes, bem articulados e aprumados;
- 4 - Canelas: retas, curtas, descarnadas, verticais, com tendões fortes e bem delineados;
- 5 - Boletos: definidos e bem articulados;



6 - Quartelas: de comprimento médio, fortes, oblíquas e bem articuladas;

7 - Cascos: médios, escuros e arredondados;

8 - Aprumos: corretos.

### **VIII - AÇÃO:**

1 - Passo: andamento marchado, simétrico, de baixa velocidade, a quatro tempos, com apoio alternado dos bípedes laterais e diagonais, sempre intercalados por tempo de tríplice apoio.

Características ideais: regular, elástico, com ocorrência de sobrepegada; equilibrado, com avanço sempre em diagonal e tempos de apoio dos bípedes diagonais pouco maiores que laterais; suave movimento de balsa com o pescoço; boa flexibilidade de articulações.

2 - Galope: andamento saltado, de velocidade média, assimétrico, a três tempos, cuja sequência de apoios se inicia com um posterior, seguido do bípode diagonal colateral (apoio simultâneo) e se completa com o anterior oposto.

Características ideais: regular, justo, com boa impulsão, equilibrado, com nítido tempo de suspensão, discreto movimento de balsa com o pescoço, boa flexibilidade de articulações.

### **IX – ANDAMENTO:**

Marcha batida ou picada – é o andamento natural, simétrico, a quatro tempos, com apoios alternados dos bípedes laterais e diagonais, intercalados por momentos de tríplice apoio.

Características ideais: regular, elástico, com ocorrência de sobrepegada ou ultrapegada, equilibrado, com avanço sempre em diagonal e tempos de apoio dos bípedes diagonais maiores que laterais, movimento discreto de anteriores, descrevendo semicírculo visto de perfil, boa flexibilidade de articulações.

*Aprovado pelo CDT – Conselho Deliberativo Técnico da ABCCMM em 11/02/2003 Aprovado pelo MAPA em 08/12/2003*

### **X - PONTOS DE DESCLASSIFICAÇÃO:**

#### **1 - EXPRESSÃO E CARACTERIZAÇÃO:**

Quando se distingue da raça.

#### **2 - DESPIGMENTAÇÃO:**

2.1 - Pele (Albinismo)

2.2 - Íris (Albinóide)

#### **3 - TEMPERAMENTO:**

Vícios considerados graves e transmissíveis.

#### **4 - ORELHAS:**

Mal dirigidas (Acabanadas)

**5 - PERFIL DA FRONTE:**

Convexilíneo

**6 - PERFIL DO CHANFRO:**

Convexilíneo ou concavilíneo

**7 - LÁBIOS:**

Com relaxamento das comissuras (belfo)

**8 - ASSIMETRIA DA ARCADA DENTÁRIA:**

(Prognatismo)

**9 - PESCOÇO:**

Cangado, invertido (de cervo) e rodado

**10 - LINHA DORSO-LOMBAR:**

Cifose (de carpa), lordose (selado) e escoliose (desvio lateral da coluna)

**11 - GARUPA:**

Demasiadamente inclinada (derreada), de altura superior à da cernelha, tolerando-se, neste caso, nas fêmeas, diferença de até 2 centímetros.

**12 - MEMBROS:**

Taras ósseas congênicas e defeitos graves de aprumos.

**13 - APARELHO GENITAL:**

13.1- Anorquidia (ausência congênita dos testículos)

13.2- Monorquidia (roncolho)

13.3- Criptorquidia (1 ou 2 testículos na cavidade abdominal)

13.4- Assimetria testicular acentuada

13.5- Anomalias congênicas do sistema genital feminino

**14 - ANDAMENTO:**

14.1- Andadura

14.2- Trote

14.3- Marcha trotada

**XI - TABELA DE PONTOS PARA REGISTRO DEFINITIVO**

ESPECIFICAÇÃO	VALORES
<b>I – APARÊNCIA GERAL</b>	04 pontos

<b>II – CABEÇA</b>	05 pontos
<b>III – CARACTERIZAÇÃO/EXPRESSÃO</b>	10 pontos
<b>IV – PESCOÇO</b>	04 pontos
<b>V – TRONCO</b>	23 pontos
CERNELHA	03 pontos
PEITO	02 pontos
TÓRAX	03 pontos
DORSO LOMBO	07 pontos
ANCAS	02 pontos
GARUPA	05 pontos
CAUDA	01 pontos
<b>VI – MEMBROS ANTERIORES</b>	<b>24 pontos</b>
ESPÁDUA	04 pontos
ANTEBRAÇO/BRAÇO	04 pontos
JOELHOS	03 pontos
CANELAS	02 pontos
BOLETOS	03 pontos
QUARTELAS	02 pontos
CASCOS	02 pontos
APRUMOS	04 pontos
<b>VII – MEMBROS POSTERIORES</b>	<b>20 pontos</b>
COXA/PERNA	04 pontos
JARRETES	03 pontos
CANELAS	02 pontos
BOLETOS	03 pontos
QUARTELAS	02 pontos
CASCOS	02 pontos
APRUMOS	04 pontos
<b>VII - AÇÃO</b>	<b>10 pontos</b>
PASSO	05 pontos
GALOPE	05 pontos
<b>SUB-TOTAL</b>	<b>100 pontos</b>

<b>IX – ANDAMENTO</b>	<b>100 pontos</b>
<b>TOTAL</b>	<b>200 pontos</b>

**OBSERVAÇÕES:**

1 - Para fins de Registro Definitivo, o animal deverá obter, no mínimo, 50% (cinquenta por cento) dos pontos de EXPRESSÃO/CARACTERIZAÇÃO E DE ANDAMENTO.

2 - Para o Registro Definitivo, deverá o animal ter obtido, no mínimo:

- a) Machos - 140 (cento e quarenta) pontos.
- b) Fêmeas - 120 (cento e vinte) pontos.

**Instruções Normativas para Inscrição de Potros Futuros Castrados e Machos Adultos Castrados**

Obs: As normas contidas nesta instrução não integram o Regulamento do Serviço de Registro Genealógico da ABCCMM, exatamente por versarem sobre animais castrados.

**Instruções Normativas para a Inscrição de Potros Futuros Castrados**

**I** - Fica instituído na Associação Brasileira dos Criadores do Cavalo Mangalarga Marchador (ABCCMM), o registro de Potros na condição de Futuros Castrados e o Livro de Machos Adultos Castrados.

**II** - Constituem condições essenciais e obrigatórias para a inscrição do animal nas modalidades que trata o anterior:

**a) Futuros Castrados:**

a.1) O proprietário deverá optar pela condição de Potro Futuro Castrado, na época do preenchimento da Comunicação de Nascimento ou até à visita do técnico para confecção da resenha de Potro-ao-Pé. Elaborada a resenha por técnico credenciado, o Serviço de Registro Genealógico emitirá o Certificado do Registro Provisório na condição de Futuro Castrado, apondo selo alusivo. Enquanto assim permanecer, estarão os animais impedidos de participarem das Exposições Oficializadas da Raça e Nacionais Jovem da Raça;

a.2) A possibilidade de reversão de Futuro Castrado para animal destinado à reprodução será possível, podendo ser exercida por uma única vez, por desejo expresso do criador e/ou proprietário por ocasião do Registro Definitivo ou até o limite máximo de 48 meses. Neste caso, o criador e/ou proprietário solicitante deverá arcar com os custos da diferença do valor

do Registro Provisório normal e do Futuro Castrado, e pagar taxa correspondente ao triplo daquela cobrada para emissão de 2ª via de Certificado;

a.3) A omissão do criador em optar pela futura castração será considerada como intenção de controle do Potro para reprodução, não podendo ser revertida a condição após a emissão do Registro Provisório.

### **Instruções Normativas para o Registro de Machos Castrados**

De acordo com a resolução do Conselho Deliberativo Técnico (CDT), fica instituído para a inscrição no Registro Definitivo de Machos Castrados o seguinte:

#### **b) Machos Castrados:**

b.1) Para animais com idade igual ou superior a 36 meses, o animal deverá ter sido inscrito, provisória ou definitivamente, no competente Livro de Registro Genealógico do Cavallo Mangalarga Marchador;

b.2) O animal deverá ser apresentado ao técnico para Registro Definitivo, munido do original do Registro Provisório devidamente transferido, se for o caso, e atestado ou laudo pericial de orquiectomia bilateral, firmado por médico veterinário, mencionando o respectivo nome do animal, número de registro, pelagem e a data de nascimento;

b.3) O animal deverá ter obtido, no mínimo, 60 (sessenta) pontos, de acordo com a tabela de pontos para Registro Definitivo;

b.4) A altura mínima para Registro Definitivo do Cavallo Castrado é de 1.40 m ( um metro e quarenta centímetros ) e a máxima 1.57 m ( um metro e cinquenta e sete centímetros ), admitindo-se uma assimetria de 0,02 m ( dois centímetros ) com relação à mensuração da cernelha para garupa;

b.5) Animais registrados em Definitivo como reprodutores, e que forem Castrados; e a apresentação do Certificado de Registro Definitivo e do atestado de orquiectomia bilateral firmado por médico veterinário ao Serviço de Registro, são requisitos suficientes para mudança à condição de Macho Castrado, não sendo necessária nova vistoria por técnico da ABCCMM;

b.6) Após confirmado o Registro Definitivo, o Serviço de Registro Genealógico emitirá o certificado com a inscrição no competente Livro de Registro, apondo selo indicativo da condição de Castrado.