



ANÁLISE DE PEDIGREE DA RAÇA BRASILEIRO DE HIPISMO

BETHÂNIA R. MEDEIROS^{1,2}, CLAUDIA D. BERTOLI³, PETRA GARBADE¹, TIAGO DO PRADO PAIM³, CONCEPTA M. MCMANUS^{1,4}

¹Departamento de Medicina Animal, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, Brazil, e-mail: concepta@unb.br;

²Instituto Federal Catarinense, Araquari, Brazil

³Médico Veterinário, Instituto Federal Goiano, Campus Iporá, Iporá, GO, Brasil. e-mail: tiago.paim@ifgoiano.edu.br

⁴Departamento de Zootecnia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, Brazil

Resumo: A raça Brasileiro de Hipismo (BH) é caracterizada por uma população aberta que permite a entrada de genética de outras raças reconhecidas pela Federação Mundial de Criadores de Cavalos de Esporte. O objetivo do estudo foi caracterizar geneticamente a população da raça BH objetivando a consolidação do programa de seleção atual. A Associação Brasileira de Criadores do Brasileiro de Hipismo forneceu dados genealógicos de 1977 a 2011. O banco de dados contendo 34.393 cavalos foi analisado para determinar os seguintes parâmetros genéticos: endogamia individual (F), tamanho efetivo da população (N_e), número efetivo de fundadores (f_e), número efetivo de ancestrais (f_a), e número de fundadores genômicos (f_g). As análises foram feitas em duplicata: uma para os animais nascidos até 1995 (ANTERIOR) e outra para cavalos nascidos nos últimos 15 anos (15ANOS). O N_e estimado pareadamente aumentou e consistiu de 188,59 ($\pm 3,24$) animais. O f_e foi 466 e 222 para ANTERIOR e 15ANOS, respectivamente. Os ancestrais foram representados por f_a igual a 274 e 129. E o F médio para 15ANOS foi 0,6%; 1444 animais foram endogâmicos, com coeficiente médio de 3,33%. A diferença encontrada em f_a e f_e , entre ANTERIOR e 15ANOS, demonstrou uma perda de alelos originais. O aumento da contribuição de alguns fundadores representa a preferência dos criadores por poucos cavalos, sem considerar o efeito negativo de altos coeficientes de endogamia. A variabilidade genética do BH está de acordo com a sua ampla base de formação e pode permitir ganhos genéticos por meio de seleção.

Palavras-chave: equinos; genética de população; variabilidade genética; endogamia.