

**RAÇA BOVINA MARINHOA**

**CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA**  
**POR ANÁLISE DEMOGRÁFICA - 2019**

Unidade Estratégica de Investigação e Serviços de Biotecnologia e Recursos Genéticos  
Polo de Investigação da Fonte Boa  
Instituto Nacional de Investigação Agrária e Veterinária, I.P.

**2019**

## Raça bovina Marinhoa – Caracterização genética por análise demográfica - 2019

2

---

### **Nuno Carolino e Andreia Vitorino**

Unidade Estratégica de Investigação e Serviços de Biotecnologia e Recursos Genéticos  
**Instituto Nacional de Investigação Agrária e Veterinária, I.P.**  
Polo de Investigação da Fonte Boa  
Fonte Boa, 2005-048 Vale de Santarém  
PORTUGAL



Tel: (+351) 243767313 Telm: (+351) 963092508 Fax: (+351) 243767307  
[carolinonuno@hotmail.com](mailto:carolinonuno@hotmail.com) [nuno.carolino@iniav.pt](mailto:nuno.carolino@iniav.pt)

### **Elisabete Guicho**

**EABL – Associação para o Desenvolvimento da Estação de Apoio à Bovinicultura Leiteira**

Rua de São João, 68  
Quinta da Medela – Verdemilho  
3800-455 Aveiro  
PORTUGAL



Tel: (+351) 234 480 470 Fax: (+351) 234 429 359  
[geral@eabl.pt](mailto:geral@eabl.pt) [www.eabl.pt](http://www.eabl.pt)

### **Manuel Silveira**

**Ruralbit, Lda**

Av. Dr. Domingos Gonçalves Sá, 132, Ent1, 5ª Esq  
4435-213 Rio Tinto  
PORTUGAL



Tel: (+351) 302 008 332 Fax: (+351) 224 107 440  
[geral@ruralbit.pt](mailto:geral@ruralbit.pt) <http://www.ruralbit.pt/>



Carolino N., Vitorino A, Guicho E., Silveira M. (2019). Raça bovina Marinhoa – Caracterização genética por análise demográfica 2019. Instituto Nacional de Investigação Agrária e Veterinária, I.P., Polo de Investigação da Fonte Boa, Portugal.

## RAÇA BOVINA MARINHOA - CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA POR ANÁLISE DEMOGRÁFICA 2019

### Introdução

A variabilidade genética de uma população pode ser estudada através da análise de dados genealógicos, da estimação de parâmetros genéticos de características de interesse ou através da diversidade observada com marcadores moleculares de diferentes tipos. A caracterização genética por análise demográfica permite descrever a estrutura e a dinâmica de uma população, considerando-a um grupo de indivíduos em permanente renovação e tendo em conta o seu *pool* de genes. Deste modo, a análise da informação genealógica é uma metodologia fundamental para a caracterização de populações, já que permite avaliar a variabilidade genética existente numa determinada população e a sua evolução ao longo das gerações.

A caracterização genética por análise demográfica da raça bovina Marinhoa foi elaborada na Unidade Estratégica de Investigação e Serviços de Biotecnologia e Recursos Genéticos - Polo de Investigação da Fonte Boa, do Instituto Nacional de Investigação Agrária e Veterinária, I.P., a partir de toda a informação disponível no Livro Genealógico da Raça Marinhoa (LGRM) gerido atualmente pela Associação para o Desenvolvimento da Estação de Apoio à Bovinicultura Leiteira (EABL). Assim sendo, utilizou-se toda a informação acumulada na base de dados do Livro genealógico da Raça Marinhoa, designadamente, registos de nascimentos e genealogias, e foram analisados os seguintes parâmetros demográficos:

- Evolução dos registos no Livro Genealógico
- Intervalo de gerações (L)
- Grau de preenchimento das genealogias
- Número de gerações conhecidas ( $n_i$ )
- Consanguinidade individual ( $F_i$ )
- Grau de parentesco entre indivíduos ( $a_{ij}$ )
- Acréscimo da consanguinidade por ano ( $\Delta F/\text{ano}$ ) e por geração ( $\Delta F/\text{geração}$ )
- Tamanho efetivo da população ( $N_e$ )
- Índice de conservação genética (GCI)
- Parentesco médio (AR)
- Contribuições genéticas de fundadores ( $q_k$ ) e ascendentes ( $p_k$ )

- Número efetivo de fundadores ( $f_e$ )
- Número efetivo de ascendentes ( $f_a$ )

## Metodologia Utilizada

A maioria dos parâmetros demográficos foram calculados com recurso a diversas aplicações informáticas construídas para o efeito por Carolino e Gama (2002). Estas aplicações também incluem nos seus procedimentos diversos tipos de validações e filtragem dos dados a serem submetidos a análise, para deteção e eliminação de possíveis erros.

Alguns indicadores demográficos, designadamente, o índice de conservação genética (GCI) e o parentesco médio (AR) foram determinados a partir do software ENDOG, desenvolvido por Gutierrez e Goyache (2005).

Para os cálculos consideraram-se todos os registos disponíveis na base de dados da Livro Genealógico da raça Marinhoa, recolhidos desde o seu início até ao final do ano de 2019<sup>1</sup>, o que perfazia um total de 35177, designadamente, 31326 animais da raça Marinhoa e 3851 animais cruzados, filhos de fêmeas inscritas no Livro de Adultos. Posteriormente, construiu-se um ficheiro apenas com indivíduos inscritos no Livro Genealógico, composto por 13446 machos e 17880 fêmeas, que perfaziam uma população em estudo de 31326 indivíduos de raça Marinhoa, a partir da qual se elaborou a matriz de parentescos entre todos os animais conhecidos segundo a metodologia de Van Vleck (1993).

O coeficiente de consanguinidade individual ( $F_i$ ) e o grau de parentesco entre indivíduos ( $a_{ij}$ ) foram estimados pelo método tabular e, posteriormente, confirmados com os resultados da matriz de parentescos obtida a partir do programa MTDFREML (Boldman *et al.*, 1995), utilizado na avaliação genética de diversas raças em Portugal.

A consanguinidade individual ( $F_i$ ) representa a probabilidade de dois alelos no mesmo *locus* serem iguais por descendência (Wright, 1923), enquanto que o grau de parentesco ( $a_{ij}$ ) entre dois indivíduos (i e j) representa o dobro da probabilidade de, num determinado *locus*, um alelo retirado aleatoriamente do indivíduo i e um alelo retirado aleatoriamente do indivíduo j, serem iguais por descendência.

O acréscimo anual da consanguinidade ( $\Delta F/\text{ano}$ ) foi estimado por regressão do coeficiente de consanguinidade individual ( $F_i$ ) no ano de nascimento, tendo-se utilizado para o efeito o programa SAS (SAS Institute, 2006) e o seguinte modelo linear:

---

<sup>1</sup> Não foram considerados todos os registos de partos referentes ao ano de 2019, que à data de início deste trabalho ainda não estavam informatizados.

$$F_{ij} = b_0 + b_1 \text{ano}_i + e_{ij}$$

em que  $F_{ij}$  representa a consanguinidade individual do indivíduo  $j$  nascido no ano  $i$ ,  $b_0$  a interceção,  $b_1$  o coeficiente de regressão linear da consanguinidade individual no ano de nascimento e  $e_{ij}$  o erro associado com a observação  $ij$ . A partir de  $\Delta F/\text{ano}$ , determinou-se o acréscimo da consanguinidade por geração ( $\Delta F/\text{geração}$ ), calculado como  $(\Delta F/\text{ano}) * L$ , em que  $L$  representa o intervalo de gerações médio, e corresponde à idade média dos pais quando nascem os filhos que os vão substituir.

O número de gerações conhecidas ( $n_i$ ) foi obtido individualmente, para todos os animais puros na base de dados ( $n=29388$ ) através da seguinte expressão:

$$n_i = \frac{n_p + 1}{2} + \frac{n_m + 1}{2}$$

em que,  $n_p$  e  $n_m$  representam, respetivamente, o número de gerações conhecidas do pai e da mãe. No caso do pai ou da mãe de um indivíduo serem desconhecidos,  $n_p$  ou  $n_m$  assumem o valor de -1.

Segundo Falconer e McKay (1996), o tamanho efetivo de uma população ( $N_e$ ), é definido como o número de indivíduos de uma população com uma estrutura não ideal, que daria origem a uma determinada taxa de consanguinidade se a sua estrutura fosse ideal (*e.g.* igual número de machos e fêmeas, com ausência de seleção, acasalamentos aleatórios, etc.). Na caracterização demográfica, o  $N_e$  foi calculado através da seguinte expressão:

$$N_e = \frac{1}{2(\Delta F/\text{geração})}$$

em que  $\Delta F/\text{geração}$  representa o acréscimo da consanguinidade por geração.

O número efetivo de fundadores ( $f_e$ ) e de ascendentes ( $f_a$ ), e as contribuições genéticas de fundadores ( $q_k$ ) e de ascendentes ( $p_k$ ), foram determinados através de aplicações desenvolvidas em Clipper Summer 87 (Carolino e Gama, 2002), segundo a metodologia proposta por Boichard *et al.* (1997).

O número efetivo de fundadores ( $f_e$ ) representa o número de fundadores ( $f$ ) que daria origem à diversidade genética observada na população em estudo, se todos os fundadores tivessem igual contribuição, tendo sido calculado através da expressão seguinte:

$$f_e = \frac{1}{\sum_{k=1}^f q_k^2}$$

em que,  $q_k$  corresponde à contribuição proporcional de cada fundador  $k$  para a população em estudo (*e.g.*, animais nascidos em determinado período de tempo), considerando-se como fundador um animal com pai e mãe desconhecidos, ou o progenitor desconhecido de um animal em que apenas se conhece um dos seus progenitores

O número efetivo de ascendentes ( $f_a$ ) representa o número de ascendentes (fundadores ou não) que explicam a totalidade da variabilidade genética da população em estudo, se todos os ascendentes tivessem igual contribuição, tendo sido determinado através das seguintes expressões:

$$f_a = \frac{1}{\sum_{k=1}^f p_k^2} \quad \text{em que} \quad p_k = q_k \left( 1 - \sum_{i=1}^{n-1} a_{ij} \right)$$

em que  $p_k$  corresponde à contribuição marginal de um ascendente, ou seja, a contribuição ainda não explicada pelos seus ascendentes já calculados,  $q_k$  corresponde à proporção com que cada ascendente  $k$  contribui para a população em estudo, à qual é deduzida a contribuição de todos os seus parentes cujas contribuições já foram determinadas e  $a_{ij}$  é o parentesco entre  $k$  e cada um dos seus  $n-1$  ascendentes.

O parentesco médio (AR) entre cada indivíduo e a população e o Índice de conservação genética (GCI) foram obtidos diretamente do programa ENDOG (Gutierrez e Goyache, 2005). O Índice de conservação genética (GCI) representa a proporção de genes dos diferentes fundadores no pedigree de cada animal, conforme proposto por Alderson (1992), sendo calculado a partir da contribuição genética de cada um dos fundadores para todos os indivíduos, da população da seguinte forma:

$$GCI = \frac{1}{\sum p_i^2}$$

em que  $p_i$  representa a proporção de genes do fundador  $i$  em cada indivíduo da população.

## Apresentação dos Resultados

Figura 1 - Número de fêmeas reprodutoras presentes por ano<sup>2</sup>

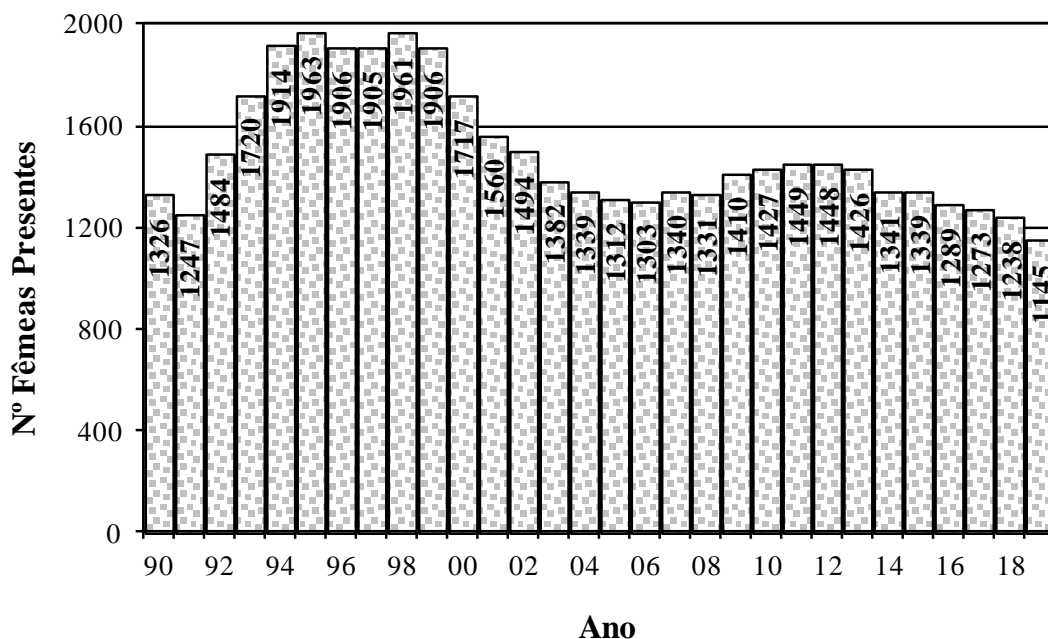
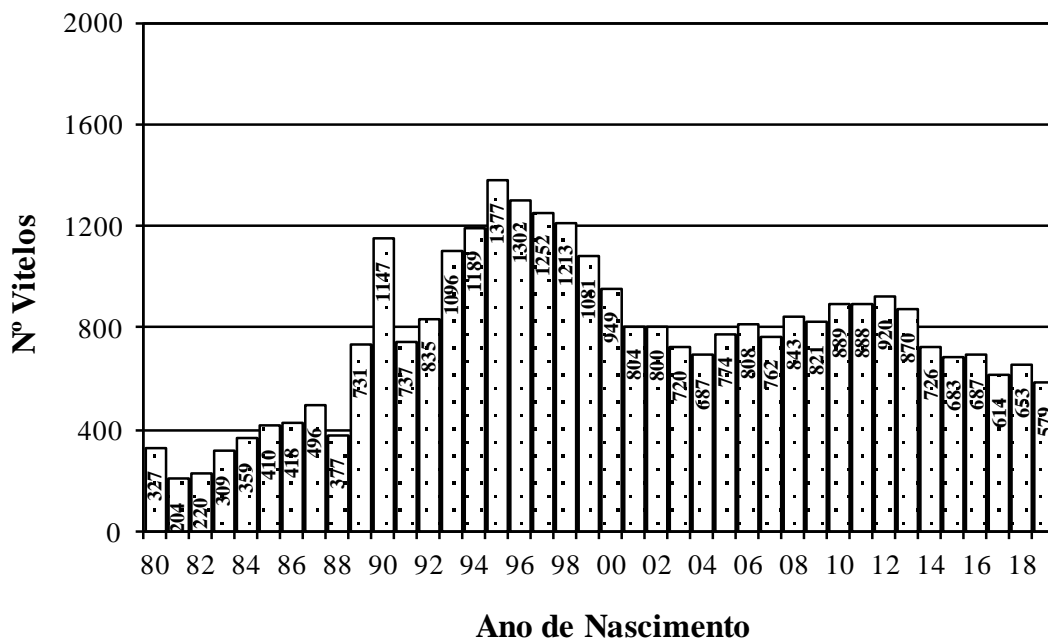


Figura 2 - Número de animais puros nascidos por ano<sup>3</sup>

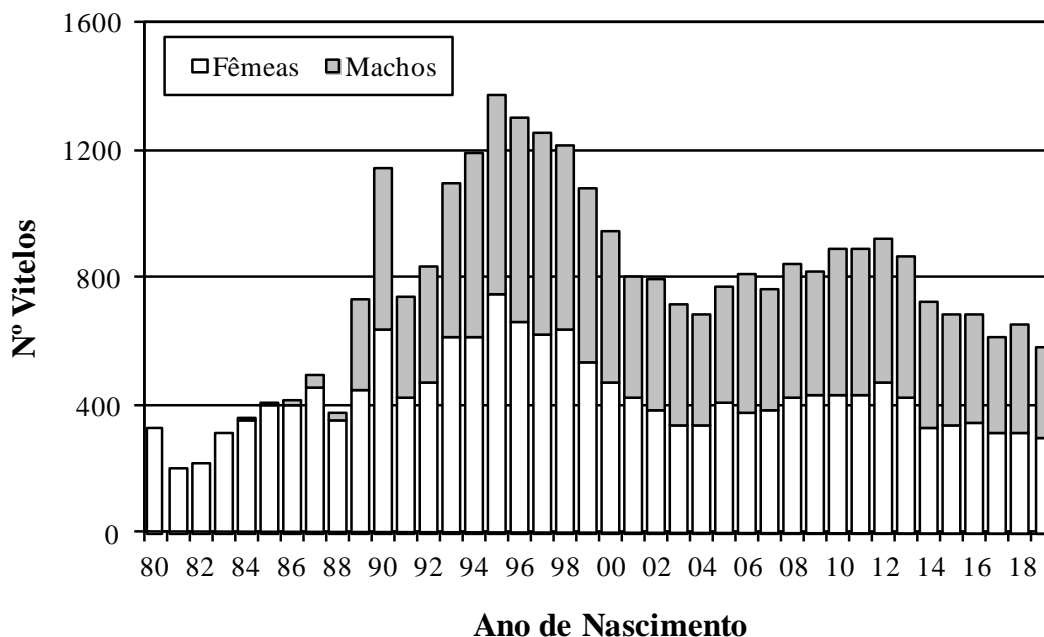


<sup>2</sup> O início da atividade reprodutiva das fêmeas, contabilizado para o cálculo do número de fêmeas reprodutoras presentes, foi considerado como o ano do 1º parto da fêmea – 365 dias. Teve-se em consideração que a fêmea estaria presente na exploração e ativa 365 dias antes do 1º parto. Ano de 2019 não inclui a totalidade de dados do mês de Dezembro.

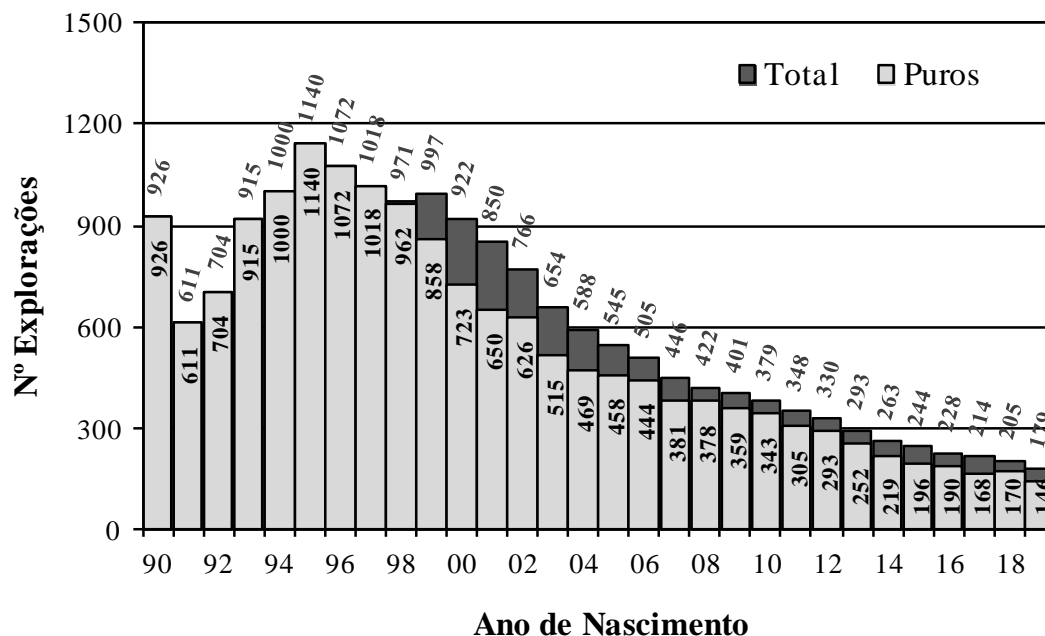
<sup>3</sup> Não foram considerados todos os registos de partos e, consequentemente, de registos no livro de nascimento referentes ao ano de 2019, que à data de início deste trabalho ainda não estavam informatizados..



**Figura 3 - Número de animais puros nascidos por ano e por sexo<sup>4</sup>**

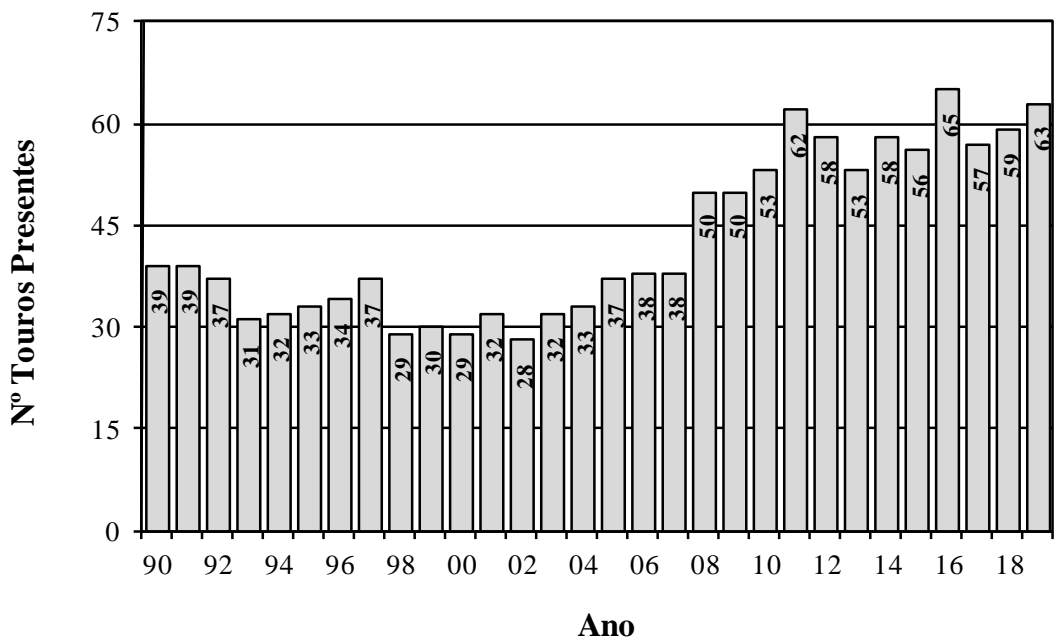


**Figura 4 - Número de explorações ativas por ano**



<sup>4</sup> Não foram considerados todos os registos de partos e, consequentemente, de registos no livro de nascimento referentes ao ano de 2019, que à data de início deste trabalho ainda não estavam informatizados.

**Figura 5 - Número de machos reprodutores presentes por ano**



**Figura 6 - Número de fêmeas reprodutoras por touro ao longo dos anos**

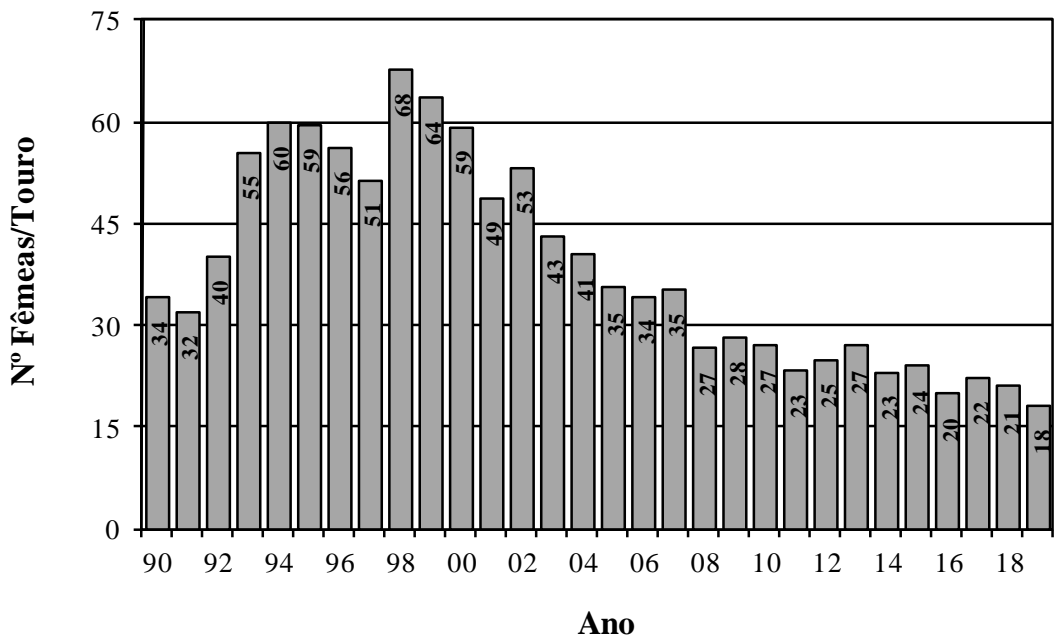


Figura 7 - Distribuição geográfica do número de animais nascidos no período de 2010-2014

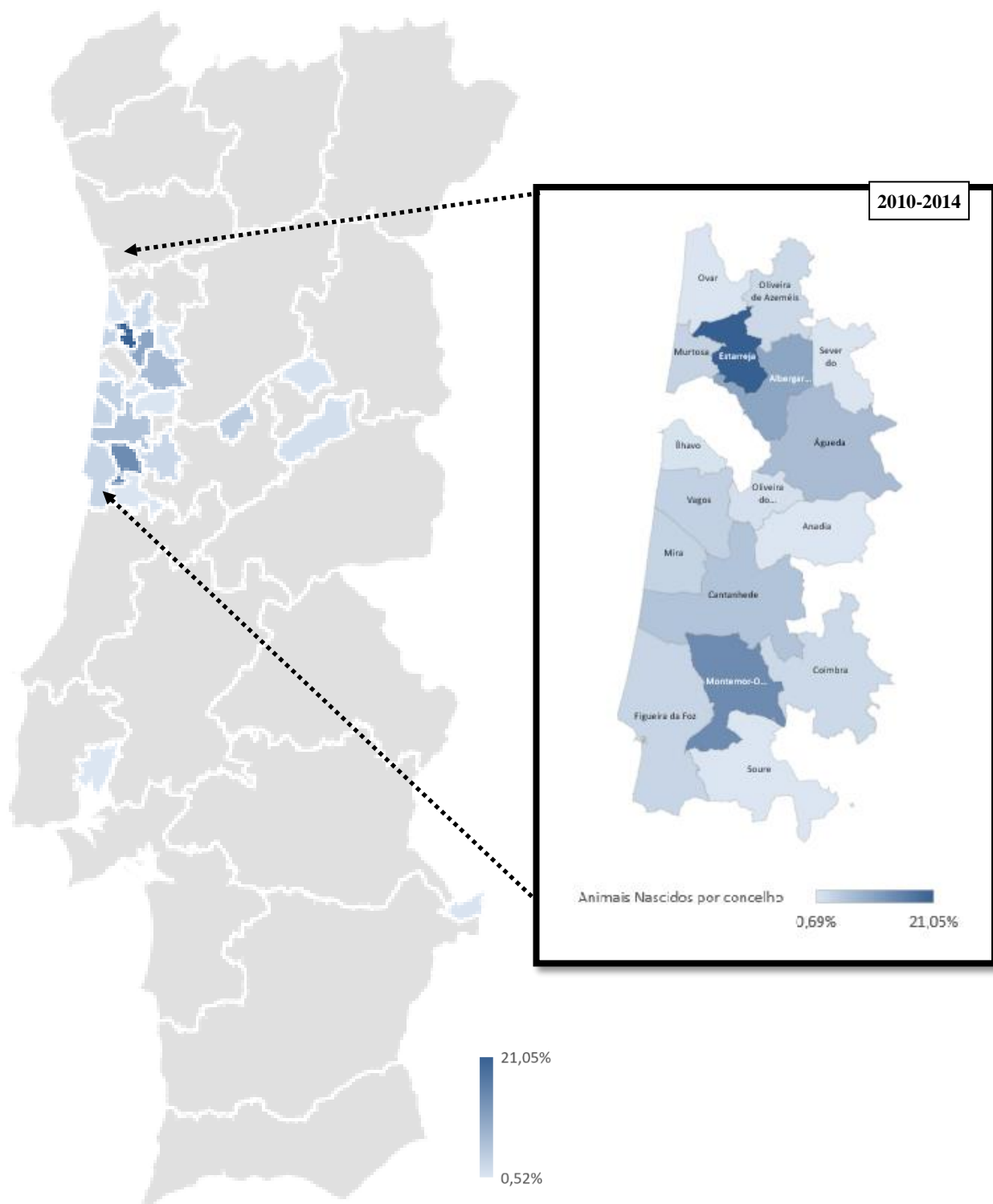
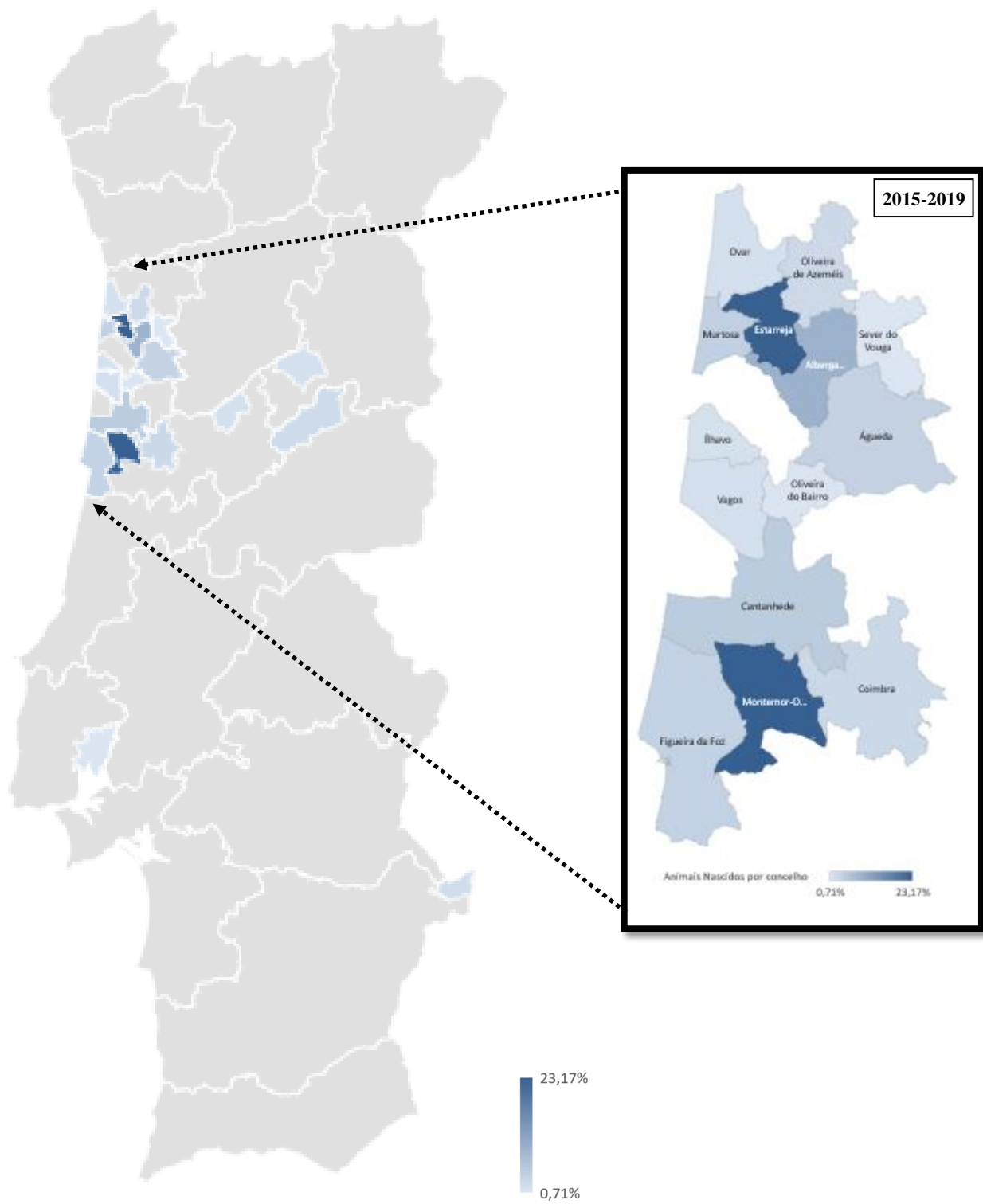
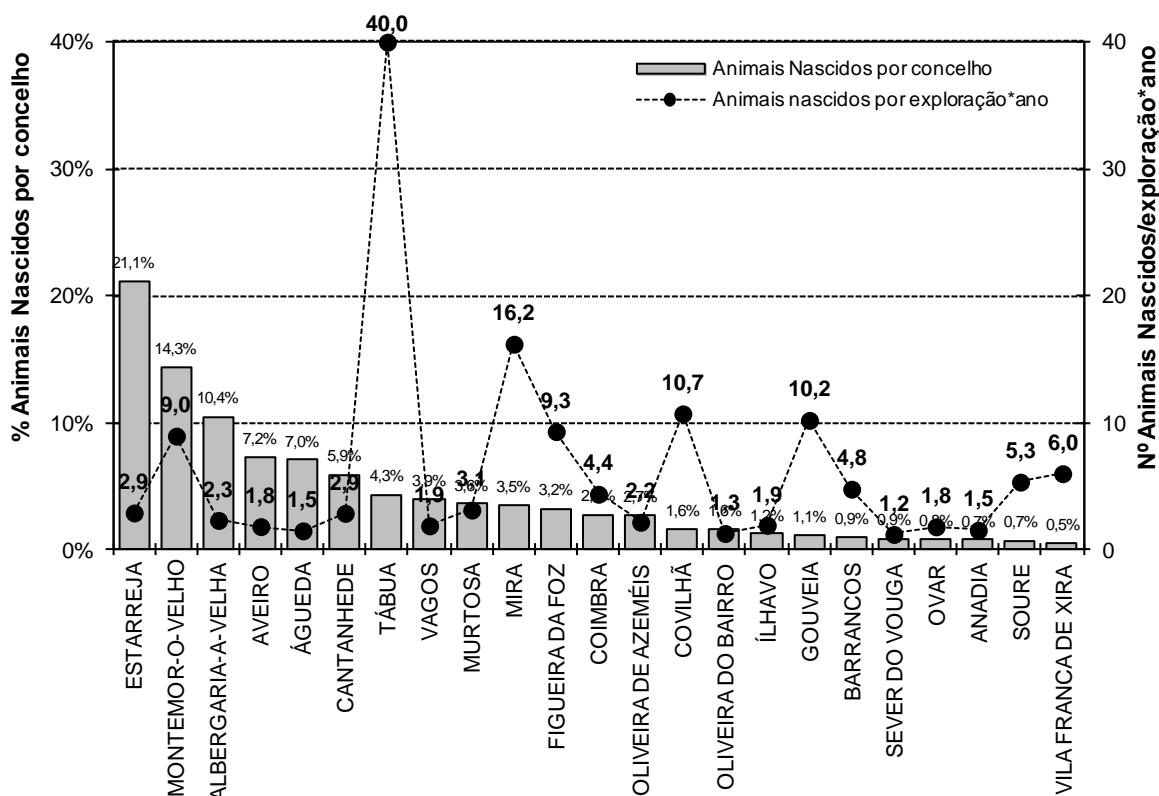


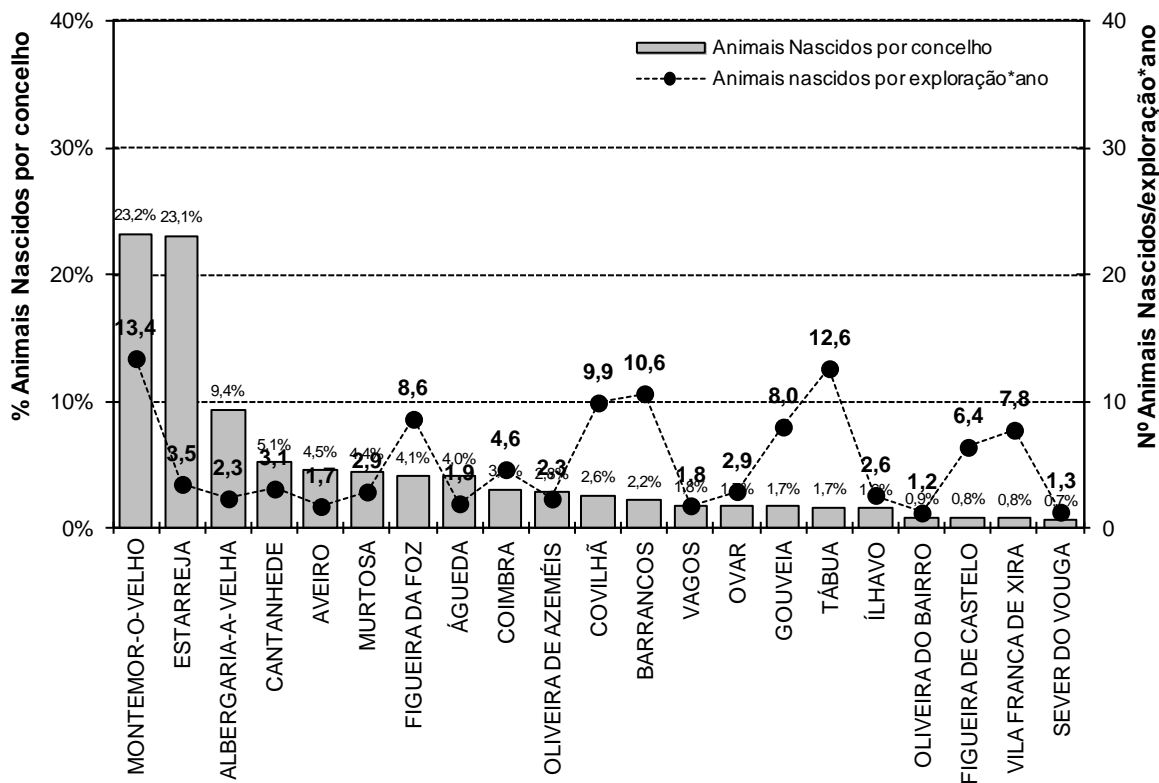
Figura 8 – Distribuição geográfica do número de animais nascidos no período de 2015-2019



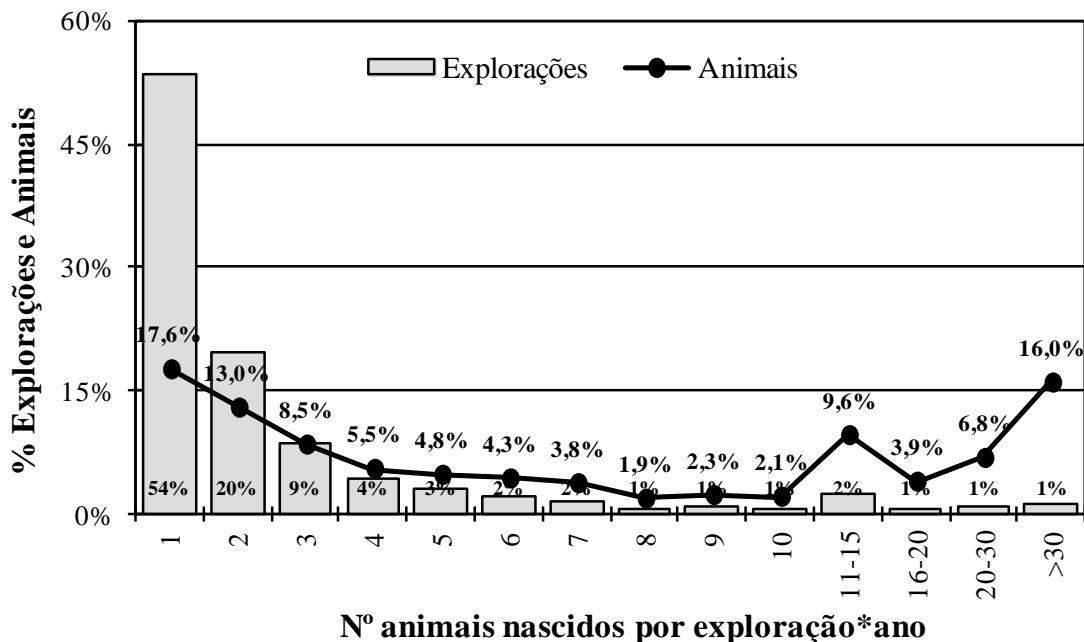
**Figura 9 - Número médio de animais nascidos por exploração\*ano segundo o Concelho**  
(Animais nascidos entre 2010 e 2014)



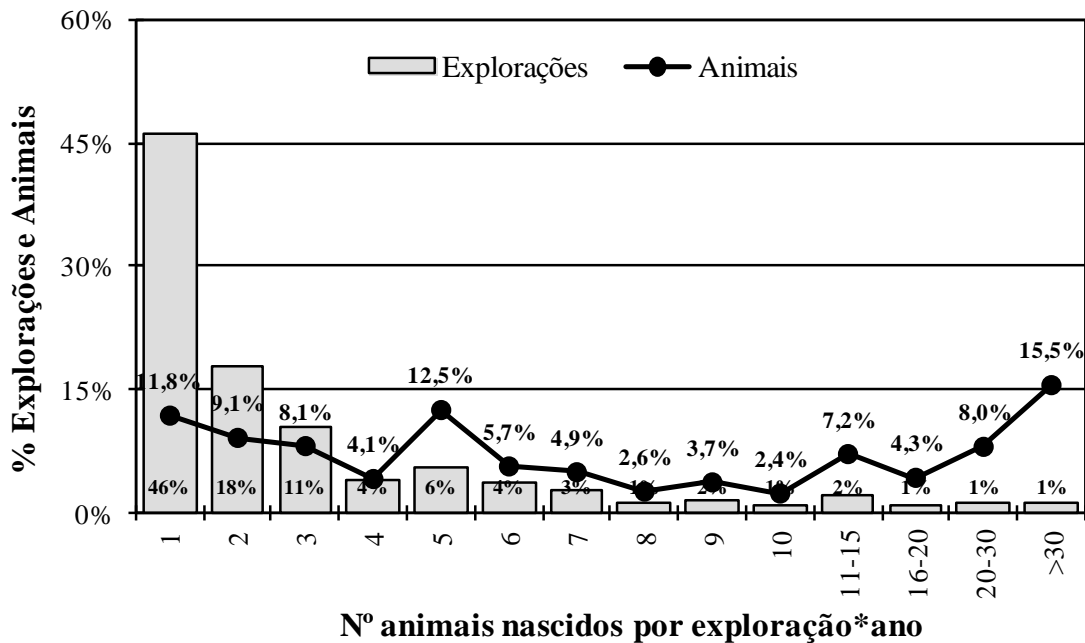
**Figura 10 - Número médio de animais nascidos por exploração\*ano segundo o Concelho**  
(Animais nascidos entre 2015 e 2019)



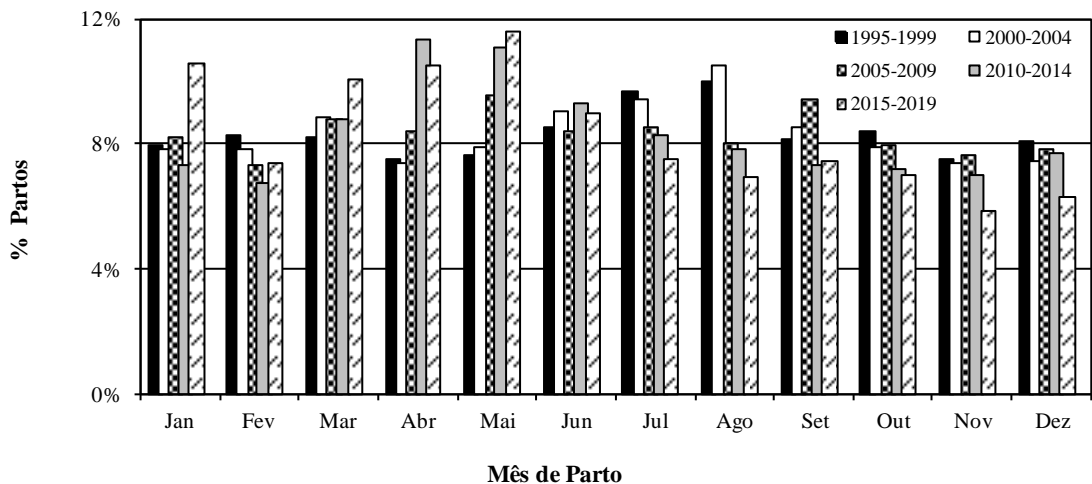
**Figura 11 – Número de explorações e animais nascidos segundo a dimensão da exploração**  
(Animais nascidos entre 2010 e 2014)



**Figura 12 – Número de explorações e animais nascidos segundo a dimensão da exploração**  
(Animais nascidos entre 2015 e 2019)

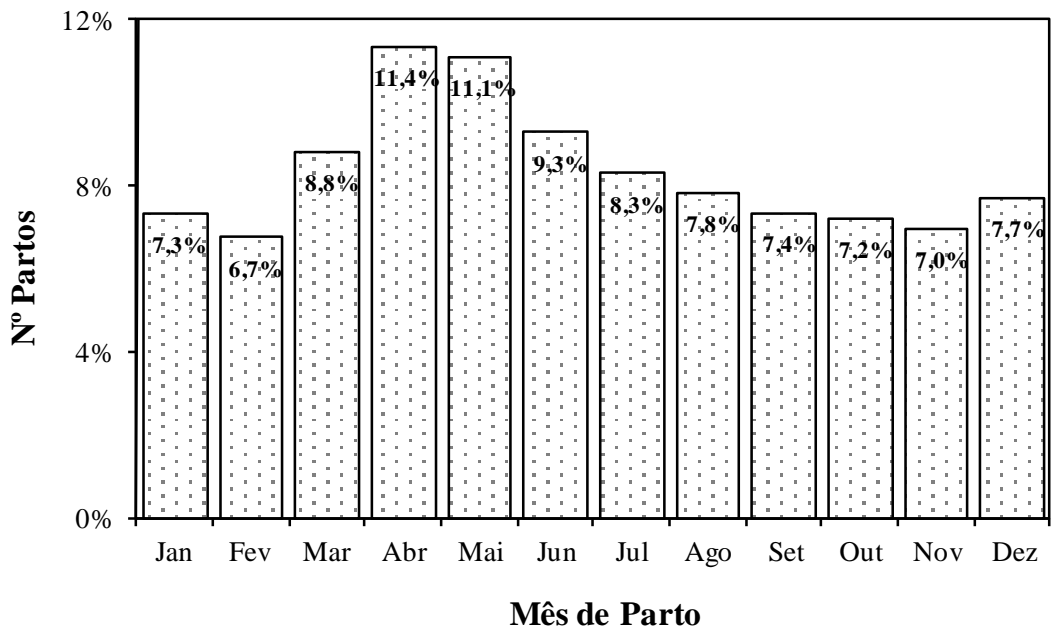


**Figura 13 – Distribuição mensal dos partos por período**

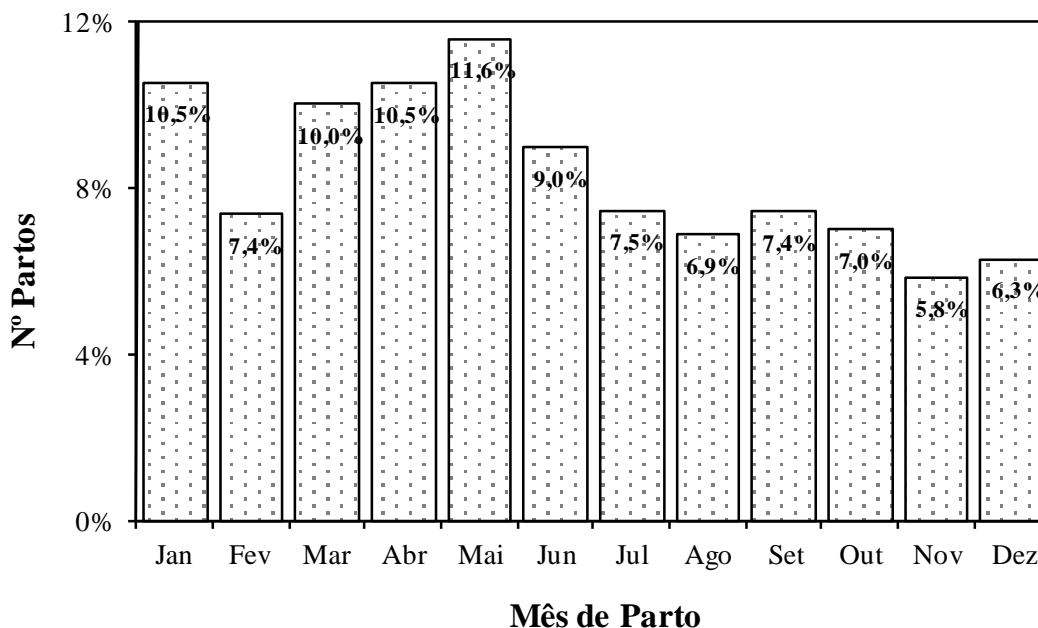


**Figura 14 – Distribuição mensal dos partos**

(Partos entre 2010 e 2014)



**Figura 15 – Distribuição mensal dos partos**  
(Partos entre 2015 e 2019)



**Figura 16 – Nível de preenchimento das Genealogias (%)**

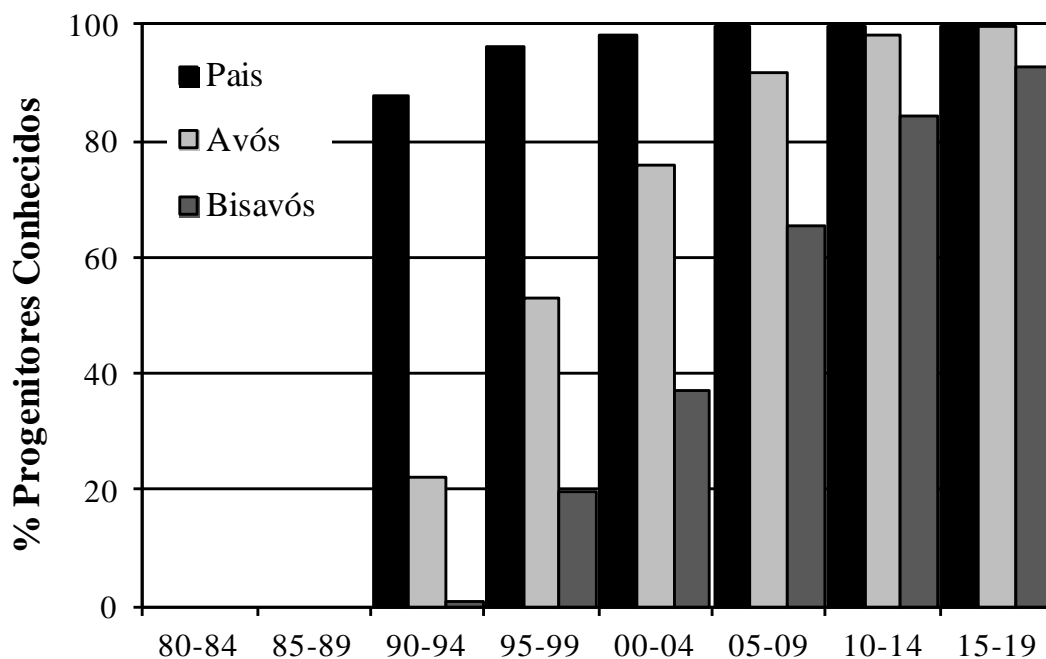
<b>Animais nascidos entre 1995 e 1999</b>  Animais: 6225	Pai: 95.9	Avô P: 78.3	Bisavô P: 55.0	
		Avó P: 78.3	Bisavó P: 55.0	
	Mãe: 96.8	Avô M: 27.3	Bisavô P: 16.9	
		Avó M: 27.6	Bisavó P: 16.9	
		Avô M: 27.3	Bisavô M: 13.2	
		Avó M: 27.6	Bisavó M: 13.2	
	<b>Animais nascidos entre 2000 e 2004</b>  Animais: 3960	Pai: 97.7	Avô P: 97.2	Bisavô P: 81.8
			Avó P: 97.2	Bisavó P: 81.8
		Mãe: 99.3	Avô M: 53.0	Bisavô P: 25.0
			Avó M: 55.9	Bisavó P: 25.0
Avô M: 53.0			Bisavô M: 38.1	
Avó M: 55.9			Bisavó M: 38.1	
		Bisavô M: 14.0		
		Bisavó M: 14.5		



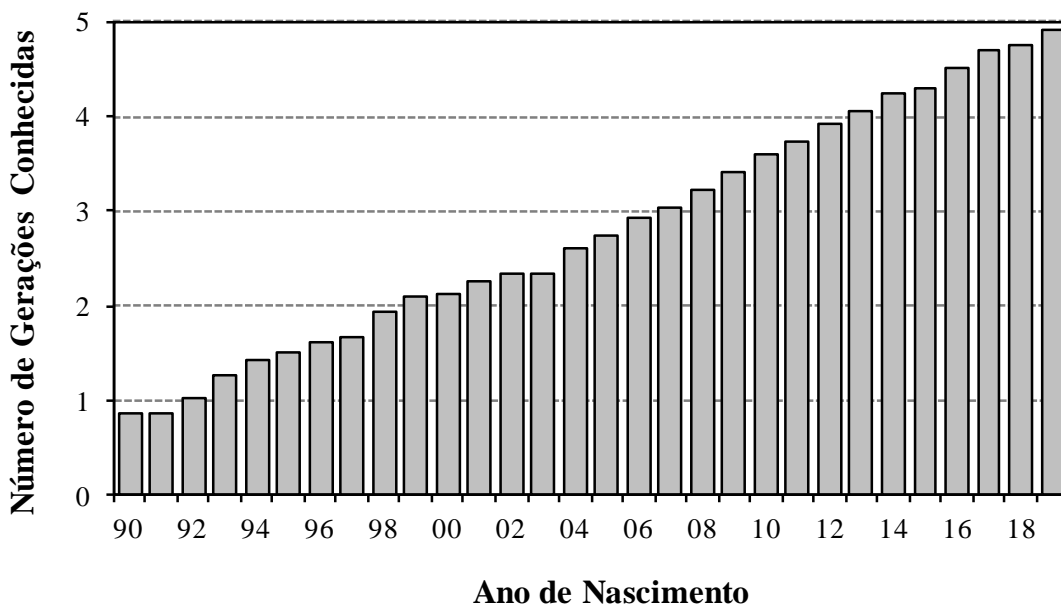
**Figura 16 – Nível de preenchimento das Genealogias (%) (continuação)**

<b>Animais nascidos entre 2005 e 2009</b>		Avô P: 99.0	Bisavô P: 81.4
Animais: 4008	Pai: 99.2	Avó P: 99.1	Bisavó P: 81.4
			Bisavô P: 56.4
	Mãe: 99.9	Avô M: 82.1	Bisavó P: 57.2
			Bisavô M: 76.1
			Bisavó M: 76.1
			Bisavô M: 46.1
	Avó M: 86.2	Bisavó M: 48.5	
<b>Animais nascidos entre 2010 e 2014</b>		Avô P: 99.9	Bisavô P: 96.5
Animais: 4293	Pai: 99.9	Avó P: 99.9	Bisavó P: 96.6
			Bisavô P: 71.7
	Mãe: 100.0	Avô M: 95.5	Bisavó P: 73.4
			Bisavô M: 94.4
			Bisavó M: 94.4
			Bisavô M: 76.1
	Avó M: 97.9	Bisavó M: 79.9	
<b>Animais nascidos entre 2015 e 2019</b>		Avô P: 99.8	Bisavô P: 99.3
Animais: 3216	Pai: 99.8	Avó P: 99.8	Bisavó P: 99.3
			Bisavô P: 83.1
	Mãe: 99.9	Avô M: 98.8	Bisavó P: 85.4
			Bisavô M: 98.8
			Bisavó M: 98.8
			Bisavô M: 91.5
	Avó M: 99.7	Bisavó M: 94.1	

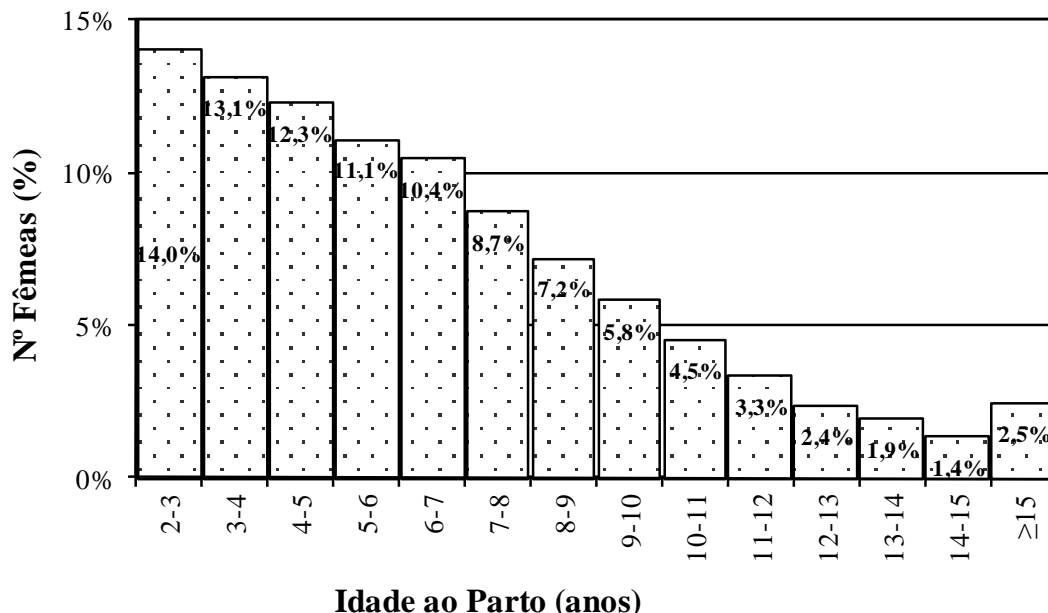
**Figura 17 – Evolução da percentagem de ascendentes conhecidos**



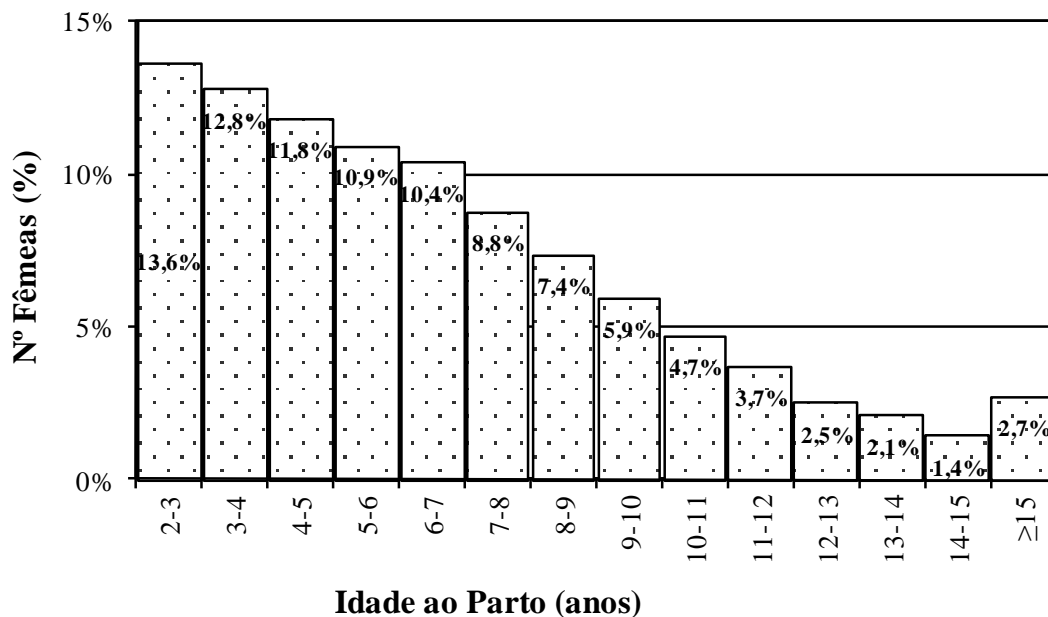
**Figura 18 – Evolução do número médio de gerações conhecidas**



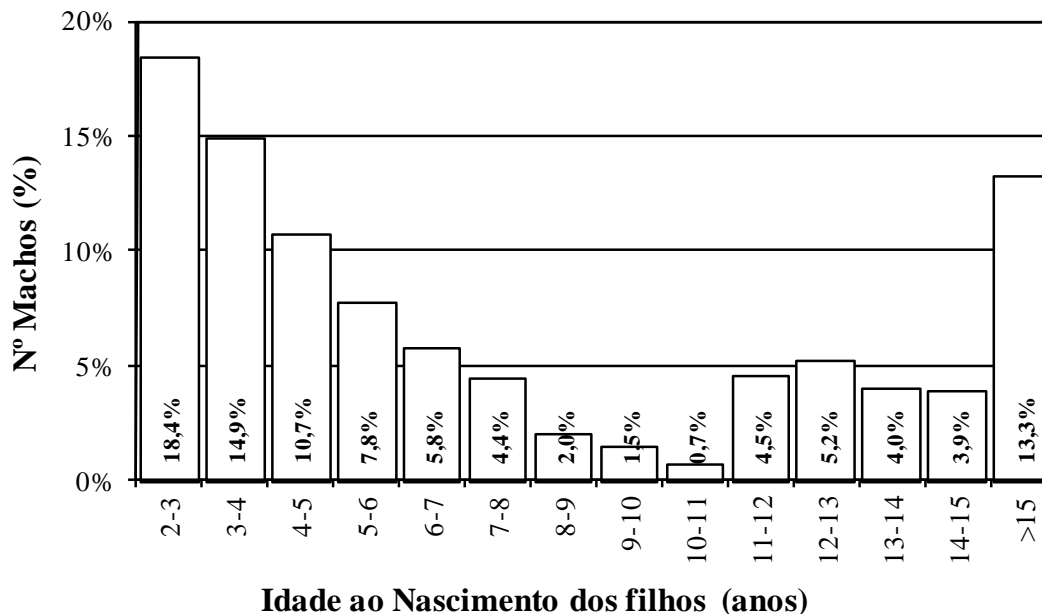
**Figura 19 – Distribuição da idade das fêmeas ao parto**  
(Partos puros - reprodutoras ativas entre 2010 e 2019)



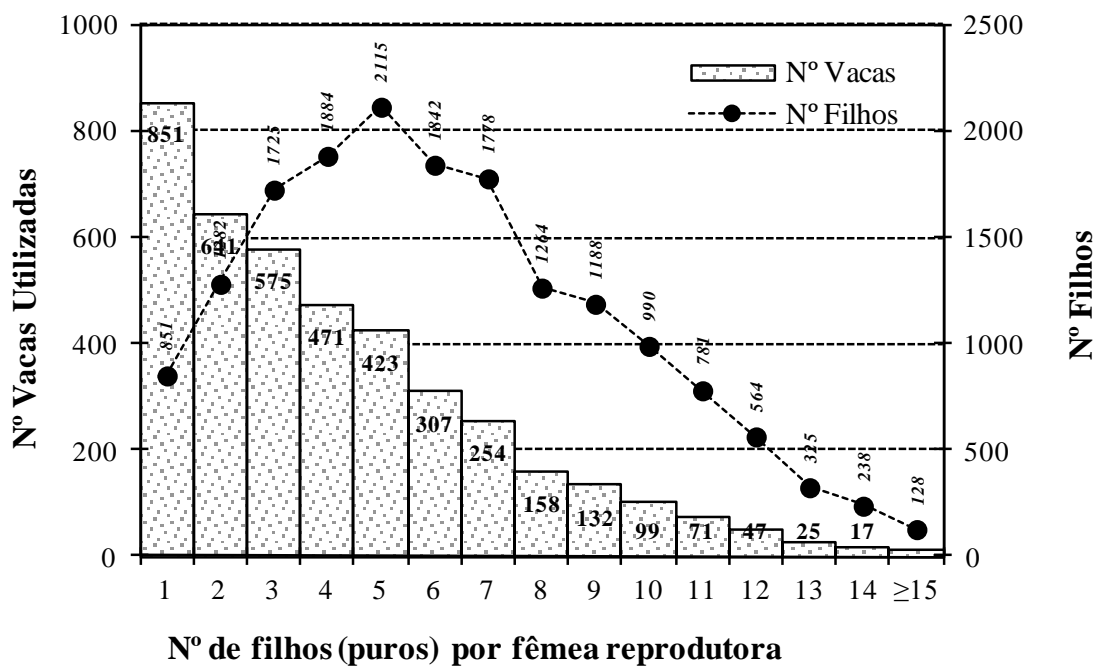
**Figura 20 – Distribuição da idade das fêmeas ao parto**  
(Partos puros e partos cruzados - reprodutoras ativas entre 2010 e 2019)



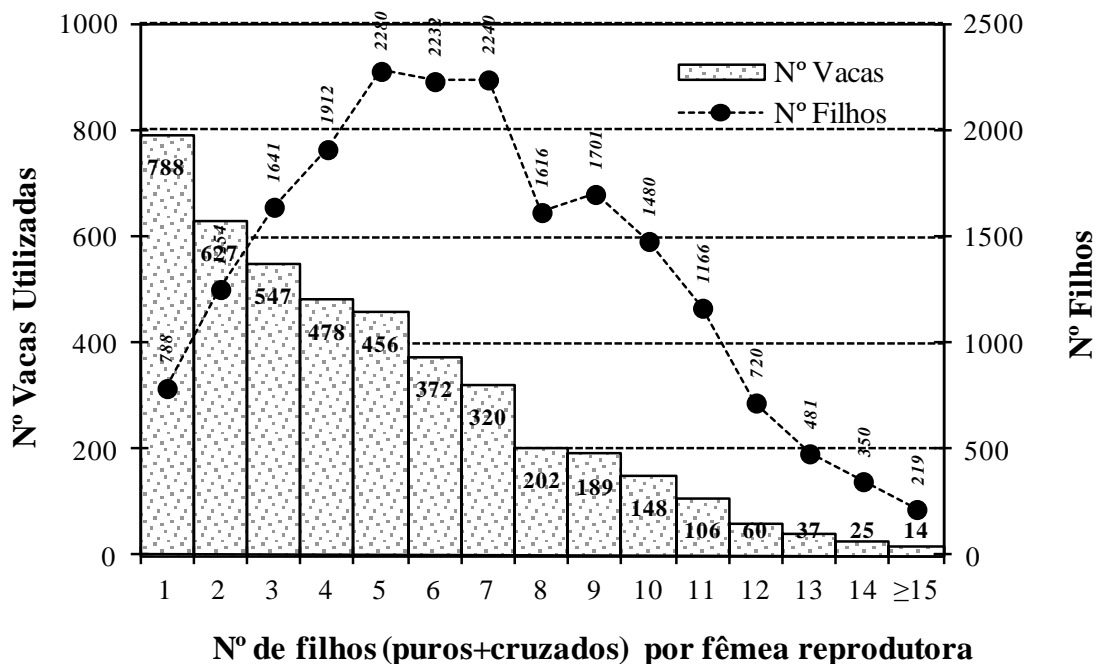
**Figura 21 – Distribuição da idade dos touros ao nascimento dos filhos**  
(Reprodutores ativos entre 2010 e 2019)



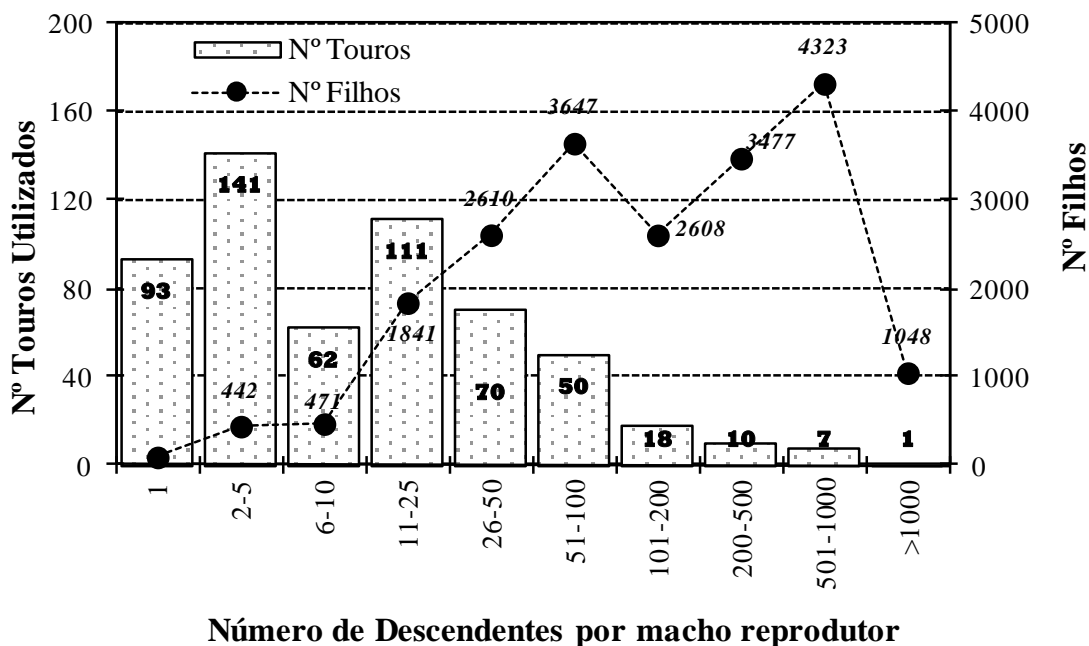
**Figura 22 – Distribuição do número de fêmeas reprodutoras segundo o nº de descendentes**  
(4079 fêmeas reprodutoras nascidas entre 1990 e 2013 apenas com filhos puros)



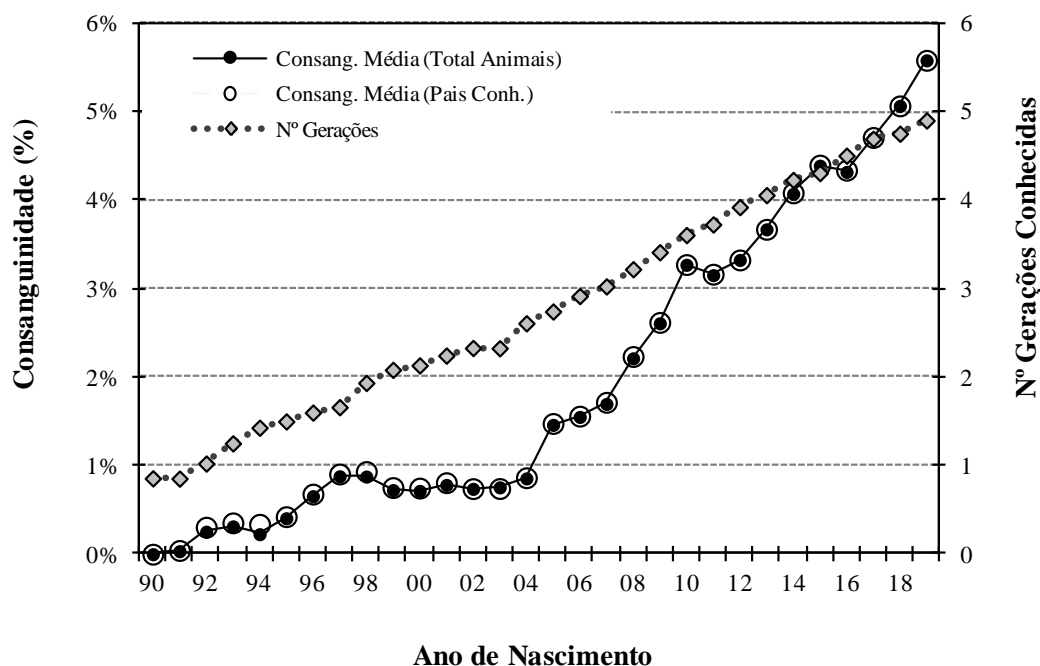
**Figura 23 – Distribuição do número de fêmeas reprodutoras segundo o nº de descendentes**  
(4369 fêmeas reprodutoras nascidas entre 1990 e 2013 com filhos puros e cruzados)



**Figura 24 – Distribuição do número de touros reprodutores segundo o nº de descendentes**  
(563 machos nascidos entre 1990-2013)

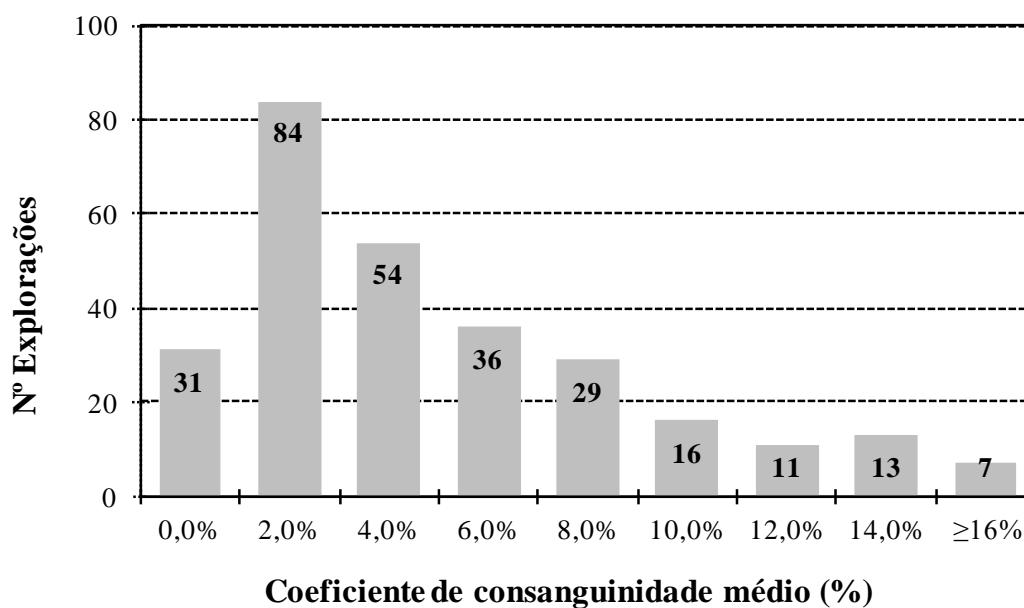


**Figura 25 – Evolução da consanguinidade e do número de gerações conhecidas**

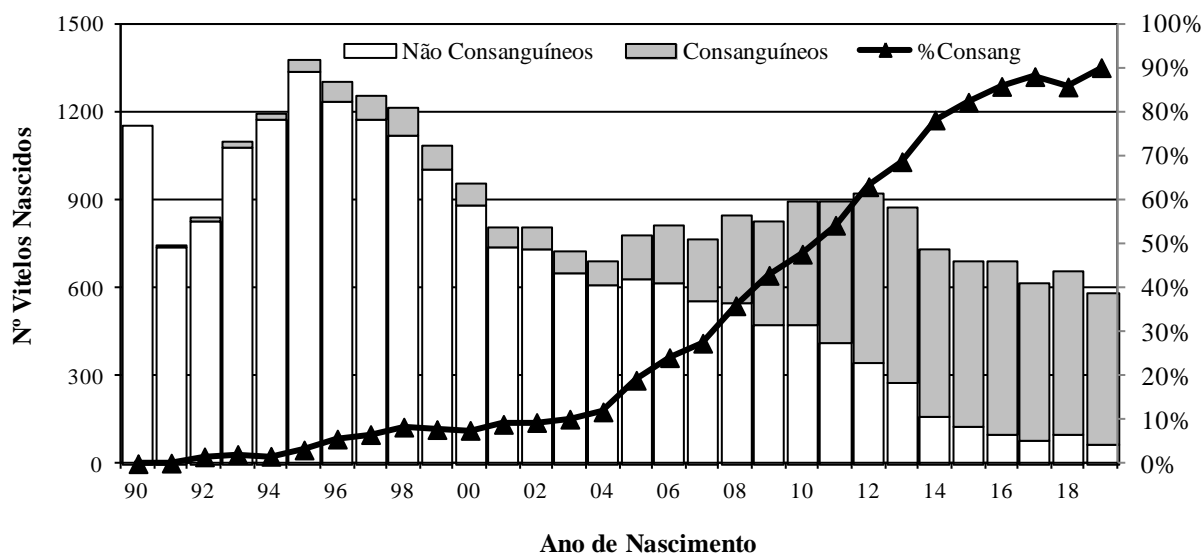


**Figura 26 – Distribuição do número de explorações segundo o nível de consanguinidade média do efetivo**

(Animais nascidos entre 2015 e 2019)



**Figura 27 – Evolução da percentagem de animais nascidos consanguíneos**

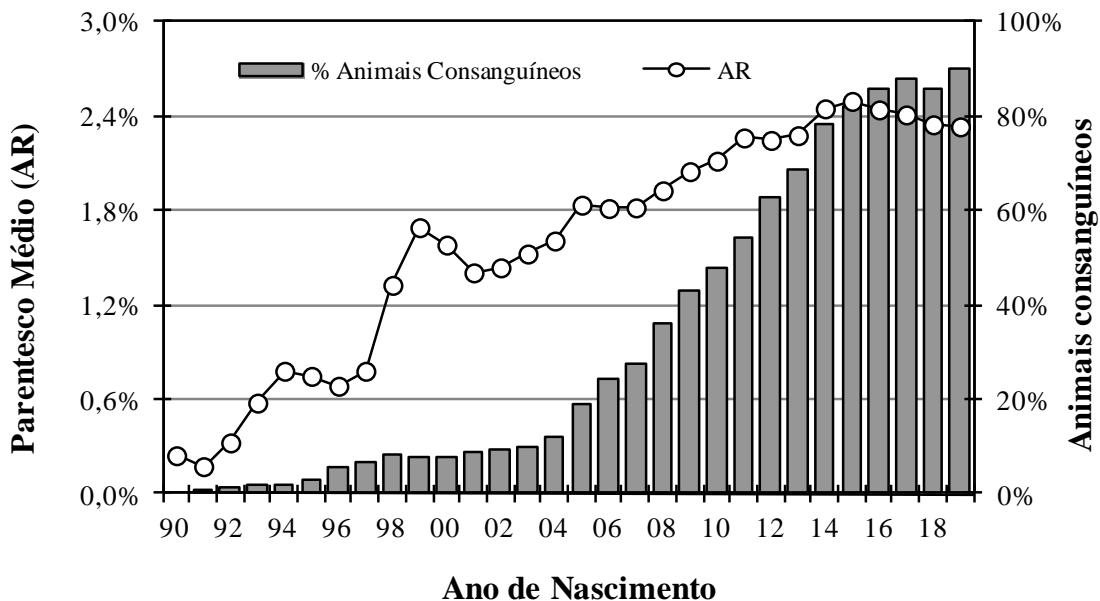


**Figura 28 – Intervalos de gerações (L) para as 4 vias de seleção**  
(Animais nascidos entre 2000-2019)

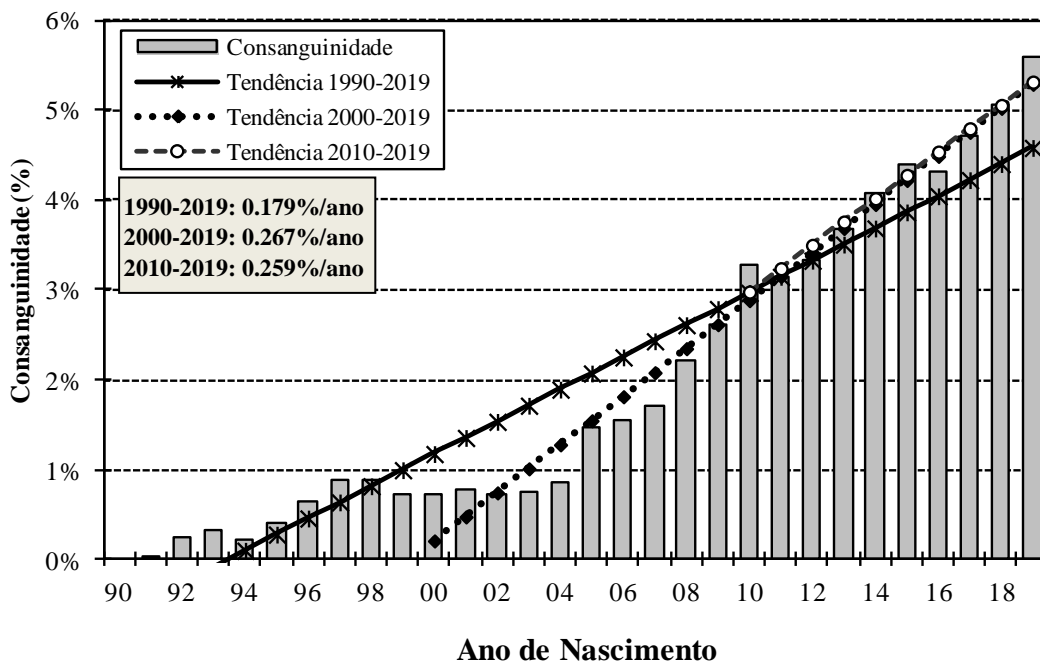
L (anos)	Pais	Mães
Todos os animais	6.78	7.24
Touros	6.40	6.34
Vacas	6.57	6.77

} **L médio = 6.52 anos**

**Figura 29 – Evolução do parentesco médio (AR) e da percentagem de animais consanguíneos**



**Figura 30 – Evolução e estimativa do acréscimo anual da consanguinidade**





**Figura 31 – Tamanho Efetivo da População ( $N_e$ ) e Taxa de Consanguinidade ( $\Delta F$ )**

Parâmetros demográficos estimados	Período considerado		
	1990-2019	2000-2019	2010-2019
$\Delta F$ /ano	0.179%	0.267%	0.259%
Intervalo de Gerações (L)	6.32 anos	6.52 anos	6.74 anos
$\Delta F$ /geração	1.133%	1.743%	1.749%
Tamanho efetivo da população ( $N_e$ )	44.13	28.69	28.59

**Figura 32 – Contribuição genética de Fundadores para a população em estudo**

População em Estudo	Nº Fundadores Conhecidos	Nº Animais da População em Estudo	Nº Efetivo de Fundadores ( $f_e$ )	Nº Fundadores que explicam +50% da Variabilidade Genética
2000-2004	4941	3960	96.04	40
2005-2009	4950	4008	72.95	24
2010-2014	4953	4293	58.23	21
2015-2019	4955	3216	53.72	20

25

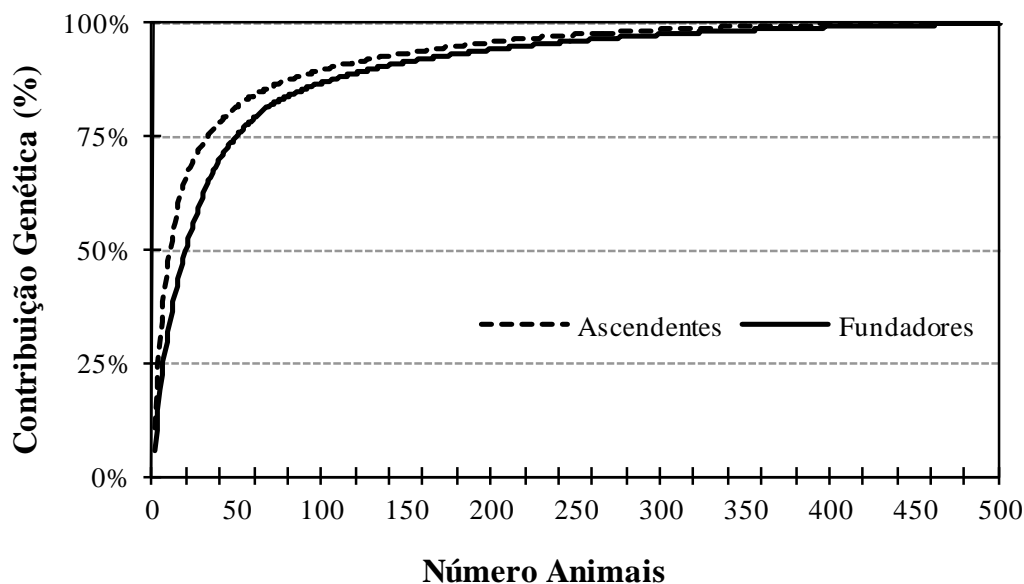
**Figura 33 – Contribuição genética de Ascendentes para a população em estudo**

População em Estudo	Nº Ascendentes Conhecidos	Nº Animais da População em Estudo	Nº Efetivo de Ascendentes ( $f_a$ )	Nº Ascendentes que explicam +50% da variabilidade genética
2000-2004	2264	3960	52.04	29
2005-2009	2218	4008	38.13	15
2010-2014	2855	4293	30.99	11
2015-2016	2815	3216	28.27	11

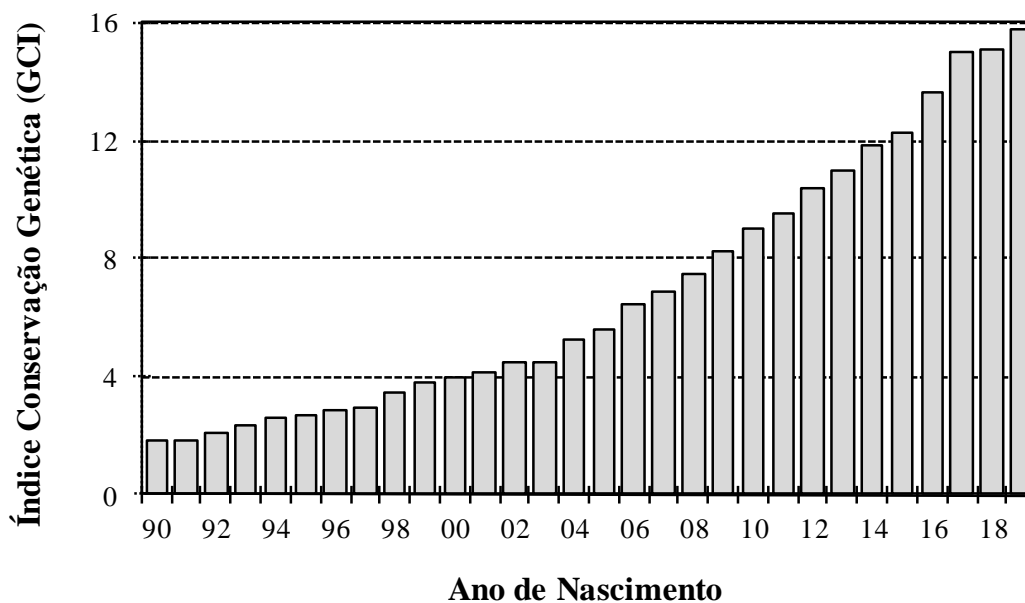
**Figura 34 – Evolução do diferencial no número efetivo de Fundadores e de Ascendentes**

População em Estudo	Nº Efetivo de Fundadores ( $f_e$ )	Nº Efetivo de Ascendentes ( $f_a$ )	Diferencial $f_e - f_a$	Rácio $f_e / f_a$
2000-2004	96.04	52.04	44.00	1.85
2005-2009	72.95	38.13	34.82	1.91
2010-2014	58.23	30.99	27.24	1.88
2015-2016	53.72	28.27	25.45	1.90

**Figura 35 – Contribuição genética de Ascendentes e Fundadores para população em estudo**  
(Animais nascidos entre 2015 e 2019)



**Figura 36 – Evolução do Índice de conservação genética (GCI)**



## Considerações finais

A raça bovina Marinhoa tem o seu solar na região do Baixo Vouga, sendo atualmente explorada essencialmente no distrito de Aveiro, na região Litoral e Norte do distrito de Coimbra, embora com alguns efetivos mais dispersos no distrito da Guarda, Castelo Branco, Lisboa e Beja.

Em 2019 existiam em Portugal 1278 fêmeas adultas e 68 touros da raça Marinhoa, em cerca de 282 explorações. 1087 fêmeas estão inscritas no Livro de Adultos e 862 são exploradas em linha pura.

Com cerca de 2000 fêmeas reprodutoras, em 2007 a raça Marinhoa foi classificada como “em risco de abandono”, segundo os critérios utilizados pela UE (Regulamento da CE N° 445/2002) para definir o estatuto de risco de raças e como “muito ameaçada” na Portaria n.º 618/2008 que aprova a Regulamentação da Ação n.º 2.2.3 «Conservação e Melhoramento de Recursos Genéticos», do PRODER.

Em 2015, de acordo com o documento de atos delegados do novo Regulamento de Desenvolvimento Rural adotado pela Comissão Europeia e com as condições que Portugal estabeleceu para efeitos da aplicação do estatuto de risco de abandono, no sentido de responder às exigências regulamentares e os objetivos do Programa de Desenvolvimento Rural 2014-2020, a raça bovina Marinhoa com 1269 fêmeas reprodutoras e 153 machos viria a ser considerada como em risco de extinção - grau A (maior risco).

Ainda de acordo com a informação disponível no SNIRA, designadamente “Animais Residentes na Base Dados SNIRA”, em 2015, 2016 e 2018 existiam respetivamente, cerca de 1570, 1350 e 1270 fêmeas com mais de 2 anos de idade, o que revela o reduzido efetivo desta população bovina autóctone, que apresenta uma ligeira tendência decrescente.

De um modo geral, os indicadores demográficos e de variabilidade genética estimados para a raça Marinhoa são alarmantes e sugerem que algumas precauções deverão ser tomadas tendo em vista a conservação da raça e a manutenção da sua variabilidade genética.

Há a realçar o enorme esforço, inicialmente da Associação de Criadores de Raça Marinhoa e, nos últimos anos, da Associação para o Desenvolvimento da Estação de Apoio à Bovinicultura Leiteira na gestão do livro genealógico da raça Marinhoa e na implementação de ações de conservação e melhoramentos genético, considerando sempre como base deste trabalho a monitorização do efetivo existente e dos criadores.

Os resultados obtidos com base na caracterização genética por análise demográfica da raça bovina Marinhoa demonstram o trabalho efetuado na gestão da informação sobre a raça e realçam os seguintes aspetos principais:

- Efetivo reprodutor atualmente constituído por pouco mais de 1100 fêmeas e 63 machos, distribuídos por cerca de 179 explorações, das quais 146 mantêm as fêmeas em linha pura. Aumento do efetivo entre década de 90 e primeiros anos de 2000, seguido de um decréscimo até 2006. Após um ligeiro aumento até 2012, observa-se uma tendência para diminuir desde 2013 (Figuras 1 a 6).
- Redução também acentuada do número de nascimentos de animais da raça Marinhoa desde 1995, ano em que se observaram mais de 1300, com uma tendência para estabilizar entre 2006 e 2012, mas desde então uma nova redução (Figuras 2 e 3). Em 2018 e 2019 nasceram anualmente, respetivamente, 653 e 579 (dados incompletos) animais inscritíveis no Livro de Nascimento.
- Considerada em situação de “risco de abandono”, segundo os critérios definidos no Regulamento n.º 445/2002 da Comissão Europeia.
- Raça bovina classificada como risco de extinção – Grau A nas Portarias 55/2015 e 268/2015 que regulamentam, respetivamente, a aplicação dos apoios 7.8.1 «Manutenção de raças autóctones em risco» e 7.8.3, «Conservação e melhoramento de recursos genéticos animais» da ação 7.8, «Recursos genéticos», integrada na medida n.º 7, «Agricultura e recursos naturais», da área n.º 3, «Ambiente, eficiência no uso dos recursos e clima», do Programa de Desenvolvimento Rural do Continente (PDR2020).
- Desde 1995, redução acentuada do número de explorações com fêmeas reprodutoras da raça Marinhoa, mas inversamente proporcional o aumento do número de fêmeas por exploração (Figura 4). Enquanto que na década de 90 existiam em média menos de 2 vacas por exploração, atualmente o número médio de vacas por exploração é de aproximadamente 5.
- Explorada sobretudo na sub-região do Baixo Vouga, encontra-se nos distritos de Aveiro (Estarreja, Albergaria-a-Velha, Oliveira de Azeméis, Aveiro, Águeda, Murtosa, Vagos, Ílhavo, Oliveira do Bairro, Ovar, Sever do Vouga e Anadia), Coimbra (Montemor-o-Velho, Cantanhede, Figueira da Foz, Tábua, Coimbra, Soure e Mira), Guarda (Gouveia e Figueira de Castelo Rodrigo), Lisboa (Vila Franca de Xira) e Beja (Barrancos) (Figuras 7 a 10).
- Existe uma grande variabilidade da dimensão das explorações (número de animais nascidos por ano) entre concelhos (Figuras 11 a 12). Considerando os concelhos em que se registam mais nascimentos, em Montemor-o-Velho nascem em média 13.4 animais por exploração, no concelho de Estarreja nascem em média apenas 3.5 animais por exploração.

- Uma grande percentagem de explorações (46%) regista um nascimento por ano. A proporção de explorações que registam até 3 nascimentos/ano mantem-se semelhante nos dois períodos analisados (entre 2010-2014 e entre 2015-2019). O número de explorações que registam anualmente mais de 10 nascimentos/ano também se manteve idêntico. Explorações onde nascem anualmente mais de 30 animais representam 1% dos efetivos, mas já correspondem a cerca de 16% dos animais nascidos (Figuras 11 e 12).
- A raça Marinhoa não apresenta sazonalidade reprodutiva e observa-se uma distribuição de partos ao longo do ano homogénea, com uma ligeira acumulação de partições na primavera e uma redução no Outono (Figuras 13 a 15).
- É notória a melhoria da informação genealógica disponível, observável tanto pelo nível de preenchimento das genealogias (Figuras 16 e 17), como através da evolução do número médio de gerações conhecidas (Figura 18). Animais nascidos nos últimos anos, em média, têm praticamente 5 gerações conhecidas. Esta informação é fundamental quando se pretende gerir convenientemente a variabilidade de uma raça e, particularmente, quando o efetivo é muito reduzido.
- Reforça-se a necessidade de se manter a recolha adequada da informação genealógica. É essencial manter o controlo genealógico de todos os animais e, dentro do possível, a respetiva confirmação por análise de ADN.
- A distribuição da idade das fêmeas ao parto é característica da espécie bovina e confirma a capacidade das fêmeas da raça Marinhoa em se manterem em produção tanto em linha pura como em cruzamento até idade avançada (Figuras 19 e 20). Uma percentagem considerável de fêmeas (16%) apresenta partos para além dos 10 anos de idade.
- Longevidade produtiva apreciável, sendo importantíssimo manter a recolha da informação produtiva das fêmeas reprodutoras, nomeadamente, o registo de partos de animais cruzados.
- A maioria dos machos reprodutores são pais com menos de 6 anos de idade (Figura 21), mas uma elevada percentagem (cerca de 26%) de machos são pais depois dos 12 anos. A percentagem de nascimentos cujos pais têm uma idade avançada é resultado duma utilização algo excessiva de alguns reprodutores e que deverá ser contrariada.
- A distribuição do número de fêmeas em função do número de filhos indica que a maioria das vacas (51%) tem menos de 4 filhos ao longo de toda a vida e que apenas cerca de 10% da fêmeas têm mais de 10 filhos (Figuras 22 e 23).

- A distribuição do número de descendentes por macho apresenta grandes desequilíbrios, indicando a necessidade de evitar que alguns machos tenham um número excessivo de descendentes ao longo de toda a vida (Figura 24). Cerca de 72% dos touros são, no total, progenitores de menos de 14% do total do efetivo. Muitos machos têm poucos descendentes ao longo da vida e muito poucos reprodutores têm um enorme número de descendentes, constatando-se 8 touros com mais de 500 filhos, um dos quais com mais de 1000 descendentes.
- A reduzida dimensão das explorações e, conseqüentemente, o reduzido número de fêmeas reprodutoras por exploração, na maioria dos casos, não possibilita obviamente a existência de touro próprio, o que pode originar este excesso de descendentes de alguns dos machos. Particular atenção deverá ser prestada à utilização e renovação do stock de sémen.
- Estimativas da consanguinidade baixas, mas bastante influenciadas pela falta de informação genealógica em anos mais distantes (Figura 25). No entanto, evidencia-se uma tendência para o aumento da consanguinidade ao longo dos anos, certamente devido ao aumento do conhecimento das genealogias dos animais nascidos mais recentemente, mas também devido ao aumento real do parentesco dos animais acasalados.
- A Figura 26 demonstra uma gestão da consanguinidade muito desigual entre explorações, observando-se várias explorações com um coeficiente médio de consanguinidade dos animais nascidos nos últimos anos (2015-2019) acima dos 10%.
- Observa-se um decréscimo preocupante do número de animais nascidos não consanguíneos (Figura 27). Constata-se que nos últimos anos, mais de 85% dos nascimentos são consanguíneos. Reforça-se a necessidade de os criadores optarem por machos ou sémen não aparentados com as fêmeas da sua exploração a fim de evitar, a curto prazo, o aumento da consanguinidade e uma situação de relação de parentesco não nula entre reprodutores ao nível de cada exploração.
- O intervalo de gerações é mais elevado nas fêmeas do que nos machos, resultando num intervalo médio de gerações de 6.52 anos (Figura 28).
- Aumento do parentesco médio ao longo dos anos, observando-se uma ligeira redução em animais nascidos a partir de 2015, atualmente a rondar os 2.4% (Figura 29).
- Conforme o período considerado, o acréscimo anual da consanguinidade variou entre 0.179% e 0.259% (Figuras 30 e 31). O acréscimo da consanguinidade por geração foi 1.133%, 1.743% e 1.749%, respetivamente, nos períodos 1990-2019, 2000-2019 e 2010-2019.

- Tamanho efetivo da população reduzido em qualquer dos períodos analisados, inferior ao valor recomendado pela FAO (50 ou  $\Delta F$ /geração inferior a 1%) para que o risco de erosão genética da população seja considerado aceitável (Figura 31).
- Números efetivos de fundadores e ascendentes possivelmente sobrestimados, devido ao insuficiente conhecimento das genealogias em anos mais distantes (Figura 32 a 35). No entanto, observa-se uma tendência para a redução daqueles indicadores nos últimos anos, indiciando uma contribuição bastante desigual dos ascendentes para o património genético atual da raça e a necessidade de inverter esta tendência.
- A evolução do valor médio do índice de conservação genética dos animais por ano de nascimento (Figura 36) sugere que animais nascidos nos últimos anos apresentam uma maior proporção de genes dos diferentes fundadores. Este facto poderá estar relacionado com o aumento, ao longo dos anos, do grau de conhecimento das genealogias.

Em resumo, constata-se uma evolução considerável na monitorização da raça bovina Marinhoa, particularmente no controle da informação dos registos genealógicos. O acréscimo anual da consanguinidade, especialmente nos últimos anos, merece alguma atenção. Há a necessidade de aumentar a diversificação de machos a utilizar como reprodutores e evitar o número excessivo de descendentes por macho. A utilização excessiva em quantidade e em tempo de alguns machos em inseminação artificial poderá ser prejudicial para a raça, devendo-se criar estratégias para evitar a sua sobreutilização. Sugere-se o reforço no delineamento de acasalamentos com o objetivo de minimizar o parentesco entre reprodutores.

## **Bibliografia**

- Alderson L, 1992. A system to maximize the maintenance of genetic variability in small populations. In Genetic Conservation of Domestic Livestock II, Eds. Alderson, L. and Bodo, I., CABI, Wallingford, U.K., pp. 18-29.
- Boichard, D., L. Maignel e É. Verrier, 1997. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. *Genet. Sel. Evol.*, 29:5-23.
- Boldman, K. G., L. A. Kriese, L. D. Van Vleck, C. P. Van Tassell e S. D. Kachman, 1995. A Manual for Use of MTDFREML. A set of programs to obtain estimates of variances and covariances [DRAFT]. USDA, ARS, Clay Center, NE, USA.
- Carolino, N. e L. T. Gama, 2002. Manual de Utilização de Software para a Gestão de Recursos Genéticos Animais. Estação Zootécnica Nacional, Instituto Nacional de Investigação Agrária e Pescas, Portugal (policopiado).
- Falconer, D. S. e T. F. C. Mackay, 1996. Introduction to Quantitative Genetics. 4th Ed. Longman Group Ltd., Essex, England, UK.
- FAO (Food and Agriculture Organization), 1998. Secondary Guidelines: Management of Small Populations at Risk. FAO Editions, Rome, Italy.
- Gutierrez, J.P., Goyache, F., 2005. A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information. *J. Anim. Breed. Genet.* 122, 172–176.
- SAS Institute Inc., 2006. Base SAS® 9.1.3 Procedures Guide, Second Edition, Volumes 1, 2, 3, and 4. Cary, NC.
- Vale, J. M., 1949. Gado Bissulco. Coleção agrícola “A Terra e o Homem”. Livraria Sá da Costa, Lisboa, Portugal.
- Van Vleck, L. D., 1993. Selection index and introduction to mixed model methods. CRC Press, Boca Raton, USA.
- Wright, S., 1923. Mendelian analysis of pure breeds of livestock. I - The measurement of inbreeding and relationship. *J. Heredity*, 14:339-348.