



UNIVERSIDADE FEDERAL DA BAHIA - UFBA
PROGRAMA DE MESTRADO EM ZOOTECNIA

**O GENE *ASIP* E A COLORAÇÃO DA
PELAGEM DE JUMENTOS DA RAÇA PÊGA**

VICTORIA CAMILLA PARENTE ROCHA
Médica Veterinária

SALVADOR - BA
JULHO - 2025

VICTORIA CAMILLA PARENTE ROCHA

**O GENE *ASIP* E A COLORAÇÃO DA PELAGEM DE JUMENTOS DA
RAÇA PÊGA**

Dissertação apresentada ao
Programa de Mestrado em
Zootecnia, da Universidade
Federal da Bahia como
requisito parcial para obtenção
do título de Mestre em
Zootecnia.

Área de Concentração:
Melhoramento Animal

Orientador: Prof. Dr. Gregório Miguel Ferreira de Camargo

Coorientadora: Dra. Jackeline Santos Alves

**SALVADOR - BA
JULHO - 2025**

Dados internacionais de catalogação-na-publicação
(SIBI/UFBA/Biblioteca Universitária Reitor Macedo Costa)

Rocha, Victoria Camilla Parente.

O gene ASIP e a coloração da pelagem de jumentos da raça Pêga / Victoria Camilla Parente Rocha. - 2025.

57 f.: il.

Orientador: Prof. Dr. Gregório Miguel Ferreira de Camargo.

Coorientadora: Profa. Dra. Jackeline Santos Alves.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal da Bahia, Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia, Salvador, 2025.

1. Zootecnia. 2. Pele de animais. 3. Cor dos animais. 4. Jumentos - Genética. 5. Jumentos - Cor. 6. Pêga (Jumento). I. Camargo, Gregório Miguel Ferreira de. II. Universidade Federal da Bahia. Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia. III. Título.

CDD - 636.18

CDU - 636.183


**“O GENE ASIP E A COLORAÇÃO DA PELAGEM EM JUMENTOS DA RAÇA
PÊGA”**

Victoria Camila Parente Rocha


Dissertação defendida e aprovada para obtenção do grau de Mestre em Zootecnia

Salvador, 11 de julho de 2025

Comissão examinadora:

Documento assinado digitalmente
 **GREGORIO MIGUEL FERREIRA DE CAMARGO**
Data: 15/07/2025 10:36:02-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Dr. Gregório Miguel Ferreira de Camargo UFBA
Orientador / Presidente

Documento assinado digitalmente
 **RAPHAEL BERMAL COSTA**
Data: 15/07/2025 10:05:49-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Dr. Raphael Bermal Costa
UFBA



Dra. Denise Rocha Ayres
UFR

Dedico a Deus, meus pais, meus irmãos, Nina (*in memoriam*) e meus avós, amores da minha vida.

AGRADECIMENTOS

Agradeço, primeiramente, a **Deus**, por ter me sustentado até aqui com força, coragem e esperança, mesmo nos dias mais difíceis.

À minha família, minha base e maior apoio. Aos meus pais, **Sérgio e Conceição**, que mesmo à distância estiveram sempre presentes com palavras de incentivo, ligações cheias de afeto e suporte emocional nos momentos em que eu mais precisei. Eles foram fundamentais para que eu não desistisse, me ajudando a atravessar inúmeras dificuldades com sabedoria, paciência e amor incondicional.

Aos meus irmãos, **Saiaka e Sérgio Júnior**. À minha irmã Saiaka, que, também inserida no meio acadêmico, me orientou em muitas decisões, compartilhou experiências e me ajudou a enxergar caminhos quando tudo parecia confuso. E ao meu irmão Sérgio Júnior, por estar sempre disposto a me ouvir, por se preocupar com meu bem-estar e tentar, com seu jeito único, amenizar as minhas preocupações e me ajudar a encontrar equilíbrio.

Um agradecimento eterno à minha irmã canina **Nina** (*in memoriam*), o amor da minha vida. Foram 16 anos ao meu lado: do ensino fundamental ao término da graduação, do início da minha trajetória acadêmica até os primeiros passos no mestrado. Nina foi minha companheira mais fiel, minha força silenciosa nos dias difíceis, minha maior inspiração. Foi ela quem me mostrou, desde cedo, o que é amor verdadeiro, puro e incondicional. Ela é a razão pela qual escolhi a Medicina Veterinária e a principal motivação para realizar um dos grandes sonhos da minha família: fundar uma clínica veterinária em sua homenagem, a **CliNina**. Essa clínica representa muito mais que um projeto profissional, ela nasceu de um vínculo profundo, de um sentimento que só quem já amou um animal de estimação é capaz de compreender. Nina é e sempre será parte de mim, da minha história, e do que sou como pessoa e profissional. Eu jamais deixarei de amá-la.

À minha outra irmã canina, **Mel**, mesmo com o pouco tempo de convivência, expressei minha gratidão. Sei o quanto ela trouxe alegria, conforto e leveza à minha família, especialmente em um momento de dor e transição. Ela chegou como um sopro de esperança, e sou grata por sua presença.

Agradeço com muito carinho às pessoas que tornaram essa caminhada mais leve, em especial a **Miguel, Camilla, Ana Paula, Júlia, Wellington e Keyla**. Ter vocês por perto, dividindo angústias, conquistas e rotinas do meio acadêmico, foi essencial para que eu me sentisse compreendida, acolhida e motivada a continuar. Aos meus amigos que adquiri em Salvador e que contribuíram com minha estadia na cidade: **Thaylla, Jelle, Hyago, Jade e Gabriela**, meus sinceros agradecimentos.

À **Universidade Federal da Bahia (UFBA)**, minha segunda casa, minha admiração e reconhecimento. Nunca me esqueci da frase escrita no térreo da Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia: “E há no olhar do animal mudo, palavras que somente compreendem a alma dos que sabem!” — palavras que me acompanharam desde o início e seguirão comigo por toda a vida, como símbolo do propósito que escolhi.

À **Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES)**, pelo apoio financeiro por meio da concessão de bolsa, fundamental para a realização deste projeto de dissertação.

Ao **Laboratório Multifuncional da UFBA**, minha gratidão pela estrutura, aprendizado e acolhimento. A toda a equipe, meu sincero obrigado. Em especial à **Jackeline**, que além de orientadora dedicada e competente, esteve ao meu lado também como amiga, me ajudando a atravessar questões pessoais com empatia, escuta e confiança.

À **Associação Brasileira de Criadores de Jumentos Pêga (ABCJPêga)**, agradeço pela concessão dos dados que viabilizaram esta pesquisa e contribuíram significativamente para o avanço no estudo do melhoramento genético da espécie.

Aos professores que marcaram minha trajetória: à professora **Thereza Bittencourt**, inspiração desde o primeiro semestre; ao professor **Raphael Bernal Costa**, por acreditar em mim quando eu mais precisava e me oferecer minha primeira oportunidade em iniciação científica, mudando completamente o rumo da minha formação; à doutora **Valdecy Rocha**, por sua orientação cuidadosa e por me impulsionar até o mestrado; e às doutoras **Jackeline e Fabieli**, pelo apoio durante o processo do barema, só quem já passou por isso sabe o quanto é uma tarefa árdua, que exige organização persistência e dedicação.

Por fim, agradeço ao meu orientador, professor **Gregório Miguel Ferreira de Camargo**, por sua disponibilidade constante, orientações sempre claras, e por sua sensibilidade e compreensão nos momentos mais difíceis, especialmente durante a perda da Nina. Sua postura humana e acolhedora fez toda a diferença nesta etapa da minha vida.

A todos que, de alguma forma, fizeram parte desta jornada, meu mais sincero muito obrigada

Rocha, Victória Camilla Parente. **O gene *ASIP* e a coloração da pelagem de jumentos da raça Pêga**. Salvador, Bahia, 2025. 57p. Dissertação de mestrado – Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade Federal da Bahia, 2025.

RESUMO

Os jumentos (*Equus asinus*) foram domesticados na África e introduzidos no Brasil durante o período colonial, originando a raça Pêga, reconhecida por suas qualidades morfofuncionais, rusticidade e ampla diversidade de pelagens, característica valorizada por seu apelo estético e potencial adaptativo. Entre os genes envolvidos na determinação da coloração, destaca-se o *ASIP*, que regula a síntese de eumelanina (pigmento escuro) e feomelanina (pigmento claro), sendo o segundo gene mais importante na pigmentação em mamíferos. Diante disso, objetivou-se caracterizar o gene *ASIP* e investigar sua relação com os padrões de pelagem na raça Pêga. Foram avaliadas 19 variações de pelagem em animais registrados na Associação Brasileira dos Criadores do Jumento Pêga (ABCJPêga). O DNA foi extraído de folículos caudais, seguido da amplificação dos três éxons do *ASIP* por PCR e sequenciamento. As sequências obtidas foram alinhadas no *CodonCode Aligner* e comparadas ao genoma de referência (NCBI NC_052191.1). Para o SNP previamente relatado, c.349T>C, todos os animais apresentaram o genótipo T/T, confirmando a presença do fenótipo Light Points (LP). Isso é condizente com as pelagens do Jumento Pêga que possuem essas áreas claras de focinho e ventre, independente da coloração da pelagem. Nenhuma outra variante foi identificada nos éxons analisados, sugerindo que o *ASIP* não está envolvido nas diferenças de tonalidade observadas na raça. Esses achados indicam que a coloração da pelagem nos jumentos Pêga é regulada por mecanismos genéticos ainda desconhecidos e reforçam a necessidade de estudos com novos genes candidatos e abordagens genômicas amplas para compreender a arquitetura genética dessa característica complexa.

Palavras-chaves: *Equus asinus*, monomorfismo, Pigmentação

Rocha, Victória Camilla Parente. **O gene *ASIP* e a coloração da pelagem de jumentos da raça Pêga**. Salvador, Bahia, 2025. 57p. Dissertação de mestrado – Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia, Universidade Federal da Bahia, 2025.

ABSTRACT

Donkeys (*Equus asinus*) were domesticated in Africa and introduced to Brazil during the colonial period, giving rise to the Pêga breed, recognized for its morphofunctional qualities, hardiness, and broad diversity of coat colors—a trait valued for both its aesthetic appeal and adaptive potential. Among the genes involved in coat color determination, the *ASIP* gene stands out, as it regulates the synthesis of eumelanin (dark pigment) and pheomelanin (light pigment), being the second most important gene in pigmentation in mammals. In this context, the objective of this study was to characterize the *ASIP* gene and investigate its relationship with coat color patterns in the Pêga breed. Nineteen coat color variations were evaluated in animals registered with the Brazilian Association of Pêga Donkey Breeders (ABCJPêga). DNA was extracted from tail hair follicles, followed by amplification of the three *ASIP* exons by PCR and sequencing. The sequences obtained were aligned using **CodonCode Aligner** and compared to the reference genome (NCBI NC_052191.1). For the previously reported SNP, c.349T>C, all animals showed the T/T genotype, confirming the presence of the Light Points (LP) phenotype. This is consistent with Pêga donkey coat patterns that exhibit light areas on the muzzle and belly, regardless of the overall coat color. No other variants were identified in the analyzed exons, suggesting that *ASIP* is not involved in the tonal differences observed in the breed. These findings indicate that coat color in Pêga donkeys is regulated by yet unknown genetic mechanisms and highlight the need for studies involving new candidate genes and broader genomic approaches to better understand the genetic architecture of this complex trait. **Keywords:** *Equus asinus*, monomorphism, Pigmentation

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figura 1- Jumentos transportando produtos das fazendas em Minas Gerais.....	19
Figura 2- Exemplares do jumento Nordestino, animal rústico adaptado ao semiárido.....	20
Figura 3- Jumento Brasileiro com fenótipo de pelagem ruã clara.....	21
Figura 4- Jumentos Nordestino abandonados em rodovia do estado do Ceará, Brasil e posteriormente resgatados.....	22
Figura 5- Exemplos de pelagens da raça Pêga.....	25
Figura 6- Jumento Pêga com pelagem do tipo pelo de rato, conforme os critérios morfológicos estabelecidos pela ABCJPêga em seu regulamento oficial	29
Figura 7- Jumento Pêga com as variações da pelagem do tipo pelo de rato	30
Figura 8- Variação da pelagem Tordilha em Jumento Pêga.....	30
Figura 9- Variações fenotípicas da pelagem ruã em jumentos da raça Pêga.....	32
Figura 10- Pelagem Preta em Jumento Pêga.....	33
Figura 11- Jumenta Pêga com pelagem preta mal tinta e filhote de Jumento com pelagem preto retinto ou azeviche.....	33
Figura 12- Padrões pampa e oveiro em jumentos Pêga.....	34
Figura 13- Mula derivada de um cruzamento entre um jumento oveiro e uma égua pampa de preto.....	38
Figura 14- Mula com pelagem baia calçada pampa, evidenciado nos diferentes ângulos.....	39

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Principais variações de pelagem na raça Pêga encontradas no registro da ABCJPêga.....35

Tabela 2 - Principais genes, suas funções, mutações e variantes que influenciam as diferentes colorações e padrões de pelagem em jumentos.....40

LISTA DE SIGLAS

ABCJPÊGA – Associação Brasileira dos Criadores de Jumentos da Raça Pêga
 α -MSH – Hormônio Estimulador de Melanócitos Alfa (Alpha-Melanocyte-Stimulating Hormone)
 ASIP – Proteína de Sinalização Agouti (Agouti Signaling Protein)
 CDS – Sequência de DNA Codificadora (Coding DNA Sequence)
 CEUA – Comissão de Ética no Uso de Animais
 DCT – Dopacromo Tautomerase
 DNA – Ácido Desoxirribonucleico (Deoxyribonucleic Acid)
 EDNRB – Receptor de Endotelina Tipo B (Endothelin Receptor Type B)
 EMBRAPA – Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
 FGF5 – Fator de Crescimento de Fibroblastos 5
 GWAS – Estudo de Associação Genômica Ampla (Genome-Wide Association Study)
 IBGE – Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística
 IDT – Integrated DNA Technologies
 LP - Light Points (fenótipos com pontos claros)
 KIT – Proto-oncogene KIT, Receptor de Tirosina Quinase
 KITLG – Ligante do KIT (KIT Ligand)
 MAPA – Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento
 MC1R – Receptor de Melanocortina 1 (Melanocortin 1 Receptor)
 MC2R – Receptor de Melanocortina 2 (Melanocortin 2 Receptor)
 MC3R – Receptor de Melanocortina 3 (Melanocortin 3 Receptor)
 MC4R – Receptor de Melanocortina 4 (Melanocortin 4 Receptor)
 MC5R – Receptor de Melanocortina 5 (Melanocortin 5 Receptor)
 MGF – Fator de Crescimento de Melanócitos (Melanocyte Growth Factor)
 MITF – Fator de Transcrição de Microphthalmia (Microphthalmia-associated Transcription Factor)
 MSH – Hormônio Estimulador de Melanócitos (Melanocyte-Stimulating Hormone)
 NCBI – Centro Nacional de Informação Biotecnológica (National Center for Biotechnology Information)
 NPL – No Light Points (fenótipo sem pontos claros)
 PC – Puro por Cruzamento
 PCR – Reação em Cadeia da Polimerase (Polymerase Chain Reaction)
 PEG – Polietilenoglicol
 Pré-mRNA – pré-RNA mensageiro (forma primária do RNA mensageiro antes do processamento)
 SCF – Fator de Células-Tronco (Stem Cell Factor)
 SLC45A2 – Transportador de Solute Família 45 Membro 2 (Solute Carrier Family 45 Member 2)
 SNP – Polimorfismo de Nucleotídeo Único (Single Nucleotide Polymorphism)
 SRG – Serviço de Registro Genealógico
 STX17 – Syntaxin 17 (gene relacionado à pigmentação)
 SYBR – Corante fluorescente utilizado em PCR
 TBX3 – Fator de Transcrição da Família T-box 3 (T-box Transcription Factor 3)
 TRPM1 – Canal de Cátions Potencial Receptor Transitório Membro 1 (Transient Receptor Potential Cation Channel Subfamily M Member 1)
 TYR – Tirosinase
 TYRP1 – Proteína Relacionada à Tirosinase 1
 UFBA – Universidade Federal da Bahia
 UFMG – Universidade Federal de Minas Gerais
 UNIVASF – Universidade Federal do Vale do São Francisco

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO.....	14
2. REVISÃO DE LITERATURA.....	15
2.1. RAÇAS DE JUMENTOS NO BRASIL	15
2.2. RAÇA PÊGA.....	22
2.3. FENÓTIPOS DE PELAGEM NA RAÇA PÊGA.....	26
2.3.1 PADRONIZAÇÃO FENOTÍPICA, ERROS NO REGISTRO DE PELAGEM E A IMPORTÂNCIA DAS VARIAÇÕES NO LIVRO DE VARIEDADE.....	34
2.4. GENES E POLIMORFISMOS QUE AFETAM A PELAGEM DE ASININOS.....	39
2.5. O GENE <i>ASIP</i> E SUA INFLUÊNCIA NA PELAGEM DE JUMENTOS.....	41
3. OBJETIVOS	44
3.1 GERAL.....	44
3.2 ESPECÍFICOS	45
4. MATERIAL E MÉTODOS.....	45
4.1 AMOSTRAGEM E COLETA DE AMOSTRAS	45
4.2 EXTRAÇÃO E QUANTIFICAÇÃO DE DNA	46
4.3 AMPLIFICAÇÃO DO GENE <i>ASIP</i>	46
4.4 PURIFICAÇÃO E SEQUENCIAMENTO.....	47
5. RESULTADOS E DISCUSSÃO	48
6. CONCLUSÃO	49
7. REFERÊNCIAS	49

1. INTRODUÇÃO

Os jumentos (*Equus asinus*) são animais que se originaram e que foram domesticados na África com uma dispersão posterior para Eurásia (Todd et al., 2022). Foram trazidos ao Brasil pelos colonizadores europeus nos séculos XV e XVI, sendo essenciais para o desenvolvimento da agricultura e do transporte no país (Primo, 2004). Com o tempo, passaram por processos distintos de adaptação e seleção no Brasil, resultando na formação de dois ecótipos: o jumento Nordestino, que sofreu forte seleção natural, sendo adaptado ao semiárido, e o jumento Brasileiro, resultado dos cruzamentos com raças italianas, encontrado no Sudeste do país. Também foi formado uma raça de jumentos denominado Pêga, selecionado para a marcha (Castro; Egito, 2012).

Esses animais desempenharam um papel fundamental na economia rural, especialmente como meio de transporte de pessoas e cargas, além de auxiliarem em atividades agrícolas em regiões com relevo acidentado ou pouca infraestrutura. Embora a mecanização tenha reduzido seu uso, a população de jumentos sofreu uma drástica diminuição ao longo dos anos, intensificada recentemente pelo abate indiscriminado. Ainda assim, continuam sendo animais de grande valor cultural e ecológico para as áreas rurais mais isoladas do Brasil. A raça Pêga, além do valor cultural e ecológico, também engloba um valor econômico comercial no país (Araújo, 2023; EV/UFGM, 2024; Gameiro; Rezende; Zanella, 2021).

Originários de Minas Gerais, os animais Pêga formam a única raça oficialmente reconhecida no Brasil com um padrão racial estabelecido e regulado por associações de criadores. Desenvolvida no início do século XIX, a raça é valorizada por suas características morfofuncionais, como força, resistência e marcha natural, sendo muito utilizada na produção de muares marchadores (ABCJPêga, 2023a). Além das qualidades físicas, as características de pelagem dos animais também são um diferencial importante, pois definem a identidade visual, preferência entre os criadores e são importantes na termorregulação e adaptação ao ambiente (Scharf et al., 2010; Seijan et al., 2015). As cores como pelo de rato e ruã, padrões na raça, são frequentemente acompanhadas pela faixa crucial e a listra de burro, evidenciando a ancestralidade egípcia e siciliana da raça (ABCJPêga, 2023b; Araújo, 2023).

No contexto da genética da pelagem, o gene *ASIP* (*Agouti Signaling Protein*) se destaca na regulação da cor nos mamíferos. Estudos demonstram que o *ASIP* modula a produção de melanina, influenciando a proporção entre eumelanina (pigmento escuro) e feomelanina (pigmento claro), resultando em diferentes padrões de pelagem. Embora o *ASIP* tenha sido estudado em diversas espécies de animais e algumas raças de jumentos (Abitbol; Fellah; Tired, 2015; Haase et al., 2009; Royo et al., 2008; Schmutz; Berryere, 2007; Yu et al., 2020) não há, até

o momento, estudos específicos sobre o impacto desse gene na coloração da pelagem dos jumentos da raça Pêga. Compreender a contribuição do gene *ASIP* na regulação da pelagem dos jumentos Pêga no Brasil é essencial para direcionar programas de seleção e manejo genético. Portanto, o objetivo com esse trabalho foi caracterizar o gene *ASIP* e sua influência na variação das pelagens em jumentos Pêga no Brasil, visando contribuir para a manutenção e valorização da raça no Brasil.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. RAÇAS DE JUMENTOS NO BRASIL

Os jumentos (*Equus asinus*) foram introduzidos no Brasil pelos colonizadores europeus a partir do século XV e XVI, desempenhando papel fundamental no desenvolvimento das atividades rurais (Primo, 2004). No entanto, sua história evolutiva remonta à domesticação ocorrida no norte do continente africano, por volta de 5000 a.C., mediante as condições áridas do deserto do Saara. Estudos genômicos indicam que essa domesticação deu origem a duas principais linhagens: clado núbio (I) e clado somali (II), ambas resultantes de uma única origem africana, mas com trajetórias de dispersão distintas (Todd et al., 2022).

A partir da domesticação, os jumentos se expandiram para a Ásia e Europa, com evidências arqueogenômicas demonstrando sua presença na Anatólia e no Irã já no terceiro milênio a.C., e retornos posteriores à África. Ao longo desse processo, diferenciaram-se populações adaptadas regionalmente, com diversidade genética relativamente estável e baixa introgressão de espécies selvagens, ao contrário do observado nos cavalos (Todd et al., 2022).

Nas Américas, os jumentos chegaram inicialmente com as expedições de Cristóvão Colombo e, no Brasil, foram trazidos por Martim Afonso de Souza por volta de 1534, provenientes das ilhas africanas da Madeira e Canárias (Mariante; Calvante, 2000; Torres ;Jardim, 1987). A primeira localidade brasileira a recebê-los foi a cidade de São Vicente, em São Paulo, seguida pela Bahia, com a chegada de animais oriundos de Cabo Verde na caravela “Golf”. Durante os séculos XVI e XVII, esses animais foram distribuídos por diversas regiões, fixando-se especialmente no semiárido nordestino. A partir do final do século XX, jumentos italianos e espanhóis também foram introduzidos no país, com objetivo zootécnico e de melhoramento genético (Carneiro et al., 2018).

A introdução dos jumentos em diferentes regiões do Brasil, aliada à adaptação a variadas condições ambientais e manejo de seleção, favoreceu o desenvolvimento de grupos populacionais

distintos ao longo do tempo. Destacam-se dois conjuntos regionais ainda não reconhecidos oficialmente como raças, denominados ecótipos: o Nordestino, caracterizado por rusticidade, menor tamanho e, portanto, menor exigência de manutenção e alta resistência ao clima semiárido, e Brasileiro originário da região Sudeste do país desenvolvido para produção de muares. Esses grupos são classificados como ecótipos por apresentarem traços fenotípicos comuns, mas sem critérios padronizados de registro genealógico (Castro;Egito, 2012). A única raça asinina oficialmente reconhecida no Brasil é a raça Pêga, originada no século XIX a partir da seleção de indivíduos adaptados ao trabalho e com aptidão específica para a produção de muares marchadores, mediante o cruzamento principalmente com éguas (ABCJPêga, 2023a; Araújo, 2023).

Os três grupos brasileiros, Nordestino, Brasileiro e Pêga, apresentam origem genética complexa, influenciada por cruzamentos históricos com jumentos de origens africanas, asiáticas e europeias, o que evidencia múltiplas rotas de introdução no país (Almeida, 2009; Alves et al., 2021; Alves et al., 2022; Jordana et al., 2016; Xia et al., 2019). O ecótipo Nordestino e a raça Pêga demonstram alta diversidade genética, enquanto o jumento Brasileiro apresenta diversidade haplotípica moderada e com baixa diversidade nucleotídica, sugerindo origem a partir de poucas linhagens fundadoras (Alves et al., 2021). Estudos genômicos demonstram que os jumentos brasileiros compartilham haplótipos com populações do Velho Mundo, o que evidencia uma contribuição ancestral de múltiplas origens maternas. De modo geral, as linhagens do jumento Nordestino apresentam maior proximidade com o clado somaliensis (*Equus africanus somaliensis*), enquanto o Brasileiro e o Pêga demonstram afinidade genética com o clado núbio (*Equus africanus africanus*) (Alves et al., 2022; Todd et al., 2022). Essas diferenças refletem o impacto das rotas de introdução e seleção natural regional, resultando na formação de grupos localmente adaptados.

A origem e consolidação da raça Pêga, por exemplo, ilustram bem essa dinâmica histórica. Análises filogenéticas demonstram que os jumentos da raça Pêga compartilham maior proximidade genética com indivíduos das Ilhas Canárias e do sul da Península Ibérica, regiões historicamente ligadas à introdução inicial de asininos no Brasil pelos colonizadores europeus (Todd et al., 2022). Essa relação reforça a ancestralidade norte-africana, insular e ibérica da raça, embora seu desenvolvimento evolutivo e padronização tenham ocorrido em território nacional a partir do século XIX (Araújo, 2023; Todd et al., 2022).

Ainda, sobre a ancestralidade, as diferentes populações asininas no Brasil possuem origens maternas distintas e se encontram geneticamente estruturadas, reforçando a hipótese de formação independente dessas raças no Brasil e o isolamento relativo entre suas matrizes fundadoras. Para

compreender a história evolutiva das populações de jumentos brasileiros, análises baseadas no DNA mitocondrial (*mtDNA*), especialmente na região *D-loop*, foram utilizadas (Alves et al., 2021; Alves et al., 2022). Esse tipo de marcador é transmitido exclusivamente pela linhagem materna e não sofre recombinação, o que o torna uma ferramenta valiosa para rastrear linhagens ancestrais e relações filogenéticas entre populações (Kefena et al., 2014; Stanisic et al., 2017; Xia et al., 2019). No caso dos grupos Nordestino, Pêga e Brasileiro, foram identificados cinco haplótipos mitocondriais distintos, dos quais dois foram exclusivos do Nordeste e três do Pêga, sem sobreposição entre as raças (Alves et al., 2022).

Padrões distintos de diversidade entre os três jumentos do Brasil foram identificados através da análise das distâncias genéticas intra e intergrupos entre esses animais. O jumento Brasileiro apresentou os menores níveis de diversidade haplotípica e nucleotídica, o que pode refletir um número limitado de linhagens maternas fundadoras e uma possível redução populacional. Em contraste, o grupo Nordestino mostrou os maiores índices de diversidade, sugerindo uma ancestralidade mais ampla e com menor direcionamento seletivo por intervenção humana. No que diz respeito às distâncias genéticas entre grupos, observou-se maior divergência entre os jumentos Nordestino e Brasileiro, enquanto os menores valores foram registrados entre os grupos Pêga e Brasileiro. Esses resultados apontam para uma maior afinidade filogenética entre os grupos Pêga e Brasileiro, em oposição à maior distância genética do grupo Nordestino, refletindo trajetórias distintas de formação, graus variados de miscigenação e diferentes histórias de manejo reprodutivo (Alves et al., 2022).

Observa-se que as raças de cavalos e jumentos apresentam baixa distância genética intraespecífica e interespecífica. Isso é evidenciado pela pequena diferenciação fenotípica entre raças. A proximidade entre espécies é demonstrada pela geração de híbridos viáveis, os muares (Alves et al., 2021). Os muares são híbridos, que apesar de serem estéreis, são dotados de maior rusticidade, resistência e força funcional, atuando amplamente no transporte e tração nas zonas rurais atuais. No período imperial, essas aptidões eram preconizadas beneficiando os sistemas de lavouras de cana-de-açúcar e café (Araújo, 2023).

A produção de muares alcançou tamanha relevância que levou à criação de rotas comerciais específicas no sul do país, dando origem ao chamado “Caminho das Tropas”. Esses híbridos eram organizados em grandes tropas que percorriam longas distâncias em terrenos de difícil acesso se destinando a São Paulo e Minas Gerais (Figura 1) (Suprinyak, 2008). Ainda hoje, os muares têm sido preconizados em fazendas brasileiras devido à heterose, que confere a eles desempenho fenotípico superior à média dos seus progenitores (Franco et al., 2016). Como

resultado desse vigor híbrido, aliado a outros fatores, a população de muares em 2017 era aproximadamente o dobro da de jumentos no país (IBGE, 2017).

Figura 1 - Jumentos transportando produtos das fazendas em Minas Gerais



Figura 1 - Fotografia histórica de jumentos carregando produtos das fazendas em uma estrada rural de Minas Gerais. A imagem ilustra o papel dos jumentos como animais de carga no transporte de mercadorias e utensílios agrícolas, principalmente em regiões montanhosas e de difícil acesso, onde esses animais eram essenciais para a economia local.

Fonte: Guerra, 1968.

Em relação à funcionalidade dos jumentos no Brasil destacando-se pela aptidão para o trabalho, foram utilizados tanto para montaria, carga, tração e produção de híbridos (Franco et al., 2016; Lima et al., 2021). O jumento Nordestino (Figura 2) destacou-se por sua rusticidade, docilidade e resistência, sendo usado no transporte e trabalho nas regiões áridas e canavieiras do litoral. Altamente adaptado ao clima semiárido da Caatinga, são animais mansos e de baixo custo de manutenção, hoje são importantes para os pequenos produtores e comunidades de baixa renda no Nordeste (Gameiro; Clancy; Zanella, 2022; Mariante; Cavalcante, 2006; Pimentel et al., 2014). Além da produção de muares, os jumentos atuam em propriedades familiares produtoras de cacau, sisal e fibras na Bahia (Bitencourt et al., 2021; Carneiro et al., 2018), representando um símbolo histórico e cultural para o sertanejo (Lima et al., 2021).

Quanto às suas características, o Nordestino não possui padrão morfológico definido, com diferenças em altura, coloração e conformação corporal (Carneiro et al., 2018; Felix et al., 2022). São animais com estrutura física compacta, com altura e peso oscilando entre 1,00 e 1,20 m e 100 a 170 kg, respectivamente. O dorso desses animais é curto e os cascos pequenos com talões altos, que proporciona vantagem no trabalho (Almeida, 2009; Mariante; Cavalcante, 2006; Pimentel et

al., 2014). Adaptados às condições edafoclimáticas do semiárido, apresentam pelagem com pele escura e pelos curtos e claros, predominando pelo de rato, ruã, ruça e baia (Almeida, 2009; INSA, 2024) (Figura 2). Morfologicamente, há dimorfismo sexual com variações em diferentes traços associados à diversidade genética e ao acasalamento ao acaso, sendo comum a presença de cabeças triangulares com perfil retilíneo e orelhas longas, eretas e pontiagudas ou arredondadas (Almeida, 2009). Essa diversidade é corroborada pela alta variabilidade de haplótipos e nucleotídeos, refletindo um menor nível de seleção artificial e um importante reservatório genético adaptado ao semiárido (Alves et al., 2022).

Figura 2 - Exemplos do jumento Nordestino, animal rústico adaptado ao semiárido.



Figura 2 (A) Jumento Nordestino com pelagem pelo de rato em área de manejo na Caatinga na Universidade Federal do Vale do São Francisco (UNIVASF) para conservação e fins educativos. Fonte: UNIVASF, 2019. (B). Fêmea e filhote Nordestino em ambiente característico da Caatinga. Os três animais apresentam pelagem curta, cabeça triangular com perfil retilíneo e orelhas longas, eretas e pontiagudas. A fêmea possui conformação mais leve, com cabeça e pescoço ligeiramente mais delicados.

Fontes: Elaborado a partir das ilustrações da UNIVASF 2019 e Mundo Ecológico sd - Viva Caatinga Jumento Nordestino, 2019.

Já o jumento Brasileiro (Figura 3), geneticamente possui proximidade com as raças italianas, caracterizado também por uma estrutura compacta, mas musculosa, possui comumente pelagem ruã, baia ou tordilha. Também possui dimorfismo sexual na altura com diferença de cinco centímetros entre os sexos, com o macho mediando 1,20m, e com cabeça mais leve nas fêmeas. Possuem também olhos pequenos e oblíquos (Franco et al., 2016; Lima et al., 2021). Historicamente, foi utilizado para produção de muares de médio porte utilizados para tração principalmente do café, além de servirem como transporte nos terrenos acidentados do interior do país (Lima et al., 2021; Mariante; Calvacante, 2006). Comparado à raça Pêga, o Jumento Brasileiro possui peito e garupa mais largos, porém tem porte menor e se destaca como um ecótipo

importante no estado de São Paulo (Franco et al., 2016). No entanto, é o ecótipo que apresenta menor variabilidade genética entre os três grupos, sugerindo perda de diversidade genética ao longo das gerações. Diante dessa baixa variabilidade intrapopulacional, sugere-se a necessidade de esforços de conservação para manter sua diversidade genética (Alves et al., 2021; Alves et al., 2022; INSA, 2024)

Figura 3 - Jumento Brasileiro com fenótipo de pelagem ruã clara



Figura 3 - Jumento da raça Paulista com pelagem ruã clara e faixa crucial visível, mantido em área de manejo. A raça é caracterizada por pelagem variada (incluindo tons de cinza e marrom), pelos curtos, perfil cefálico retilíneo e membros proporcionalmente robustos. É amplamente reconhecida pela rusticidade, resistência e aptidão para o transporte de cargas leves, sendo historicamente valorizada em atividades agrícolas no Brasil.

Fonte: MF RURAL 2024

Assim, políticas e ações que conservem esse ecótipo são imprescindíveis. O Jumento Brasileiro até foi incluído em um programa de conservação em 1939, mas o núcleo hoje permanece inativo (Mariante; Egito; Paiva., 2009; Torres;Jardim, 1987). Apesar da contradição com o Brasileiro, o Jumento Nordestino apresentar a maior diversidade genética entre os grupamentos do país, a sua população sofreu um maior declínio nas últimas décadas. A mecanização do campo, o uso de veículos automotores e motocicletas reduziram sua utilização no trabalho agrícola (Gameiro; Clancy; Zanella, 2022), ocasionando abandono indiscriminado nas estradas (Figura 4), além da demanda internacional por couro, carne e fabricação de medicamentos na China muitas vezes de forma ilegal (Dias; Cícero et al., 2024; Skippen; Collie; Kithuka, 2021). Embora esses ecótipos permaneçam importantes em regiões vulneráveis do país, não há ações plenamente destinadas a conservação de alguns grupos, podendo ocasionar perda de

diversidade genética e do seu valor zootécnico para as futuras gerações, necessitando de ações de conservação urgentes (Gameiro; Clancy; Zanella, 2022; Lima et al., 2021; Mariante ; Cavalcante, 2006; Pimentel et al., 2014).

Figura 4 - Jumentos Nordeste abandonados em rodovia do estado do Ceará, Brasil e posteriormente resgatados.



Figura 4 - (A). Presença de jumentos Nordeste soltos em rodovia pavimentada do Ceará, reflexo do abandono desses animais após os avanços na automotização, resultando em risco de acidentes no semiárido nordestino. (B) Jumentos Nordeste recolhidos da rodovia e instalados em curral no Nordeste como estratégia de manejo populacional e segurança viária.

Fonte: Imagem construída a partir do acervo de Barbosa 2018 (A) e Gomes 2018 (B) - Símbolo do Nordeste jumentos sofrem abandono crescente e são risco de acidente nas estradas e recolhidos em curral no semiárido nordestino 2018

Fora dessa zona de perigo se encontra apenas o Jumento Pêga, a única raça asinina oficialmente reconhecida no Brasil, originária de Minas Gerais no Brasil colonial, sendo consolidada e desenvolvida atuando durante o ciclo da mineração no Brasil imperial (McManus; Silva; Santos, 2010). A raça é composta por animais conhecidos por sua rusticidade, porte imponente e aptidão marcha e força (ABCPêga, 2023a)

Resultante de cruzamentos com jumentos egípcios e outras linhagens africanas e europeias, apresenta variação fenotípica padronizada e predominância da pelagem pelo de rato e ruã, embora possua variedades de pelagens regulamentadas (Araújo, 2023). Atualmente, a raça é criada em diversas regiões do país, tendo uma importância econômica, cultural e social na pecuária nacional (ABCPêga, 2023a; Araújo, 2023; IBGE, 2017).

2.2. RAÇA PÊGA

A raça Pêga teve sua origem no século XVIII, ainda no período colonial do Brasil, e consolidou-se ao longo do século XIX, durante o Brasil Império. Nesse contexto, a corrida do ouro e a intensificação do povoamento das regiões centrais do país exigiam soluções logísticas para o transporte em terrenos acidentados e de longas distâncias. Essa demanda impulsionou a criação e seleção de jumentos nacionais que apresentassem rusticidade, força e aptidão reprodutiva. Com o avanço da atividade mineradora, cresceu a procura por muares, especialmente aqueles capazes de suportar o clima tropical e o esforço físico em ambientes montanhosos e áridos. Nesse cenário, a seleção criteriosa de jumentos contribuiu diretamente para o surgimento e fortalecimento da raça Pêga (Araújo, 2023).

Em 1810, na Fazenda do Curtume, em Entre Rios de Minas (MG), a raça Pêga foi idealizada pelo padre Manoel Maria Torquato de Almeida, que utilizou jumentos das raças Egípcia e Siciliana para formar uma linhagem nacional adaptada às condições brasileiras. Os reprodutores fundadores, como Nero e Panorama, originaram animais com bom desempenho para carga e montaria. O plantel foi vendido em 1847 ao coronel Eduardo José de Rezende, que manteve a seleção sem cruzamentos por mais de 60 anos, consolidando o tipo racial: asininos marchadores, longilíneos, funcionais e com pelagens como tordilha, ruça e pelo de rato claro. Com a morte do coronel, em 1909, a raça entrou em declínio e passou a ser cruzada com raças exóticas, como a Catalã Americana, o que causou perda de características desejáveis e padronização racial (ABCJPêga, 2023a; Araújo, 2023; McManus, Silva, Santos, 2010).

Para recuperar a identidade da raça, o Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA) iniciou, na década de 1940, um programa de melhoramento na Fazenda Experimental de Santa Mônica (RJ), que resgatou o padrão morfofuncional original. A fundação da ABCJPêga, em 1947, e a aprovação do primeiro padrão oficial da raça, em 1949, marcaram o fim da desorganização e o início da terceira fase da raça Pêga, agora com registro genealógico organizado e foco na produção de muares marchadores. Desde então, a raça se expandiu para várias regiões do país, mantendo sua importância zootécnica e cultural. No entanto, entre 1956 e 1961, a valorização da indústria automobilística no governo Juscelino Kubitschek provocou o declínio da raça, que passou a ser mantida apenas por criadores dedicados, sendo marginalizada e vista com desinteresse. Em resposta, o Ministério da Agricultura concedeu à ABCJPêga o controle do registro genealógico em 1965, e a Associação implantou 25 núcleos pelo país; destacaram-se especialmente os núcleos das Fazendas Aliança e São Luiz, com reprodutores como Predileto II, Bonitão de Passatempo e Aladim, além da atuação de criadores como Dió Figueiredo e Dr. Ernane

Torres Cordeiro, que foram fundamentais para a preservação e revitalização da raça Pêga (ABCJPêga, 2023a; Araújo, 2023)

O padrão atual da raça Pêga, estabelecido pela ABCJPêga, define o jumento Pêga de porte médio, proporções harmoniosas, com cabeça de perfil convexilíneo, ossatura forte e fina, e características morfofuncionais que atendem à produção de muares de marcha, utilizados para sela, tração e lazer. Para tanto, o Pêga deve apresentar conformação corporal equilibrada e temperamento dócil. A altura mínima à cernelha exigida para registro é de 1,25 m para machos e 1,20 m para fêmeas. A morfologia ideal inclui tronco relativamente profundo, membros bem aprumados e proporcionais. A cabeça deve ser longa, de frente ampla e plana, com perfil retilíneo na frente e suavemente convexilíneo a retilíneo na face, conferindo aspecto nobre e altivo. A forma da cabeça, vista de perfil, tende ao trapezoidal, com boa definição dos contornos (ABCJPêga, 2025b).

A pele deve ser fina e coberta por pelagem igualmente fina. A pelagem padrão deve incluir cores como pelo de rato, ruã e tordilha, sempre com a faixa crucial e listra de burro (Figura 5). No certificado de registro genealógico, podem ser admitidas as pelagens pampas, oveira, ruã fogo, preta e ruça. O andamento típico do jumento Pêga é a marcha, um movimento sustentado com constante apoio de pelo menos um membro no solo, o que proporciona conforto e estabilidade. São aceitas tanto a marcha batida quanto a picada. Durante a locomoção, os membros anteriores descrevem semicírculos quando vistos de perfil, enquanto os posteriores fornecem a impulsão necessária, sendo bem articulados e com angulações adequadas. Os ossos dos membros funcionam como alavancas, influenciando diretamente na eficiência e suavidade do movimento. Essa aptidão marchadora é altamente valorizada, sobretudo na produção de muares. Os descendentes são utilizados em sela, no trabalho rural, cavalgadas, concursos de marcha e até esportes equestres (ABCJPêga, 2017; ABCJPêga, 2023b; ABCJPêga 2024, b).

Figura 5 – Exemplos de pelagens da raça Pêga



Figura 5 - Padrões de pelagem observados na raça asinina Pêga. (A) Pelagem ruã; (B) Pelagem pelo de rato; (C) Pelagem tordilha. Os animais das imagens A e B pertencem à Fazenda Haras Recanto, localizada em Rubim – MG. O animal da imagem C pertence ao Criatório Campeãs da Gameleira, situado em Itapetininga – SP.

Fonte: Informações cedidas pelos acervos dos produtores de Nelmar Alves de Araújo (A e B) e Martin Frank Herman (C).

O padrão morfológico do jumento Pêga é essencial para assegurar sua identidade e valor zootécnico. Conforme o regulamento do Serviço de Registro Genealógico (SRG) da ABCJPêga, apenas os animais que se enquadram nas proporções corporais estabelecidas podem ser registrados. Animais com características como cabeça curta e desproporcional, orelhas mal implantadas, pescoço cangado, alterações na linha dorso-lombar, defeitos de aprumo, cascos brancos, alterações genitais, problemas dentários ou doenças hereditárias são desclassificados. Além disso, o andamento em trote, em vez da marcha típica da raça, também impede o registro (ABCJPêga, 2017).

Nas últimas décadas do século XX, os muares da raça Pêga ganharam destaque na mídia por seu valor histórico e cultural, consolidando-se como parte da identidade rural brasileira. Esse movimento culminou na criação da Exposição Nacional dos Criadores de Jumentos da Raça Pêga (ENAPÊGA), cuja primeira edição ocorreu em 1986, em Uberaba-MG, marcando o fim da terceira e o início da quarta fase da história da raça (ABCJPêga, 2023a; Araújo, 2023). Atualmente, a exposição tem sido realizada anualmente, promovendo julgamentos técnicos em diversas categorias, como morfologia, marcha e variedade de pelagem, além de concursos especiais como Melhor Cabeça e Progenie de Pai. A ABCJPêga também realiza julgamentos regionais ao longo do ano, padronizando critérios fenotípicos e contribuindo para o melhoramento genético da raça (ABCJPêga, 2025a, 2025b).

Durante essas exposições, os animais passam por inspeções criteriosas de admissão e julgamento, com exigências rigorosas quanto ao padrão racial, comportamento e ausência de defeitos. Os campeonatos são divididos conforme a idade e o número de inscritos, com destaque para o Concurso de Marcha, uma das principais provas funcionais, responsável por 25% da pontuação para o registro definitivo. A marcha é avaliada em etapas específicas e inclui critérios como diagrama, gesto, rendimento e conforto, sendo os animais montados pelos jurados para verificação direta (ABCJPêga, 2025b). Já na morfologia, os julgamentos avaliam aspectos anatômicos e funcionais em diferentes posições, com foco na harmonia do conjunto, capacidade de sustentação e expressão de aptidão funcional, premiando os animais que expressam essas qualidades de forma consistente (ABCJPêga, 2025b).

Além das categorias tradicionais, a ABCJPêga criou a categoria “Variedade de Pelagem” para valorizar a diversidade fenotípica observada nos plantéis da raça Pêga, em resposta à frequência de nascimentos de animais com pelagens não tradicionais, como preta, ruã fogo, ruça, oveira e pampa. A valorização comercial e genética desses asininos levou, inicialmente, ao seu registro como Puro por Cruzamento (PC) a partir de 1998. Posteriormente, com base em uma consulta a criadores em 2012, o Conselho Deliberativo Técnico aprovou a regulamentação da

nova categoria no Serviço de Registro Genealógico, homologada pelo MAPA em 2016 (ABCJPêga, 2017). A classificação dos indivíduos é feita conforme sua coloração no registro provisório, sendo confirmada ou ajustada no registro definitivo com base em vistoria presencial, especialmente nos livros de pelagem aberta. Desde 2017, esses animais passaram a integrar campeonatos oficiais exclusivos nas exposições, seguindo os mesmos critérios técnicos de julgamento morfológico, promovendo a inclusão e valorização dessa variação fenotípica na raça (ABCJPêga, 2017).

A categoria "Variedade de Pelagem" participa das exposições seguindo um sistema de julgamento unificado com os demais campeonatos morfológicos e de marcha. A classificação final é baseada na soma das posições alcançadas nas duas modalidades, com menor pontuação indicando os campeões, e, em caso de empate, a morfologia serve como critério de desempate. Campeonatos especiais, como Melhor Cabeça ou Progenie de Pai, utilizam comparações diretas entre os inscritos (ABCJPêga, 2025b). Essas exposições têm sido fundamentais para reforçar o valor zootécnico e simbólico do jumento Pêga no cenário agropecuário brasileiro. Em 2023, a ABCJPêga contabilizava 37.711 animais registrados, resultado do esforço contínuo de criadores e da visibilidade proporcionada pelos eventos oficiais, que incentivam a comercialização, renovação dos plantéis e a entrada de novos criadores. Com 70 anos de atuação celebrados em 2017, a associação reafirmou seu compromisso com a conservação da raça como patrimônio genético nacional (ABCJPêga, 2025a).

O crescimento da raça Pêga no meio rural tem sido tão expressivo que, em diversas regiões, os jumentos passaram a substituir os cavalos nas atividades de campo, em virtude de sua rusticidade, resistência e eficiência funcional. Essa valorização é amplamente divulgada pela mídia agropecuária, com destaque para reportagens sobre o desempenho dos animais em propriedades mineiras. Os atributos zootécnicos do Pêga, como fertilidade, adaptabilidade e força, aliados ao seu elevado valor comercial, com exemplares ultrapassando R\$ 50 mil em leilões, vêm consolidando sua presença como alternativa viável ao cavalo, especialmente para produção, comercialização e reprodução. Esse reconhecimento, somado ao fortalecimento da imagem da raça em concursos e na mídia, contribui para sua valorização junto a produtores e consumidores (EV/UFGM, 2024). Embora a raça apresente uma estrutura populacional estável em relação a outras raças nacionais, como o Nordestino e o Paulista, a ausência de estudos genéticos aprofundados reforça a urgência de investimentos em pesquisa e monitoramento zootécnico. A crescente valorização das variações de pelagem também tem ampliado a atratividade da raça em exposições e mercados específicos, agregando valor estético e comercial aos animais.

Apesar da existência de um padrão racial definido para o Pêga, a ausência de critérios objetivos para a classificação das pelagens gera inconsistências nos registros genealógicos. Atualmente, a identificação das pelagens é feita de forma predominantemente subjetiva, baseada na observação visual, o que dificulta a padronização, especialmente em tonalidades diluídas ou escuras. Diante disso, torna-se necessária uma caracterização morfológica e fenotípica mais rigorosa, com critérios descritivos claros e reprodutíveis, para garantir maior precisão e fidelidade nos registros. A integração de dados genotípicos por meio da genotipagem dos animais surge como ferramenta essencial para validar e definir os padrões de pelagem, permitindo associar os fenótipos às bases genéticas que os determinam. Essa abordagem científica contribuirá para a padronização dos registros, fortalecerá os programas de seleção e assegurará a preservação do patrimônio genético da raça Pêga em longo prazo.

2.3. FENÓTIPOS DE PELAGEM NA RAÇA PÊGA

A pelagem é composta por pele, pelos, crina e cauda, possui funções fisiológicas essenciais como proteção contra agentes externos e regulação térmica, além de grande valor zootécnico e econômico (Coastesworth, 2016; Rezende; Costa, 2007). Em raças como a Pêga, a pelagem representa um importante fenótipo comercial e estético, influenciando diretamente o valor dos animais em exposições e no mercado reprodutivo (ABCJPêga, 2017; Nascimento Barreto et al., 2024). Além disso, seu padrão é um marcador fundamental de identificação individual, sendo registrado em resenhas zootécnicas, certidões de registro, exposições e transporte de animais (Rezende; Costa, 2012; MAPA, 2017).

Em equinos, do ponto de vista genético, a pelagem é determinada por múltiplos loci, como *Extension* (E/e), que regula a presença de pigmento preto ou vermelho, e *Agouti* (A/a), responsável pela distribuição do pigmento escuro no corpo (Arenas-Báez et al., 2013; Hu et al., 2020). Além desses, genes modificadores como *Cream*, *Dun*, *Gray* e *Champagne* contribuem para a diversidade de cores observadas nos equídeos (Sponenberg; Bellone, 2017). Fatores ambientais e individuais também influenciam a expressão fenotípica da pelagem. A nutrição, o clima, as estações do ano, o sexo e a idade afetam diretamente o brilho, comprimento e coloração dos pelos (Rezende, 2001; Santos, 2015). Em regiões tropicais, essas características tornam-se ainda mais relevantes, pois contribuem para a termorregulação e o bem-estar dos animais (Bernabucci et al., 2010; Seijan et al., 2015; Do Nascimento Barreto et al., 2024).

A seleção de pelagens adaptadas ao ambiente também pode refletir pressões evolutivas. Cores mais claras, como as observadas em jumentos egípcios, conferem maior resistência à

radiação solar e foram, historicamente, favorecidas nas regiões de clima árido (Fadare et al., 2012; ABCJPêga, 2023a; Araújo, 2023). Desde a formação da raça Pêga, em 1810, predominavam as pelagens claras como o pelo de rato (dos jumentos sicilianos) e o branco com pele escura (dos jumentos egípcios). No entanto, a introdução do jumento Kentucky, de pelagem preta, em 1909, promoveu a disseminação de cores mais escuras e a diversificação fenotípica da raça, especialmente após cruzamentos com asininos trotões fora do núcleo tradicional de Lagoa Dourada (Araújo, 2023). Embora essas mudanças tenham contribuído para a perda de características morfológicas e de andamento típicos da raça, também ampliaram a variabilidade genética da população (ABCJPêga, 2023a).

Atualmente, o livro Variedade de Pelagens da ABCJPêga reconhece a existência de diversas tonalidades do padrão oficial da raça. São descritas pelagens não convencionais, como padrões pampa e oveiro, além de variações dentro das cores preta, ruã e pelo de rato, sendo admitida a ausência de faixa crucial, listra de burro e zebruras em alguns casos (ABCJPêga, 2017). Dentro das pelagens padrão, destaca-se a pelo de rato por ser a mais comum encontradas nesses jumentos. Nessa pelagem é obrigatório a presença da faixa crucial (linha escura perpendicular à coluna, na região da cernelha) e da listra de burro (linha dorsal escura contínua ao longo da coluna vertebral) é obrigatória, bem como zebruras evidentes nos membros anteriores e posteriores. A pele e os cascos são escuros, como todos animais de pelagem padrão, não sendo admitidos cascos rajados ou mesclados (ABCJPêga, 2025b). A pelagem de pelo de rato é caracterizada por uma coloração semelhante à do chumbo, variando entre tons mais claros e mais escuros (dando origem a variação pelo de rato claro e pelo de rato escuro) com aspecto uniforme e sem despigmentações (Figura 6).

Figura 6 - Jumento Pêga com pelagem do tipo pelo de rato, conforme os critérios morfológicos estabelecidos pela ABCJPêga em seu regulamento oficial.



Figura 6 - Jumento Pêga Nel Pérola, da Fazenda Haras Recanto, Rubim - MG, exemplificando a pelagem pêlo de rato com faixa crucial e listra de burro, zebruras nos membros e cascos escuros, características exigidas pelo padrão da raça Pêga. O animal também demonstra as qualidades morfofuncionais da raça, como a ossatura forte e fina, além de porte adequado para a produção de muares de marcha.

Fonte: Acervo do produtor Neymar Araújo 2024.

Dentro dessa categoria, são reconhecidas variações como o pelo de rato ruanado (Figura 7 B), pelo de rato escuro (Figura 7 C) e pelo de rato claro (Figura 7 A). O pelo de rato ruanado é caracterizado pela presença de pelos avermelhados em regiões como cabeça e orelhas. Essa pelagem apresenta, geralmente, cabeça, crina, cauda e membros em tonalidade mais escura, o que acentua o contraste com as regiões do tronco mais claras devido à mistura de pelos. Em alguns indivíduos, podem ser observadas a faixa crucial escura dorsal que se estende ao longo da coluna vertebral, as zebruras podem ser menos visíveis. É uma pelagem reconhecida por sua resistência em ambientes adversos, uma característica que aumenta sua relevância no contexto de regiões tropicais. O termo “ruanado” diferencia-se de outros padrões clareadores por não estar relacionado ao envelhecimento progressivo, como ocorre na tordilha, sendo reconhecido como um tipo de diluição estável e visualmente marcante (ABCJPêga, 2020a).

Em contraste, o pelo de rato escuro favorece a aproximação da tonalidade do preto, mas não atinge completamente. Nessa pelagem a faixa crucial e faixa de burro continua visível, assim como as zebruras. Essa variação vêm sendo confundida por alguns técnicos e criadores como castanha (Figura 7).

Figura 7 - Jumento Pêga com as variações de pelagem do tipo pelo de rato: Pelo de rato claro (A) , pelo de rato ruanado (B) e pelo de rato escuro (C).



Figura 7 - Variações da pelagem pelo de rato na raça Pêga. (A) Jumento com pelagem pelo de rato claro, apresentando tonalidade mais clara e padrões de tordilhamento, porém ainda com a faixa crucial visível. (B) Pelo de rato ruanado, apresentando tonalidade clara no tronco, com presença de pelos avermelhados na cabeça e nas orelhas, além de extremidades escuras e faixa crucial bem definida. (C) Jumento com pelagem pelo de rato escuro, caracterizado por coloração uniforme em tons mais intensos de cinza, aproximação ao preto, e presença visível da faixa crucial e da lista de burro, bem como as zebruras.

Fonte: Imagem construídas a partir do acervo dos produtores A - Lucas Radel B e C: Acervo do produtor Neymar Araújo.

No grupo de pelagem padrão no Pêga, destaca-se ainda mais duas pelagens que contemplam o grupo: a pelagem tordilha e a ruã. A primeira caracteriza-se pela interpolação progressiva de pelos brancos sobre a pelagem original em uma etapa previsível e contínua. Esse clareamento permite a identificação de fases transitórias que podem ser observadas na raça Pêga. Inicialmente, o animal apresenta sua pelagem original (por exemplo, pelo de rato ou preta), ainda como listra de burro e zebruras evidentes (Figura 8 A). À medida que o clareamento progride, surgem padrões como a tordilha apatacada, com manchas irregulares que lembram moedas (Figura 8 B), seguidas pela tordilha clara, em que predominam os pelos brancos. O processo culmina na pelagem ruça ou branca, estágio em que os pelos originais praticamente desaparecem, restando apenas vestígios das marcações típicas (Figura 8 C) (ABCJPêga, 2020a).

Figura 8 - Variação da pelagem Tordilha em Jumento Pêga



Figura 8- Fases do processo de tordilhamento na raça Jumento Pêga. (A) Animal na fase inicial, ainda com sua pelagem original (pelo de rato), apresentando as marcas morfológicas típicas da espécie, como listra de burro e zebruras nos membros, ainda bem evidentes. (B) Fase intermediária, caracterizada pela pelagem tordilha apatacada, (C) Fase final, caracterizada pela pelagem ruça ou branca, estágio em que os pelos originais praticamente desaparecem, restando apenas vestígios das marcações típicas.

na qual há interpolação de pelos brancos sobre a pelagem de base, formando manchas arredondadas e irregulares que lembram moedas, enquanto as marcas primitivas tornam-se menos nítidas. (C) Fase avançada do tordilhamento, na qual o clareamento é quase total, resultando em uma pelagem predominantemente branca ou ruça, com desaparecimento quase completo da faixa crucial, listra de burro e zebruras, que se tornam muito tênues ou ausentes (ABCJPêga, 2020a).

Fonte: Imagem construída a partir dos acervos do produtores Martin Herman (A, C) e Neymar Araújo (B) 2025

Animais com fenótipo de pelagem ruça é caracterizado por um cinza claro uniforme ou branco, enquanto o fenótipo de pelagem tordilha apresenta pelos brancos misturados com uma cor básica, como o cinza, que clareiam à medida que o animal envelhece (Figura 9 C). Essa pelagem em equinos é expressa pelo gene *STX17*, denominado de locus grey, cujo alelo dominante (G) promove o clareamento progressivo do animal ao longo do tempo, sendo mais acelerado em homozigose (GG) (Rezende; Costa, 2012; Sponenberg; Bellone, 2017). Além disso, a pelagem tordilha é epistática, ou seja, é expressa independentemente de quais outros genes estejam presentes no fenótipo, tornando-se a característica dominante no fenótipo do animal (Rosengren Pielberg et al., 2008).

Em contraste com a pelagem tordilha, a pelagem ruã não apresenta clareamento progressivo ao longo da vida, sendo estável desde o nascimento nos jumentos da raça Pêga. É caracterizada pela mistura de pelos pigmentados avermelhados ou amarelados com pelos brancos finos e bem distribuídos pelo corpo, sem formar manchas nítidas, conferindo ao animal um aspecto roseado. Ela também se distingue do ruanado, pois não há presença de pigmento preto. No padrão ruão, a faixa crucial e a listra de burro permanecem evidentes, embora as zebruras sejam menos marcadas (Figura 9). Entre as variações reconhecidas dentro dessa categoria estão a ruã clara, ruã fogo, ruã escura e a conhecida por criadores como ruã roxa.

A ruã clara apresenta predominância de pelos brancos finos sobre pelos de base avermelhada ou amarelada, resultando em um fenótipo mais esmaecido, com aparência quase rosada. Nessa pelagem, as zebruras e faixa crucial tendem a ser menos visíveis ou apagadas, embora possam estar presentes em indivíduos com boa pigmentação (Figura 9 A). Já a ruã escura possui maior concentração de pelos pigmentados (geralmente em tons de vermelho-escuro ou castanho), mantendo o padrão ruão, mas com tonalidade geral mais intensa. Nesses animais, as zebruras, a listra de burro e a faixa crucial costumam ser perceptíveis, embora suavizadas pela presença dos pelos claros (Figura 9 B) (ABCJPêga, 2020a).

A ruã fogo é caracterizada pela tonalidade clara e pelos de base esbranquiçada intercalados a fios avermelhados, especialmente evidentes sob luz natural. Essa coloração sugere um padrão diluído da pelagem ruã, com predominância de pigmentação avermelhada Trata-se de um subtipo raro e mais claro dentro das variações ruãs (Figura 9 C) (ABCJPêga, 2020b).

Figura 9- Variações fenotípicas da pelagem ruã em jumentos da raça Pêga.



Figura 9 - (A) Ruã clara, caracterizada pela predominância de pelos brancos finos sobre pelos de base avermelhada ou amarelada, resultando em um fenótipo mais esmaecido, com aparência quase rosada. As marcas morfológicas, como faixa crucial, listra de burro e zebruras, tendem a ser pouco visíveis ou apagadas, embora possam estar presentes em indivíduos com boa pigmentação. (B) Ruã escura, com maior concentração de pelos pigmentados, geralmente em tons de vermelho-escuro ou castanho, mantendo o padrão ruão, mas com tonalidade mais intensa. As zebruras, a listra de burro e a faixa crucial costumam ser perceptíveis, embora suavizadas pela presença dos pelos claros. (C) Ruã fogo, variante rara dentro das pelagens ruãs, apresenta pelos de base esbranquiçada intercalados a fios avermelhados, gerando um aspecto claro, com predominância de tons avermelhados, especialmente evidentes sob luz natural. Trata-se de um subtipo diluído da pelagem ruã, geralmente associado à herança de pigmentação avermelhada (ABCJPêga, 2020a; ABCJPêga, 2020b).

Fonte: Imagens construídas a partir dos acervo do produtor Lucas Radel (A, C) e Nelmar Araújo (B).

A pelagem conhecida entre criadores como ruã roxa refere-se a um tipo de ruã escura com reflexos azulados ou arroxeados, perceptíveis principalmente sob luz natural intensa. Esse aspecto iridescente é resultado da interação visual entre os pelos escuros e claros, sendo considerada por muitos como uma pelagem exótica. Animais com esse fenótipo são valorizados esteticamente e registrados no livro de variedade de pelagem, desde que cumpram os critérios morfológicos da raça (ABJPêga, 2020b).

Outro fenótipo valorizado é a pelagem preta. Embora a mesma tenha sido historicamente associada de forma negativa e indesejável durante o período de descaracterização do jumento Pêga de sela, por sua recorrência em animais de origem não marchadora, com fenótipo mais pesado e andamento trotado (Araújo, 2023). Esse cenário mudou ao longo desses últimos anos. Atualmente, a pelagem preta é valorizada pelos criadores da raça Pêga, sobretudo a variação mais escura conhecida como preto retinto ou azeviche. O Pêga com o fenótipo preto é caracterizado por uma coloração preta pela extensão no corpo, ausência da faixa crucial, áreas mais claras ao redor do focinho, olhos e região do úbere ou prepúcio (Figura 10). A sua tonalidade mais clara é chamada de preto maltinta, esse fenótipo não possui a coloração preta uniforme, apresentando áreas com reflexos avermelhados ou acastanhados, especialmente nas regiões do tronco, pescoço e membros (Figura 11 A). Enquanto a mais escura é caracterizada por uma coloração intensamente escura, uniforme e brilhante (Figura 11 B) (ABCJPêga, 2020b; Rezende e Costa, 2007).

Figura 10 - Pelagem Preta em Jumento Pêga



Figura 10 - Jumento da variedade de pelagem preta,, apresenta pelagem predominantemente preta, de brilho intenso e uniforme, com hipopigmentação na região rostral e aclaramento nas bordas distais das orelhas, além da ausência da faixa crucial, característica comum em indivíduos dessa categoria fenotípica.

Fonte: Acervo do produtor Lucas Radel.

Figura 11 - Jumenta Pêga com pelagem preta mal tinta e filhote de Jumento com pelagem preto retinto ou azeviche



Figura 11 - (A). Jumenta Pêga com pelagem preta mal tinta com a coloração mais acasatanhada com o bursal e olhos claros e seu filhote.(B). Jumento com pelagem preta retinta sem a vestígio da faixa crucial e faixa de burro com bursal e área dos olhos claros, pelagem exótica e extremamente valorizadas pelos criadores (ABCJPêga, 2020b). Fonte: Imagem extraída do vídeo TV Pêga da ABCJPêga 2020b.

As pelagens conjugadas também fazem parte da variabilidade fenotípica da raça Pêga. Formada pela união de duas colorações, estando o branco sempre presente, os padrões pampa e oveiro destacam-se não só nos jumentos Pêga, como em seus híbridos. Apesar da obrigatoriedade

do branco, a coloração base pode variar entre os principais padrões da raça, como pelo de rato, ruã, tordilha e preta, o que define, portanto, a cor das áreas pigmentadas. Nesses casos, as manchas são brancas sobre a pelagem colorida de fundo. No entanto, quando a pelagem base é extremamente clara, como na ruça, ocorre um efeito inverso, no qual o fundo é branco e as manchas tornam-se escuras, fenômeno visualmente observado e aceito nos registros da associação (ABCJPêga, 2020b; Rezende; Costa, 2007).

A principal diferença entre os padrões conjugados está na disposição e no limite de distribuição das manchas ao longo do corpo. Na pelagem pampa, as manchas brancas/ escuras são amplas, simétricas e bem definidas, cruzando o dorso entre a cernelha e a garupa, estabelecendo um contraste claro entre as regiões pigmentadas e despigmentadas (Figura 12 A). Já no padrão oveiro, as manchas brancas/pretas são menores, irregulares, de contornos embolados e mal definidos, além de se distribuírem de forma assimétrica, geralmente localizadas na cabeça, membros e flancos, e não ultrapassam a linha dorsal, mantendo-se restritas a um dos lados do corpo (Figura 12 B) (ABCJPêga, 2020b; Rezende; Costa, 2007).

Figura 12 - Padrões pampa e oveiro em jumentos Pêga

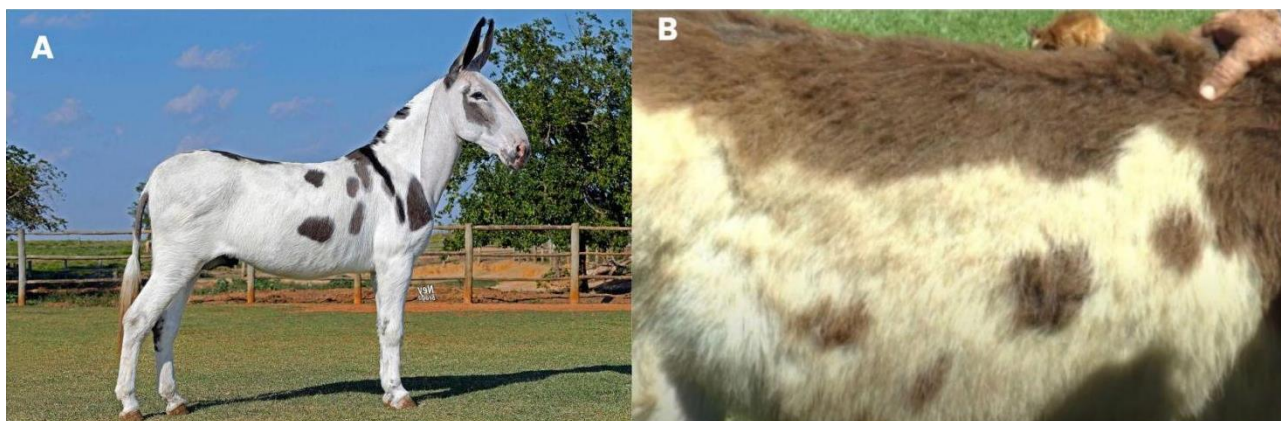


Figura 12 - Comparação entre os padrões de pelagem pampa (A) e oveiro (B) em jumentos da raça Pêga. Na imagem (A), observa-se um exemplar com pelagem pampa sobre base ruça, caracterizada pela presença de manchas despigmentadas simétricas, bem delimitadas e que cruzam a linha dorsal, distribuindo-se bilateralmente entre a cernelha e a garupa. Esse padrão se diferencia pela organização regular e pela transição bem definida entre as áreas pigmentadas e as despigmentadas. Na imagem (B), exemplifica-se o padrão oveiro sobre base pelo de rato, que apresenta manchas assimétricas, de contornos irregulares e mal definidos, distribuídas principalmente na região lateral do tronco, membros e cabeça, sem ultrapassar a linha dorsal. Enquanto o pampa exibe organização bilateral, o oveiro caracteriza-se pela aleatoriedade na distribuição das manchas, tornando-o visualmente mais embolado e menos previsível.

Fonte: Imagem construída a partir do acervo do produtor Lucas Radel (A) e do vídeo da TV Pêga, 2020b..

Diante desse contexto, observa-se que, além do papel fisiológico e da importância para a adaptação ambiental, a pelagem é fundamental na caracterização morfológica dos animais, sendo um dos principais elementos utilizados na elaboração de resenhas zootécnicas e na correta identificação individual. As variações de pelagem, especialmente aquelas consideradas raras na

raça Pêga, são valorizadas pelos criadores, contribuindo para a rentabilidade do setor do agronegócio no Brasil. Entretanto, a inexistência de um padrão técnico descritivo consolidado para a classificação das pelagens gera constantes equívocos nos registros da ABCJPêga, uma vez que os critérios adotados baseiam-se, predominantemente, na avaliação subjetiva dos técnicos. Esse cenário compromete a padronização dos registros, a rastreabilidade, a acurácia das informações genealógicas e a própria preservação da identidade fenotípica da raça (ABCJPêga, 2017; ABCJPêga et al., 2023b; Do Nascimento Barreto et al., 2024; Rezende; Costa, 2012; MAPA, 2017).

2.3.1 PADRONIZAÇÃO FENOTÍPICA, ERROS NO REGISTRO DE PELAGEM E A IMPORTÂNCIA DAS VARIAÇÕES NO LIVRO DE VARIEDADE

A caracterização fenotípica da pelagem na raça Pêga ainda enfrenta limitações relevantes, especialmente pela ausência de critérios técnicos bem definidos e pela ausência de uma padronização descritiva formal na associação responsável pelo registro da raça. Esse contexto contribui diretamente para erros na identificação dos fenótipos, refletindo-se no uso incorreto de nomenclaturas originadas da espécie equina, como castanho, alazã, baia e lobuna, que não encontram fundamentação técnica, histórica ou genética na espécie asinina (ABCJPêga, 2023b; ABCJPêga, 2024; Araújo, 2023; Sponenberg; Bellone, 2017).

A Tabela 1 exemplifica os impactos desse modelo subjetivo de avaliação, demonstrando que os registros fenotípicos de pelagem são realizados sem o suporte de um padrão morfológico descritivo formal (ABCJPêga, 2024). As classificações, portanto, baseiam-se na percepção visual dos técnicos e na influência cultural derivada da proximidade dos criadores com a nomenclatura tradicional dos cavalos, cujos padrões de pelagem são conhecidos e geneticamente determinados, influenciando na exatidão do fenótipo (ABCJPêga, 2020b; ABCJPêga, 2023b; Sponenberg; Bellone, 2017).

Tabela 1 - Principais variações de pelagem na raça Pêga encontradas no registro da ABCJPêga

Categoria	Pelagens Simples	Pelagens Pampa	Pelagens Apalusa	Variações de Tom	Padrões Especiais
Alazã	Alazã	Alazã Pampa	-	Alazã Amarilha	Alazã sobre Baia, Alazã sobre Baio Pampa
Baia	Baia, Baia Camursa, Baia Clara, Baia Escura	Baia Pampa	-	Baia Clara, Baia Escura	Baia Encerada, Baia ruanada

Categoria	Pelagens Simples	Pelagens Pampa	Pelagens Apalusa	Variações de Tom	Padrões Especiais
Castanha	Castanha, Castanha Clara, Castanha Escura, Castanha Dourada	Castanha Pampa, Castanha Escura Pampa, Castanha Pinhão Pampa	Castanha Apalusa	Castanha Clara, Castanha Dourada	Castanha com tendência para pelo de rato, Castanha Pinhão, Castanha Pinhão Rosilhada
Pêlo de Rato	Pêlo de Rato, Pêlo de Rato Claro, Pêlo de Rato Escuro	Pêlo de Rato Pampa, Pêlo de Rato Escuro Pampa	Pêlo de Rato Apalusa	Pêlo de Rato Claro, Pêlo de Rato Escuro	Pêlo de Rato Mantada, Pêlo de Rato Ruanado, Pêlo de Rato Apatacado, Pêlo de Rato Oveira, Pêlo de Rato com tendência a Ruã
Rosilha	Rosilha, Rosilha Tordilha, Rosilha Baia, Rosilha Castanha	Rosilha Pampa	Rosilha Apalusa	Rosilha Clara	Rosilha Ruã, Rosilha Ruã Salpicada
Ruã	Ruã, Ruã Clara, Ruã Escura	Ruã Pampa	Ruã Apalusa	Ruã Clara, Ruã Escura	Ruã Apatacada, Ruã Tostada, Ruã Crinalva, Ruã sobre Baia
Tordilha	Tordilha, Tordilha Negra	Tordilha Pampa	Tordilha Apalusa	Tordilha Clara, Tordilha Escura	Tordilha Cardã, Tordilha Apatacada
Lobuna	Lobuna, Lobuna Escura	Lobuna Pampa	-	-	-
Preta	Preta	Preta Pampa	-	-	-
Rosada	Rosada	Rosada Pampa	-	-	-
Persa	Persa	-	Persa Apalusa	-	Persa de Castanho, Persa de Ruã

Tabela 1 - De acordo com a tabela, as pelagens nos jumentos da raça Pêga podem ser classificadas em cinco categorias principais: pelagens simples, pelagens pampa, pelagens apalusa, variações de tom e padrões especiais. A tabela apresenta diferentes combinações de cores e padrões, destacando a complexidade e diversidade fenotípica na raça. No entanto, é importante ressaltar que denominações como baia, alazã, lobuna e rosada não correspondem a pelagens geneticamente reconhecidas na espécie asinina, sendo nomenclaturas provenientes da espécie equina, utilizadas de forma equivocada na identificação fenotípica desses animais.

Fonte: Tabela elaborada pela autora com dados concedidos pela ABCJPêga, 2024.

Em contrapartida, nos asininos, o conhecimento sobre os mecanismos genéticos que determinam a pelagem ainda é extremamente limitado. No caso da raça Pêga, os fenótipos observados resultam, predominantemente, de variações na intensidade da coloração dentro dos padrões fenotípicos reconhecidos, como pelo de rato, ruã, tordilha e preta, associados a diferentes gradações de pigmentação, efeitos de diluição e expressão das marcas morfológicas características

da espécie, como a faixa crucial, listra de burro e zebruras. Dessa forma, a nomenclatura e os critérios empregados na classificação das pelagens em asininos são construídos a partir das particularidades fenotípicas da espécie e da ausência, até o momento, de uma base genética consolidada que permita compreender, de forma equivalente ao que já está estabelecido nos equinos, os mecanismos responsáveis pela expressão e variação das colorações (ABCJPêga, 2017; ABCJPêga, 2023b; Araújo, 2023; Sponenberg; Bellone, 2017).

Nos equinos, a interação entre os genes *Melanocortin 1 Receptor (MC1R)* e *Agouti Signaling Protein (ASIP)* determina os principais padrões de pelagem, como preto, baio, castanho e alazã, por meio da regulação da produção de eumelanina (pigmento escuro) e feomelanina (pigmento claro). A presença do *ASIP* funcional (A/_) inibe parcialmente a ação do *MC1R*, resultando em padrões como o baio e o castanho, enquanto mutações em *MC1R* (e/e) impedem a síntese de eumelanina, originando o fenótipo alazã. Já a ausência de *ASIP* (a/a) permite ação total do *MC1R*, levando à pelagem preta. Genes diluidores modulam ainda mais a intensidade das cores, contribuindo para uma ampla variedade de tons. O conhecimento desses mecanismos permite a genotipagem precisa dos animais, esclarecendo variações fenotípicas que poderiam ser subjetivas na avaliação visual (Rieder et al., 2001; Sponenberg; Bellone, 2017).

Apesar dos avanços na identificação de variantes genéticas associadas a características específicas em asininos, como a mutação no gene *ASIP* relacionada aos padrões de pontos claros (LP) e ausência desses pontos (NLP), ainda há uma grande lacuna no entendimento dos mecanismos genéticos que determinam, de forma ampla, os diferentes padrões e variações de pelagem na raça Pêga (Abitbol; Fellah; Tiret, 2014; Fenn et al., 2016; Haase et al., 2015; Dong et al., 2022; Wang et al., 2020; Wang et al., 2021; Yang et al., 2018). Os estudos existentes concentram-se em populações asininas francesas, americanas e chinesas e não abordam profundamente as interações gênicas, modificadores, variantes estruturais ou elementos regulatórios que poderiam explicar a diversidade fenotípica observada (Abitbol; Fellah; Tiret, 2015; Yu et al., 2020; Liu et al., 2024).

No caso das pelagens diluídas, diferentemente dos equinos, em que há um padrão dose-dependente mediado por genes como o *Cream*, os asininos apresentam herança recessiva e ainda não possuem um gene diluidor identificado, indicando mecanismos genéticos distintos e não elucidados na espécie (Patten, 2006). Assim, a nomenclatura utilizada para cavalos não pode ser aplicada diretamente aos jumentos, sob risco de comprometer a acurácia dos registros genealógicos e a correta identificação fenotípica da raça (Abitbol; Fellah; Tiret, 2015; Yu et al., 2020; Liu et al., 2024; Patten, 2006).

Apesar disso, os fenótipos castanho, baio e alazã podem ser corretamente empregados nos

híbridos, como os muares (mulas e burdégos), uma vez que estes herdam parte dos loci responsáveis pela coloração da espécie equina, como *MC1R*, *ASIP* e os genes responsáveis pela diluição nessas pelagens. Assim, nos muares, a expressão desses genes permite que apresentem pelagens típicas dos cavalos, como preto, castanho, baio, alazã, rosilho, tordilho e também as pelagens conjugadas como oveiro e pampa (ABCJPêga, 2020b; Araújo, 2023; Rezende; Costa, 2012).

Os padrões oveiro e pampa são reconhecidos tanto nos jumentos quanto em seus híbridos. Esses dois padrões podem ocorrer simultaneamente em asininos de pelagem de base escura, como o pelo de rato, originando fenótipos compostos conhecidos informalmente como torveiro (Figura 13), termo utilizado na equinocultura para designar animais que exibem simultaneamente características dos padrões pampa (tobiano) e oveiro. O padrão torveiro caracteriza-se pela presença de grandes áreas brancas bem delimitadas, típicas do gene tobiano, associadas a manchas menores, de contorno irregular e assimétricas, oriundas do padrão oveiro, distribuídas sobre a pelagem de base. Quando a pelagem baia serve de base para a coloração em muares, observa-se o chamado baio calçado com pampa, em que a delimitação entre a coloração branca e a baia é nitidamente marcada (Figura 14). Já em padrões conjugados com oveiro, essa transição torna-se difusa (ABCJPêga, 2020b; Rezende; Costa, 2012). A análise correta do padrão de manchas, especialmente se ultrapassam ou não a linha do dorso, é fundamental para o correto registro genealógico da pelagem no Livro de Variedade de Pelagem da ABCJPêga.

Figura 13-Mula derivada de um cruzamento entre um jumento oveiro e uma égua pampa de preto



Figura 13 - Mula com pelagem torveira, resultante da interferência simultânea dos padrões oveiro e tobiano sobre a pelagem de base pelo de rato. Essa conformação fenotípica decorre do cruzamento entre um jumento com padrão oveiro e uma égua pampa de preto. Observa-se a presença de áreas amplas de despigmentação sobre fundo claro, com manchas pigmentadas de contorno irregular, típicas do padrão oveiro, associadas a grandes regiões brancas que cruzam o dorso, compatíveis com o gene tobiano. A denominação "torveira" é tradicionalmente utilizada para designar esse tipo de pelagem mista em muares. Fonte: Imagem construída a partir do vídeo da TV Pêga da ABCJPêga 2020b,

Figura 14 - Mula com pelagem baia calçada pampa, evidenciado nos diferentes ângulos:

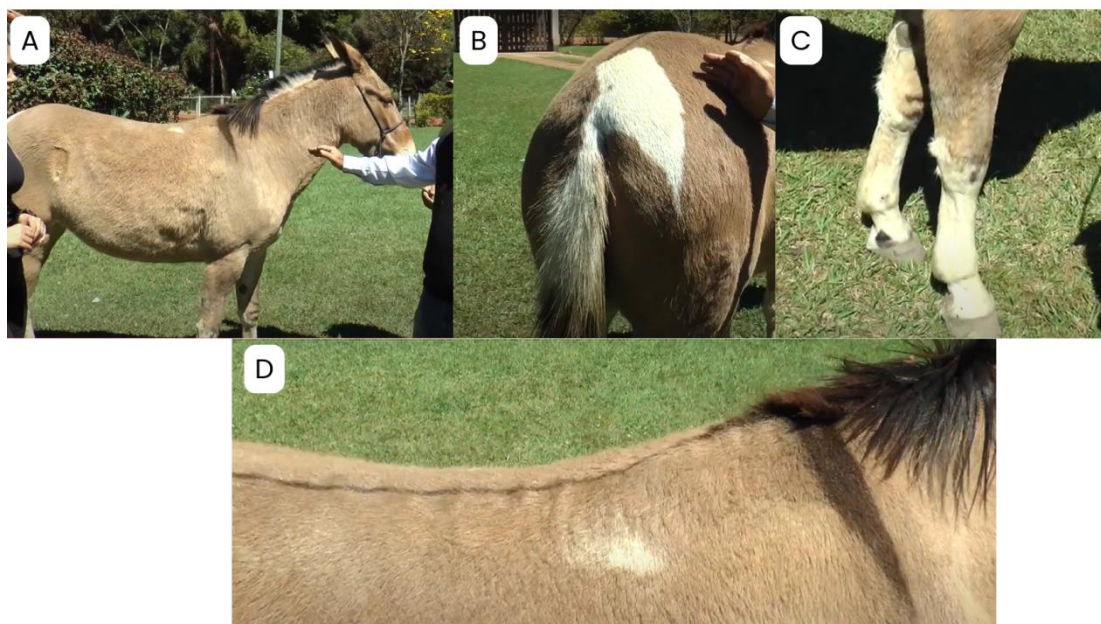


Figura 14 - (A). Vista lateral do animal, destacando a pelagem baia, caracterizada pelo corpo em tonalidade castanho-amarelada com extremidades (ponta das orelhas, membros, crina e cauda) mais escuras, presença de faixa crucial, listra de burro e zebruras visíveis nos membros. Caso fosse uma jumenta, seria caracterizada como uma variação de ruã clara. (B). Região da garupa e cauda com mancha branca típica do padrão pampa, cujo limite com a pele pigmentada é bem definido — diferentemente da pelagem oveira, em que a transição entre áreas claras e escuras é mais difusa ou "borrada". (C). Membros posteriores zebruras visíveis (D). Presença da listra de burro e da faixa crucial, com pequena mancha branca no dorso, reforçando o padrão pampa restrito à garupa e à cauda. Fonte: ABCJPêga (2020b).

O correto enquadramento fenotípico dos animais no Livro de Variação de Pelagem da ABCJPêga é essencial para o controle genealógico e a preservação das características raciais, pois nele são registrados os indivíduos que não se enquadram nas pelagens padrão (pelo de rato, ruã e tordilha), incluindo variações como preto, pampa, oveiro, ruã fogo, ruã roxa, ruã clara, ruã escura, persa, além de animais com ausência de marcas primitivas, calçamentos ou despigmentações faciais (ABCJPêga, 2017). Essa diversidade reflete a formação histórica e a seleção da raça Pêga, agregando valor estético, zootécnico e comercial, especialmente para pelagens raras como ruã fogo e preta azeviche, frequentemente mais valorizadas em exposições (ABCJPêga, 2020b). Diante disso, torna-se necessária a elaboração de um documento técnico-descritivo que padronize os critérios fenotípicos com base na genotipagem dos animais, permitindo a identificação de mutações causais, variantes estruturais e interações entre genes, modificadores, elementos regulatórios e mecanismos epigenéticos. Essa padronização contribuiria para registros genealógicos mais precisos, programas de seleção mais eficazes e maior valorização zootécnica da raça, além de reduzir riscos de propagação de doenças genéticas.

2.4. GENES E POLIMORFISMOS QUE AFETAM A PELAGEM DE ASININOS

A diversidade fenotípica da pelagem em asininos é resultado da interação gênica e mutações que alteram diretamente a coloração da pelagem e promovem variabilidade nas pelagens (Tabela 2). Aparentemente essa característica é mais restrita em jumentos do que a observada em cavalos, embora os mecanismos genéticos envolvidos sejam igualmente complexos. Essa limitação pode ser explicada por um único evento de domesticação ocorrido no nordeste da África e pela baixa introgressão genética com espécies selvagens, o que favoreceu a preservação de variantes específicas (Todd et al., 2022; Wang et al., 2020; Wang et al., 2021). Diferentemente dos equinos, as séries gênicas que modulam a coloração básica, diluições e marcas nos asininos ainda carecem de validação funcional. Embora originalmente moldadas por pressões evolutivas naturais, essas variantes hoje são influenciadas pela seleção artificial, especialmente em outras espécies domésticas (Rezende; Costa, 2007).

Tabela 2 - Principais genes, suas funções, mutações e variantes que influenciam as diferentes colorações e padrões de pelagem em jumentos.

Gene	Função	Mutação	Resultado	Referências
MC1R	Regula a produção de eumelanina e feomelanina	c.629T>C	Coloração vermelha	(Abitbol; Fellah; Tired, 2014)

<i>KIT</i>	Regula a migração, proliferação e sobrevivência de melanoblastos e melanócitos.	c.662A>C, c.1978+2T>A	Manchas brancas ou pelagem completamente branca; Ausência de homozigotos sugere letalidade embrionária em jumentos portadores da mutação c.1978+2T>A.	Haase et al. (2015) Fenn et al. (2016)
<i>KITLG</i>	Ativa o receptor KIT, influenciando a intensidade da coloração	Não definida	Associado à variação de coloração entre populações e fenótipos diluídos	Yang et al. (2018) Dong et al. (2022)
<i>FGF5</i>	Regula o ciclo de crescimento do pelo	c.433_434delAT	Pelagem longa	Legrand; Tiret; Abitbol, 2014.
<i>TBX3</i>	Inibe a deposição de pigmentos na pelagem	deleção de 1 pb (chr8: g.42742556 CT>C-)	Perda da coloração diluída (fenótipo non-Dun)	Wang et al. (2020); Wang et al. (2021)

Tabela 2. Genes associados às características de pelagem nos equídeos e suas respectivas funções, mutações e resultados fenotípicos. A tabela apresenta uma síntese das interações genéticas e os efeitos das mutações nos padrões de cor e textura da pelagem.

Fonte: Tabela elaborada a partir dos estudos dos autores Abitbol; Fellah; Tiret. (2014) ; Haase et al. 2015, Fenn et al. 2016, Legrand; Tiret; Abitbol. (2014) e Wang et al. 2020.

Nos jumentos, apenas alguns genes relacionados à pigmentação vêm sendo investigados em nível molecular, como *ASIP* (Abitbol; Fellah; Tiret, 2015), o *MC1R* (Abitbol; Fellah; Tiret, 2014), o *KIT* (*Proto-Oncogene, Receptor Tyrosine Kinase*) (*KIT*) e o *KITLG* (*KIT Ligand*) (Dong et al., 2022), o *TBX3* (*T-Box Transcription Factor 3*) (Wang et al., 2020; Wang et al., 2021) e o Fibroblast Growth Factor 5 (*FGF5*) (Legrand; Tiret; Abitbol, 2014). A produção de melanina, que ocorre nos melanócitos derivados da crista neural, é central para o padrão de coloração e depende da proporção entre eumelanina (preta/marrom) e feomelanina (vermelha/amarelada) (Arenas-Báez et al., 2013; Hu et al., 2020). Genes como o *TYR* (tirosinase), *TYRP1* (Proteína Relacionada à Tirosinase 1) e da *DCT* (Dopacromo Tautomerase) regulam a síntese e deposição desses pigmentos (Henkel et al., 2019; Grabolus et al., 2020). *ASIP* e *MC1R* atuam de forma antagonista: enquanto o *MC1R* estimula a produção de eumelanina, o *ASIP* bloqueia essa via, favorecendo a feomelanina (Garcia-Borrón; Sánchez-Laorden; Jiménez-Cervantes, 2005).

Mutações missense recessivas em *ASIP* e *MC1R* estão associadas a alterações expressivas no fenótipo, como coloração avermelhada da pelagem, resultado da substituição de aminoácidos que comprometem a função proteica (Abitbol; Fellah; Tiret, 2014; 2015). No caso do gene *KIT*,

mutações como c.662A>C e c.1978+2T>A afetam a migração e viabilidade dos melanócitos durante o desenvolvimento embrionário, ocasionando despigmentação parcial ou total (Haase et al., 2015; Fenn et al., 2016). Já o gene *TBX3* está associado à pelagem dun ancestral, e sua mutação gera o fenótipo non-dun, de coloração mais escura, por reduzir a expressão inibitória sobre a deposição de pigmentos (Wang et al., 2020). Além disso, o gene *KITLG*, ligante de KIT, apresenta variantes sob possível seleção positiva, associadas à intensidade e distribuição da pigmentação em jumentos domésticos e híbridos (Dong et al., 2022).

Outro gene importante é o *FGF5*, que regula a transição do ciclo folicular da fase anágena para a catágena, limitando o crescimento dos pelos. Mutações recessivas nesse gene foram associadas à pelagem longa em jumentos Poitou, por resultarem em proteínas truncadas incapazes de controlar o ciclo de crescimento (Legrand; Tired; Abitbol, 2014.). A interação entre os diversos genes mencionados, somada à presença de polimorfismos específicos, permite a ampla variação de cores, marcas e comprimentos de pelagem. O estudo desses mecanismos, especialmente dos efeitos alélicos do *ASIP*, é relevante não apenas por seu valor zootécnico, mas também para o manejo genético e adaptação ambiental das raças asininas (Rezende; Costa, 2012; Do Nascimento Barreto et al., 2024; Mapa, 2017).

2.5. O GENE *ASIP* E SUA INFLUÊNCIA NA PELAGEM DE JUMENTOS

O gene *ASIP* está localizado no cromossomo 15 do jumento (*Equus asinus*), especificamente na região genômica NC_091804.1 (NCBI, 2025). Um estudo de associação genômica ampla (GWAS), conduzido por Liu et al. (2024), confirmou a presença de polimorfismos de nucleotídeo único (*SNPs*) localizados nessa região do cromossomo 15. Os *SNPs* mostraram forte correlação com variações de pelagem entre diferentes subpopulações de jumentos, como os Dezhou da China. O estudo reforçou que mutações no *ASIP* influenciam a distribuição de melanina, resultando em fenótipos variados de pelagens em jumentos.

O *ASIP* não resulta variações de fenótipos apenas em jumentos, pelo contrário, o *ASIP* tem sido amplamente estudado em diversas espécies devido à sua função na regulação da coloração da pelagem. Em cães, por exemplo, variantes nos promotores do gene *ASIP* foram associadas ao padrão de pelagem *red sesame* na raça Shiba Inu, demonstrando como alterações na regulação da expressão do gene podem resultar em características específicas de cor (Belyakin et al., 2022). Em felinos selvagens, como o leopardo e o gato-dourado-asiático, mutações específicas no gene *ASIP* foram associadas ao melanismo, caracterizado pela coloração escura predominante em determinadas populações. Essa recorrência sugere um possível papel adaptativo do melanismo, conferindo vantagens seletivas em determinados ambientes (Schneider et al.,

2012). Em ovelhas da raça Xalda, foi observado que níveis reduzidos de expressão do gene *ASIP* estão associados à coloração preta recessiva, independentemente do genótipo, o que reforça o papel desse gene na determinação da cor da pelagem e destaca sua importância na diversidade fenotípica em espécies de produção (Royo et al., 2008). Esses estudos demonstram a ampla relevância do *ASIP* na variação de coloração em diferentes animais, tanto domésticos quanto selvagens.

A participação do gene *ASIP* na determinação da coloração das pelagens em mamíferos deve-se à codificação da proteína *agouti*, um sinalizador de ação parácrina que regula a proporção dos tipos de melanina produzidos nos melanócitos. Essa proteína atua como antagonista funcional do *MC1R*, interferindo diretamente na via de sinalização envolvida na pigmentação. Normalmente, o *MC1R* é ativado pelo hormônio α -*MSH* (hormônio estimulante de melanócitos), o que leva à produção de eumelanina, pigmento responsável por colorações mais escuras como preto e castanho (Blanchard et al., 1995; Suzuki et al., 1997). Entretanto, quando a proteína *agouti* está presente e funcional, ela se liga ao *MC1R* e inibe sua ativação, promovendo a síntese de feomelanina, que resulta em tons mais claros como amarelo, creme ou avermelhado.

A interação do *ASIP* com o *MC1R* depende de sua porção C-terminal, rica em resíduos de cisteína, importante fator de conversão de feomelanina ou eumelanina. Essa porção terminal se conecta ao *MC1R* por meio de uma estrutura específica chamada octaloop, com semelhanças estruturais a outros ligantes da família das melanocortinas, peptídeos se ligam aos receptores específicos, como o do *MC1R*, modulando a pigmentação, mas também atuam no metabolismo e resposta imune (receptores *MC2R*, *MC3R*, *MC4R* e *MC5R*) (Ollmann et al., 1998; Tota et al., 1999; McNulty et al., 2005). Por essa rica cisteína, a porção terminal do *ASIP*, mesmo não pertencendo à família melanocortina, é capaz de exercer efeitos funcionais por si só (Ollmann e Barsh, 1999). Assim, a diversidade dos padrões de coloração de pelagem em mamíferos podem ser observados em variações ou mutações no *ASIP* (Adefenwa et al., 2013; Fontanesi, et al., 2010; Robic et al., 2019; Rieder et al., 2001; Rochus et al., 2019), sendo úteis na predição e seleção de fenótipos desejáveis em programas de criação animal.

Nos jumentos, esse papel regulador do *ASIP* tem impacto direto na expressão de dois padrões fenotípicos principais: os indivíduos com *Light Points* (LP) (regiões claras), que apresentam áreas mais claras ao redor do focinho, olhos, parte inferior do abdômen e face interna dos membros, e os animais *No Light Points* (NLP) (sem regiões claras), que exibem coloração escura uniforme, com ausência dessas regiões despigmentadas. Esse fenótipo NLP está associado a uma mutação missense específica (c.349T>C) no gene *ASIP*, que leva à substituição do aminoácido cisteína por arginina (p.Cys117Arg). Essa substituição resulta em perda de função da

proteína *ASIP*, comprometendo sua capacidade de antagonizar o receptor *MC1R*, o que leva à produção contínua de eumelanina e, conseqüentemente, à coloração escura característica do fenótipo NLP (Abitbol; Fellah; Tired, 2015; Sun et al., 2017).

O estudo conduzido por Abitbol; Fellah; Tired (2015) foi pioneiro ao identificar a mutação c.349T>C (p.Cys117Arg) no gene *ASIP* no éxon 3 como responsável pelo fenótipo NLP em jumentos. A pesquisa foi realizada com 127 jumentos de cinco raças francesas e uma americana, e demonstrou que a presença da mutação em homozigose CC estava fortemente associada à coloração escura contínua, sem os pontos claros típicos. Enquanto, os indivíduos TT ou TC permanência com regiões claras típicas. Posteriormente, Sun et al. (2017) ampliaram essa descoberta por meio da análise de uma amostragem maior, composta por 590 jumentos de 13 raças chinesas (Xinjiang, Qinghai, Lanzhou, Guanzhong, Qingyang, Jiami, Taihang, Xiahe, Ganzhou, Biyang, Hebei, Kulun e Dezhou), incluindo 20 jumentos Dezhou de pelagem preta sólida e 17 Dezhou de pelagem não preta. Os autores observaram que o genótipo TT estava presente em todas as raças avaliadas, o TC em todas, exceto a Biyang, e o CC apenas nas raças Dezhou, Kulun e Qingyang, sendo mais frequente na Dezhou. Notavelmente, todos os jumentos Dezhou de pelagem preta sólida apresentavam o genótipo CC, reforçando que a mutação c.349T>C é determinante para esse padrão de coloração.

Até então, acreditava-se que o padrão de herança dessa característica é autossômica recessiva, o que significa que apenas os animais homozigotos para o alelo mutante (CC) expressam o fenótipo NLP. Entretanto, a presença de heterozigotos (TC) com fenótipo NLP observada em parte da população dos jumentos no estudo de Yu et al. (2020), sugere que outros genes modificadores ou interações epistáticas podem também influenciar a expressão final da coloração. Essa abordagem descoberta no estudo de Yu et al. (2020) tinha como objetivo aprofundar o entendimento sobre a variação no padrão de LP em jumentos. Por isso, os autores sequenciaram regiões dos genes *ASIP* e *MC1R* em um total de 283 jumentos, classificados em seis padrões distintos de pelagem, 41 animais "*grey dun*", caracterizado pela pelagem acinzentada com faixa dorsal. E o restante dos animais foram categorizados de acordo com a quantidade e a definição desses pontos claros: 35 jumentos foram classificados como 3+-LP, com três regiões claras (focinho, olhos e ventre) bem evidentes; 92 animais foram identificados como 3-LP, com os mesmos três pontos, porém menos intensos. 48 animais foram identificados com o padrão 2+-LP que incluía indivíduos com apenas dois pontos claros mais acentuada quando comparado com os 31 animais 2-LP, compostos por dois pontos claros menos definidos e de tonalidade mais escura. Por fim, 36 jumentos foram classificados como NLP, ou seja, não apresentavam nenhuma dessas regiões claras, exibindo uma pelagem escura contínua. Essa classificação permitiu aos

autores associarem os diferentes genótipos do gene *ASIP* com a variação fenotípica observada entre os grupos.

O estudo confirmou que todos os animais homozigotos para o alelo T (TT) apresentavam regiões claras (LP), enquanto os homozigotos CC não apresentavam esses pontos claros. No entanto, 27,8% dos jumentos NLP eram heterozigotos (TC), o que não havia sido reportado anteriormente. Nesse caso, é possível que o fenótipo NLP pode ser influenciado por outros genes além do *ASIP*, pois indivíduos com genótipos heterozigotos apresentaram variação fenotípica. O estudo também demonstrou que a frequência do alelo T se correlaciona com o número e a extensão das regiões LP, e descartou qualquer associação significativa com variações no gene *MC1R*, com base em testes de qui-quadrado. Esses resultados reforçam o papel do *ASIP* como gene central na regulação dos padrões de coloração em jumentos, mas indicam também a participação de mecanismos genéticos adicionais que ainda precisam ser identificados.

Diante das evidências disponíveis, o gene *ASIP* continua a se destacar como um elemento-chave na determinação dos padrões de pelagem em jumentos. O conhecimento sobre suas variantes é particularmente valioso em programas de seleção genômica, permitindo maior precisão na escolha de reprodutores, especialmente quando há interesse na manutenção ou eliminação de determinados padrões de coloração, como os pontos claros. A realização de testes genéticos para identificação dos genótipos relacionados ao *ASIP* pode auxiliar criadores na tomada de decisões mais estratégicas e eficientes nos programas de melhoramento.

Dessa forma, compreender a função e os efeitos desse gene é essencial para elucidar os mecanismos envolvidos na expressão das pelagens, além de orientar ações de melhoramento genético voltadas a características fenotípicas desejáveis, como cor e padrão da pelagem. Considerando a relevância funcional do *ASIP* na regulação da pigmentação em diferentes espécies, investigar seu papel em jumentos brasileiros, especialmente na raça Pêga, é de grande importância. Até o momento, ainda são escassos os estudos voltados especificamente para essa população. A compreensão detalhada das variantes do *ASIP* pode permitir a identificação de marcadores moleculares associados a fenótipos específicos de pelagem, possibilitando maior controle sobre os acasalamentos e direcionamento dos resultados reprodutivos no âmbito de padrões de pelagem que podem agregar valor comercial, estético e funcional aos animais.

3. OBJETIVOS

3.1 GERAL

Avaliar a influência do gene *ASIP* na determinação dos padrões de pelagem em jumentos

da raça Pêga, por meio da análise molecular dos três éxons do gene e da identificação de variações pontuais (SNPs e indels) associadas a diferentes fenótipos de coloração.

3.2 ESPECÍFICOS

Sequenciar os três éxons do gene *ASIP* em jumentos da raça Pêga pertencentes a variações fenotípicas de pelagem.

- Identificar variações pontuais no gene *ASIP*, como *SNPs* e *indels* (inserções/deleções), e determinar sua frequência nas diferentes categorias de pelagem analisadas.
- Investigar associações entre variantes genéticas do *ASIP* e os padrões de coloração da pelagem observados nos indivíduos da raça Pêga.
- Propor marcadores moleculares potenciais que possam ser aplicados em programas de seleção genômica para a manutenção ou eliminação de determinados padrões de pelagem.
- Contribuir para o avanço do conhecimento genético sobre a pigmentação em asininos brasileiros, promovendo a valorização zootécnica e comercial da raça Pêga.

4. MATERIAL E MÉTODOS

4.1 AMOSTRAGEM E COLETA DE AMOSTRAS

O projeto foi aprovado pelo Comitê de Ética para Uso Animal da Universidade Federal da Bahia sob o protocolo 08/2019 (CEUA EMEVZ, UFBA). Esse trabalho foi desenvolvido no Laboratório Multifuncional, na Escola de Medicina Veterinária e Zootecnia da Universidade Federal da Bahia localizada no município de Salvador, Bahia.

Foram avaliadas as variações de pelagem existentes em animais da raça Pêga totalizando 20 animais, de ambos os sexos, incluindo as seguintes categorias: pelo de rato, ruã, pelo de rato ruanado, preta, tordilha, ruça e pampa. Além das classificações principais, consideraram-se também as suas variações nas tonalidades, com intensidade de coloração variando de tons mais claros a mais escuros, apatacados ou não e extensão de marcações brancas. Todos os animais são oriundos de propriedades vinculadas à Associação Brasileira dos Criadores do Jumento Pêga (ABCJPêga).

Como amostra biológica, foram coletados folículos pilosos da vassoura da cauda, os quais foram acondicionados em envelopes individuais contendo as informações de identificação do animal, fazenda ou criatório de origem, sexo e padrão de pelagem para posterior extração de DNA genômico.

4.2 EXTRAÇÃO E QUANTIFICAÇÃO DE DNA

A extração de DNA foi realizada a partir do bulbo capilar da cauda dos animais. Foi utilizado o kit *NucleoSpin® Tissue* (Macherey-Nagel), seguindo as instruções do fabricante. A integridade e a concentração do DNA extraído foram avaliadas por eletroforese em gel de agarose a 0,8% (m/v). Durante a corrida eletroforética, utilizou-se azul de bromofenol como marcador de migração, e o DNA foi corado com SYBR™ Gold (*Thermo Fisher Scientific*) para posterior visualização em sistema de foto-documentação L-PIX Transilluminator Molecular Imaging (*Loccus Biotecnologia*). A quantificação do DNA foi realizada por espectrofotometria utilizando o equipamento *NanoDrop™* (*Thermo Fisher Scientific*), com aferição da concentração e da razão de absorbância 260/280 nm, empregada como critério de pureza para detecção de possíveis contaminantes, como proteínas e resíduos de reagentes, que podem interferir nas etapas posteriores de amplificação por PCR.

4.3 AMPLIFICAÇÃO DO GENE *ASIP*

Foram amplificados três éxons do gene *ASIP* com o objetivo de investigar possíveis variações nucleotídicas associadas à coloração da pelagem dos jumentos da raça Pêga. A seleção dos éxons teve como base sua relevância funcional na modulação da síntese de melanina, podendo influenciar diretamente o fenótipo de cor. Os *primers* foram desenhados com base nas sequências descritas por Abitbol et al. (2015) e tiveram sua especificidade e qualidade verificadas por meio da ferramenta *OligoAnalyzer* (Integrated DNA Technologies – IDT), assegurando a eficiência nas reações de amplificação. Os pares de primers utilizados para cada éxon foram os seguintes, F: CTCTTCCTCTCCCCGTGTTT e R: CCTTCTCATGGGCTGGAGG para o éxon 1, gerando um fragmento de 439 pares de bases (pb); para o éxon 2, F: TGATCTATCCAGCCAAGCCC e R: GCTTGAGGGTCAGGGTCC, com 350 pb; e para o éxon 3, F: GTTTTGAAGAGGCAGCAGGG e R: CTCCGCCCAACCTTAGTAG, resultando em um fragmento de 526 pb.

As reações de PCR foram conduzidas em volume final de 25 µl, contendo 0,7 µl de cada

primer (200 nM), 2,0 µl de DNA (equivalente a 200 ng), 12,5 µl de GoTaq® DNA Polymerase (Promega) e 9,1 µl de água ultrapura (miliQ). As amplificações foram realizadas em termociclador (*Applied Biosystems*), com etapa inicial de desnaturação a 94 °C por 8 minutos, seguida por 35 ciclos compostos por: desnaturação a 94 °C por 45 segundos, anelamento a 62 °C por 45 segundos e extensão a 72 °C por 1 minuto. Ao término dos ciclos, foi realizada uma etapa final de extensão a 72 °C por 10 minutos.

Os produtos da amplificação foram verificados por meio da técnica de eletroforese em gel de agarose a 1,5%, corado com *Sybr Gold*. Os fragmentos amplificados foram visualizados em luz ultravioleta e fotografados com L-PIX *Transilluminator Molecular Imaging* (Loccus Biotecnologia). Posteriormente, o padrão de bandas de cada éxon do gene *ASIP* foram analisados nas imagens dos géis com intuito de verificar variações nas regiões amplificadas.

4.4 PURIFICAÇÃO E SEQUENCIAMENTO

Após a amplificação, os produtos de PCR foram purificados utilizando solução de PEG 20% (polietilenoglicol), com o objetivo de remover primers não incorporados, nucleotídeos livres e demais impurezas que possam interferir na etapa subsequente. O sequenciamento dos fragmentos amplificados foi realizado por método de Sanger na plataforma da Fiocruz, localizada em Salvador, Bahia.

As sequências geradas foram inicialmente analisadas no software *BioEdit*, por meio da leitura dos eletroferogramas. Posteriormente, foram submetidas ao *BLASTn*, na base de dados do NCBI, para confirmação da identidade e verificação da correspondência com o gene *ASIP* de asininos (*Equus asinus*). Após a validação, os fragmentos foram alinhados no programa *CodonCode Aligner*, utilizando a sequência genômica de referência utilizada foi a do jumento (*Equus asinus*) da raça Dezhou, disponível no NCBI sob o número de acesso NC_052191.1 (ASM1607732v2), correspondente ao cromossomo 15.

As regiões codificadoras (CDS) do gene *ASIP* foram localizadas nos seguintes intervalos: 15:109,485–109,761 (éxon 1), 15:111,062–111,126 (éxon 2) e 15:113,423–113,599 (éxon 3). Com base nessas posições, foram utilizados três pares de *primers* adaptados do estudo de Abitbol et al. (2015), permitindo a amplificação específica de cada éxon, com o intuito de identificar substituições nucleotídicas (SNPs) e mutações do tipo indel (inserções ou deleções) potencialmente associadas às variações de coloração da pelagem observadas nos jumentos da raça Pêga. Para verificar a presença de possíveis posições polimórficas, as sequências obtidas dos *amplicons* foram comparadas com a sequência de referência do CDS do gene *ASIP* disponível no NCBI.

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise das sequências dos três éxons do gene *ASIP* não identificou nenhuma mutação pontual em asininos da raça Pêga de diversas colorações de pelagem, mostrando que esse gene não participa da variação da coloração da pelagem estudadas na espécie. A ausência de variantes do gene *ASIP* em asininos da raça Pêga mostra que esse gene não influencia a diferenciação das colorações estudadas. Esse fato é bastante inesperado, pois o *ASIP* é o segundo gene que mais influencia a coloração da pelagem, tendo sido relatado em equinos (Rieder et al 2001) e outros mamíferos domésticos (Trigo et al.,2024, Guo et al., 2022, Rochus et al.,2019) tendo um efeito epistático com o gene *MC1R*. Mais que isso, o gene *ASIP* havia sido indicado em estudos de assinaturas genômicas como um gene sob efeito de seleção ao se comparar raças de jumentos de colorações diferentes (Zhou et al 2020).

Todavia, há o SNP c.349T>C descrito no gene *ASIP* em asininos influencia a presença ou ausência de “pontos claros” nas regiões do ventre, olhos e focinho de jumentos. Para expressar a presença de pontos claros (*light points* – LP) basta a presença de um alelo T e para expressar a ausência de pontos claros (*no light points* - NLP), faz-se necessário ser homozigoto CC (Abitbol; Fellah; Tiret, 2015; Sun et al 2017). Todos os jumentos Pêga aqui genotipados possuem o genótipo TT para o SNP c.349T>C, estando em concordância com a literatura científica, pois todos possuem pontos claros independente da pelagem.

Contudo, apesar desse modelo genético estar bem estabelecido em algumas populações, ele apresenta limitações. O estudo de Yu et al. (2020), conduzido com 283 jumentos de diferentes raças chinesas, revelou uma quebra desse modelo, ao identificar que 27,8% dos animais com fenótipo NLP apresentavam o genótipo heterozigoto TC, o que contradiz a expectativa mendeliana de expressão exclusiva do NLP em indivíduos CC. Isso sugere que, em determinadas populações, a presença de um único alelo C é suficiente para suprimir os pontos claros, revelando a atuação de fatores genéticos adicionais, como genes modificadores, variantes estruturais, elementos regulatórios distantes ou até mecanismos epigenéticos, ainda não completamente caracterizados, sendo já descartado epistasia do *MC1R*.

Estudos com outros genes candidatos e associação genômica ampla com asininos devem ser feitos a fim de melhor estudar a arquitetura genética da coloração da pelagem em asininos que é bastante desconhecida.

6. CONCLUSÃO

A ausência de variantes no gene *ASIP* em jumentos da raça Pêga com colorações de pelagem nos padrões rato, ruã, pelo de rato ruanado, preta, tordilha, ruça e pampa em tonalidades claras e escuras mostra que esse gene não exerce efeito aditivo ou epistático na determinação dessas pelagens. Faz-se necessário estudos com outros genes candidatos e de associação genômica ampla a fim de melhor entender a arquitetura genética dessa característica na espécie.

7. REFERÊNCIAS

ABCJPêga; Associação Brasileira dos Criadores de Jumentos da Raça Pêga . **Regulamento do Serviço de Registro Genealógico da raça Jumento Pêga: homologado pelo MAPA**. Belo Horizonte: ABCJPÊGA, p.49, 2023a. Disponível em: <https://abcjpega.org.br/wp-content/uploads/2023/09/Regulamento-do-SRG-Homologado-pelo-Mapa-2023.pdf>. Acesso em: 4 jun. 2025.

ABCJPêga. Associação Brasileira dos Criadores de Jumentos da Raça Pêga **Asininos Pêga com pelagens variadas e Muare Pintados** [vídeo]. YouTube, 24 ago. 2020b. Disponível em: <<https://www.youtube.com/watch?v=A8r4KCt2rLk>>. Acesso em: 5 jun. 2025.

ABCJPêga. Associação Brasileira dos Criadores de Jumentos da Raça Pêga. **Guia da morfologia da raça Pêga**. [Imagem]. 2023d. Disponível em: <<https://abcjpega.org.br/guia-da-morfologia/>>. Acesso em: 4 jun. 2025.

ABCJPêga. ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DOS CRIADORES DE JUMENTO PÊGA. **História da raça**. 2023a. Disponível em:< <https://abcjpega.org.br/historia-da-raca/>>. Acesso em: 20 jul. 2024.

ABCJPêga. Associação Brasileira dos Criadores de Jumentos da Raça PêgaA. **Ofício Circular nº 003/2024 – 37ª ENAPÊGA**. Belo Horizonte: ABCJPÊGA, 2024. Disponível em: <https://abcjpega.org.br/wp-content/uploads/2024/08/OFICIO-37a-ENAPEGA.pdf>. Acesso em: 4 jun. 2025.

ABCJPêga. Associação Brasileira dos Criadores de Jumentos da Raça Pêga. **Página inicial**. 2025. Disponível em: <<https://abcjpega.org.br/>>. Acesso em: 4 jun. 2025.

ABCJPêga. Associação Brasileira dos Criadores de Jumentos da Raça Pêga. **Registro de asininos: categoria variedade de pelagem**. Belo Horizonte: ABCJPÊGA, p.23, 2017.

ABCJPêga. Associação Brasileira dos Criadores de Jumentos da Raça Pêga – ABCJPÊGA. **Página inicial**. 2025a. Disponível em: <<http://archive.today/2025.06.04-150821/https://abcjpega.org.br/>>. Acesso em: 4 jun. 2025.

ABCJPêga. Associação Brasileira dos Criadores de Jumentos da Raça Pêga. **Regulamento oficial para julgamento de asininos da raça Pêga** – 2025. Belo Horizonte: ABCJPÊGA, p. 18, 2025b.

ABCJPêga. Associação Brasileira dos Criadores de Jumentos da Raça Pêga. Belo Horizonte, 2024. Disponível em: <<https://www.abcjpega.com.br>>. Acesso em: 20 set. 2024.

ABCJPêga. **Pelagens padrão da raça Pêga** [vídeo]. YouTube, 17 jul. 2020a. Disponível em: <<https://www.youtube.com/watch?v=PDVMmR1sMRg>>. Acesso em: 5 jun. 2025.

ABITBOL, M.; LEGRAND, R.; TIRET, L. A missense mutation in melanocortin 1 receptor is associated with the red coat colour in donkeys. **Animal Genetics**, v. 45, n. 6, p. 878-880, 2014.

ABITBOL, M.; LEGRAND, R.; TIRET, L. A missense mutation in the agouti signaling protein gene (ASIP) is associated with the no light points coat phenotype in donkeys. **Genetics Selection Evolution**, v. 47, p. 28–31, 2015.

ADEFENWA, M. A. et al. Identification of single nucleotide polymorphisms in the agouti signaling protein (ASIP) gene in some goat breeds in tropical and temperate climates. **Molecular biology reports**, v. 40, p. 4447-4457, 2013.

ALMEIDA, M. J. O impacto da mecanização na pecuária de tração. In: Anais do Simpósio Brasileiro de Zootecnia, v. 2, n. 3, p. 15-22, 2009.

ALVES, J. S. et al. Genetic origin of donkeys in Brazil. **Tropical Animal Health and Production**, v. 54, n. 5, p. 291, 2022.

ALVES, V. G.; SOARES, P. M.; OLIVEIRA, M. C.; ALMEIDA, R. S. Diversidade genética dos jumentos brasileiros. **Revista Brasileira de Genética Animal**, v. 23, n. 1, p. 37-45, 2022.

ARAÚJO, N. A. Jumento da raça Pêga. In: RIBEIRO, N. L. et al. (org.). Cavalos & jumentos do Brasil: raças e ecótipos. Campina Grande: Instituto Nacional do Semiárido, p. 491–503, 2023.

BARBOSA, H. Símbolo do Nordeste, jumentos sofrem abandono crescente e são risco de acidente nas estradas. G1 Ceará, 4 nov. 2018. Disponível em: <<https://g1.globo.com/ceara/noticia/simbolo-do-nordeste-jumentos-sofrem-abandono-crescente-e-sao-risco-de-acidente-nas-estradas.ghtml>>. Acesso em: 3 jun. 2025.

BARSH, G. S. The genetics of pigmentation: from fancy genes to complex traits. **Trends in Genetics**, v. 12, n. 8, p. 299-305, 1996.

BEJA-PEREIRA, A.; ENARD, D.; LUPTON, J.; LINSKY, S. M.; FERREIRA, J. T. O jumento africano e sua domesticação. **Animal Genetics**, v. 35, n. 4, p. 303-308, 2004.

BELLONE, R. R. Genetic testing for coat color mutations in horses. **Journal of Animal Science**, v. 88, n. 2, p. 1-8, 2010.

BELYAKIN, S. N. et al. ASIP Promoter Variants Predict the Sesame Coat Color in Shiba Inu Dogs. **Veterinary Sciences**, v. 9, n. 5, p. 222, 2022.

BERNABUCCI, U.; LACETERA, N.; RONCHI, B.; NARDONE, A. Physiological responses to heat stress and nutritional consequences in dairy cattle. **Journal of Animal Science**, v. 88, p. 1-12, 2010.

- BITENCOURT, A. S.; MOREIRA, F. M.; DIAS, A. B.; SOUZA, S. A. O impacto social e econômico dos jumentos no Nordeste do Brasil. **Revista Brasileira de Agricultura**, v. 20, p. 88-99, 2021.
- CARNEIRO, G.F. et al. The current situation and trend of the donkey industry in South America. **Journal of Equine Veterinary Science**, v. 65, p.106-110, 2018.
- CASTRO, S.T.R.; EGITO, A.A. Manual de Curadores de Germoplasma – Animal: Glossário de Recursos Genéticos Animais, **Documentos Embrapa**, 2012.
- COATESWORTH, J. **Understanding the Horse's Skin and Coat**. The Crowood Press, 2016.
- DE ARAÚJO, J. M. O jumento Pêga: importância ecológica, cultural e genética. 2. ed. Fortaleza: **Editora Agropecuária do Nordeste**, 2023.
- DIAS, L. C. C; CÍCERO, V. C. Donkey business: Trade, Resource Exploitation, and Crime. 2024.
- DO NASCIMENTO BARRETO, L. et al. Estudo da termorregulação em asininos nordestinos. **Journal of Equine Veterinary Science**, v. 92, p. 107-115, 2024.
- DONG, H. et al. Whole genome sequencing provides new insights into the genetic diversity and coat color of Asiatic wild ass and its hybrids. **Frontiers in Genetics**, v. 13, p. 818420, 2022.
- DROGEMULLER, C. et al. Genetic background of donkey coat color in Mediterranean regions. **Journal of Animal Genetics**, v. 51, p. 95-103, 2007.
- EV/MG. ESCOLA DE VETERINÁRIA DA UFMG. Pêga já substitui cavalos em fazendas. *Escola de Veterinária da UFMG*, Belo Horizonte, 19 abr. 2024. Disponível em: <<https://vet.ufmg.br/clipping/pega-ja-substitui-cavalos-em-fazendas/>>. Acesso em: 5 jun. 2025
- FADARE, A.O. et al. Imumorin. Physiological and haematological indices suggest superior heat tolerance of white-coloured West African Dwarf sheep in the hot humid tropics. **Trop. Anim. Health Prod.**, v.45, n.1, 2012
- FELIX, N.A. et al. Evaluation of colostrum quality and passive immunity transfer in donkeys of the Brazilian Nordeste ecotype via different methods. **Emerging Animal Species**, v. 1, p. 100017-7, 2022.
- FENN, D J. et al. Validation of a candidate causative mutation for white spotting in donkeys. **Animal Genetics**, v. 48, n. 1, 2016.
- FONSECA, L.S.D. et al. The reality of the donkey's exploitation for the hide trade in Brazil: disease outbreaks and animal welfare compromised in rescued donkeys. **Brazilian Journal of Veterinary Research and Animal Science**, v.58, p.1-6, 2021a
- FONTANESI, L. et al. Copy number variation and missense mutations of the agouti signaling protein (ASIP) gene in goat breeds with different coat colors. **Cytogenetic and genome research**, v. 126, n. 4, p. 333-347, 2010.
- FRANCO, M.M. et al. Quick method for identifying horse (*Equus caballus*) and donkey (*Equus asinus*) hybrids. **Genetics and Molecular Research**, v.15, p.2-7, 2016.

GAMEIRO, M. B. P.; REZENDE, V. T.; ZANELLA, A. J.. Brazilian donkey slaughter and exports from 2002 to 2019. **Brazilian Journal of Veterinary Research and Animal Science**, v. 58, p. e174697-e174697, 2021.

GAMEIRO P. M B.; CLANCY, C.; ZANELLA, A. J. Between freedom and abandonment: Social representations of free-roaming donkeys in the Brazilian Northeast. **Anthrozoös**, v. 35, n. 3, p. 335-354, 2022.

GARCÍA-BORRÓN, J. C.; SÁNCHEZ-LAORDEN, B. L.; JIMÉNEZ-CERVANTES, C. Melanocortin-1 receptor structure and functional regulation. **Pigment cell research**, v. 18, n. 6, p. 393-410, 2005.

GOMES, W. Jumentos recolhidos em curral no semiárido nordestino. Foto. In: BARBOSA, Honorário. Símbolo do Nordeste, jumentos sofrem abandono crescente e são risco de acidente nas estradas. G1 Ceará, 4 nov. 2018. Disponível em: <<https://g1.globo.com/ceara/noticia/simbolo-do-nordeste-jumentos-sofrem-abandono-crescente-e-sao-risco-de-acidente-nas-estradas.ghtml>>. Acesso em: 3 jun. 2025.

GUERRA, A. Rota dos jumentos em Minas Gerais: contribuição histórica dos jumentos no transporte de cargas [imagem]. Rio de Janeiro: IBGE, 1968. Disponível em: <<https://biblioteca.ibge.gov.br/index.php/biblioteca-catalogo?view=detalhes&id=4195501>>. Acesso em: 20 jun. 2024.

GUO, J. et al. A 13.42-kb tandem duplication at the ASIP locus is strongly associated with the depigmentation phenotype of non-classic Swiss markings in goats. **BMC genomics**, v. 23, n. 1, p. 437, 2022.

HAASE, B; RIEDER, S.; LEEB, T. Two variants in the KIT gene as candidate causative mutations for a dominant white and a white spotting phenotype in the donkey. **Animal genetics**, v. 46, n. 3, p. 321-324, 2015.

HAASE, B. et al. ASIP and MC1R mutations explain coat color phenotypes in donkeys. **Genetics**, v. 181, n. 4, p. 1425-1435, 2009.

HOEKSTRA, H. E. Genetics, development and evolution of adaptive pigmentation in vertebrates. **Heredity**, v. 97, n. 3, p. 222-234, 2006.

HOLL, H. et al. A frameshift mutation in KIT is associated with white spotting in the Arabian camel. **Genes**, v. 8, n. 3, p. 102, 2017.

IBGE. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Resultados do Censo Agro 2017. Rio de Janeiro: IBGE, 2017. Disponível em: <https://censoagro2017.ibge.gov.br/templates/censo_agro/resultadosagro/pecuaria.html?localidade=0&tema=75642>. Acesso em: 20 jul. 2024.

INSA. Instituto Nacional do Semiárido. Jumentos Nordestinos e o clima semiárido. **Relatório Anual**, p. 105-110, 2024.

ITO, S. et al. Comparative study of tyrosinase enzyme activities in donkey coat color. **Journal of Animal Genetics**, v. 32, p. 405-410, 1999.

JORDANA, J. et al. Genetic diversity in Iberian donkey breeds and their relationships with Brazilian populations. **Journal of Heredity**, v. 134, p. 97-105, 2018.

JORDANA, J. et al. Genetic relationships among American donkey populations: insights into the process of colonization. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 133, p. 155-164, 2016.

KASSIE, G. T.; SHIFERAW, B.; MURICHO, G. I. Animal traction and farm income in mixed farming systems in Ethiopia. **Journal of Development Studies**, v. 50, p. 46-54, 2011.

KEFENA, E. et al. Genetic diversity and matrilineal genetic signature of native Ethiopian donkeys (*Equus asinus*) inferred from mitochondrial DNA sequence polymorphism. **Livestock Science**, v. 167, p. 73-79, 2014.

LEGRAND, R. TIRET, L.; ABITBOL, M.. Two recessive mutations in FGF5 are associated with the long-hair phenotype in donkeys. **Genetics Selection Evolution**, v. 46, n. 1, p. 65, 2014.

LI, Q. et al. Influence of genetic variants on donkey coat color. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v. 136, p. 54-62, 2024.

LIMA, Y.F. et al. The human-animal relationship and its influence in our culture: the case of donkeys. **Brazilian Journal of Veterinary Research and Animal Science**, v. 58, p. e174255-e174255, 2021.

LIU, S. et al. Genome-wide analyses based on a novel donkey 40K liquid chip reveal the gene responsible for coat color diversity in Chinese Dezhou donkey. **Animal Genetics**, v. 55, n. 1, p. 140-146, 2024.

LIU, Y. et al. Genome-wide association study on coat color in Dezhou donkeys. **Animal Genetics**, v. 53, n. 1, p. 45-52, 2024.

MARIANTE, A. S.; CAVALCANTE, N. Animais do descobrimento: raças domésticas da história do Brasil. Embrapa-Assessoria de Comunicação Social: **Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia**, 2000.

MARIANTE, A.S.; CAVALCANTE, N. Animais do Descobrimento: raças domésticas da história do Brasil. Editora Embrapa: Brasília: Embrapa Sede: **Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia**, p. 274, 2006.

MAYOR, R; THEVENEAU, E. The neural crest. **Development**, v. 140, n. 11, p. 2247-2251, 2013.

MCMANUS, C.; SILVA, J. A.; SANTOS, S. A raça Pêga no Brasil: história e genética. **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 39, n. 1, p. 55-62, 2010.

MCNULTY, et al. Structures of the agouti signaling protein. *Journal of Molecular Biology*, v. 346, p. 1059–1070, 2005. Available from: <https://doi.org/10.1016/j.jmb.2004.12.030>. Mar. 2005.

MF RURAL. Melhores raças de jumentos que você não conhecia [Imagem]. 2024. Disponível em: <<https://www.comprerural.com/melhores-racas-de-jumentos-que-voce-nao-conhecia/>>. Acesso em: 3 jun. 2025.

MIKHEIL, D et al. **Coat color mutations, animals**. In: Reference Module in Biomedical Sciences.: Elsevier, 2017

MUNDO ECOLOGIA. Jumento Nordestino: características, nome científico e fotos [Imagem]. 2020. Disponível em: <https://www.mundoecologia.com.br/animais/jumento-nordestino-caracteristicas-nome-cientifico-e-fotos/>. Acesso em: 3 jun. 2025.

OLLMANN, M. M.; BARSH, G. S. Down-regulation of melanocortin receptor signaling mediated by the amino terminus of Agouti protein in *Xenopus melanophores*. **Journal of Biological Chemistry**, v. 274, p. 15837–15846, 1999.

OLLMANN, M. M.; LAMOREUX, M. L.; WILSON, B. D.; BARSH, G. S. Interaction of agouti protein with the melanocortin 1 receptor in vitro and in vivo. **Genes & Development**, v. 12, p. 316–330, 1998.

PATTEN. Why ivory isn't like the horse cream-gene? Furball Acres, 2006. Disponível em: <https://www.furballacres.com/donkeys/ivoryisnotcream.htm>. Acesso em: 4 jun. 2025.

PETERS, R. A. et al. Genetic markers of donkey coat color in Asia. **Journal of Animal Science**, v. 47, p. 146-151, 2002.

PIMENTEL, M. M.; VIEIRA, G. H.; DIAS, S. R. O papel dos asininos no Nordeste brasileiro. **Revista Brasileira de Agricultura**, v. 15, p. 60-72, 2014.

PRIMO, A. T. Raças de gado na América Latina. 2. ed. **Montevideo: Hemisfério Sur**, 2004.

QUEIROZ, G. L.; SILVA, R. O.; NASCIMENTO, L. P. O impacto do comércio ilegal de jumentos no Brasil. **Revista Brasileira de Genética Animal**, v. 32, n. 1, p. 98-110, 2021.

REZENDE, A.S.C.; COSTA, M.D. Pelagem dos equinos. Nomenclatura e Genética. 2ª ed. Belo Horizonte/MG. **FEP- MVZ**, p 111, 2007.

REZENDE, A. S. C.; COSTA, MD da. Pelagem dos equinos: nomenclatura e genética. **Belo Horizonte: FEP-MVZ**, 2012.

RIEDER, S. et al. Mutations in the agouti (*ASIP*), the extension (*MC1R*), and the brown (*TYRP1*) loci and their association to coat color phenotypes in horses (*Equus caballus*). **Mammalian genome**, v. 12, p. 450-455, 2001.

ROBIC, A. et al. Two new structural mutations in the 5' region of the *ASIP* gene cause diluted feather color phenotypes in Japanese quail. **Genetics Selection Evolution**, v. 51, p. 1-10, 2019.

ROCHUS, C. M. et al. Mutations in *ASIP* and *MC1R*: dominant black and recessive black alleles segregate in native Swedish sheep populations. **Animal Genetics**, v. 50, n. 6, p. 712-717, 2019.

ROSENGREN PIELBERG, G. et al. A cis-acting regulatory mutation causes premature hair graying and susceptibility to melanoma in the horse. **Nature genetics**, v. 40, n. 8, p. 1004-1009, 2008.

- ROYO, L. J. et al. The genetics of coat color in donkeys (*Equus asinus*). **Journal of Heredity**, v. 99, n. 5, p. 552-556, 2008.
- SCHUMTZ, S. M.; BERRYERE, T. G. Genetics of coat color in domestic animals. **Advances in Animal Genetics**, v. 7, n. 3, p. 38-45, 2007.
- SCHNEIDER, A. et al. How the leopard hides its spots: ASIP mutations and melanism in wild cats. **PloS one**, v. 7, n. 12, p. e50386, 2012.
- SEJIAN, V. et al. Introduction to concepts of climate change impact on livestock and its adaptation and mitigation. In: SEJIAN, V.; GAUGHAN, J.; BAUMGARD, L.; PRASAD, C. (ed.). *Climate change impact on livestock: adaptation and mitigation*. New Delhi: Springer, p.1-20, 2015.
- SKIPPEN, L.; COLLIER, J.; KITHUKA, J. M.. The donkey skin trade: A growing global problem. **Brazilian Journal of Veterinary Research and Animal Science**, v. 58, p. e175262-e175262, 2021.
- SLOMINSKI, A. et al. Mechanisms of melanin biosynthesis in equines. **Journal of Pigment Cell Research**, v. 17, n. 2, p. 96-105, 2004.
- SPONENBERG, D. P.; Bellone, R. R. Genetics of coat color in equines. **Journal of Equine Veterinary Science**, v. 37, p. 230-235, 2017.
- SPONENBERG, D. P.; Colon, C. Colonial Spanish sheep, goats, hogs and asses in the United States. **Archivos de Zootecnia**, v. 41, p. 12, 1992.
- STANISIC, L. J. et al. New insights into the origin and the genetic status of the Balkan donkey from Serbia. **Animal Genetics**, v. 48, n. 5, p. 580-590, 2017.
- SUN, T. et al. ASIP gene variation in Chinese donkeys. **Animal Genetics**, v. 48, n. 3, p. 372-373, 2017.
- SUPRINYAK, C. E. O mercado de animais de carga no centro-sul do Brasil imperial: novas evidências. **Estudos Econômicos**, v. 38, p. 319-347, 2008.
- TABONE- EGLINGER, S. et al. Membrane-bound Kit ligand regulates melanocyte adhesion and survival, providing physical interaction with an intraepithelial niche. **The FASEB Journal**, v. 26, n. 9, p. 3738-3753, 2012.
- TERFA et al. Economic benefits of donkey utilization in Ethiopian agriculture. **Journal of Development Economics**, v. 52, p. 25-35, 2013.
- TODD, T. et al. The genomic history and global expansion of domestic donkeys. **Science**, v. 377, n. 6611, p. 1172-1180, 2022.
- TORRES, A. M.; JARDIM, R. M. O jumento no Brasil: história e importância. Rio de Janeiro: **Embrapa**, 1987.
- TOTA, M. R. et al. Molecular interaction of Agouti protein and Agouti-related protein with human melanocortin receptors. **Biochemistry**, v. 38, p. 897-904, 1999.

UNIVASF – Universidade Federal do Vale do São Francisco. [Imagem] Viva Caatinga – Jumento Nordeste. TV Caatinga, 2022. Disponível em: <<https://portais.univasf.edu.br/videos/tv-caatinga/viva-caatinga-jumento-nordestino>>. Acesso em: 3 jun. 2025.

WANG, C. et al. Donkey genomes provide new insights into domestication and selection for coat color. **Nature communications**, v. 11, n. 1, p. 6014, 2020.

WANG, G. et al. A novel A> G polymorphism in the intron 2 of TBX3 gene is significantly associated with body size in donkeys. **Gene**, v. 785, p. 145602, 2021.

WEHRLE-HALLER, B.; MELLER, M.; WESTON, J. A. Analysis of melanocyte precursors in Nf1 mutants reveals that MGF/KIT signaling promotes directed cell migration independent of its function in cell survival. **Developmental biology**, v. 232, n. 2, p. 471-483, 2001.

XIA, X. et al. Genetic diversity and maternal origin of Northeast African and South American donkey populations, **Animal Genetics**, v.50, p.266-270, 2019.

YANG, Z. et al. Darwinian positive selection on the pleiotropic effects of KITLG explain skin pigmentation and winter temperature adaptation in Eurasians. **Molecular Biology and Evolution**, v. 35, n. 9, p. 2272-2283, 2018.

YOSHIDA, H. et al. Distinct stages of melanocyte differentiation revealed by analysis of nonuniform pigmentation patterns. **Development**, v. 122, n. 4, p. 1207-1214, 1996.

YU, Y. et al. A missense mutation in ASIP is associated with light point variation in donkeys. **Animal Genetics**, v. 51, n. 4, 2020.

ZHOU, Z. et al. Detection of selection signatures underlying production and adaptive traits based on whole-genome sequencing of six donkey populations. **Animals**, v. 10, n. 10, p. 1823, 2020.