POLITÉCNICO DE SANTARÉM
ESCOLA SUPERIOR AGRÁRIA

RAÇA BOVINA MARINHOA

CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA POR ANÁLISE DEMOGRÁFICA - 2025

Escola Superior Agrária do Instituto Politécnico de Santarém

2025

Raça bovina Marinhoa
Caracterização genética por análise demográfica - 2025

António Vicente

Instituto Politécnico de Santarém
Escola Superior Agrária de Santarém
Quinta do Galinheiro - S. Pedro
2001-904 Santarém
PORTUGAL

Tel: (+351) 243307300
antonio.vicente@esa.ipsantarem.pt
https://www.ipsantarem.pt/escola-superior-agraria-de-santarem/

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 www.eabl.pt

Manuel Silveira

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

Tel: (+351) 302 008 332 Fax: (+351) 224 107 440
geral@ruralbit.pt www.ruralbit.pt/

Nuno Carolino e Ricardo Faria

Instituto Nacional de Investigação Agrária e Veterinária, I.P.
Estação Zootécnica Nacional
Polo de Investigação da Fonte Boa
Fonte Boa, 2005-048 Vale de Santarém
PORTUGAL

Tel: (+351) 243767313 Telm:(+351) 963092508 Fax: (+351) 243767307
nuno.carolino@iniav.pt ricardo.faria@iniav.pt http://www.iniav.pt

Vicente A., Faria R., Guicho E., Silveira M. e Carolino N. (2025). Raça Bovina Marinhoa - Caracterização Genética por Análise Demográfica 2025. Escola Superior Agrária do Instituto Politécnico de Santarém. Portugal.

RAÇA BOVINA MARINHOA - CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA POR ANÁLISE DEMOGRÁFICA - 2025

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 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 (ΔF/ano) e por geração (ΔF/geração);
- Tamanho efetivo da população (N_e).

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 do Livro Genealógico da raça Marinhoa, recolhidos desde o seu início até ao final do ano de 2024, o que perfazia um total de 40319, designadamente, 34993 animais da raça Marinhoa e 5326 animais cruzados, filhos de fêmeas inscritas no Livro de Adultos. Posteriormente, construiu-se um ficheiro apenas com indivíduos inscritos no Livro Genealógico, composto por 16296 machos e 19697 fêmeas, que perfaziam uma população em estudo de 34993 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 (ΔF/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:

$$F_{ij} = b_0 + b_1 ano_i + e_{ij}$$

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 ΔF/ano, determinou-se o acréscimo da consanguinidade por geração (ΔF/geração), calculado como (ΔF/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 intervalo de gerações (L) foi calculado para os pais e mães de todos os indivíduos e para as quatro vias de seleção (idade média dos pais de touros, pais de vacas, mães de touros e mães de vacas).

O número de gerações conhecidas (n_i) foi obtido individualmente, para todos os animais puros na base de dados (n=34993) 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 ΔF/geração representa o acréscimo da consanguinidade por geração.

Apresentação dos Resultados

Figura 1 - Número de fêmeas reprodutoras ativas presentes por ano[1]

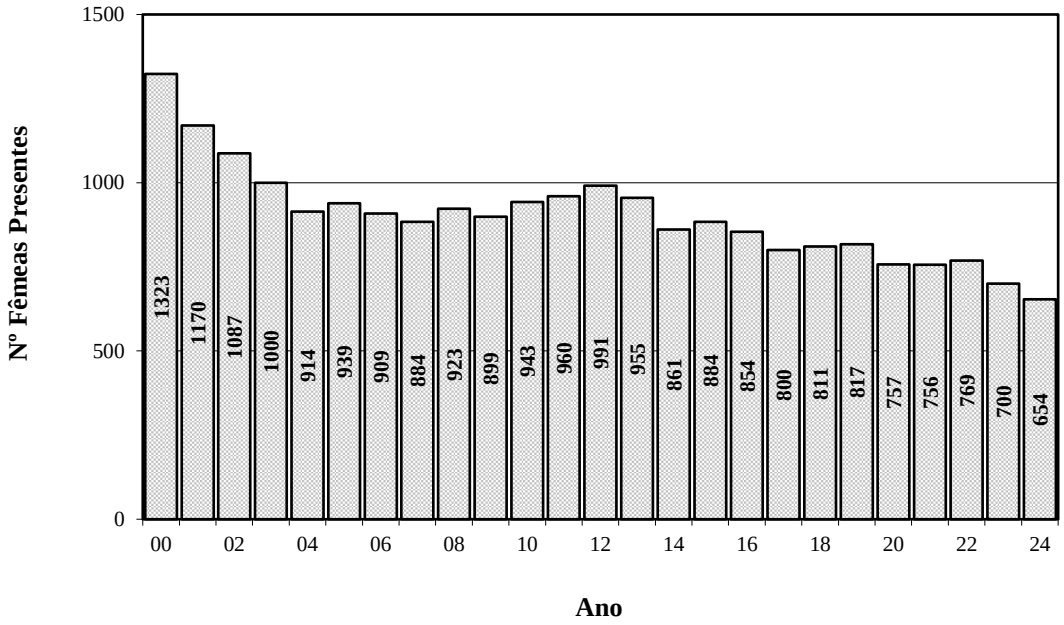
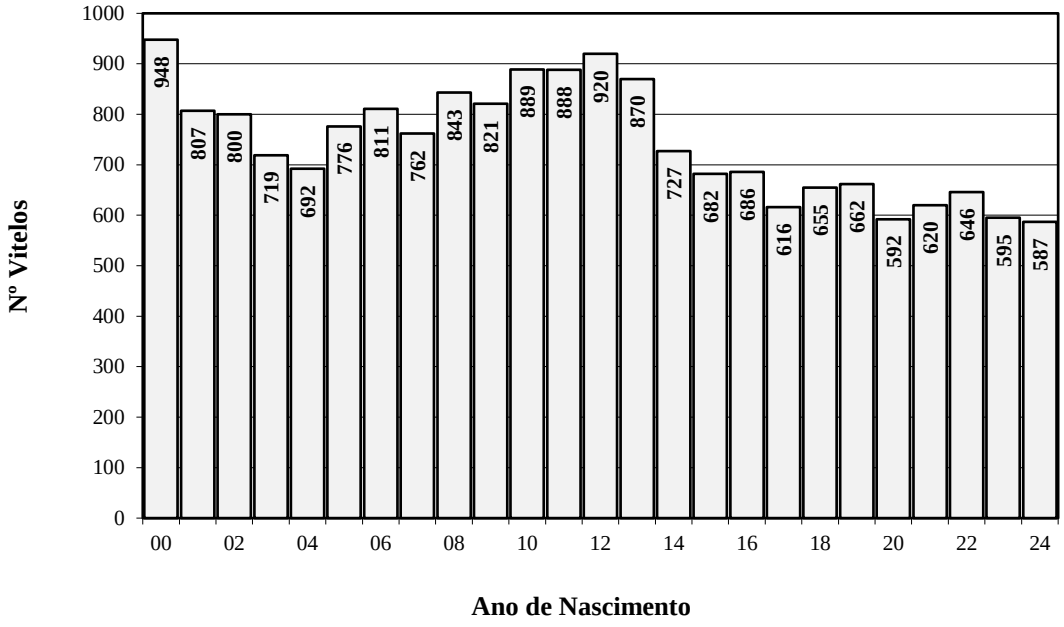


Figura 2 - Número de vitelos puros nascidos por ano



[1] 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.

Figura 3 - Número de vitelos puros nascidos por ano e por sexo

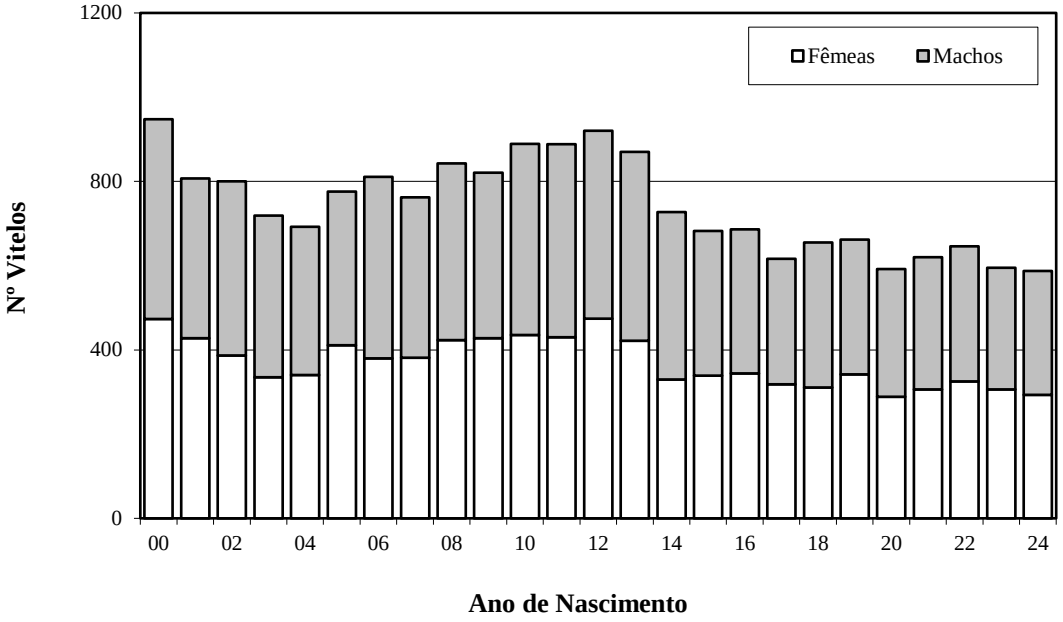


Figura 4 - Número de explorações ativas por ano

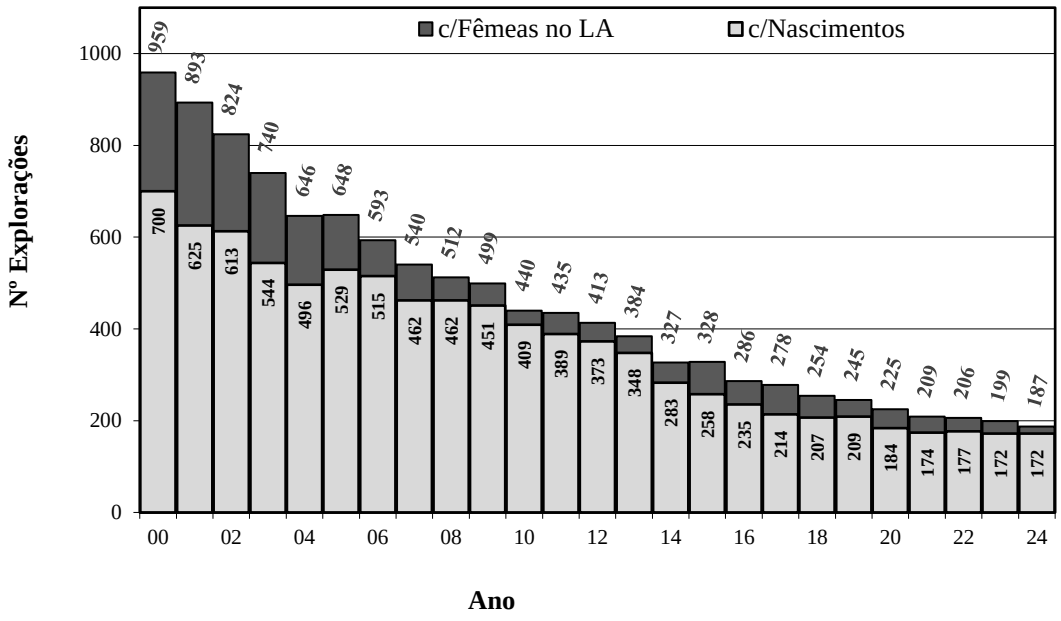


Figura 5 - Número de machos reprodutores presentes por ano

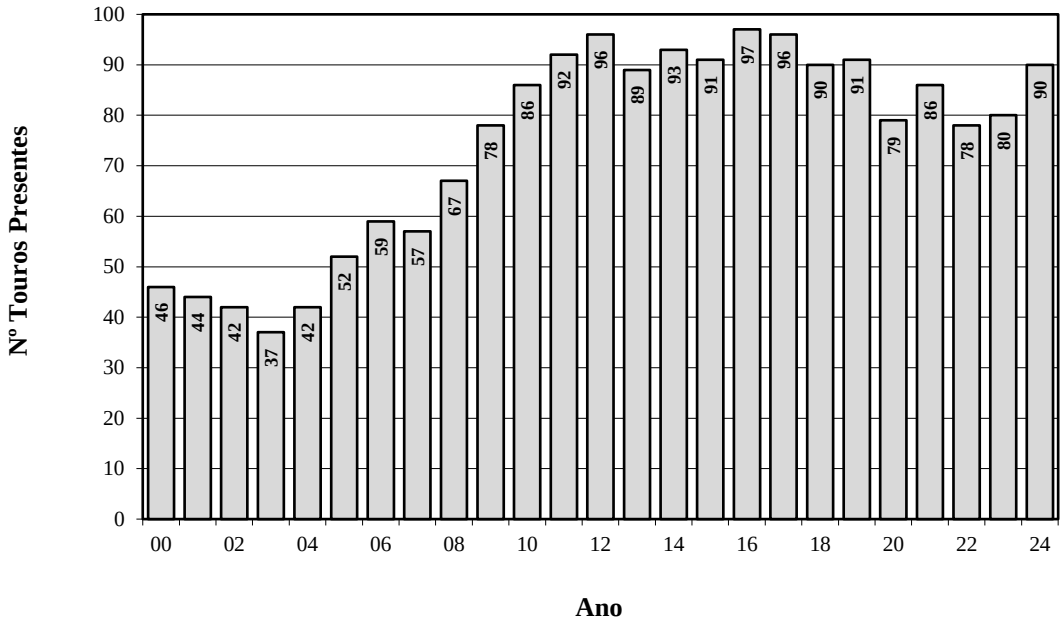


Figura 6 - Número de fêmeas reprodutoras por touro ao longo dos anos

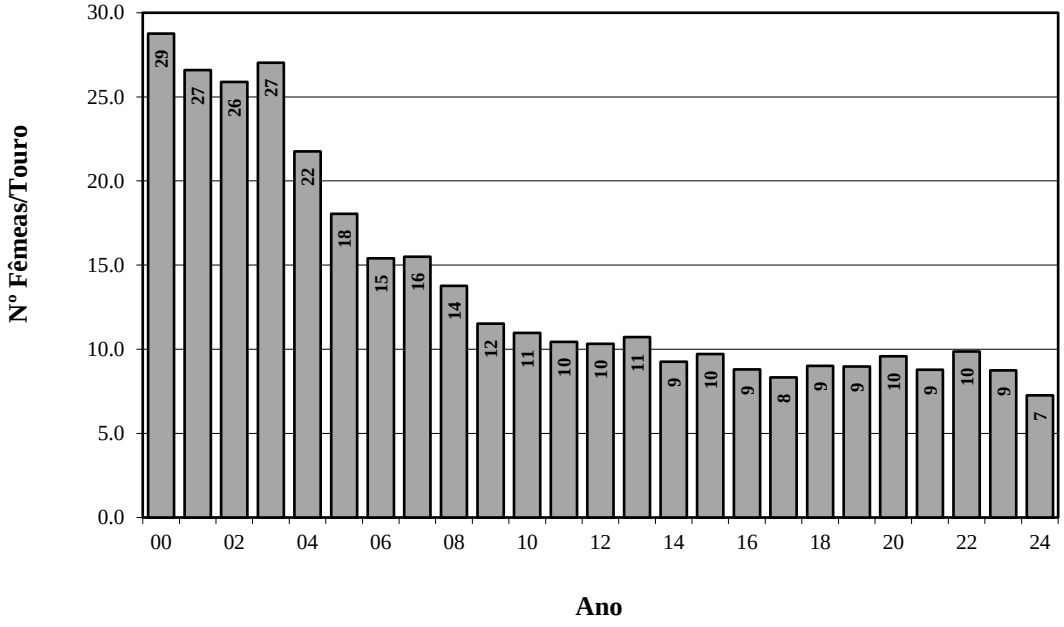


Figura 7 – Distribuição geográfica da percentagem de animais nascidos no período de 2015−2019

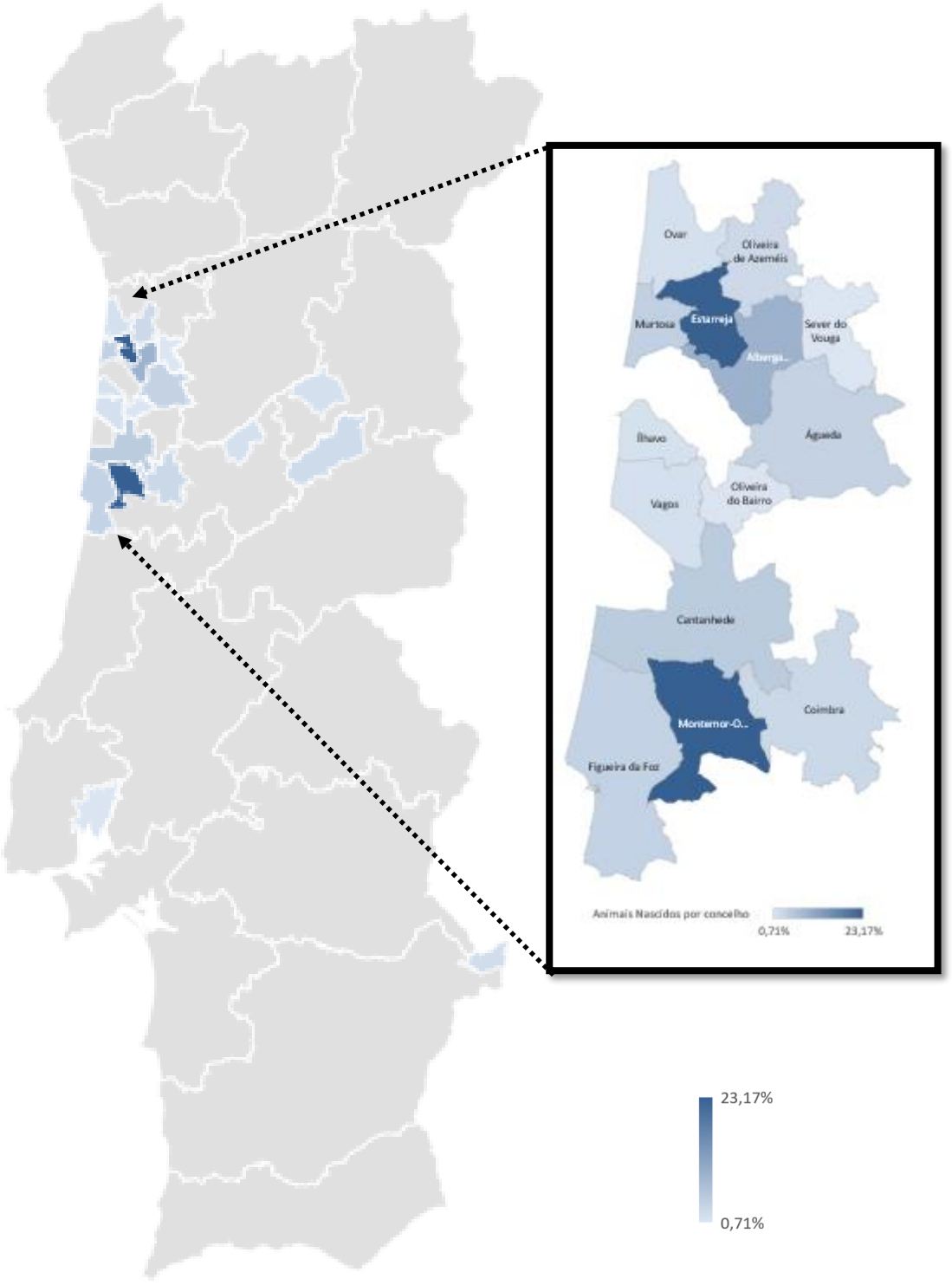


Figura 8 - Distribuição geográfica da percentagem de animais nascidos no período de 2020−2024

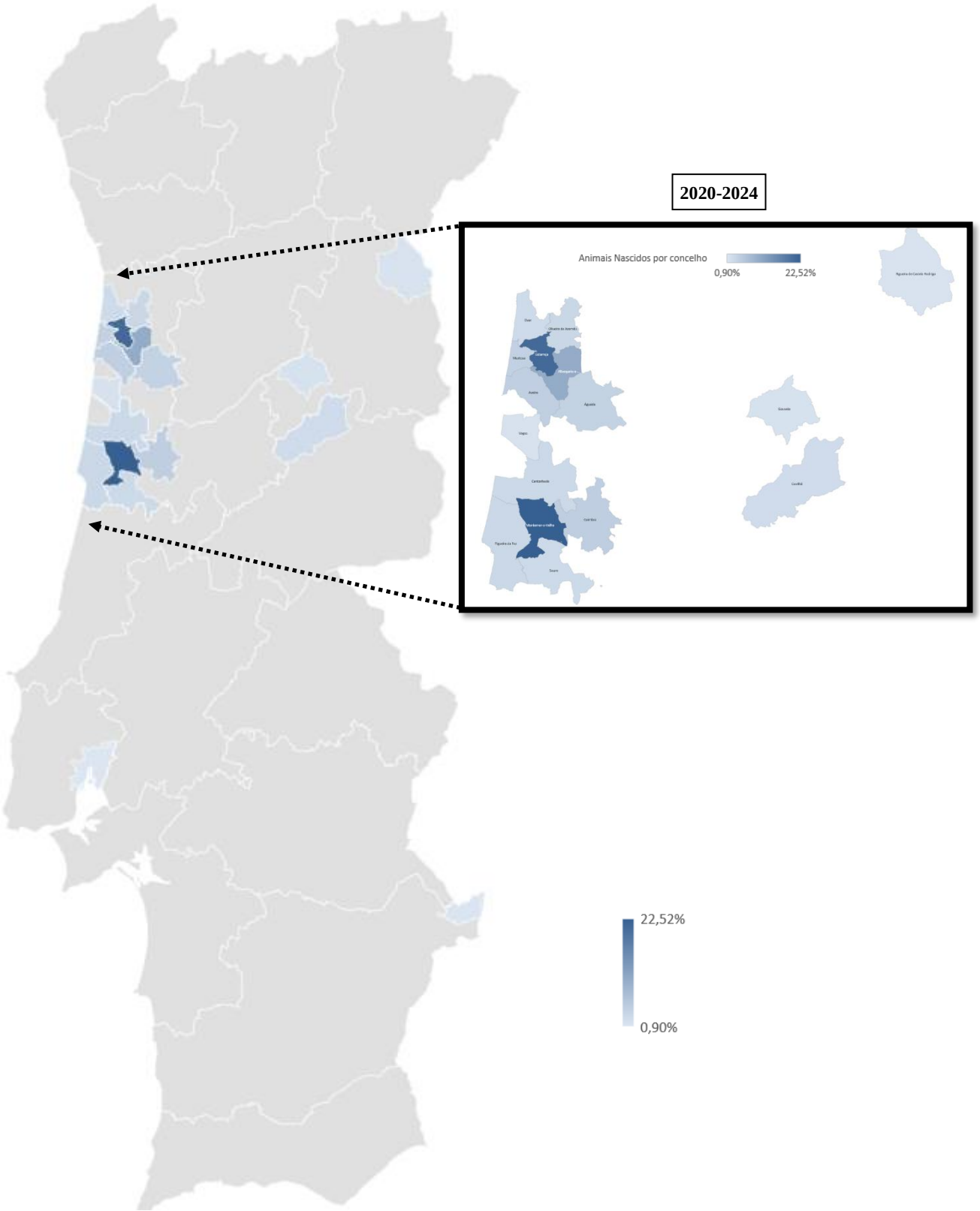


Figura 9 - Número médio de animais nascidos por exploração*ano segundo o Concelho
(Animais nascidos entre 2015 e 2019)

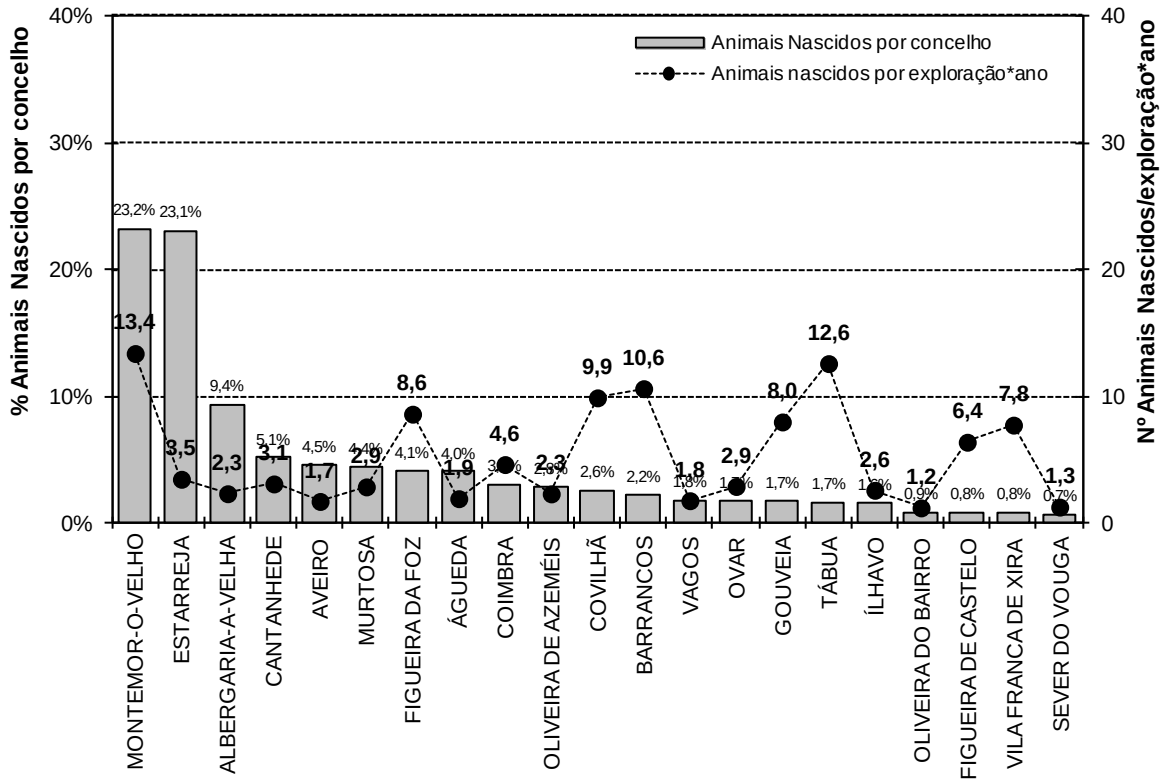


Figura 10 - Número médio de animais nascidos por exploração*ano segundo o Concelho
(Animais nascidos entre 2020 e 2024)

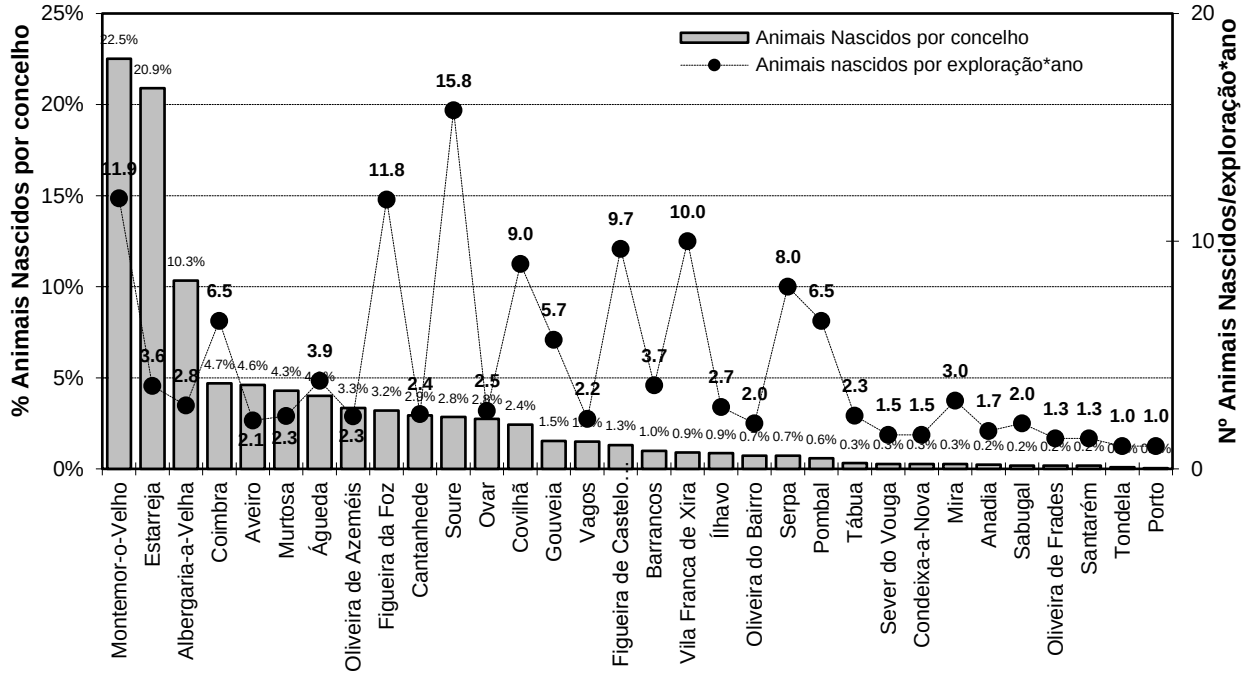


Figura 11 – Percentagem de explorações e animais nascidos segundo a dimensão da exploração (Animais nascidos entre 2015 e 2019)

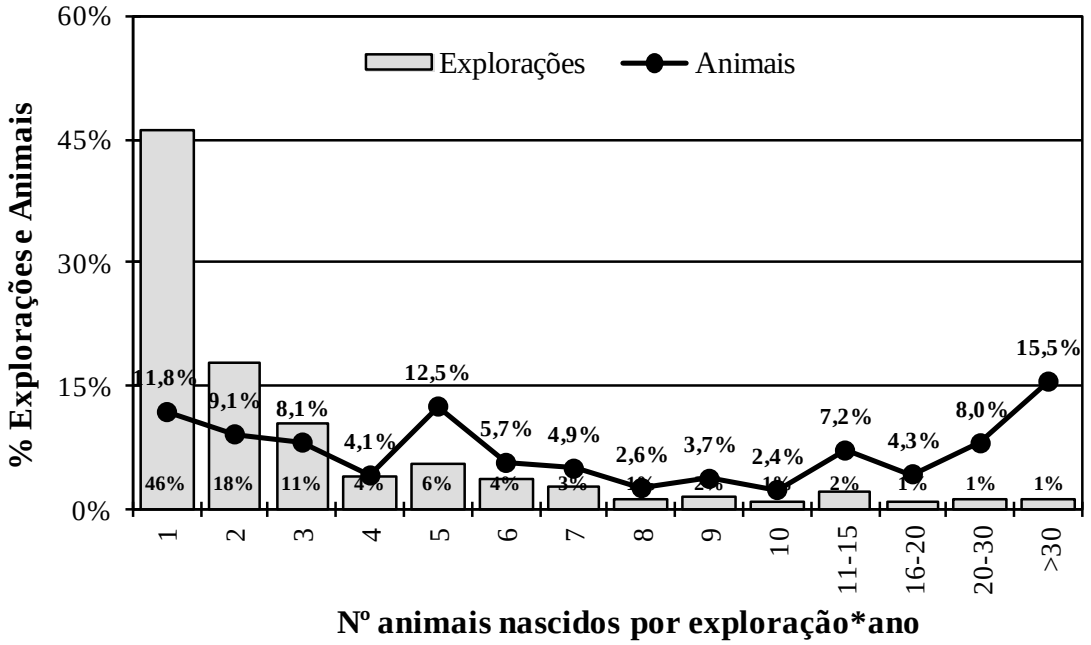


Figura 12 – Percentagem de explorações e animais nascidos segundo a dimensão da exploração (Animais nascidos entre 2020 e 2024)

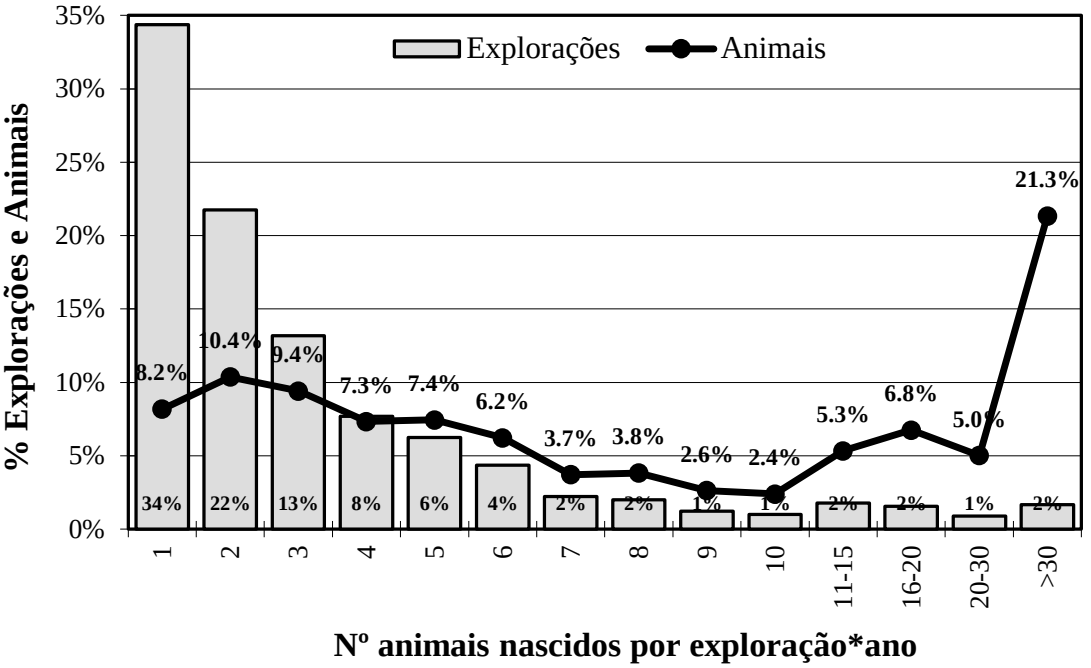


Figura 13 – Distribuição mensal dos partos por período

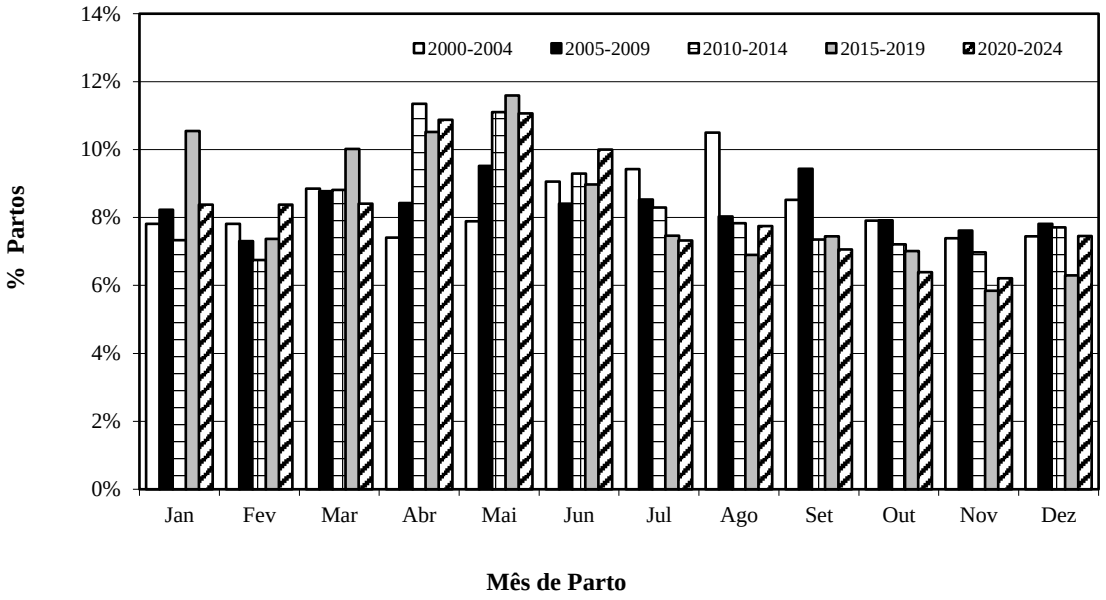


Figura 14 – Distribuição mensal dos partos em percentagem
(Partos entre 2015 e 2019)

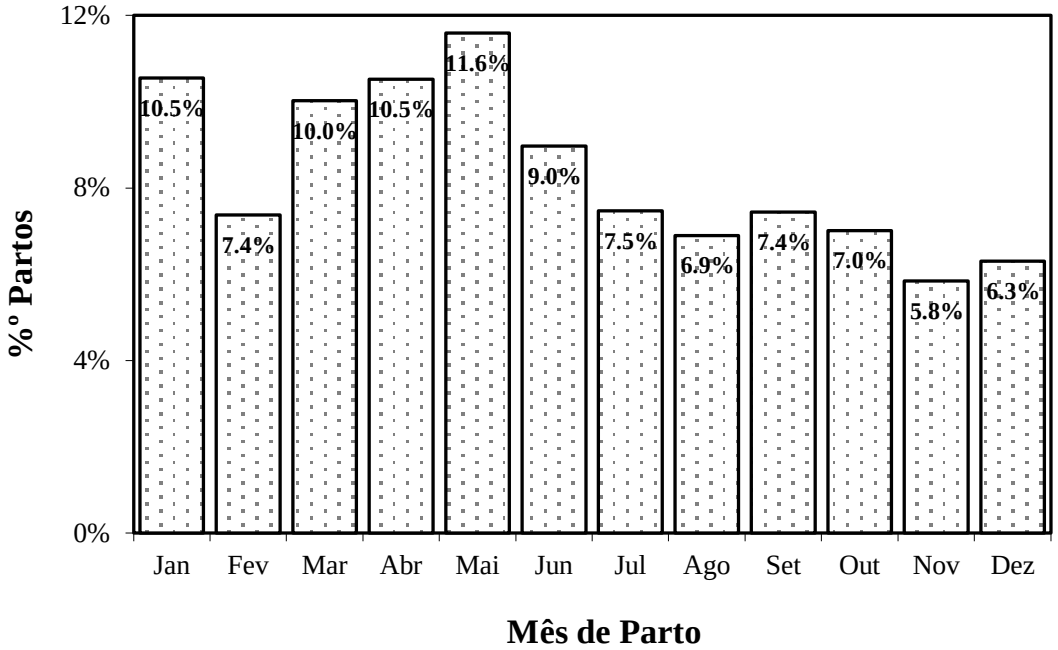


Figura 15 – Distribuição mensal dos partos
(Partos entre 2020 e 2024)

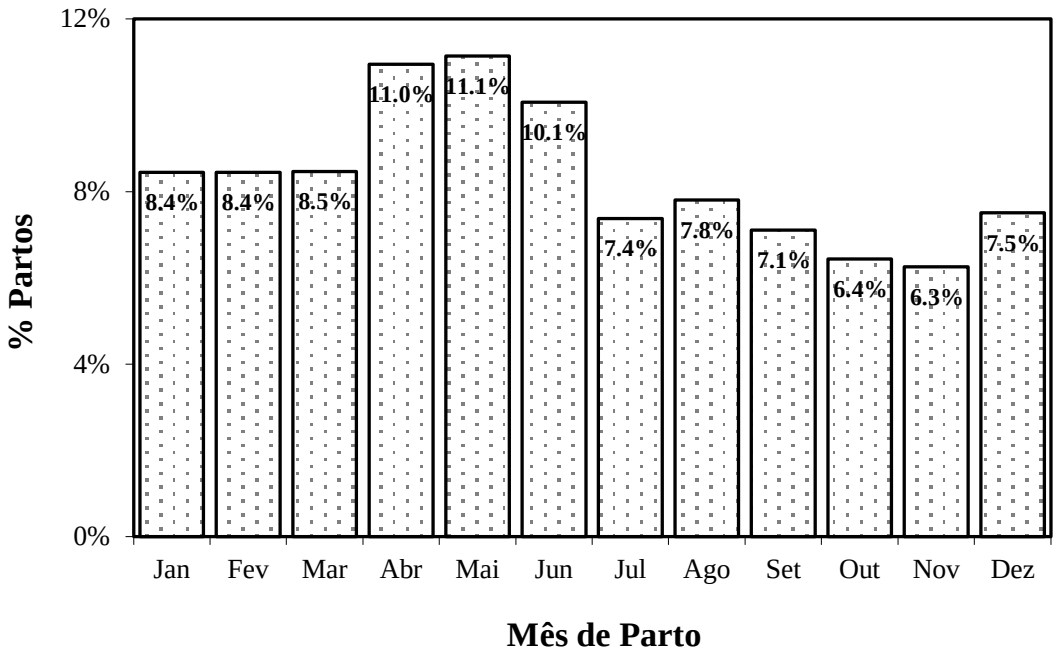


Figura 16 – Nível de preenchimento das Genealogias (%)

Animais nascidos entre 1995 e 1999			Bisavô P: 55.0
		Avô P: 78.3	Bisavó P: 55.0
	Pai: 95.9		Bisavô P: 16.9
		Avó P: 78.3	Bisavó P: 16.9
Animais: 6225			Bisavô M: 13.2
		Avô M: 27.3	Bisavó M: 13.2
	Mãe: 96.8		Bisavô M: 3.2
		Avó M: 27.6	Bisavó M: 3.2
Animais nascidos entre 2000 e 2004			Bisavô P: 81.8
		Avô P: 97.2	Bisavó P: 81.8
	Pai: 97.7		Bisavô P: 25.0
		Avó P: 97.2	Bisavó P: 25.0
Animais: 3960			Bisavô M: 38.1
		Avô M: 53.0	Bisavó M: 38.1
	Mãe: 99.3		Bisavô M: 14.0
		Avó M: 55.9	Bisavó M: 14.5

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

Animais nascidos entre 2005 e 2009		Avô P: 99.0	Bisavô P: 81.4
			Bisavó P: 81.4
	Pai: 99.2		Bisavô P: 56.4
		Avó P: 99.1	Bisavó P: 57.2
Animais: 4008			Bisavô M: 76.1
		Avô M: 82.1	Bisavó M: 76.1
	Mãe: 99.9		Bisavô M: 46.1
		Avó M: 86.2	Bisavó M: 48.5
Animais nascidos entre 2010 e 2014		Avô P: 99.9	Bisavô P: 96.5
			Bisavó P: 96.6
	Pai: 99.9		Bisavô P: 71.7
		Avó P: 99.9	Bisavó P: 73.4
Animais: 4293			Bisavô M: 94.4
		Avô M: 95.5	Bisavó M: 94.4
	Mãe: 100.0		Bisavô M: 76.1
		Avó M: 97.9	Bisavó M: 79.9
Animais nascidos entre 2015 e 2019		Avô P: 99.8	Bisavô P: 99.3
			Bisavó P: 99.3
	Pai: 99.8		Bisavô P: 83.1
		Avó P: 99.8	Bisavó P: 85.4
Animais: 3216			Bisavô M: 98.8
		Avô M: 98.8	Bisavó M: 98.8
	Mãe: 99.9		Bisavô M: 91.5
		Avó M: 99.7	Bisavó M: 94.1
Animais nascidos entre 2020 e 2024		Avô P: 99.5	Bisavô P: 99.5
			Bisavó P: 99.5
	Pai: 99.5		Bisavô P: 97.1
		Avó P: 99.5	Bisavó P: 98.6
Animais: 3040			Bisavô M: 99.7
		Avô M: 99.7	Bisavó M: 99.7
	Mãe: 99.9		Bisavô M: 97.3
		Avó M: 99.7	Bisavó M: 98.2

Figura 17 – Evolução da percentagem de ascendentes conhecidos

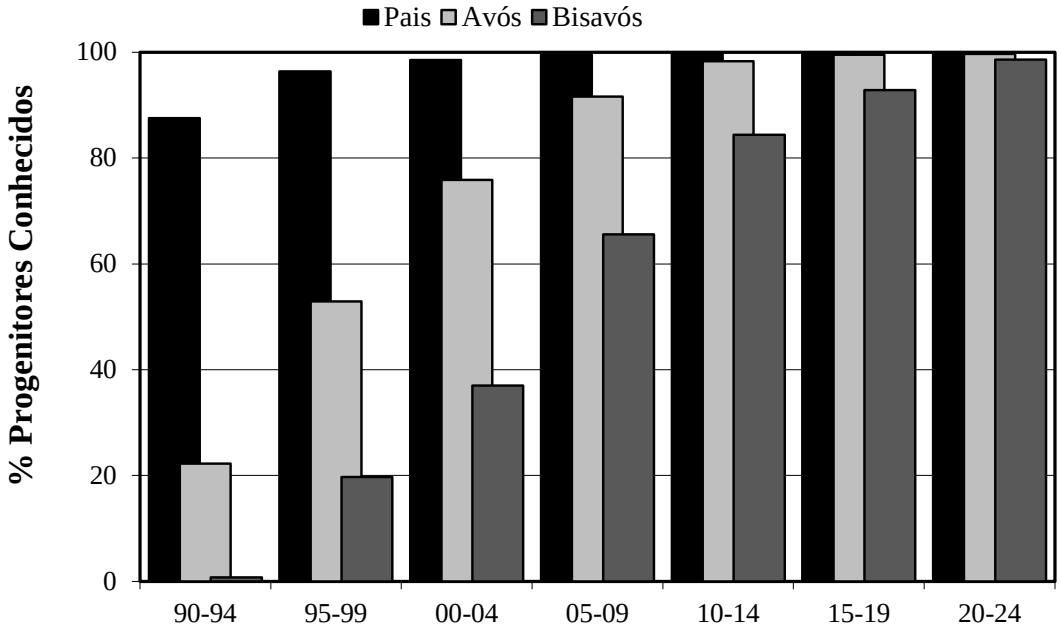


Figura 18 – Evolução do número médio de gerações conhecidas

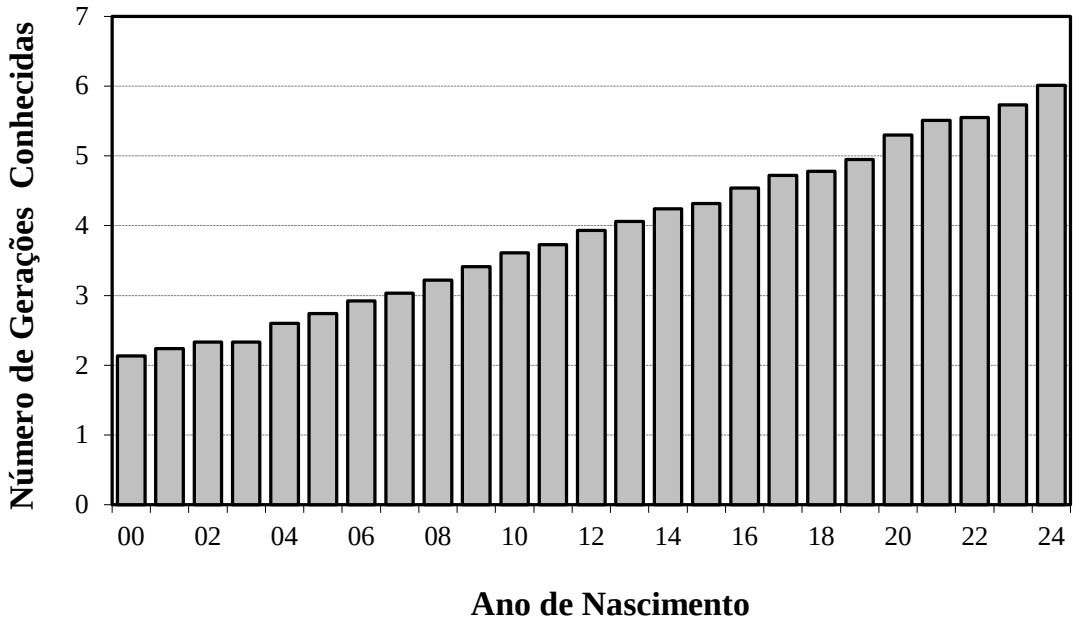


Figura 19 – Distribuição da idade das fêmeas ao parto, em percentagem

(Partos puros - reprodutoras ativas entre 2010 e 2024)

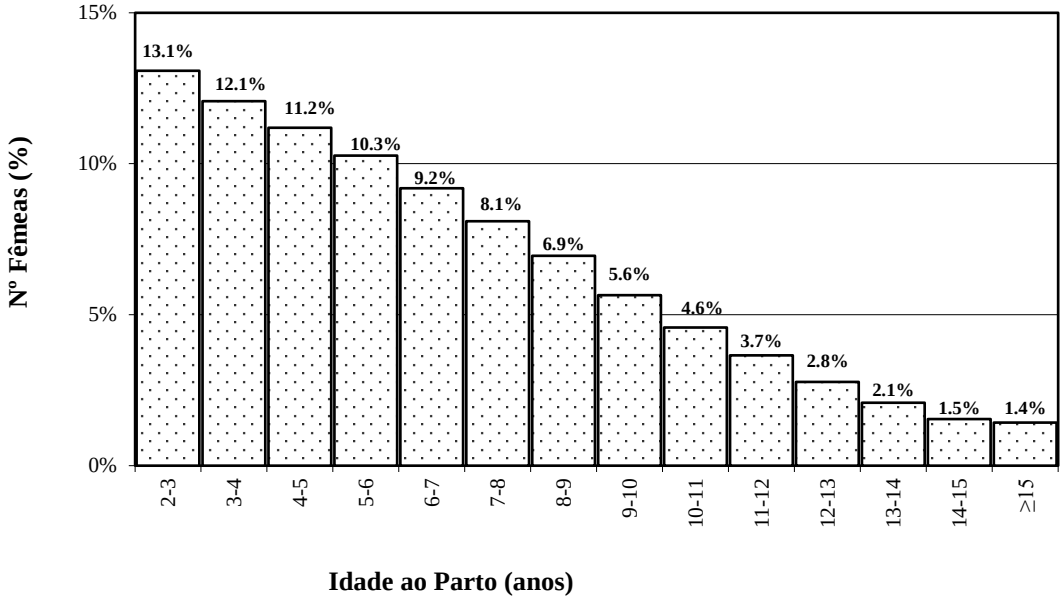


Figura 20 – Distribuição da idade das fêmeas ao parto, em percentagem

(Partos puros e partos cruzados - reprodutoras ativas entre 2010 e 2024)

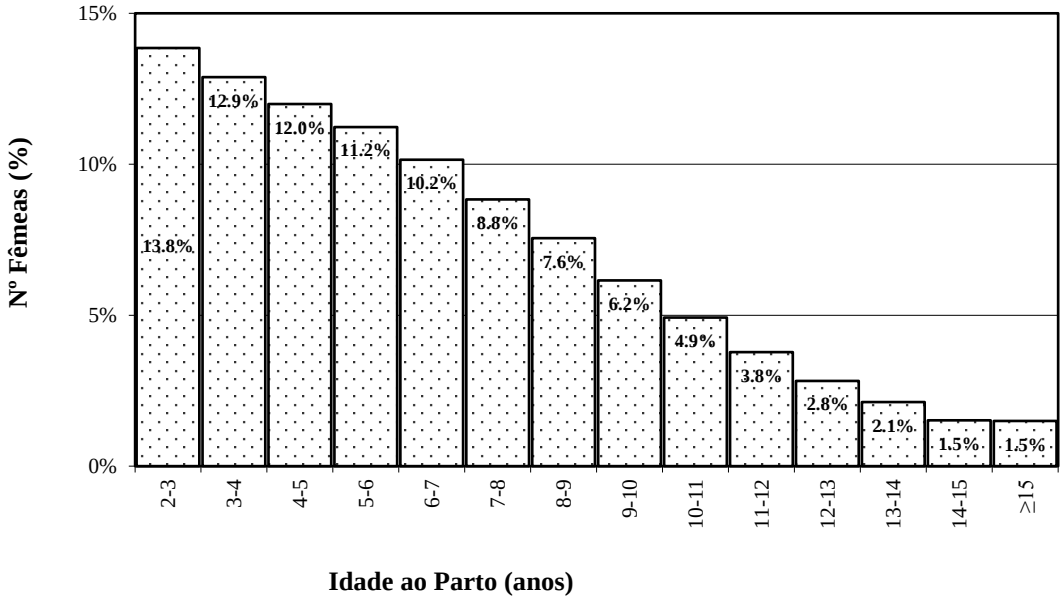


Figura 21 – Distribuição da idade dos touros ao nascimento dos filhos, em percentagem
(Reprodutores ativos entre 2010 e 2024)

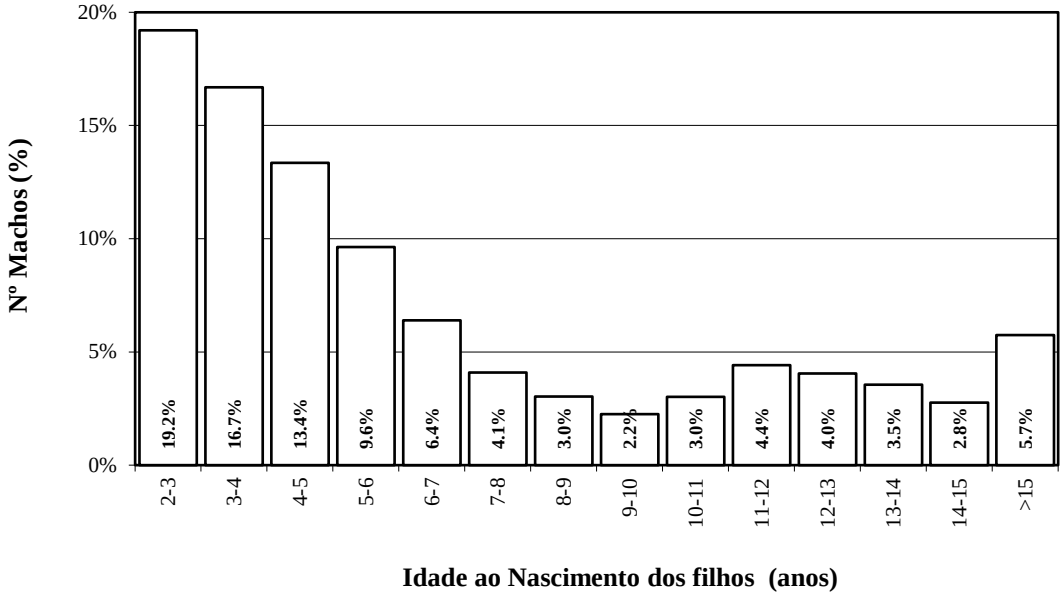


Figura 22 – Distribuição do número de fêmeas reprodutoras segundo o nº de descendentes
(7756 fêmeas reprodutoras nascidas entre 1990 e 2024 apenas com filhos puros)

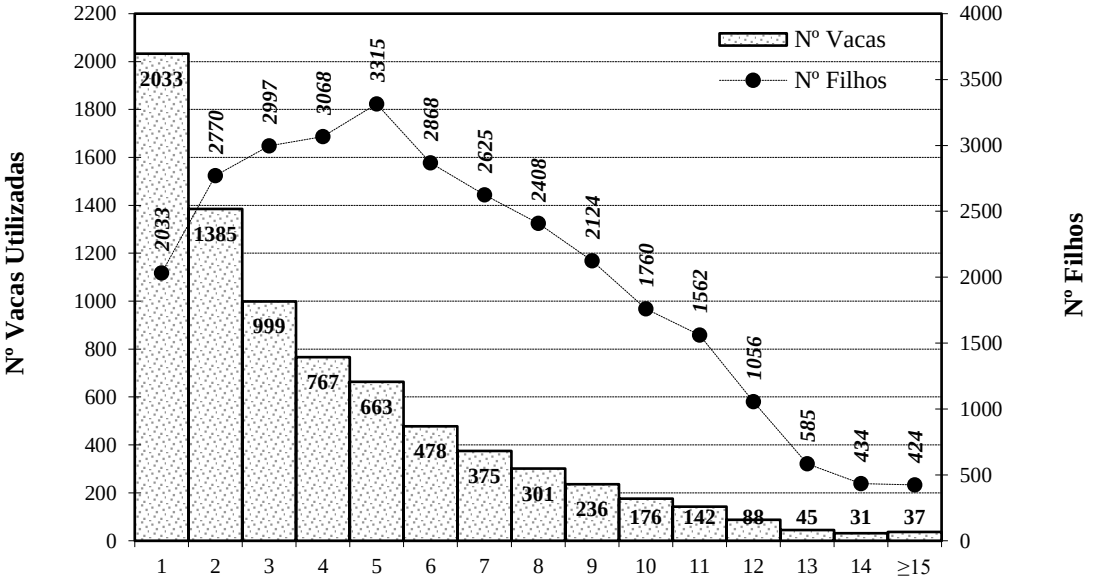


Figura 23 – Distribuição do número de fêmeas reprodutoras segundo o nº de descendentes

(8171 fêmeas reprodutoras nascidas entre 1990 e 2024 com filhos puros e cruzados)

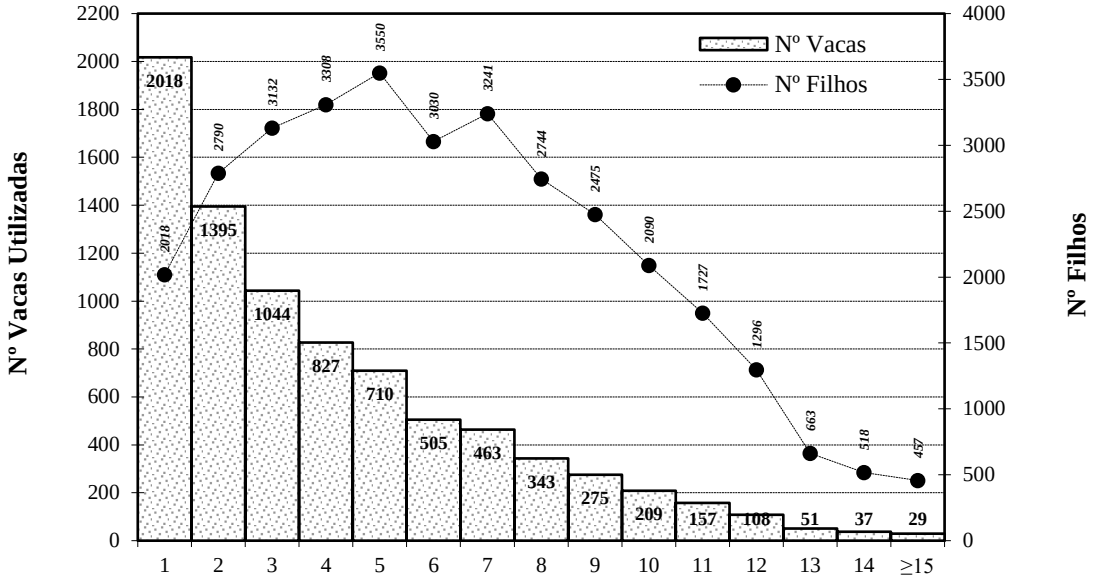


Figura 24 – Distribuição do número de touros reprodutores segundo o nº de descendentes

(1020 machos nascidos entre 1990-2024)

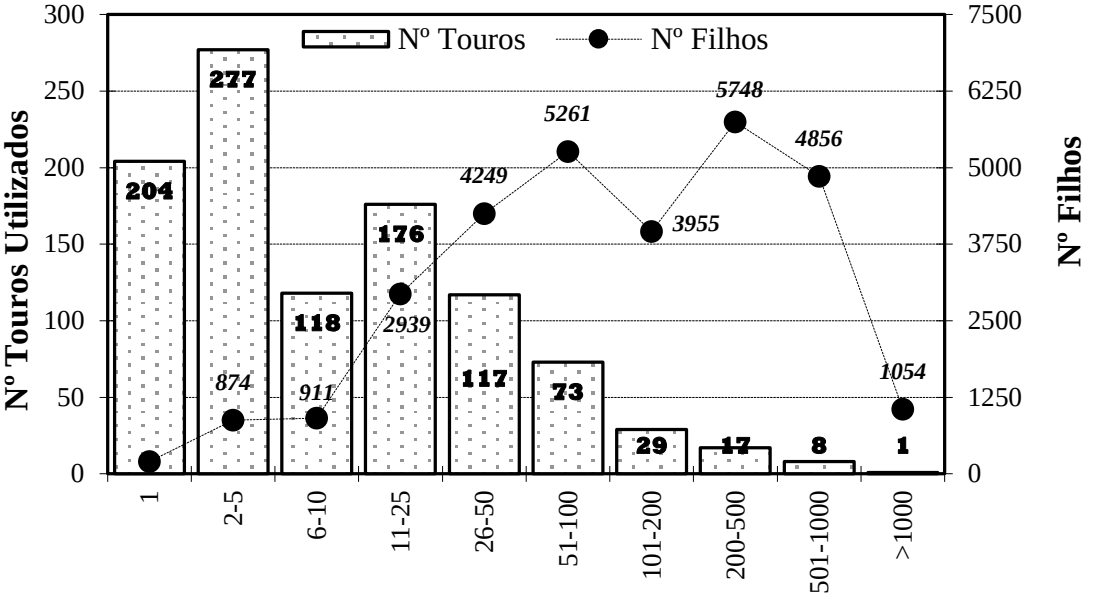


Figura 25 – Evolução da consanguinidade e do número de gerações conhecidas

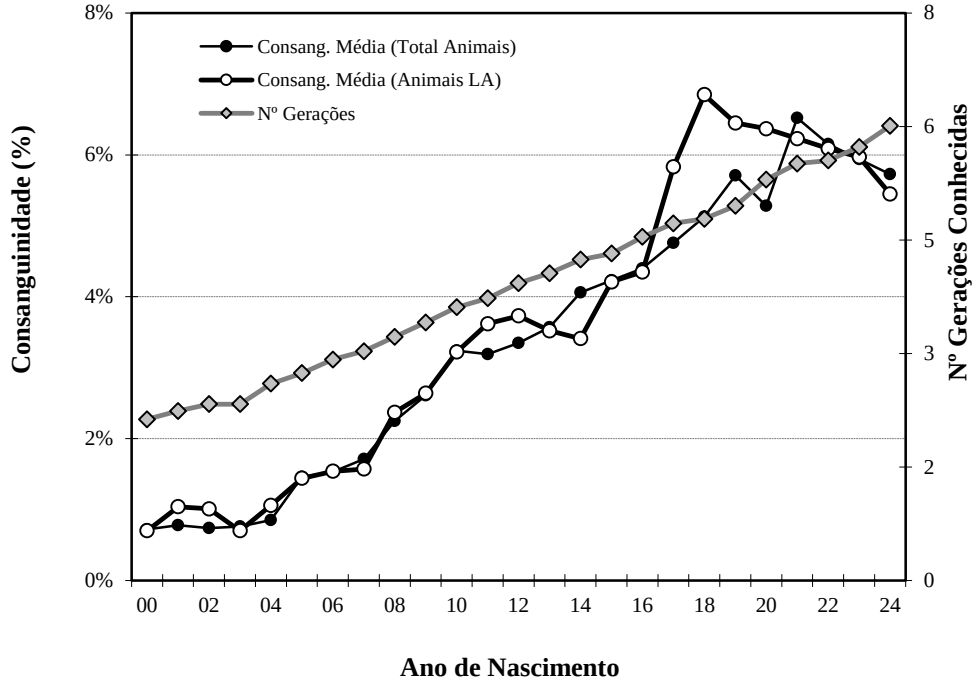


Figura 26 – Evolução da percentagem de animais nascidos consanguíneos

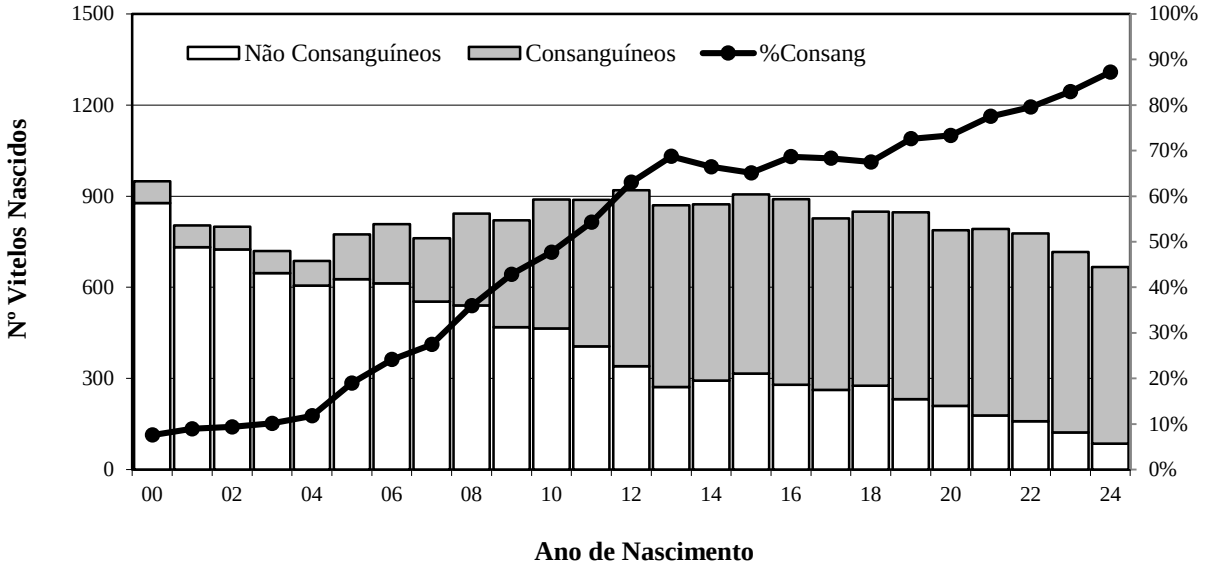


Figura 27 – Intervalos de gerações (L) para as 4 vias de seleção
(Animais nascidos entre 2000-2024)

L (anos)	Pais	Mães
Todos os animais	6.40	5.98
Touros	6.00	6.42
Vacas	6.50	5.86

L médio = 6.20 anos

Figura 28 – Evolução e estimativa do acréscimo anual da consanguinidade

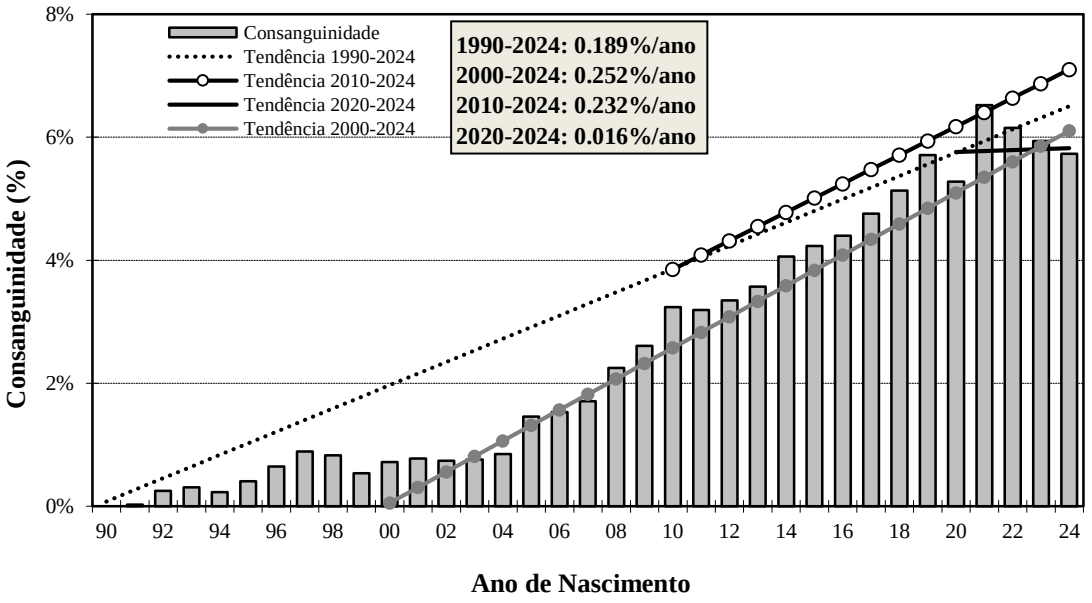


Figura 29 – Taxa de Consanguinidade (ΔF), Intervalo de Gerações (L) e Tamanho Efetivo da População (N_e)

Parâmetros demográficos estimados	Período considerado			
	1990-2024	2000-2024	2010-2024	2020-2024
ΔF/ano	0.189%	0.252%	0.232%	0.016%
Intervalo de Gerações (L)	5.92 anos	6.11 anos	6.35 anos	6.20 anos
ΔF/geração	1.118%	1.540%	1.473%	0.100%
Tamanho efetivo da população (N_e)	44.71	32.47	33.95	502.21

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 nos distritos da Guarda, Castelo Branco, Lisboa e Beja.

Em 2024 existiam em Portugal cerca 950 fêmeas adultas e 90 touros da raça Marinhoa, em cerca de 190 explorações. Cerca de 900 fêmeas estão inscritas no Livro de Adultos e aproximadamente 800 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 Nº 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 reprodutores e 153 machos viria a ser considerada como em risco de extinção - grau A (maior risco).

Em 2022 no âmbito do Plano Estratégico da Política Agrícola Comum em Portugal (PEPAC Portugal), no Eixo C - Desenvolvimento Rural apoio C.1.1.4 - Manutenção de Raças Autóctones e dos respetivas Fichas de Intervenção preparatórias, a raça Marinhoa foi classificada quanto ao grau de risco de extinção como "Rara", ou seja, em risco elevado de extinção.

De um modo geral, os indicadores demográficos e de variabilidade genética estimados para a raça Marinhoa são preocupantes 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 esforço, inicialmente da Associação de Criadores de Raça Marinhoa e, desde 2015, 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, de melhoramento genético e de promoção da raça, 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 950 fêmeas e 90 machos reprodutores, distribuídos por cerca de 190 explorações. Cerca 170 explorações mantêm fêmeas inscritas como reprodutoras no Livro de Adultos e cerca de 190 explorações registaram nascimentos no ano de 2024.
- Ocorreu um decréscimo do efetivo reprodutor entre 2000 e 2006, seguido de um ligeiro aumento até 2012. Desde então, observa-se uma tendência continua de diminuição, embora nos últimos cinco anos tenha existido uma ligeira estabilização do efetivo (Figuras 1 a 6).
- Redução também acentuada do número de nascimentos de animais da raça Marinhoa desde 2012 (ano em que se observaram mais de 900 nascimentos), a acompanhar consequentemente a diminuição do número de fêmeas reprodutoras ativas (Figuras 1 a 3). Em 2023 e 2024 nasceram anualmente, respetivamente, 595 e 587 animais inscritíveis no Livro de Nascimentos.
- Raça considerada em situação de "risco de abandono", segundo os critérios definidos no Regulamento nº 445/2002 da Comissão Europeia.
- Raça bovina classificada como em 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).
- No âmbito da Portaria n.º 272/2024/1, que estabelece o regime específico do apoio a conceder, ao abrigo do artigo 70.º do Regulamento (UE) 2021/2115, do Parlamento Europeu e do Conselho, na tipologia C.1.1.5, «Conservação e melhoramento de recursos genéticos (animais, vegetais e florestais)» integrada no eixo C, «Desenvolvimento Rural», do Plano Estratégico da Política Agrícola Comum para Portugal (PEPAC Portugal), a raça Marinhoa foi classificada quanto ao grau de risco de extinção como "Rara", em risco elevado de extinção.
- Desde 2000, redução acentuada do número de explorações com fêmeas reprodutoras da raça Marinhoa e bem como do número de explorações onde se registam nascimentos de animais da raça Marinhoa (Figura 4).
- Nos últimos 10 anos, o número de machos reprodutores presentes por ano tem variado entre 78 e 97, com pequenas oscilações entre anos (Figura 5).

- O número de fêmeas reprodutoras ativas por touro (Figura 6) nos últimos anos variou entre as 7 e 10 fêmeas por macho.
- 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), Coimbra (Montemor-o-Velho, Cantanhede, Figueira da Foz, Coimbra, Soure), Guarda (Gouveia e Figueira de Castelo Rodrigo), Castelo Branco (Covilhã), Beja (Barrancos, Serpa), Leiria (Pombal) entre outras (Figuras 7 a 10).
- Existe uma grande variabilidade da dimensão das explorações (número de animais nascidos por ano e por exploração) entre concelhos (Figuras 9 e 10). Considerando apenas os concelhos em que se registam mais nascimentos, entre 2020 e 2024, em Montemor-o-Velho nasceram em média cerca de 12 animais por exploração e por ano e no concelho de Estarreja nasceram, em média, menos de 4 animais por exploração e por ano. O concelho de Soure foi o concelho onde, em média, nasceram mais animais por exploração e por ano (≈16 animais) enquanto que nos concelhos de Oliveira do Bairro, Aveiro, Vagos, Oliveira de Azeméis e Murtosa, em média, nasceram apenas cerca de 2 animais por exploração e por ano
- Uma grande percentagem de explorações (47%) regista apenas um nascimento de animal puro por ano. A proporção de explorações que registam até 3 nascimentos por ano mantém-se semelhante nos dois períodos analisados (entre 2015-2019 e entre 2020-2024). O número de explorações que registam anualmente mais de 10 nascimentos/ano também se manteve semelhante. Explorações onde nascem anualmente mais de 30 animais representam apenas 2% dos efetivos, mas correspondem a cerca de 21.3% do total de animais nascidos (Figuras 11 e 12).
- A raça Marinhoa não apresenta sazonalidade reprodutiva e observa-se uma distribuição de partos ao longo do ano bastante homogénea, com uma muito ligeira acumulação de partições na primavera (abril e maio) e uma também suave 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, apresentam mais de 5 gerações conhecidas. Animais nascidos entre 2020 e 2024, em média, têm 6 gerações conhecidas.

- A informação genealógica já é bastante completa, tanto na via materna, como na via paterna. Esta informação é fundamental quando se pretende gerir convenientemente a variabilidade genética de uma raça e, particularmente, quando o efetivo é muito reduzido. Animais nascidos entre 2020 e 2024, em média, têm 6 gerações conhecidas
- 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 (17%) apresenta partos para além dos 10 anos de idade.
- Longevidade produtiva apreciável, sendo importante 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 (16%) de machos são pais depois dos 12 anos. A percentagem de nascimentos cujos pais têm uma idade avançada é resultado da utilização de alguns reprodutores através da inseminação artificial, o que, no caso de ser excessiva deverá ser controlada.
- A distribuição do número de fêmeas em função do número de filhos indica que a maioria das vacas (73%) tem menos de 5 filhos puros ao longo de toda a vida e que apenas 7% das fêmeas gera mais de 10 filhos, sendo muitos semelhantes nos dois períodos estudados (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 25 dos touros (3%) são, no total, progenitores de mais de 11500 animais (40% do total do efetivo). Muitos machos têm poucos descendentes ao longo de toda a vida produtiva e muito poucos reprodutores geram um enorme número de descendentes, contabilizando-se 8 touros com mais de 500 filhos e 1 touro com mais de 1000 filhos ao longo de toda a vida.
- A reduzida dimensão das explorações e, consequentemente, 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 armazenado.

- Estimativas da consanguinidade moderadas, já sem influencia da falta de informação genealógica em anos mais distantes (Figura 25). 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. Aparentemente existe uma tendência para a estagnação da consanguinidade dos animais nascidos nos últimos 4 anos e uma redução da consanguinidade dos animais, que no mesmo período, foram inscritos como reprodutores.
- Observa-se um decréscimo bastante preocupante do número de animais nascidos não consanguíneos (Figura 26). Constata-se que nos últimos anos, mais de 85% dos nascimentos são consanguíneos (em 2024, 87% dos animais nasceram consanguíneos). Reforça-se a necessidade de os criadores optarem por machos reprodutores ou sémen de machos 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 nos machos dos que nas fêmeas, resultando num intervalo médio de gerações de 6.20 anos (Figura 27).
- Conforme o período considerado, o acréscimo anual da consanguinidade variou entre 0.016% e 0.252% (Figuras 28 e 29). O acréscimo da consanguinidade por geração foi de 1.118%, 1.540%, 1.473% e 0.100%, respetivamente, nos períodos 1990-2024, 2000-2024, 2010-2024 e 2020-2024.
- Tamanho efetivo da população reduzido em três últimos dos períodos analisados e, inferior ao valor recomendado pela FAO ($N_e < 50$ ou ΔF/geração < 1%) para que o risco de erosão genética da população seja considerado aceitável (Figura 29).

Em resumo, constata-se uma evolução considerável na monotorização da raça bovina Marinhoa, particularmente no controle da informação dos registos genealógicos, informação esta essencial para a correta gestão da variabilidade genética da raça. O acréscimo anual da consanguinidade e da proporção de animais nascidos consanguíneos, especialmente nos últimos anos, merece uma atenção acrescida. 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 sobre utilização. Sugere-se o reforço no delineamento de acasalamentos dirigidos com o objetivo de minimizar o parentesco entre reprodutores, algo recomendável e possível uma vez que a relação macho/fêmeas é baixa.

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).

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.

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. Colecção 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.