

Instituto Politécnico de Viana do Castelo

Escola Superior Agrária

Caracterização genética por análise demográfica da raça Barrosã

Relatório Final de curso de Licenciatura em Agronomia

Carlos Miguel Dias Martins Maia

Ponte de Lima, Novembro de 2020



Instituto Politécnico de Viana do Castelo

Escola Superior Agrária

Caracterização genética por análise demográfica da raça Barrosã

Relatório Final de curso de Licenciatura em Agronómica

Carlos Miguel Dias Martins Maia

Orientador interno: Prof. Doutor José Pedro Araújo

Professor adjunto da Escola Superior Agrária de Ponte de Lima - IPVC

Orientador externo: Prof. Nuno Carolino

Professor na Escola Universitária Vasco da Gama

Investigador do Instituto Nacional de Investigação Agrária e Veterinária

Ponte de Lima, Novembro de 2020

DECLARAÇÃO

Nome: Carlos Miguel Dias Martins Maia

Endereço eletrónico: carlosmiguel_1996@hotmail.com

Título dissertação:

Caracterização genética por análise demográfica da raça Barrosã

Orientadores:

Professor Doutor José Pedro Araújo

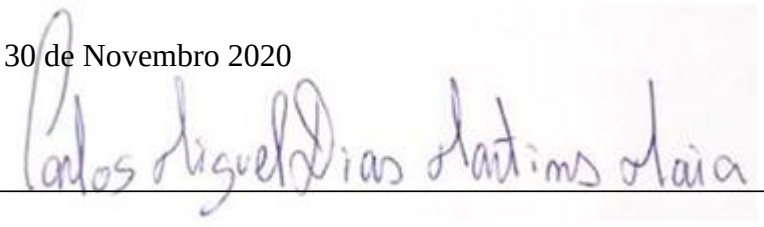
Professor Doutor Nuno Carolino

Ano de conclusão: 2020

Designação da Licenciatura: Licenciatura Agronómica

DECLARO O CUMPRIMENTO ÍNTEGRO DA PROTEÇÃO DE DADOS, DAS PRÁTICAS DE REVISÃO BIBLIOGRÁFICA E DA RESPONSABILIDADE DO TEXTO APRESENTADO NO TRABALHO DE CONCLUSÃO DE CURSO.

Ponte de Lima, 30 de Novembro 2020

Assinatura 

Índice

Índice de Figuras i
Índice de quadros ii
Resumo iii
Abstrat v
Agradecimentos vii
Lista de abreviaturas e siglas viii
1. Introdução 1
1. Revisão Bibliográfica 3
1.1. Raça Barrosã 3
1.1.1. Origem, história e evolução 3
1.1.2. Características da raça Barrosã 5
1.1.3. Sistema de Produção 8
1.1.4. Livro genológico / programa de melhoramento 9
1.2. Caracterização Genética 9
1.2.1. Caracterização Genética por Análise Demográfica 11
1.2.2. Parâmetros/Indicadores Demográficos 11
1.2.3. Software Disponível 12
1.2.3.1. ENDOG (Gutierrez) 12
1.2.3.2. PEDIG (Boichard) 12
1.2.3.3. *Software* para a Gestão de Recursos Genéticos Animais Programa – Fonte Boa .. 14
2. Materiais e Métodos 17
2.1. Dados Disponíveis 17
2.2. Metodologia de Análise 18
3. Resultados e Discussão 23
4. Considerações Finais 59
5. Referências Bibliográficas 63

Índice de Figuras

Figura 3.1 - Número de fêmeas reprodutoras presentes por ano 24
Figura 3.2 - Número de animais puros nascidos por ano 25
Figura 3.3 -Número de animais puros nascidos por ano e por sexo 26
Figura 3.4 -Número de explorações ativas por ano 26
Figura 3.5 -Número de machos reprodutores presentes por ano 27
Figura 3.6 - Número de fêmeas reprodutoras por touro ao longo dos anos 27
Figura 3.7 - Distribuição geográfica dos animais nascidos entre 2010 e 2014 30
Figura 3. 8 - Distribuição geográfica dos animais nascidos entre 2015 e 2019 31
Figura 3.9 - Número médio de animais nascidos por exploração*ano segundo o concelho (Animais nascidos entre 2010 e 2014) 32
Figura 3.10 - Número médio de animais nascidos por exploração*ano (Animais nascidos entre 2015 e 2019) 33
Figura 3.11 - Número de explorações e animais nascidos segundo a dimensão da exploração (Animais nascidos desde entre 2010 e 2014) 34
Figura 3.12 - Número de explorações e animais nascidos segundo a dimensão da exploração (Animais nascidos entre 2015 e 2019) 35
Figura 3.13 - Número de vacas e de animais nascidos puros por exploração e por ano 36
Figura 3.14 - Distribuição mensal dos partos por período 37
Figura 3.15 - Distribuição mensal dos partos 37
Figura 3.16 - Distribuição mensal dos partos 38
Figura 3.17 - Nível de preenchimento das Genealogias (%) 40
Figura 3.18 - Evolução da percentagem de progenitores conhecidos 40
Figura 3.19 - Evolução do número médio de gerações conhecidas 41
Figura 3.20 -Distribuição da idade das fêmeas ao parto 42
Figura 3.21 - Distribuição da idade das fêmeas ao parto 42
Figura 3.22 - Distribuição da idade dos touros ao nascimento dos filhos 43
Figura 3.23 - Distribuição do número de fêmeas reprodutoras segundo o nº de descendentes 44
Figura 3.24 - Distribuição do número de fêmeas reprodutoras segundo o nº de descendentes 45

Figura 3.25 - Distribuição do número de touros reprodutores segundo o nº de descendentes 46
Figura 3.26 - Evolução da consanguinidade e do número de gerações conhecidas 48
Figura 3.27 - Evolução da percentagem de animais nascidos consanguíneos..... 49
Figura 3.28 - Intervalos de gerações (L) para as 4 vias de selecção, no período 2010-2019 49
Figura 3.29 - Evolução do parentesco médio (AR) e da percentagem de animais consanguíneos..... 51
Figura 3.30 - Evolução e estimativa do acréscimo anual da consanguinidade..... 52
Figura 3.31 - Tamanho Efetivo da População (Ne) e Taxa de Consanguinidade (ΔF) .. 53
Figura 3.32 - Contribuição genética de Fundadores para a população em estudo 55
Figura 3.33 - Contribuição genética de Ascendentes para a população em estudo..... 56
Figura 3.34 - Evolução do diferencial no número efetivo de Fundadores e de Ascendentes 57
Figura 3.35 - Contribuição genética de Ascendentes e Fundadores para população em estudo (animais nascidos entre 2010-2014 e 2015-2016) 57
Figura 3.36 - Evolução do Índice de conservação genética (GCI)..... 58

Índice de quadros

Quadro 1 – Características morfológicas, padrão da raça Barrosã..... 6
Quadro 2 – Características produtivas da raça barrosã..... 7

Resumo

A raça Barrosã é um dos ícones das raças bovinas autóctones portuguesas, com certificação "Carne Barrosã – DOP", que a preserva, a potencializa e desenvolve no contexto cultural, social e económico.

O registo de animais nos livros genealógicos, acompanhados pelos registos zootécnicos, é fundamental para as ações de conservação, melhoramento e promoção de uma raça. Uma população pode ser estudada através de registos genealógicos e demográficos, de forma a descrever a sua estrutura, variabilidade genética e evolutiva. A análise de parâmetros obtidos a partir da base de dados do Livro Genealógico, podem traduzir a situação ancestral, atual e evolutiva do individuo ou da população em estudo.

O estudo foi realizado a partir de registos da raça Barrosã, da Associação de Criadores de Bovinos de Raça Barrosã (AMIBA) obtidos entre os anos 1980 e 2019, correspondentes a 220836 registos, dos quais 207720 animais puros, provenientes de 15914 criadores.

O efetivo reprodutor é atualmente constituído por 8000 fêmeas adultas, das quais, aproximadamente 7500 mantêm-se em linha puras e cerca de 300 machos, distribuídos por cerca de 900 criadores ativos. Esta raça não apresenta sazonalidade reprodutiva, revelando uma longevidade produtiva elevada.

As estimativas da consanguinidade são baixas, verificando-se valores acima dos 5%, com um decréscimo do número de animais nascidos não consanguíneos ao longo dos anos. Recomenda-se aumentar a diversificação de machos reprodutores e evitar o número excessivo de descendentes por macho. O tamanho efetivo da população é reduzido (nos últimos 10 anos foi de 26,19).

Registou-se uma evolução positiva na monitorização da raça bovina Barrosã, particularmente no controle das parições, registos de nascimentos e das respetivas genealogias dos animais. A obtenção de informação genealógica disponível mais completa foi essencial para a determinação de indicadores demográficos, sendo importantíssimo prosseguir o controlo das genealogias de todos os animais a inscrever no Livro de Adultos e, dentro do possível, a respetiva confirmação por análise de ADN.

Palavras-chaves: *Caracterização genética; Barrosã; Variabilidade genética; Parâmetros evolutivos; População; Consanguinidade*

Abstrat

The Barrosã breed is one of the most iconic Portuguese native bovine breeds, which is certificated as "Carne Barrosã - DOP", besides preserving, enhancing and developing the cultural, social and economic areas.

The registration of animals in genealogical books, accompanied by zootechnical records, is fundamental for the actions of conservation, improvement and promotion of a breed. A population can be studied through genealogical and demographic records, describing its structure, genetic and evolutionary variability. The analysis of parameters obtained from the database of the Genealogical Book, can reflect the ancestral, current and evolutionary situation of an individual or a population.

The study is based on records of the Barrosã breed, from the Associação de Criadores de Bovinos de Raça Barrosã (AMIBA) obtained between the years from 1980 to 2019, corresponding to 220836 records, of which 207720 were pure animals, from 15914 breeders.

The breeding stock is currently made up of 8000 adult females, of which approximately 7500 are kept purebred and about 300 males, distributed by around 900 active breeders. This breed doesn't represent reproductive seasonality, revealing a high productive longevity.

Inbreeding estimates are low, with values above 5%, with a decrease in the number of animals born non-consanguineous over the years. It's recommended to increase the diversity of breeding males and avoid the excessive number of descendants per male. The effective size of the population is small (in the last 10 years it was 26,19).

The monitoring of the Barrosã bovine breed had a positive evolution, particularly in the control of calving, birth records and the respective genealogies of the animals. The data gathering of more genealogical information was essential for the determination of demographic indicators, being extremely important to continue the control of the genealogies of all animals to be entered in the Book of Adults and, whenever possible, the respective confirmation by DNA analysis.

Keywords: *genetic description;Barrosã; genetic variability; evolutionary parameters; Population; Consanguinity;*

Agradecimentos

Chegada ao fim de mais uma etapa deste longo percurso que é a Vida, não posso deixar de agradecer todos aqueles que me foram rodeando e que, de uma maneira ou de outra, me estimularam, apoiaram, proporcionaram situações enriquecedoras e os que manifestaram a sua amizade e confiança. A todos deixo o meu agradecimento geral. A ordem pela qual se seguem os agradecimentos mais não exprime do que a impossibilidade prática de pôr todos em primeiro lugar.

Começo por agradecer à minha família, em especial aos meus pais, irmão e namorada, que sempre me respeitaram, incentivaram, e me ajudaram no meu percurso académico.

À Professora Doutora Laura Soares, por tudo o trabalho desempenhado, pela sua amizade, pela sua prontidão que sempre manifestou na resolução de alguns problemas.

Ao Professor Doutor Nuno Carolino, quero agradecer a oportunidade única de se prontificar e ser o orientador externo deste estágio. Agradecer também a confiança que depositou em mim. De salientar a sua personalidade única, o seu espírito crítico e a sua simplicidade. A sua supervisão e orientação foram fundamentais. Muito obrigado!

Ao Professor Doutor José Pedro Araújo, por ter aceite responsabilizar-se como orientador interno, pelas sugestões, perfeccionismo e pela revisão crítica do manuscrito.

Aos meus colegas, e a todos os docentes do curso por quem eu tenho grande estima. Quero agradecer todos os momentos passados, o companheirismo, a disponibilidade e a amizade. Obrigado!

Às instituições, aos colaboradores e aos criadores que fizeram parte integrante do estudo, em especial, à AMIBA, o meu obrigado.

Lista de abreviaturas e siglas

aij – grau de parentesco;

AMIBA – Associação dos Criadores de Bovinos de raça Barrosã;

DOP – Dominação de Origem Protegida;

fa – efectivo ascendente;

fe – efectivo fundador;

Fi – consanguinidade individual;

L – intervalo de gerações;

LG – Livro Genológico;

LN – Livro de Nascimentos;

ni – nº de gerações conhecidas;

PCMGA – Programa de conservação e melhoramento genético animal;

pk – contribuições genéticas de ascendentes ;

qk – contribuições genéticas de fundadores;

RGAn – Recursos genéticos animais;

UE – União Europeia.

1. Introdução

A raça Barrosã é considerada uma das 15 raças bovinas autóctones reconhecidas oficialmente em Portugal.

Os primeiros estudos e as primeiras descrições da raça Barrosã remontam ao ano de 1862 (Lima, 1862). O Livro Genealógico desta raça foi criado em 1981, contribuindo assim para a conservação e melhoramento, para estudos do acompanhamento das populações, dos registos das características produtivas e por conseguinte, para o aumento do seu valor económico.

Uma população poderá ser estudada através de indicadores e parâmetros demográficos. Esta prevê tratar e analisar parâmetros produtivos, reprodutivos e genealógicos, de forma a descrever a sua estrutura, variabilidade genética e evolutiva.

A variabilidade genética de uma população pode ser estudada através da análise de dados genealógicos, da estimação de parâmetros genéticos de caracteres produtivos. Esta também pode ser estudada através da observação dos marcadores moleculares.

A análise demográfica permite descrever a estrutura e a dinâmica de uma população, considerando-a num grupo de indivíduos em permanente renovação, tendo em conta o seu pool de genes. Deste modo, a análise das genealogias é uma metodologia fundamental para a caracterização de populações, já que permite avaliar a variabilidade genética existente, e a sua evolução ao longo das gerações (Carolino e Gama, 2011).A caracterização genética por análise demográfica do efetivo bovino Barrosão foi elaborada na Unidade Estratégica de Investigação e Serviços de Biotecnologia e Recursos Genéticos - Estacão Zootécnica Nacional do Instituto Nacional de Investigação Agrária e Veterinária, I.P., a partir da informação disponível no Livro Genealógico da raça bovina Barrosã. Foram usados registos de nascimentos e genealogias, e 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);
- Índice de conservação genética (GCI);
- Parentesco médio (AR);
- Contribuições genéticas de fundadores (qk) e ascendentes (pk);
- Número efetivo de fundadores (f_e);
- Número efetivo de ascendentes (f_a).

1. Revisão Bibliográfica

1.1. Raça Barrosã

A raça Barrosã é uma das 15 raças reconhecidas oficialmente da espécie bovina autóctone em Portugal. Raça rústica e com dupla aptidão, é hoje reconhecida pela sua denominação de origem protegida "carnes Barrosã- DOP".

A raça Barrosã situa-se atualmente na zona do planalto da Serra do Barroso (sola da raça e local proveniente da sua denominação), abrangendo os concelhos de Montalegre, Boticas, Vieira do Minho (freguesias de Campos e Ruivães) e Cabeceiras de Basto (freguesia de Gondiães). Esta região não reúne condições agroclimáticas, nem geomorfológicas que permitam grandes explorações agrícolas. Assim esta raça contribui para valores sociais, culturais, económico e ecológicos fundamentais, ressalvando um património vivo ao longo dos tempos, na criação destes animais (Garcia *et al.,* 1981).

No início de 2020, a raça bovina Barrosã tinha um efetivo de aproximadamente 9000 fêmeas reprodutoras, com cerca de 7500 inscritas como reprodutoras inscritas no Livro Genealógico (LG), 6771 das quais mantidas em linha pura e distribuídas por 1856 criadores.

1.1.1. Origem, história e evolução

A primeira descrição da raça barrosã foi feita por Silvestre Bernardo Lima em 1862. Este autor reconheceu como solar da raça Barrosã "o país conhecido de há muito tempo pelo nome de Barroso", acrescentando ainda que estes animais se difundiram pela Galiza confinante com o Barroso, pela Serra do Gerês, essencialmente na sua vertente Sul, e pelo Minho (Lima, 1862).

A raça barrosã também chegou ao Douro Litoral. Estes bovinos eram igualmente conhecidos por maianos, por estarem presentes em casas de lavoura da Maia, recebendo no Minho o nome de piscos (Garcia *et al.,* 1891). Hoje em dia, esta raça encontra-se dispersa um pouco por todo o país (DGAV, 2013).

No século XIX a raça estava sobre dois regimes de exploração distintos. No Barroso (solar da raça) a criação destes animais orientava-se para a comercialização de animais jovens. No Minho, principal e primeiro mercado destes animais, utilizavam-se as suas

potencialidades para o trabalho, na produção de carne e, com menor expressão para a produção de leite.

Ao logo do século XIX, a raça ofereceu um importante contributo económico para as regiões e para o comércio de exportação. Após a venda dos animais para as zonas Minhotas, estes animais após vários anos de trabalho nas explorações agrícolas na região, ainda contribuíam como uma fonte de rendimento muito alto, aquando vendidos para o cais do Porto, para serem comercializados, nos mercados nacionais e de exportação, vinculando-se com a Inglaterra sob a designação de *Portuguese beef* (Faria, 2007).

Entre 1847 e 1860, o mercado da Inglaterra importava 30.000 bovinos de raça barrosã por ano. Esta procura de carnes de grande qualidade também se sentiu a Norte de Portugal e no trajeto entre o Porto e Lisboa (Faria, 2007).

O declínio da raça sentiu-se com o surgimento de carnes provenientes da América latina e da Austrália que abasteceram o mercado da Inglaterra. No Barroso a partir de 1939, o declínio da Raça Barrosã também se verificou com a introdução da cultura da batata de semente, reduzindo as áreas de pastoreio, e também com a competição do surgimento de outras raças como a Maronesa e a Mirandesa, animais com maior aptidão para o trabalho (Faria, 2007).

O gado barrosão, apesar de ser utilizado como animal de tração, era nesse aspeto muito inferior à raça Maronesa, "animal de unha mais rija" e que resistia melhor aos "trabalhos penosos" (Pizzaro, 1916).

Assim, começaram a surgir cruzamentos com outras raças autóctones, sobretudo com a raça Mirandesa (na ótica de obter animais mais corpulentos e com um maior rendimento de carcaça), o que levou ao aparecimento de uma elevada percentagem de animais cruzados, melindrando desta forma a raça Barrosã.

A mecanização dos trabalhos agrícolas, a substituição de outros bovinos com outras aptidões, como a aptidão leiteira, e raças mais corpulentas, como a raça Minhota ou Galega, assim como a florestação intensiva do território, a instalação de barragens, a emigração e envelhecimento da população foram também outros factores que contribuíram para a regressão da raça Barrosã (Faria, 2007).

Diversas referências bibliográficas indicam que, no passado, a raça Barrosã foi bastante numerosa em Portugal. Diversos fatores relacionados com a evolução da Agricultura e novas estratégias para o sector, estiveram na base na recessão do seu efetivo.

Com o objetivo de travar a redução do efetivo Barrosão, no início da década de 80 do seculo XX foi criado o Libro Genealógico da raça Barrosã que, para além de promover a preservação da raça, tem sido fundamental para o estudo e conhecimento da mesma.

Segundo os critérios utilizados pela União Europeia (Regulamento da CE Nº 445/2002) para definir o estatuto de risco de raças, a Barrosã, como menos de 7500 fêmeas exploradas em linha pura, foi classificada como "em risco de abandono". Em 2008, segundo a Portaria n.º 618/2008 que aprovou a Regulamentação da Acção n.º 2.2.3 «Conservação e Melhoramento de Recursos Genéticos» do PRODER, viria a ser considerada como "em rico – grau 4".

Em 2013, a raça barrosã encontrava-se classificada pela União Europeia (UE) como raça em vias de extinção, ou seja, com menos de 7.500 fêmeas reprodutivas (DGAV, 2013).

1.1.2. Características da raça Barrosã

1.1.2.1 Morfologia

A raça Barrosã é caracterizada pela sua rusticidade, pelo terço anterior bem desenvolvido, e pelo seu temperamento, conferindo-lhe uma boa aptidão para o trabalho, bem como para superar todas as conduções demográficas.

A armação córnea, que também lhe confere especificidade á raça, o terço anterior mais escuro nos machos, a pelagem castanho-claro (tendendo para a cor de palha ou acerejado), e a cor mais clara na região das pálpebras, orla envolvente do focinho, face interna dos membros e região mamária são outras características morfológicas que se ressalvam na primeira abordagem com estes animais (Monteiro *et al*., 2005).

Quadro 1 – Características morfológicas, padrão da raça Barrosã **(**Garcia, 2000)

Regiões	Características
Cabeça:	• Curta e larga, encimada por forte armação córnea em lira; • Fronte quadrada, deprimida ao centro com região orbitária bastante saliente; • Chanfro direito, arredondado e pouco saliente, boca larga, de lábio superior desenvolvido; • Focinho largo, um pouco grosso e arrebitado, de cor negra. Possui orla clara. Conjunto ocular saliente, pestanas e abertura palpebral escuras; • Orelhas médias, rodeadas de pêlos geralmente escuros e no interior compridos; • Comprimento e espessura dos cornos bem desenvolvidos, de cor branco-sujo e pontas escuras .
Pescoço:	• Curto, bem ligado à cabeça e à espádua. Barbela muito desenvolvida;
Tronco	• Cernelha larga e pouco saliente, costado bem arqueado, peito largo e descido; • Região dorso-lombar larga e horizontal, de comprimento médio, bem ligada à garupa, sendo esta horizontal, larga e comprida, com boa largura isquiática; • Nádegas sub-convexas, descidas e largas; • Coxas bem musculadas e regularmente largas; • Cauda com inserção média, terminada por regular borla de pêlos escuros.
Úbere	• Pouco desenvolvido, revestido por pêlos mais claros espessos e compridos;
Membros	• Bem aprumados pouco ossudos e curtos. Apresentam unhas pequenas, rijas, escuras e arredondadas.
Pele, pêlo e mucosas:	• Pele grossa mas macia, apresentando rugas no pescoço; • Pêlos muito curtos e finos, mais desenvolvidos no pavilhão

auricular e na borla da cauda;

- Mucosas escuras.

1.1.2.2. Características produtivas

Devido à sua dupla aptidão, a raça Barrosã é explorada para aptidão carne e para trabalho, sendo esta última com reduzida expressão.

Fruto dos programas e dos instrumentos de indicadores geográficos, a carne destes animais é hoje comercializada como "Carne Barrosã – DOP", produto com Denominação de Origem Protegida (DOP). Assim a produção de carne, actualmente é a aptidão com maior futuro, devido a essa certificação, sendo a sua qualidade da reconhecida (Alfaia et al., 2007, Costa et al., 2006, 2011).

A raça autóctone Barrosã não representa nos dias de hoje um papel de grande importância económica, referente a produção de leite e de produtos lácteos, essa produção serve apenas para alimentação das crias (Monteiro *et al*., 2005).

Quadro 2 – Características produtivas da raça barrosã

	Peso (kg) / Idade (meses)
Peso médio ao nascimento (kg)	26,58
Idade normal de abate (meses)	6 a 8
Peso de abate (kg)	184 (machos)
	169 (fêmeas)
Peso de carcaça aos 207 dias	94 (machos)
Peso de carcaças aos 211 dias	85 (fêmeas)

Fonte: Garcia, 2000

1. 1.2.3. Características reprodutivas

Atendendo ao seu sistema de produção a raça Barrosã, são utilizados dois métodos de cobrição: cobrição natural (o mais utilizado) e de inseminação artificial (que garante uma maior diversidade genética e de conservação da raça). De grande longevidade reprodutiva, esta raça apresenta uma média superior a 7 anos, levando a uma reduzida taxa de substituição (Monteiro *et al.*, 2005).

Fatores ambientais, a disponibilidade dos alimentos e a qualidade dos mesmos interferem indiretamente com os programas e com os comportamentos reprodutivo, no intervalo entre partos, na puberdade, na idade ao primeiro parto, entre outros factores.

Regra geral, não apresenta partos distócicos, e o intervalo entre partos ronda os 420 dias. As vitelas desta raça atingem a puberdade antes dos 16 meses, quando garantidas todas as necessidades alimentares. Em média, a primeira cobrição ocorre entre os 15 e os 18 meses de idade, sucedendo o primeiro parto entre os 24 e os 36 meses. No que se refere aos touros, entram em reprodução aos 18 meses. De uma maneira geral esta raça possui bons parâmetros reprodutivos, podendo estes ser melhorados e optimizados durantes as várias fase de produção (Monteiro *et al.,* 2005).

1.1.2.4. Aptidão e uso da raça

A raça Barrosã era utilizada nas três aptidões: no trabalho, na produção de carne e no aproveitamento do leite sobrante da amamentação ou após a ablactação, ou seja depois do desmame (Garcia et al., 1981).

Apesar das modestas quantidades de leite das vacas barrosãs, antigamente, o seu interesse e importância económica nunca foram desprezados (Pereira, 2016).

Esta raça ainda esta retratadas ao longo do tempo pelo trabalho de tradição, tanto nas lides da lavoura, no povo e nos retractos. A mesma marcou atrações no Porto, nas cargas do cais da Ribeira, junto dos barcos rabelos, ainda hoje retratados e bem patente nos painéis de azulejos da estação de caminhos de ferro de S. Bento, no Porto, e nos desenhos das calçadas nas principais avenidas da mesma cidade. Para além do trabalho, estes animais também contribuíram para a evolução das paisagens, através da fertilização da mesma, despertando novas oportunidades agrícolas (Faria, 2007).

1.1.3. Sistema de Produção

É reconhecida a importância social e económica que o gado bovino assumiu e assume nas populações. Em tempos outrora, eram considerados a "fortuna, a força que puxa o carro e o arado, que dá o leite, o dinheiro e até convívio familiar", sendo enaltecida a sua importância nas clássicas fotografias familiares e em épocas especiais (Guerreiro, 1981).

A raça Barrosã, atualmente, apresenta duas zonas geográficas e dois sistemas distintos de produção. O Minho, região onde predominam os pequenos produtores, caracterizadas

por pequenas áreas, de três a cinco hectares, dispersa e com um efetivo pecuário reduzido a duas ou três cabeças adultas por exploração. No Barroso, onde os produtores possuem em médias 6,5 cabeças adultas, e têm explorações acima dos cinco hectares, também muito dispersas. Fruto do reconhecimento da "Carne Barrosã – DOP", a maioria das explorações dedicam-se à produção de carne (DGAV, 2013)

1.1.4. Livro genológico / programa de melhoramento

A criação do Livro Genealógico da raça Barrosã em 1981 foi fundamental para a certificação dos animais e por conseguinte no aumento do seu valor económico. Atualmente, o seu efetivo populacional tem crescido continuamente, e essa tendência parece estável (Leal, 1998).

Graças aos registos genológicos, resultaram Livros de Nascimento (LN) e de Adultos (LA), é possível controlar a população, estabelecendo bases fundamentais para a sua conservação.

Sugue em 1993 a Associação dos Criadores de Bovinos de Raça Barrosã (AMIBA), e em 1994 o Agrupamento de Produtores de Carne Barrosã, sendo da responsabilidade destas instituições assegurada os registos zootécnicos da raça, a genuinidade e a qualidade dos produtos.

Destacam-se ainda outros passos importantes para a conservação da raça e programas de melhoramento, como o acompanhamento reprodutivo (a escolha de touros reprodutores, e o recurso à inseminação artificial), os incentivos à produção atreves de prémios compensatórios; a promoção e a organização de concursos pecuários da raça (Pereira, 2016).

1.2. Caracterização Genética

A estrutura e a dinâmica de uma população, de geração em geração, ficam sujeitas à influência do meio, da base genética, e também da finalidade e da seleção que o Homem explorou, e ainda explora para suprir as suas necessidades. O processo de seleção animal consiste em aumentar a frequência dos genes favoráveis á expressão do caracter de interesse, escolhendo esse animal como reprodutor, conferindo-lhe á geração seguinte o seu património genético (Gama, 2002). Assim consideram-se dois grandes processos de seleção:

A natural, onde o homem não tem qualquer influência, ou seja a seleção desses animais passa pela adaptação ao meio, hierarquia social e processos naturais de selecção que os tornam favorecidos;

A artificial, onde o homem seleciona os animais para futuros reprodutores, tendo como principio a selecção de características genéticas, morfológicas e comportamentais que servem os seus interesses, passando assim à geração seguintes certos genótipos, levando a alterações nas frequências génicas e genotípicas (Falconer e Mackay, 1996; Gama, 2002).

O estudo da análise demográfica de uma população, tendo como base um grupo de indivíduos, em permanente renovação, tendo em conta os seus genes, sendo crucial à interpretação da sua dinâmica entre gerações (Gutiérrez e Goyache., 2004). Isto permite caracterizá-la e estimar indicadores de "alerta", que conduzem à diminuição da variabilidade genética e a problemas com o aumento da consanguinidade, ao longo das gerações.

Atualmente e por ação do Homem, as ameaças são evidentes a nível dos recursos genéticos. As práticas de selecção, os acasalamentos indiscriminados nas populações e entre raças têm provocado a desintegração, e a diminuição das raças autóctones, bem como o aumento do grau de consanguinidade das populações, ameaçando a diversidade genética (FAO, 2007).

Os programas de conservação assentam na caracterização genética, fenotípica e demográfica, prevendo uma utilização sustentável dos recursos genéticos (Carolino *et al.*, 2004).

Segundo o relatório Nacional sobre a Situação dos Recursos Genéticos Animais em Portugal do ano 2004 (Gama *et al*., 2004), a raça Barrosã, apresentava-se em risco de extinção segundo o regulamento CE nº445/2002. Assim, a necessidade da preservação dos recursos genéticos animais (RGAn), são evidentes em toda a parte do mundo. Tanto pela relação social, interesse económico, pela cultural de um pais e pela relação entre o equilíbrio da biodiversidade e dos ecossistemas (Carolino e Espadinha, 2008; Silva *et al*., 2008).

A variabilidade genética apresenta dois tipos de abordagens nas estratégias de conservação genética: a variabilidade genética inter-racial (diversidade entre raças) e a

intra-racial (diversidade dentro da mesma raça). Desta forma é possível estudar a variabilidade genética de uma população através de marcadores moleculares, da estimativa de indicadores genéticos e também por análise de dados genealógicos (Carolino e Espadinha, 2008; Silva *et al.*, 2008).

A caracterização genética de uma população, por norma é estudada por marcadores moleculares, por ser de identificação fácil e económica, permitindo uma análise à variabilidade genética, pelo mapa genómico, permitindo ainda uma pesquisa de doenças hereditárias (FAO, 2007; Schlotterer, 2004; Silva *et al.*, 2008). A análise demográfica, por sua vez, permite descrever a dinâmica de uma população e consequentemente a variabilidade genética e evolutiva. Esta avalia a população ao longo de um continuo de tempo entre gerações anteriores, a quando registados dados que o permitam, tornando-a numa ferramenta promissora do estudo da variabilidade genética (Carolino e Espadinha, 2008; Carolino e Gama, 2011).

1.2.1. Caracterização Genética por Análise Demográfica

A caracterização genética por análise demográfica está prevista no Programa de Conservação e Melhoramento Genético Animal (PCMGA) e tem como objetivo o estudo genético de uma população em causa, através de indicadores e parâmetros demográficos. Esta prevê tratar e analisar parâmetros produtivos, reprodutivos e genealógicos (Ministério da Agricultura, Mar, Ambiente e Ordenamento do Território; DGV, 2012), descrevendo a sua estrutura, considerando um número de indivíduos em renovação, retratando a sua variabilidade genética e evolutiva.

1.2.2. Parâmetros/Indicadores Demográficos

Para realizar uma análise demográfica são necessários determinados parâmetros demográficos, que após a sua estimativa e análise, reúnem informação necessárias para o estudo da população. Deste modo os parâmetros são obtidos a partir da base de dados de uma associação (no caso especifico, fornecidos pela AMIBA), com os registos zootécnicos da raça, que quado trabalhados por programas informáticos direcionados para o de estudo, é possível determinar:

- A evolução dos registos no Livro Genealógico;
- Dimensão dos efectivos;
- Intervalo de gerações (L);

- Grau de preenchimento das genealogias;
- Número de gerações conhecidas (ni);
- Consanguinidade individual (Fi);
- Grau de parentesco (aij);
- Acréscimo de consanguinidade por ano (Δ F/ano);
- Acréscimo de consanguinidade por geração (Δ F/geração);
- Tamanho efetivo da população;
- Contribuições genéticas de fundadores (qk) e ascendentes (pk);
- Número efetivo de fundadores (fe);
- Número efetivo de ascendentes (fa);

Assim, cada parâmetro é obtido, calculado e interpretado de forma diferente, conferindo-lhe informações para a análise da população.

1.2.3. Software Disponível

Para este tipo de estudo são necessárias ferramentas de análise onde se possam inserir dados e valores informativos da população em estudo, para que posteriormente se analise e se possam apresentar e interpretar os respetivos resultados e conclusões do estudo. São usados *softwares* com algoritmos direccionados para a análise de parâmetros e indicadores demográficos, referindo-se os seguintes.

1.2.3.1. ENDOG (Gutierrez)

ENDOG é um programa informático desenvolvido por Gutierrez e Goyache (2004), que permite analisar variadas informações genéticas e demográficas. A linguagem utilizada no programa é VisualBasicTM, sendo executado sob versões do Windows a partir de 95.

Este programa permite analisar parâmetros como endogamia individual, média de coeficientes de parentesco, tamanho do efetivo, número do efetivo de fundadores e ascendentes, estatísticas e distâncias genéticas, importância genética dos efetivos e intervalos de geração (Gutiérrez e Goyache, 2004).

1.2.3.2. PEDIG (Boichard)

Boichard desenvolveu um *software* específico para a análise de grandes populações. Este é constituído por um conjunto de aplicações/programas escritos em Fortran que

permitem, além dos cálculos de parâmetros genéticos, caracterizar as informações do pedigree (Boichard, 2007). Os seguintes programas calculam:

ngen.f - a média dos antepassados conhecidos, a percentagem dos antepassados conhecidos por geração e o número equivalente completo das gerações encontradas, sendo que estas informações são obtidas com dados de entrada como o sexo e o ano de nascimento e apenas para animais em que pelo menos seja conhecido o pai ou a mãe.

intgen.f - os intervalos de geração através do sexo e do ano de nascimento.

intged.f - os intervalos de geração em dias, através do sexo e do ano de nascimento.

Para o cálculo dos coeficientes de consanguinidade este autor criou dois programas diferentes, que se distinguem pelo método em que se baseiam.

meuw.f - o coeficiente de consanguinidade a partir do fator Cholesky da matriz de parentesco. Método rápido para pedigrees que não ultrapassam 15 gerações.

vanrad.f - o coeficiente de consanguinidade, no entanto com base no método tabular. Embora este se torne mais lento que o anterior, pode ser mais flexível.

grain.f determina os ancestrais e a consanguinidade ancestral e parcial por simulação.

prob_orig.f calcula a probabilidade da origem do gene para um população considerada como referência (grupo de indivíduos definidos de acordo com o sexo e período de nascimento). Deste modo, é possível determinar o número de fundadores, combinando em conjunto estas probabilidades. Permite ainda detetar os ascendentes com maior contribuição marginal. E fornece um registo de saída que pode ser usado como registo de entrada no *grain.f.*

segreg.f simula a segregação de alelos fundadores na população, estima as frequências dos genes fundadores e combina estas frequências para estimar o número efetivo de genomas remanescentes na população de referência.

etr.f permite conhecer a evolução das contribuições da raça original, desde que se tenha conhecimento da origem dos fundadores. Caso esta não seja conhecida, os valores padrão podem ser obtidos pelo sexo e ano de nascimento. Se mesmo assim, esta informação não for conhecida, assume-se que é o número um na origem da população.

par3.f e *parente.f* são programas que, embora o algoritmo de cada um seja diferente, ambos computam a matriz de parentesco completa de um ou dois grupos de indivíduos. No entanto *part3.f* não apresenta qualquer limitação e daí estar recomendado para grandes aplicações.

par2.f calcula a relação média entre um conjunto de indivíduos por um lado, e um grupo de referência por outro.

par.f calcula o nível médio de relacionamento numa grande população (Boichard, 2007).

1.2.3.3. *Software* para a Gestão de Recursos Genéticos Animais Programa – Fonte Boa

Recentemente foram desenvolvidas aplicações informáticas no então Departamento de Genética e Melhoramento Animal. Estas aplicações têm como principal objetivo auxiliar nos estudos demográficos de populações ou simplesmente como complementos a outros tipos de *software*.

O *software*, desenvolvido por Carolino e Gama (2002) é executado sem problemas em sistemas operativos Windows, utilizando como base Clipper/MS-DOS com recurso a ficheiros DBF. Este *software* disponibiliza as seguintes aplicações:

Renumera

Esta aplicação valida e codifica a identificação dos animais incluídos num ficheiro de pedigrees. Por vezes estes ficheiros contêm determinados erros que posteriormente, comprometem os cálculos e por sua vez a informação obtida. É neste sentido que esta aplicação vai atuar, na medida em que corrige ou identifica erros cometidos na construção destes ficheiros, sendo que os mais frequentes são, animais repetidos, animais que aparecem como pais e mães em diferentes registos, animais que aparecem como progenitores sem estarem como indivíduos, incompatibilidades entre datas de nascimento pai/filho ou mãe/filho.

Consang

Estima os coeficientes de consanguinidade dos indivíduos da população em estudo, através do método tabular (método eficaz em pedigrees complexos).

Este método ordena todos os indivíduos por data de nascimento de modo a que no processo de cálculo os filhos apareçam sempre depois dos pais. O que pode originar problemas, se por algum motivo não se tiver conhecimento de uma data de nascimento. O que no entanto pode ser contornado utilizando a aplicação *renumera*.

Parent

Esta aplicação estima os coeficientes de parentesco entre todos os indivíduos da população em estudo. Para isso, utiliza o ficheiro *renumera* para a introdução dos dados e o método tabular para o cálculo dos coeficientes de parentesco. Torna-se no entanto numa aplicação mais exigente computacionalmente devido ao seu algoritmo.

Genefund

Calcula o número do efetivo de fundadores da população em estudo.

Qualquer animal que tenha a data de nascimento desconhecida será excluído da população em estudo, bem como animais que não tenham os pais conhecidos. Após a análise da aplicação aparece no ecrã a informação detalhada da população:

- População em estudo;
- Número de fundadores conhecidos;
- Número de fundadores desconhecidos;
- Número de animais da população em estudo;
- Número de animais eliminados da população em estudo;
- Número efetivo de fundadores.

É também possível visualizar o valor da contribuição de cada fundador para a população em estudo.

Geneasce

Esta aplicação calcula o número efetivo de ascendentes da população em estudo. À semelhança da aplicação *genefund*, também exclui animais com datas de nascimento e pais desconhecidos. De igual modo, também aparece a seguinte informação detalhada:

- População em estudo;
- Número de ascendentes conhecidos;
- Número de ascendentes desconhecidos;
- Número de animais da população em estudo;
- Número de animais eliminados da população em estudo;
- Número efetivo de ascendentes.

E é possível visualizar o valor da contribuição marginal de cada ascendente para a população.

Genealog

Esta aplicação calcula o grau de preenchimento das genealogias (até aos bisavós) da população. Os resultados serão apresentados em valores numéricos e em percentagem de ascendentes conhecidos.

Geracao

Esta aplicação permite calcular o número de gerações conhecidas por indivíduo. Se também se pretender, a partir de determinadas opções e juntamente com o ano de nascimento do indivíduo e número de gerações conhecidas, é possível construir um gráfico que revela a evolução ao longo dos anos do número de gerações conhecidas (Carolino e Gama, 2002).

2. Materiais e Métodos

2.1. Dados Disponíveis

O presente estudo foi realizado a partir dos registos de animais disponíveis na Associação de Criadores de Bovinos de Raça Barrosã (AMIBA) recolhidos entre os anos 1980 e 2019. Nomeadamente, 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 (ni);Consanguinidade individual (Fi);Acréscimo da consanguinidade por ano (ΔF/ano) e por geração (ΔF/geração); Tamanho efectivo da população (Ne); Contribuições genéticas de fundadores (qk) e ascendentes (pk); Número efectivo de fundadores (fe); Número efectivo de ascendentes (fa).

O número total de registos foi de 220836 animais, dos quais 207720 animais puros, provenientes de 15914 criadores.

Os dados encontram-se numa plataforma informática da Associação de Criadores de Bovinos de Raça Barrosã, que tem por base o programa *ruralbit*. Esta aplicação funciona "online" e foi desenvolvida de raiz para a gestão de Livros Genealógicos e apoio aos programas de conservação e melhoramento, permitindo acessos quer pelos técnicos quer pelos criadores. Os dados provenientes desta aplicação podem ser exportados em diversos tipos de formato. Para este trabalho, os dados foram inicialmente convertidos em ficheiros Txt e, posteriormente, foram construídos ficheiros DBASE para serem submetidos a análise, quer pelo programa FONTE BOA, quer pelo programa *endog*. No entanto, é necessário validar estes dados para que os resultados sejam fidedignos.

Problemas de dados mal inseridos ou repetidos originariam resultados falsos. Deste modo, com as aplicações já mencionadas anteriormente, são feitas validações da idade ao parto, sexo do animal, e data de nascimento, etc.

Determinados parâmetros foram calculados para diferentes intervalos de tempo, para melhor se descrever a evolução da raça Barrosã e, desta forma, avaliar-se a sua situação no passado e em momentos mais recentes.

2.2. Metodologia de Análise

O número de gerações conhecidas (ni) é estimado pela seguinte expressão:

$$(1) \qquad n_i = \frac{n_s + 1}{2} + \frac{n_d + 1}{2}$$

Onde, ns e nd representam o número de gerações conhecidas do pai e da mãe. Caso o pai ou a mãe do indivíduo seja desconhecido, ns e nd tomam o valor "-1". Nos primeiros cálculos de gerações conhecidas, não são conhecidos os progenitores dos fundadores e deste modo ni=0.

O coeficiente de consanguinidade individual (Fi) representa a probabilidade de dois alelos no mesmo locus serem iguais por descendência. Sendo (i e j) dois indivíduos, o grau de parentesco (aij) é o dobro da probabilidade de um alelo retirado ao acaso de um determinado locus do indivíduo i e um alelo retirado ao acaso de um determinado locus do indivíduo j, serem iguais por descendência. Ambos estes parâmetros podem ser estimados pelo método tabular,

$$(2) \qquad a_{ij} = \frac{1}{2} \left(a_{i.\ Pai\ de\ j} + a_{i.\ Mãe\ de\ j} \right)$$

$$(3) \qquad a_{ij} = a_{ji}$$

$$(4) \qquad a_{ii} = 1 + F_i$$

$$(5) \qquad F_i = \frac{1}{2} a_{(Pai\ de\ i\ .\ Mãe\ de\ i)}$$

O acréscimo anual da consanguinidade (ΔF/ano) pode ser estimado por regressão do coeficiente de consanguinidade individual (Fi) no ano de nascimento e utilizando, por exemplo, o programa SAS e o modelo linear Fij = b0 + b1anoi + eij, onde:

- Fij – Consanguinidade individual do indivíduo j nascido no ano i;
- b0 – a interceção;
- b1 – coeficiente de regressão linear da consanguinidade individual no ano de nascimento;
- eij – erro associado com a observação ij.

Associado ao acréscimo anual da consanguinidade é possível determinar o acréscimo da consanguinidade por geração (ΔF/geração). Basta para isso multiplicar (ΔF/ano)*L, sendo que L representa o intervalo de gerações médio e corresponde à idade média dos pais quando nascem os filhos que os vão substituir.

$$(6) \quad L = \frac{L_{PT} + L_{PV} + L_{MT} + L_{MV}}{4}$$

Onde:

- LPT – Intervalo de gerações de Pais de Touros;
- LPV – Intervalo de gerações de Pais de Vacas;
- LMT – Intervalo de gerações de Mães de Touros;
- LMV – Intervalo de gerações de Mães de Vacas.

O tamanho efetivo de uma população (Ne), pode ser 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 (ausência de seleção, igual número de machos e fêmeas, acasalamentos aleatórios, etc.), sendo calculado por:

$$(7) \quad N_e = \frac{1}{2\,(\Delta F/geração)}$$

O número efetivo de fundadores (fe), ascendentes (fa), contribuições genéticas de fundadores (qk) e de ascendentes (pk) podem ser determinados através de metodologias, que assentam segundo um raciocínio, em que um alelo tem igual probabilidade (50%) de ter origem no pai ou na mãe, tem de igual forma 25% de probabilidade de receber um alelo de cada um dos avós, 12,5% de probabilidade de cada um dos bisavós e assim sucessivamente. Portanto, é possível para qualquer animal, tendo por base os fundadores existentes na sua ascendência, calcular a probabilidade de origem dos seus genes, ou a contribuição genética que um indivíduo (ou grupo de indivíduos) recebeu de um fundador.

As contribuições dos animais fundadores para a população são sempre calculadas do indivíduo mais novo (não fundador) para o mais velho, em que um indivíduo que não tenha descendentes contribui com 1 para a população. Posteriormente é contabilizada a contribuição que os pais deixaram a este indivíduo (½). Por sua vez, a contribuição que

cada progenitor contribui para a população será a já acumulada até ao momento mais a metade da contribuição do indivíduo já processado: Clarificando:

Contribuição do Pai de i = contribuição acumulada do Pai de i (até ao momento) + ½ contribuição do indivíduo i.

Por fim, e aplicando estes cálculos a todos os indivíduos, divide-se a contribuição de cada fundador pelo número total de indivíduos da população. O somatório das contribuições de todos os fundadores evidencia o património genético total da população, sendo por sua vez igual a 1. Da mesma maneira, se cada fundador contribuir de igual forma para a população, o número efetivo de fundadores é igual ao número real de fundadores.

O número efetivo de fundadores (fe), representa o número de fundadores (f) que daria origem à diversidade genética na população,caso todos os fundadores contribuíssem de igual modo, obtido através da equação 8.

$$(8)\quad f_e = \frac{1}{\sum_{k=1}^{f} q_k^2}$$

Onde:

- qk – contribuição proporcional de cada fundador k (sendo um fundador um animal que não se conhece o pai nem a mãe);

Com o mesmo raciocínio utilizado para a contribuição dos fundadores (um indivíduo tem igual probabilidade de receber um alelo da mãe ou do pai, tem 25% de receber da avó ou do avô e 12,5% de receber da bisavó ou bisavô), pode determinar-se um indicador necessário para a determinação de outros parâmetros – a contribuição marginal de cada ascendente para a população. Esta, para além do cálculo da contribuição de cada indivíduo (do mais novo para o mais velho), também é necessário o mesmo cálculo, mas do indivíduo mais velho para o mais novo, pois só assim é possível "separar" a contribuição genética do indivíduo da contribuição genéticas dos seus ascendentes, que já esteja contabilizada. Como nem todos os ascendentes são fundadores e para além do mais podem ainda ser aparentados entre si, para que a informação não seja falaciosa, é importante que se tenha em atenção a contribuição ainda não explicada por outros ascendentes já calculados.

O número efetivo de ascendentes (fa) é definido como o número de ascendentes que explicam a totalidade da variabilidade genética da população em estudo, se todos os tivessem igual contribuição de acordo com equação 9.

$$(9) \quad f_a = \frac{1}{\sum_{k=1}^{f} p_k^2} \; sendo \; p_k = q_k \left(1 - \sum_{i=1}^{n-1} a_{ij}\right)$$

Onde:

- pk – contribuição ainda não explicada pelos seus ascendentes já calculados;
- qk – proporção com que cada ascendente k contribui para a população em estudo, sendo deduzida a contribuição de todos os seus parentes com contribuições já determinadas;
- aij – parentesco entre k e cada um dos seus n-1 ascendente.

O coeficiente de parentesco médio (AR) de cada indivíduo representa o parentesco médio entre cada animal e todos os indivíduos da população. Pode ser interpretado como o dobro da probabilidade de dois alelos escolhidos ao acaso, determinado um indivíduo e outro da população total, serem idênticos por descendência. O seu cálculo corresponde à média dos coeficientes de parentesco que integram a linha do individuo em causa, na matriz de parentesco da população total (Goyache *et al.*, 2003). As vantagens da utilização deste parâmetro recaem no facto do AR de um fundador indicar a percentagem que este fundador tem na origem da população; os coeficientes de AR podem também ser usados como um indicador de consanguinidade; o AR pode ser usado como um indicador para que a seleção tenha por base animais reprodutores com um valor de AR baixo; pode ser usado para calcular o tamanho efetivo da população fundadora, como o inverso da soma dos quadrados dos coeficientes de AR através dos animais fundadores (Gutiérrez e Goyache, 2004).

O índice de conservação genética (GCI) pode ser interpretado como a proporção de genes dos diferentes fundadores no pedigree do animal. Este parâmetro pode ser usado para maximizar a retenção da contribuição genética a partir de diferentes fundadores (valores maiores representam indivíduos com uma representação mais equilibrada de todos os fundadores) (Piccoli *et al.*, 2012)

3. Resultados e Discussão

A origem das raças bovinas Portuguesas sempre foi um tema debatido com algum interesse por diversos autores (Lima, 1871 e Nogueira, 1900, ambos citados por Vale, 1949; Andrade, 1952), por historiadores e arqueólogos, embora não haja muita documentação disponível sobre este assunto.

A raça Barrosã é considerada uma referência emblemática da bovinicultura portuguesa. Esta apresenta particularidades morfológicas únicas e, por outro, apresenta um elo muito forte ao sistema de produção em regime extensivo, com explorações de reduzidas dimensões, proporcionando um enriquecimento ao nível cultural, social e de excelência de produtos. A raça Barrosã é um dos símbolos da região noroeste de Portugal.

Com aproximadamente 6700 fêmeas reprodutoras exploradas em linha pura, 260 machos reprodutores e cerca de 1500 Criadores, em 2014 a raça Barrosã foi considerada como em risco de extinção - grau C (menor risco), no âmbito do Programa de Desenvolvimento Rural 2014-2020 e das Portarias n.º 55/2015 e nº 268/2015 que estabelecem, respetivamente, os regimes de aplicação dos Apoio 7.8.1 «Manutenção de raças autóctones em risco» e do Apoio 7.8.3, «Conservação e melhoramento de recursos genéticos animais». Esta classificação viria a ser efetuada de acordo com o documento de atos delegados do novo Regulamento de Desenvolvimento Rural adotado pela Comissão Europeia.

Tal como a maioria das raças autóctones portuguesas, a Barrosã está incluída num programa de melhoramento genético animal, apresentado e em execução no âmbito do Apoio 7.1.8., «Conservação e melhoramentos de recursos genéticos animais» do PDR2020.

De um modo geral, os indicadores demográficos e de variabilidade genética estimados para a raça Barrosã não revelam preocupações maiores, embora nos levem a estar vigilantes no sentido de permitir o melhoramento genético das características de maior interesse e, em simultâneo, a manutenção da variabilidade genética da raça.

Os resultados obtidos com base na caracterização genética por análise demográfica da raça bovina Barrosã realçam os seguintes aspetos:

Efetivo reprodutor atualmente constituído por mais de 8000 fêmeas adultas, das quais, aproximadamente 7500 mantêm-se em linha pura com cerca de 300 machos, distribuídos por cerca de 900 criadores ativos.

O efetivo reprodutor da raça Barrosã encontra-se sensivelmente estabilizado desde o final da década de 90, oscilando entre as 7614 e 7539 fêmeas (Figura 3.1).

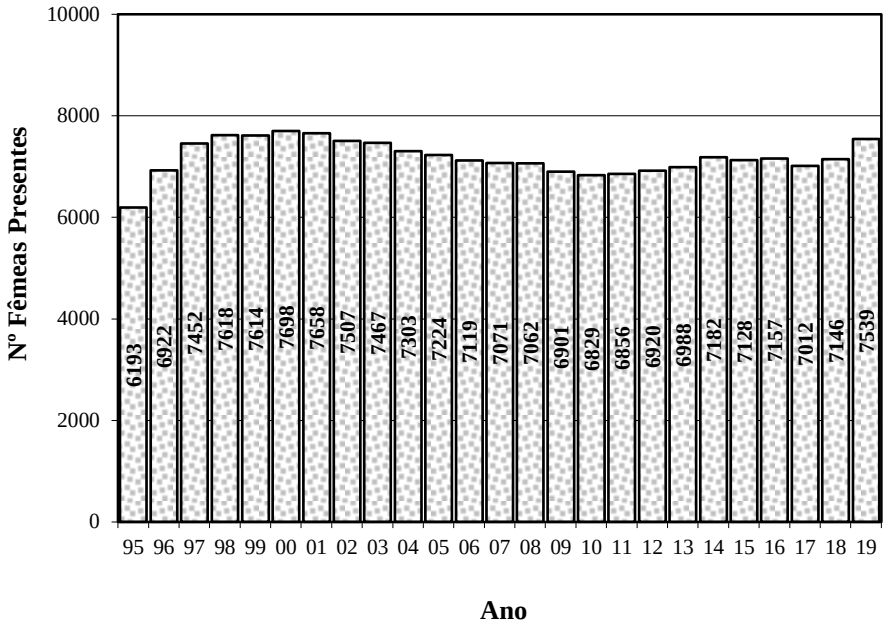


Figura 3.1. Número de fêmeas reprodutoras presentes por ano[1]

Considerando a instabilidade do número de fêmeas reprodutoras em anos anteriores. A raça barrosã, apesar dos dias de hoje não se classificar em "risco de abandono", a mesma, encontra-se muito próxima da situação de "risco de abandono", segundo os critérios definidos no Regulamento nº 445/2002 da Comissão Europeia.

Raça classificada como risco de extinção/Grau C 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» do Programa de Desenvolvimento Rural do Continente (PDR2020).

[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 a ativa 365 dias antes do 1º parto. Ano de 2016 não inclui dados do mês de Dezembro.

Observou-se uma ligeira diminuição do número de nascimentos de animais, particularmente a partir de 2010, baixando dos 6000 nascimentos por ano. Nos últimos anos, a taxa de partos puros rondam os 70%, com uma tendência para diminuir ligeiramente.

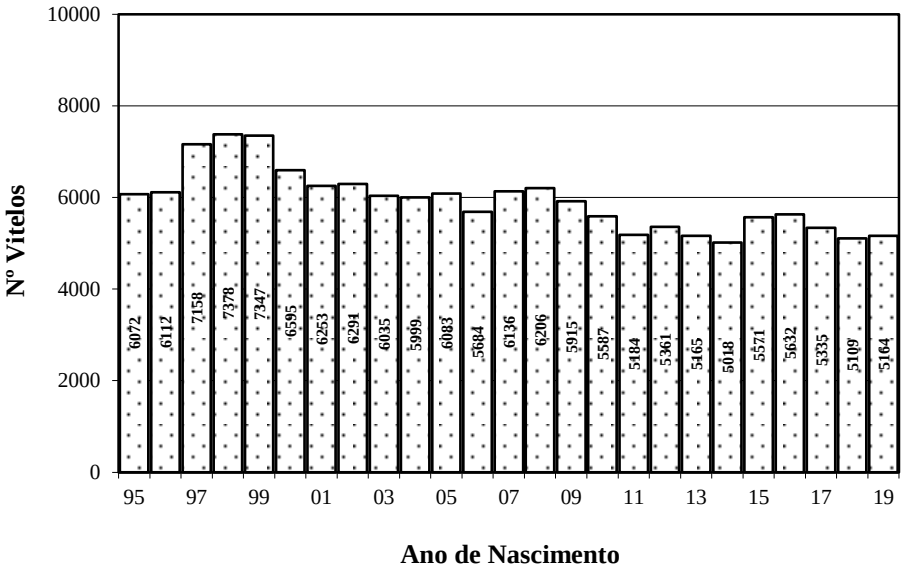


Figura 3.2. Número de animais puros nascidos por ano

A proporção de fêmeas e de machos nascidos e registados anualmente é muito semelhante entre sexos (Figura 3.3), verificando-se ainda uma redução de número de nascimentos nos últimos 5 anos.

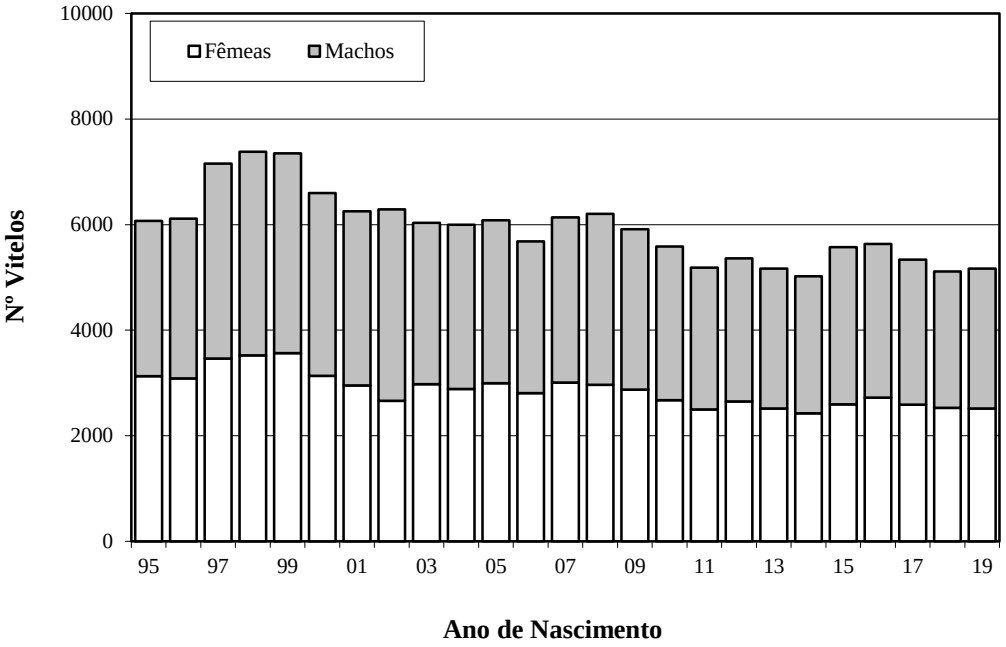


Figura 3.3 -Número de animais puros nascidos por ano e por sexo

Desde o final da década 90, observa-se uma redução progressiva do número de criadores ativos com fêmeas reprodutoras da raça Barrosã (Figura 3.4).

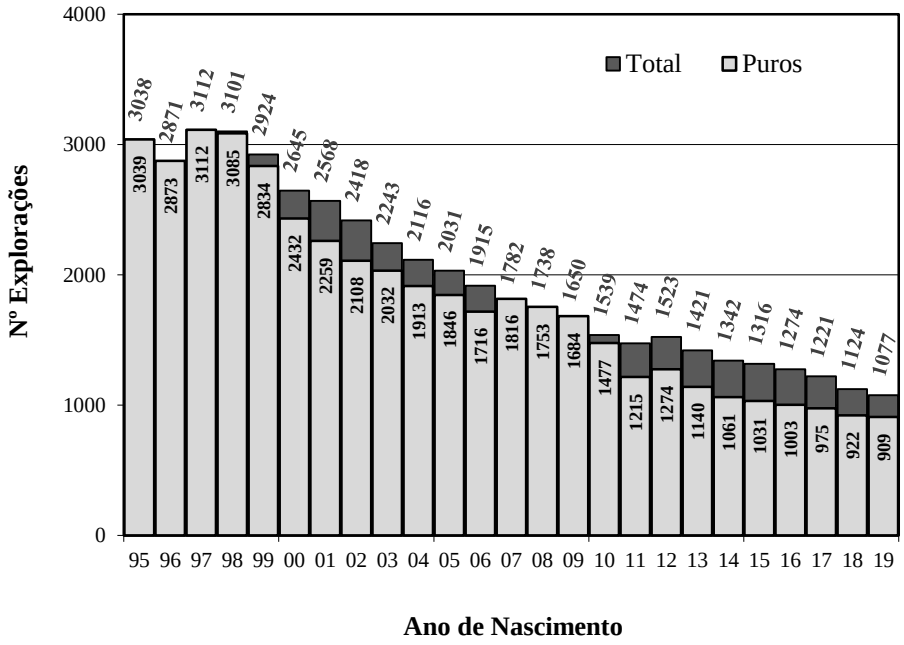


Figura 3.4 -Número de explorações ativas por ano

O número de machos reprodutores encontra-se mais ou menos estável desde o início do século XXI, variando entre o valor mínimo de 264 e os 326 touros (Figura 3.5).

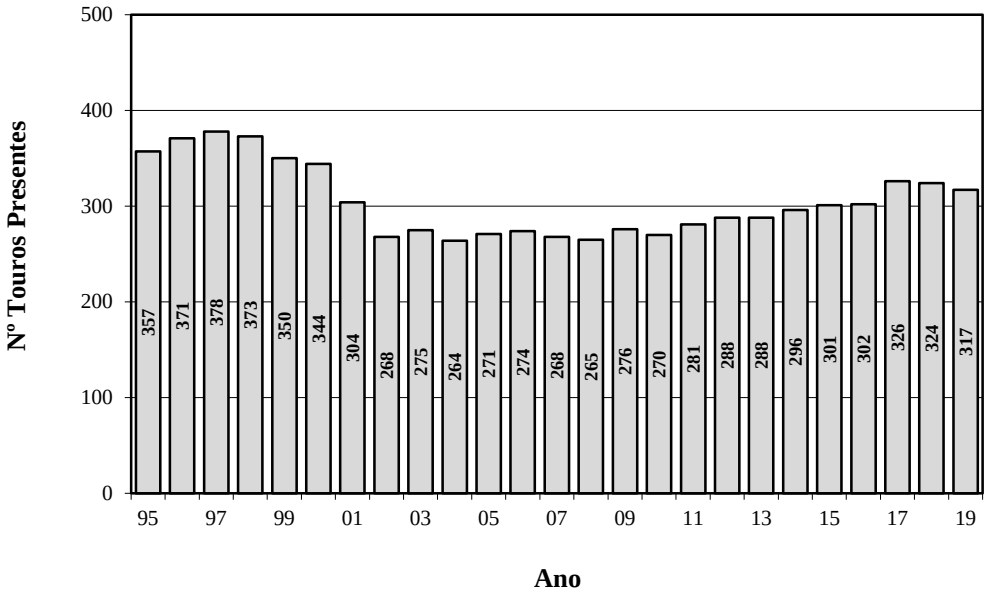


Figura 3.5 -Número de machos reprodutores presentes por ano

O número de fêmeas reprodutoras por touro manteve-se mais ou menos constante nos últimos 10 anos (Figura 3.6). A relação macho:fêmea nos últimos anos, em média, é de aproximadamente 1:23 (♂:♀), observando-se uma tendência para este valor se manter entre 1:22 e 1:25.

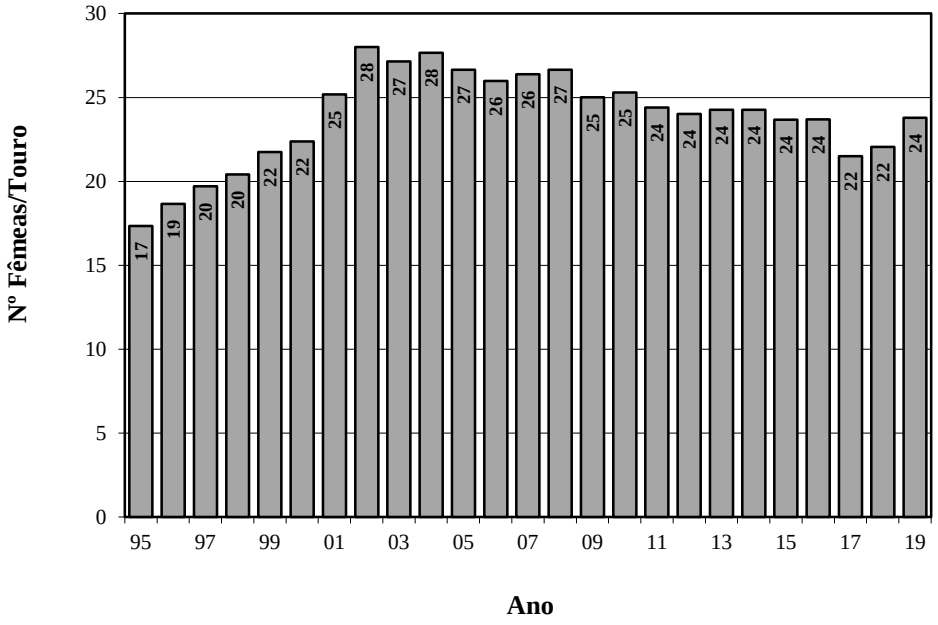


Figura 3.6. Número de fêmeas reprodutoras por touro ao longo dos anos

A distribuição geográfica dos efetivos e, consequentemente, do número de nascimentos está relacionada com as estrutura fundiária das explorações e com o tipo de maneio da raça Barrosã, ao longo dos tempos (Figura 3.7, 3.8, 3.9, 3.10). De um modo geral, as explorações encontram-se em regime extensivo, em pastagens, dispondo de infraestruturas de abeberamento, de modo a permitir a criação dos animais em liberdade.

O noroeste do país tem uma elevada densidade populacional, resultando em propriedade rural, muito fragmentadas. No sul, particularmente no Alentejo, predominam as propriedades de maior dimensão. Em Portugal tem-se verificado nos últimos anos uma redução do número de explorações agrícolas e o aumento da sua dimensão média.

A raça bovina Barrosã é criada sobretudo na Região Norte do País, nas sub-regiões do Minho-Lima e Douro (Figuras 3.7 a 3.10), mais especificamente e por ordem decrescente, em termos de efetivo, 40,83% no distrito de Viana do Castelo (Arcos de Valdevez, Cabeceiras de Basto, Ponte da Barca, Monção, Ponte de Lima, Melgaço e Paredes de Coura), 30,9% no distrito de Vila Real (Montalegre, Boticas e Chaves), 23,80% no distrito de Braga (Braga, Vieira do Minho, Terras de Bouro, Vila Verde,

Amares, Fafe e Póvoa de Lanhoso) e, em menor número, em diversos distritos do País, nomeadamente, Évora (Alandroal e Montemor-o-Novo) com 2,81% do efetivo e Santarém (Chamusca) com aproximadamente 1,67%.

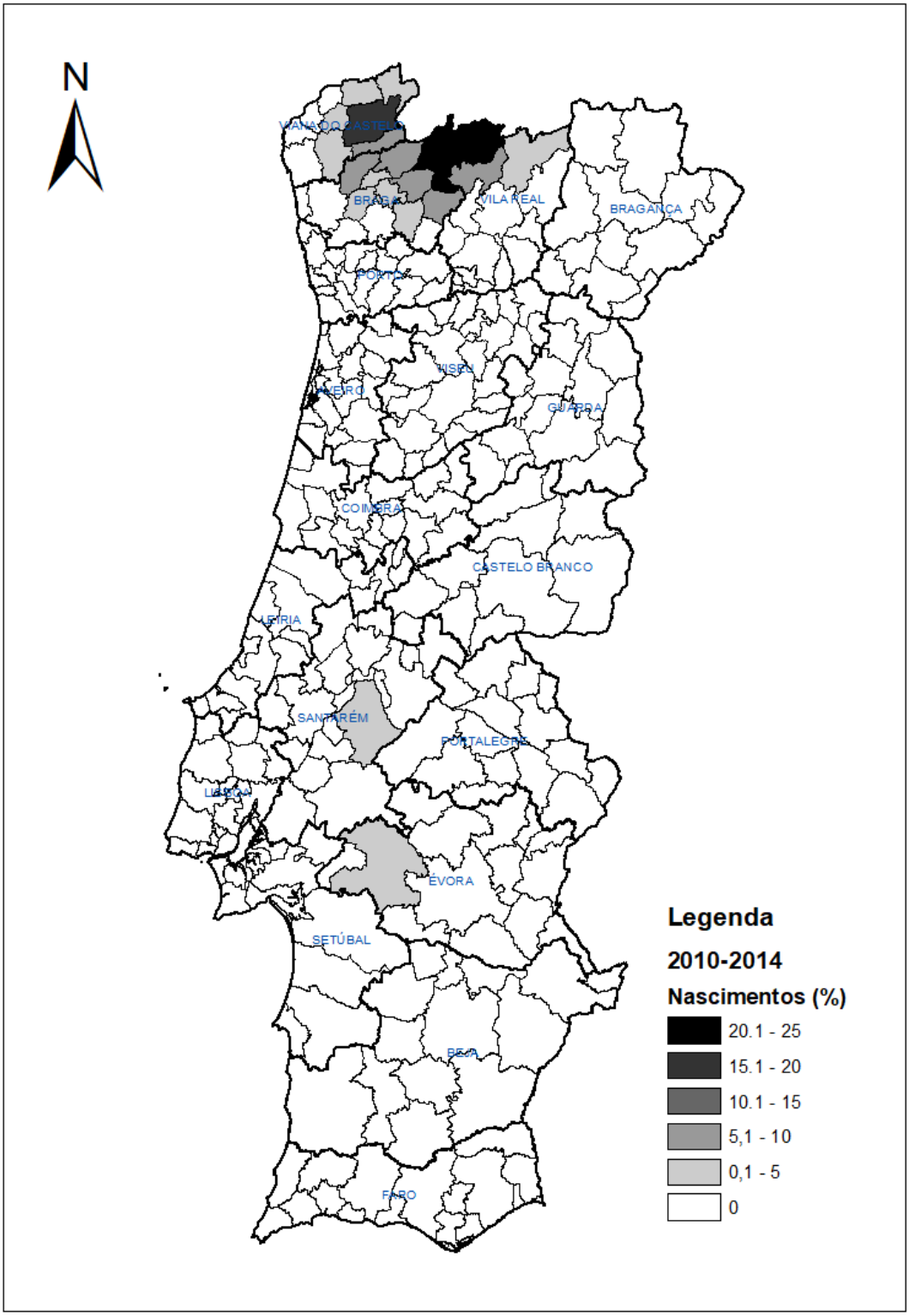


Figura 3.7 - Distribuição geográfica dos animais nascidos entre 2010 e 2014

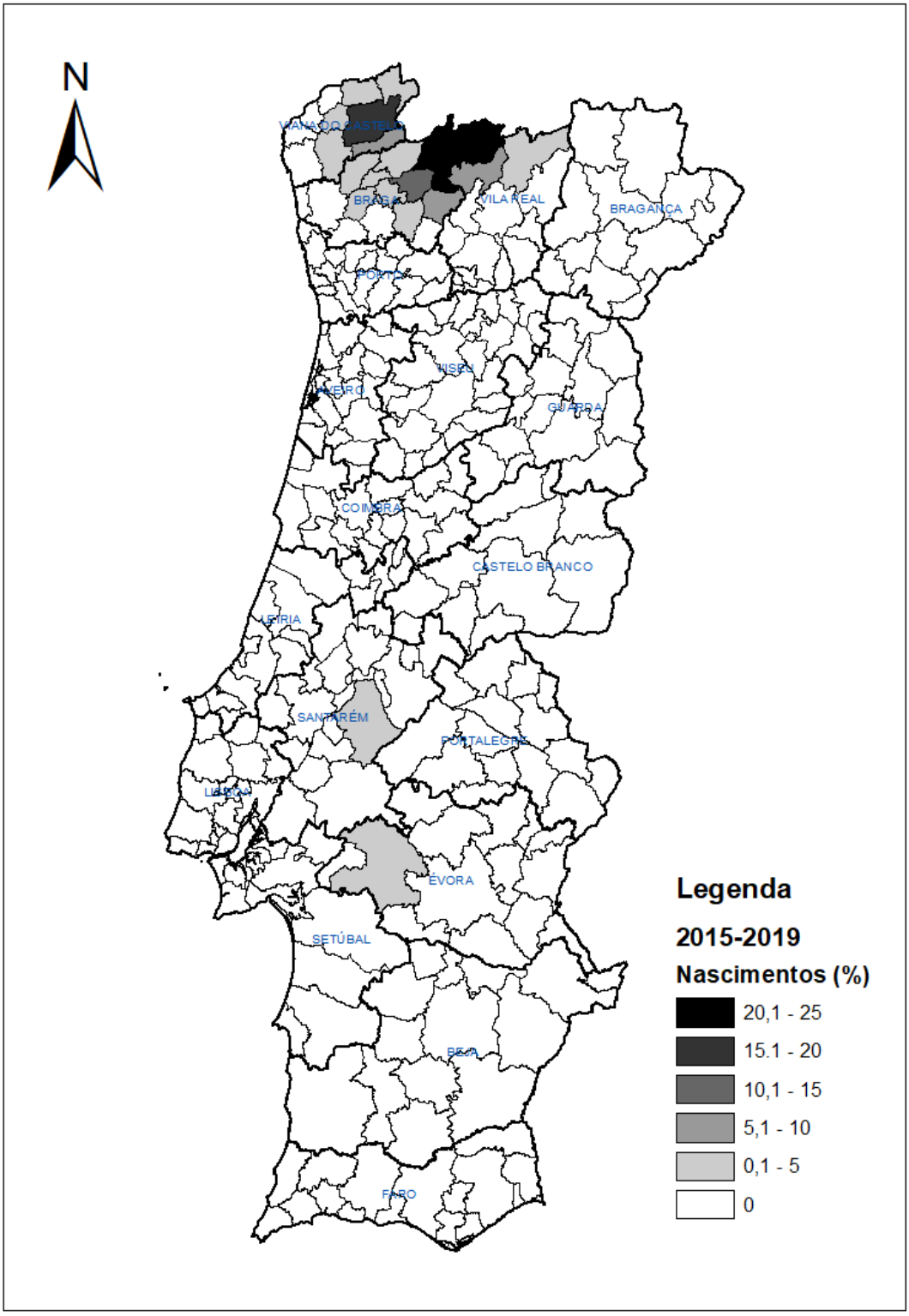


Figura 3.8 - Distribuição geográfica dos animais nascidos entre 2015 e 2019

Através das Figuras 3.9 e 3.10 é possível comprovar a dimensão média das explorações. Nos períodos 2010-2014 e 2015-2019, o número de animais registados anualmente por exploração, em média, tem aumentado, tal como nas outras raças bovinas autóctones.

Verifica-se uma grande variabilidade entre concelhos na dimensão dos Criadores (número de animais nascidos por exploração e por ano), particularmente quando comparadas as explorações da região Minho-Lima com as do sul do Pais (Figuras 3.9 e 3.10). Por outro lado, nos concelhos de Vila Verde e Ponte da Barca nascem anualmente, em média, 2 animais por criador. Nos concelhos de Montalegre e de Boticas nascem, em média 8 animais por exploração. Mais a Sul, nos concelhos de Montemor-o-Novo, e na Chamusca nascem por ano, respetivamente, em média, 21 e 46 animais por exploração. Verifica-se ainda que em Alandroal e Chaves (apesar de uma expressão diminuta de explorações) apresentam uma média de nascimentos ano de 25 e 27 animais por exploração, demostrando explorações de grandes dimensões nestes concelhos.

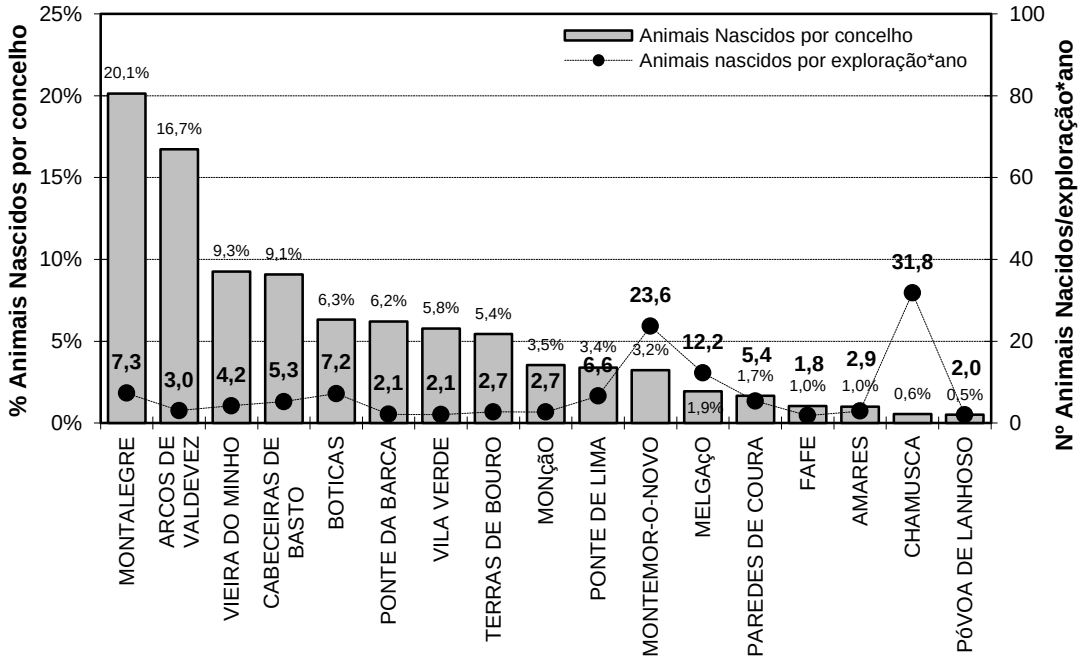


Figura 3.9 - Número médio de animais nascidos por exploração*ano segundo o concelho (Animais nascidos entre 2010 e 2014)

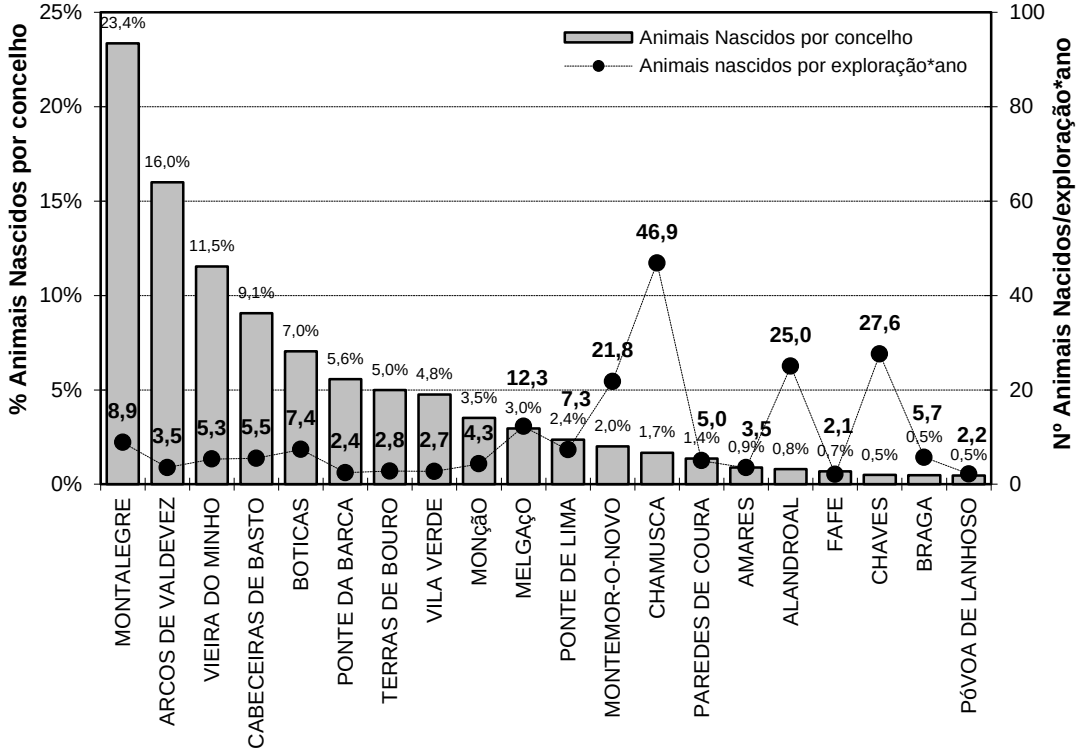


Figura 3.10 - Número médio de animais nascidos por exploração*ano (Animais nascidos entre 2015 e 2019)

Os valores que se podem observar nas Figura 3.11 e 3.12 estão associados às dimensões médias das explorações da raça Barrosã e, consequentemente, com do número de fêmeas reprodutoras existentes por exploração. Observa-se ainda uma tendência ao longo dos últimos anos, para cada vez haver menos explorações com poucos nascimentos por ano, correspondendo a uma reduzida percentagem do total de nascimentos.

Entre 2015 e 2018, as explorações que inscrevem 1 animal no LN representam 28% dos nascimentos, embora quando considerado um período anterior (2010-2014) (Figura 3.11), esta proporção era mais elevada (34%).

A percentagem de explorações que registam apenas até 5 nascimentos por ano foi inferior entre 2015-2019 (71%), comparativamente ao período 2010-2014 (79%). Estas explorações representam menos de 30% do total de nascimentos. O número de explorações em que se registam anualmente mais de 10 nascimentos/ano aumentou ligeiramente nos últimos anos e, ainda que representem 6% do total das explorações, são responsáveis por mais de 6,6% do total de nascimentos.

Constata-se ainda que no período de 2015-2019, ainda existe uma grande prevalência de explorações onde ocorre 2 nascimentos por exploração ano (43,7% do total de nascimento)

Seguem-se as explorações que registam intervalos de nascimentos entre 11 - 20 nascimentos ao ano e entre 6 -10, correspondendo a 11% e 14% das explorações a praticar estes registos (Figura 3.12).

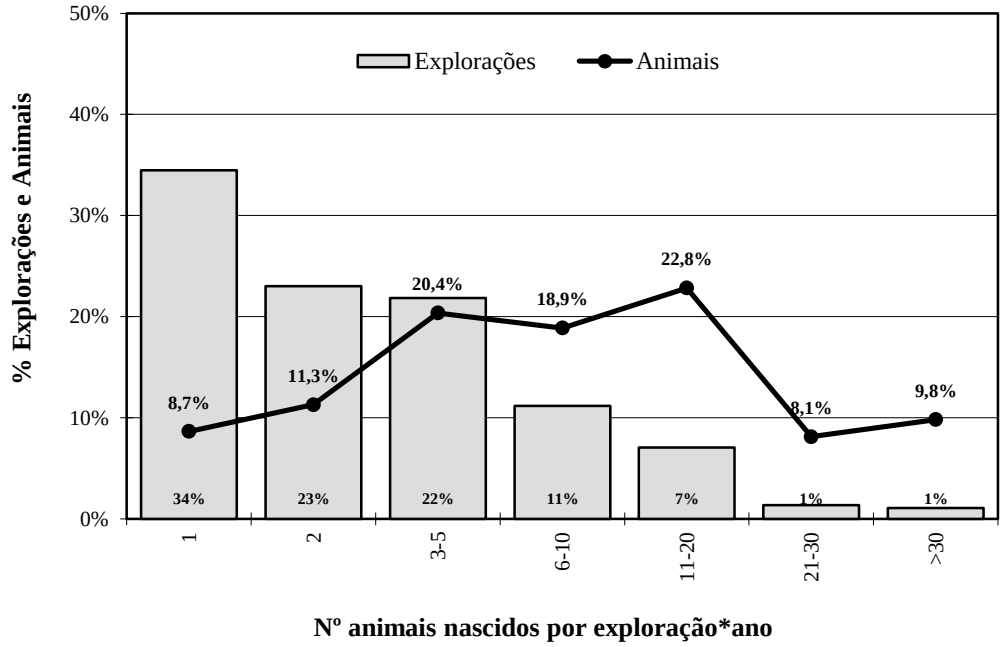


Figura 3.11 - Número de explorações e animais nascidos segundo a dimensão da exploração (Animais nascidos desde entre 2010 e 2014)

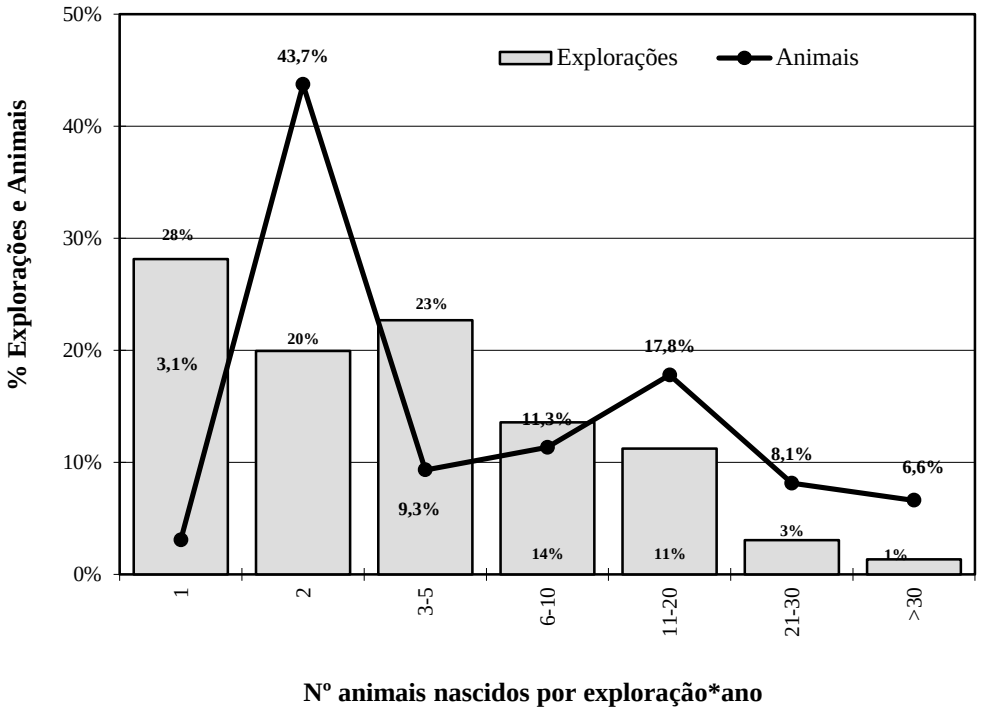


Figura 3.12 - Número de explorações e animais nascidos segundo a dimensão da exploração (Animais nascidos entre 2015 e 2019)

Confirma-se uma tendência para ao longo dos anos, em aumentarem o número de fêmeas reprodutoras e de nascimentos por exploração (Figura 3.13) de aproximadamente uma média de 6.9 vacas e 5.4 nascimentos por exploração no ano de 2015. Observa-se ainda que em 2019 existe uma média de 8.3 vacas e 5.7 nascimentos por exploração.

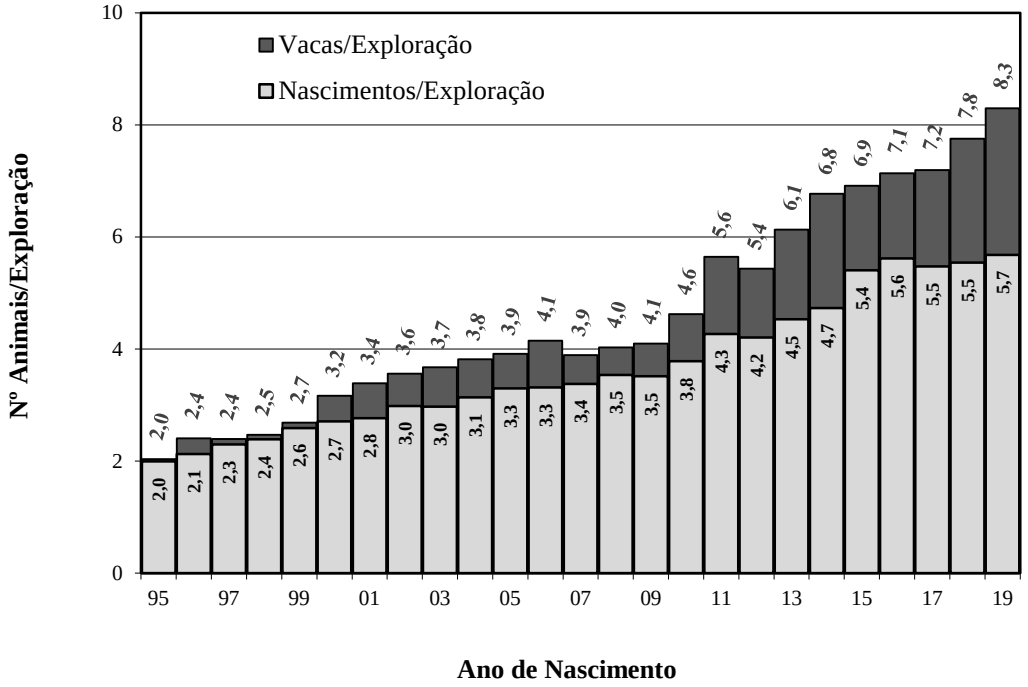


Figura 3.13 - Número de vacas e de animais nascidos puros por exploração e por ano

A raça Barrosã não apresenta sazonalidade reprodutiva, sendo bem evidente uma distribuição de partições ao longo de todo o ano. (Figuras 3.14 a 3.16). Apesar de ser criada em explorações com características e particularidades muito diversas, quanto ao seu sistema de produção.

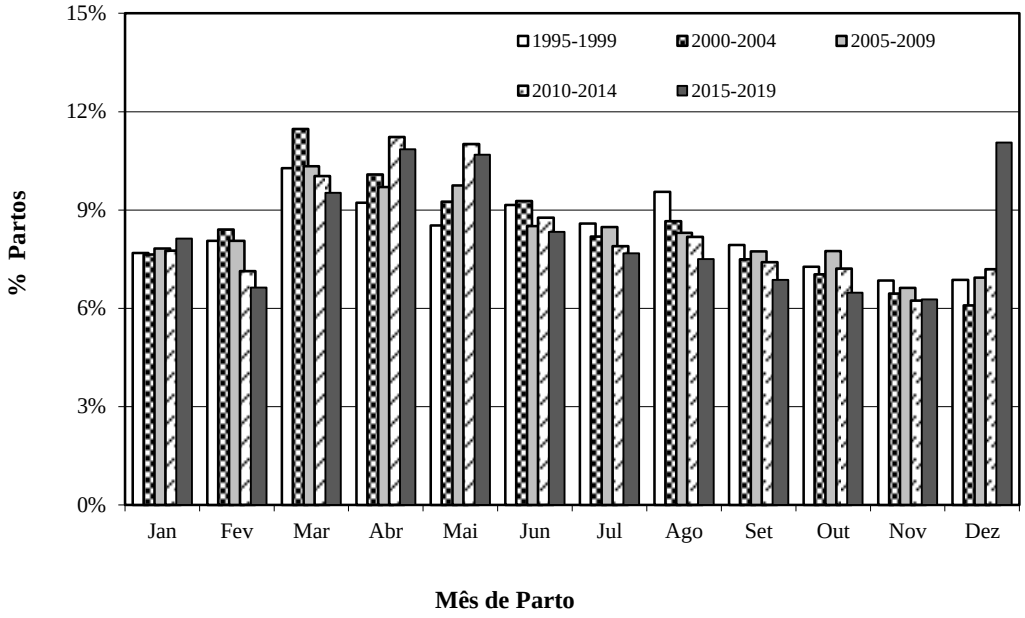


Figura 3.14 - Distribuição mensal dos partos por período

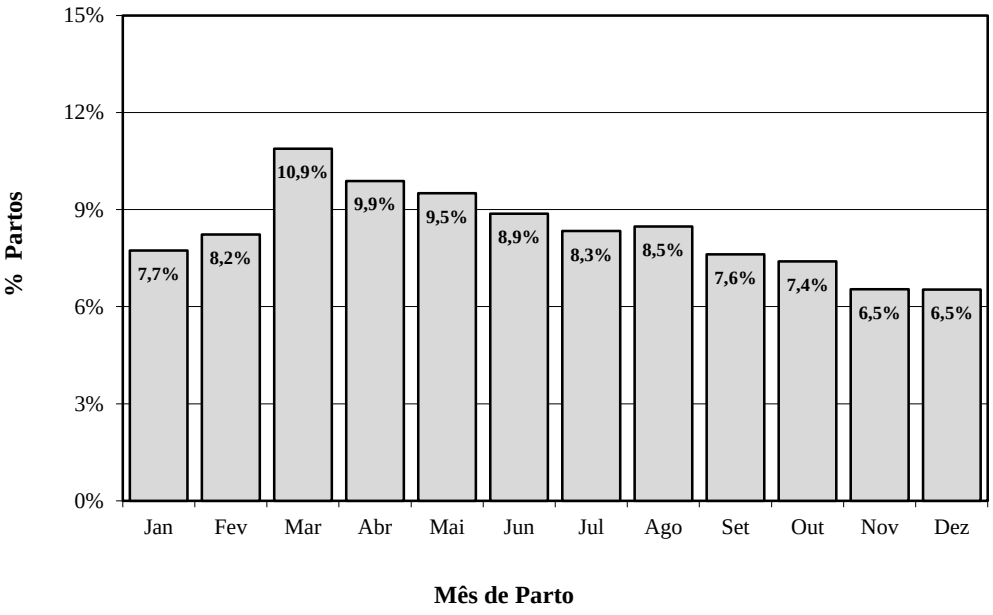


Figura 3.15 - Distribuição mensal dos partos

(Partos entre 2000 e 2009)

Nos últimos 10 anos (Figura 3.16), observou-se um maior percentagem de partos durante o mês de Abril (11%) e menor durante o mês Novembro (6.3%). Confirma-se a

distribuição mensal regular acima dos 6% dos nascimentos (a maior incidência dos nascimentos ocorrem nos meses de Março, Abril, Maio e Dezembro).

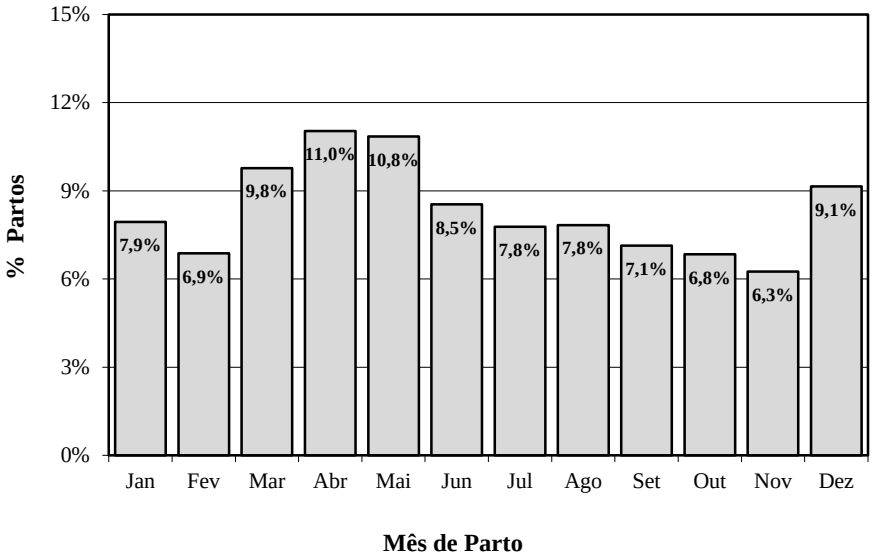


Figura 3.16 - Distribuição mensal dos partos

(Partos entre 2010 e 2019)

O nível do preenchimento das genealogias evoluiu consideravelmente ao longo dos últimos anos. Observou-se a partir de 2016 um número de gerações conhecidas superior a 4 em animais nascidos ao longo desse período até a atualidade, sendo um indicador favorável para a caracterização demográfica (Figuras 3.17, 3.18 e 3.19).

Nos vários períodos analisados e até 2014, em média, cerca de 92.2% dos animais têm pai conhecido e 98.5% têm mãe conhecida. Nos últimos 5 anos (2015-2019), todos os animais têm mãe e pai desconhecido, possivelmente devido à implementação do controlo genealógico por análise de ADN em parte da população. Desta forma, verifica-se quer pelo nível de preenchimento das genealogias dos animais nascidos em diferentes períodos (Figura 3.17), quer pelo número de gerações conhecidas (Figura 3.18), que se tem conseguido um incremento significativo no conhecimento da informação genealógica.

Animais nascidos entre 1995 e 1999		Avô P: 45.1	Bisavô P: 27.2
			Bisavó P: 31.6
	Pai: 80.1		
		Avó P: 50.0	Bisavô P: 8.5
			Bisavó P: 9.1
Animais: 34067			
			Bisavô M: 10.6
		Avô 25.1	Bisavó M: 12.5
	Mãe: 94.4		
			Bisavô M: 3.9
		Avó 27.3	Bisavó M: 4.2
Animais nascidos entre 2000 e 2004		Avô P: 69.1	Bisavô P: 47.2
			Bisavó P: 53.7
	Pai: 90.8		
		Avó P: 78.4	Bisavô P: 29.0
			Bisavó P: 30.4
Animais: 31173			
			Bisavô M: 26.7
		Avô 49.7	Bisavó M: 29.7
	Mãe: 99.7		
			Bisavô M: 12.3
		Avó 55.4	Bisavó M: 13.5
Animais nascidos entre 2005 e 2009		Avô P: 89.4	Bisavô P: 65.9
			Bisavó P: 75.5
	Pai: 98.5		
		Avó P: 97.0	Bisavô P: 58.7
			Bisavó P: 61.7
Animais: 30024			
			Bisavô M: 46.7
		Avô 68.3	Bisavó M: 51.4
	Mãe:100		
			Bisavô M: 28.0
		Avó 78.4	Bisavó M: 31.7
Animais nascidos entre 2010 e 2014		Avô P: 95.8	Bisavô P: 82.6
			Bisavó P: 92.0
	Pai: 99.5		
		Avó P: 99.4	Bisavô P: 67.9
			Bisavó P: 76.8
Animais: 26315			
			Bisavô M: 70.6
		Avô 84.9	Bisavó M: 77.0
	Mãe:100		
			Bisavô M: 51.0
		Avó 93.3	Bisavó M: 58.4

Animais nascidos entre 2015 e 2019				Bisavô P:	92.3
		Avô P:	99.3	Bisavó P:	84.8
	Pai: 100			Bisavô P:	84.8
		Avó P:	100	Bisavó P:	92.4
Animais: 26811				Bisavô M:	86.8
		Avô	94.7	Bisavó M:	92.7
	Mãe:100			Bisavô M:	72.3
		Avó	99.5	Bisavó M:	81.2

Figura 3.17 - Nível de preenchimento das Genealogias (%)

É particularmente evidente o acréscimo da percentagem de bisavós conhecidos, bem como de todos os ascendentes (Figura 3.18).

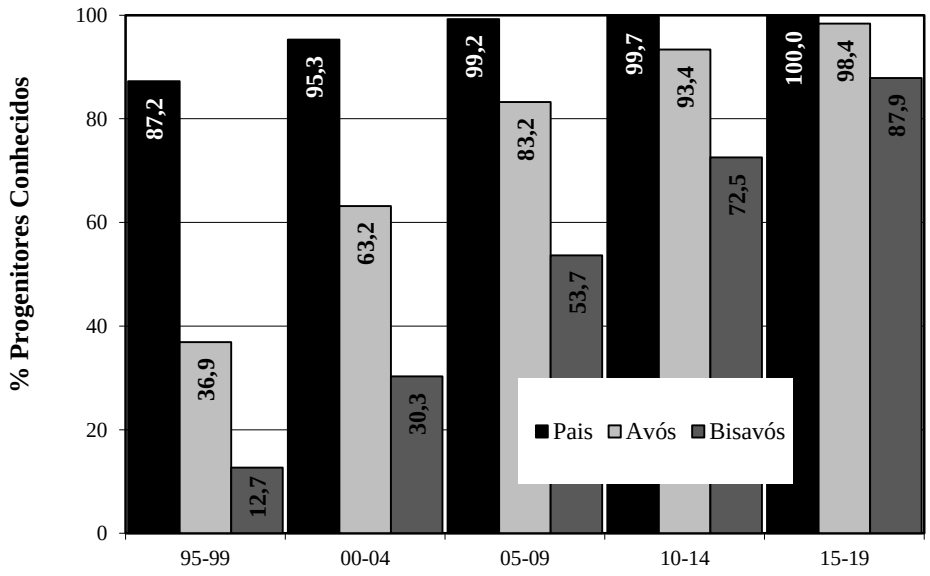


Figura 3.18 - Evolução da percentagem de progenitores conhecidos

A melhoria da informação genealógica disponível no Livro Genealógico da raça bovina Barrosã será muito útil para a diversas atividades de seleção, tendo em consideração a minimização da consanguinidade. Dever-se-á promover o controlo de filiação através da

análise de ADN de uma forma mais alargada e como ferramenta de controlo do respetivo Livro Genealógico.

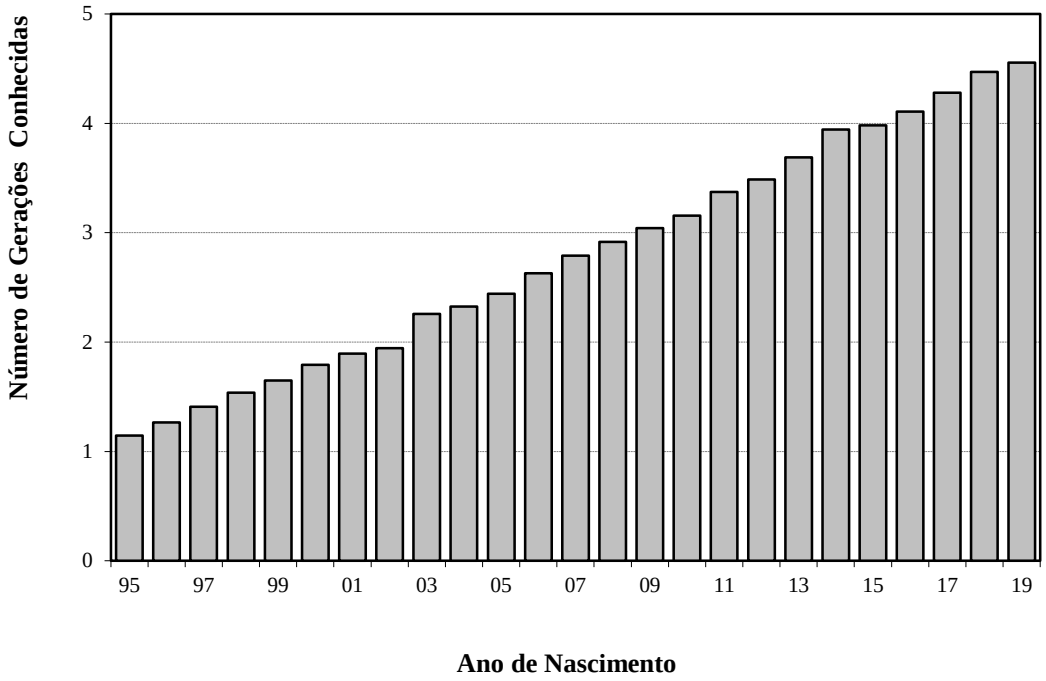


Figura 3.19 - Evolução do número médio de gerações conhecidas

A estrutura etária do efetivo reprodutor tem-se mantido equilibrada ao longo dos anos, particularmente nas fêmeas, observando-se uma distribuição dos partos segundo a idade das fêmeas semelhante, quer quando considerados todos os dados disponíveis, quer apenas os dados dos partos ocorridos entre 2010 e 2019 (Figura 3.20).

A distribuição da idade das fêmeas ao parto é típica nos bovinos de carne. Esta apresenta uma longevidade produtiva elevada, o que se observada nas raças Alentejana (6.8 anos, Carolino e Gama, 2008), Mertolenga (aproximadamente 6.0 anos, Carolino *et al.*, 2004) e Marinhoa (6.3 anos, Carolino *et al.*, 2013) e das verificadas nas raças Aubrac (6.6 anos), Salers (6.0 anos) e Gasconne (6.8 anos), conforme referido por Renand e Havy (2000). Assim, confirma-se a longevidade produtiva da raça Barrosã e a capacidade de um número elevado de fêmeas (cerca de 30.8%) de continuar em produção para além dos 10 anos de idade. Ressalva-se também que 7.2% das fêmeas apresentam idade igual ou superior a 15 anos (Figura 3.20).

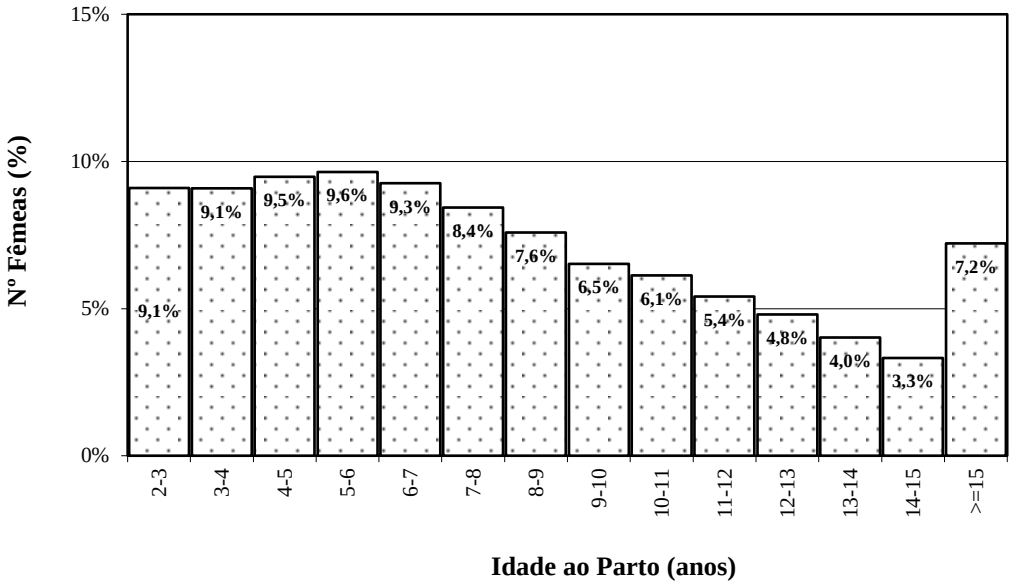


Figura 3.20 -Distribuição da idade das fêmeas ao parto

(partos puros - reprodutoras ativas entre 2010 e 2019)

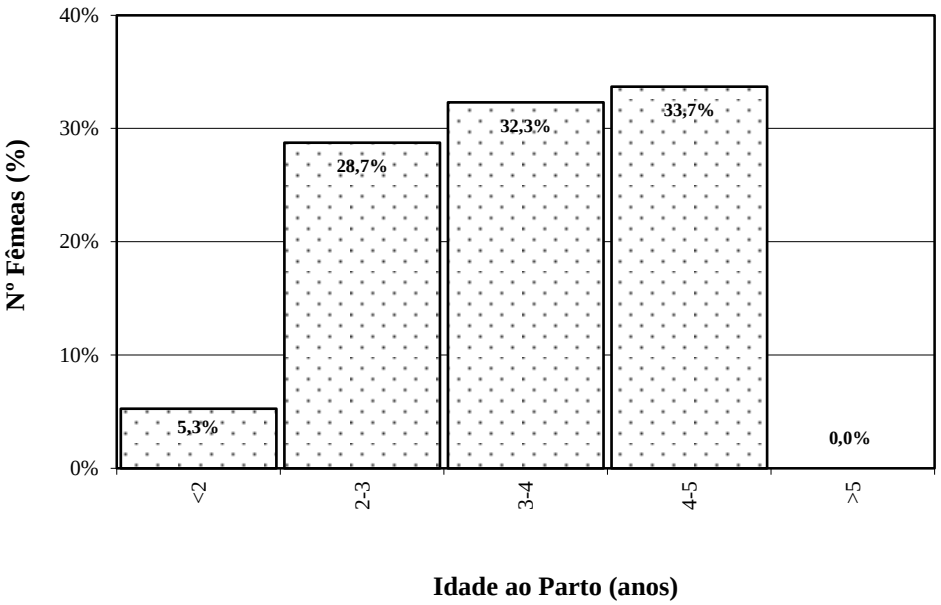


Figura 3.21 - Distribuição da idade das fêmeas ao parto

(partos puros e partos cruzados - reprodutoras ativas entre 2010 e 2019)

No caso dos machos (Figura 3.22), apresentariam uma estrutura etária típica dos bovinos de carne. A maioria dos machos reprodutores (63,4%) são pais entre os 3 e os 7 anos de idade (Figura 3.22). Uma percentagem reduzida (4,1%) de machos são progenitores para além dos 12 anos de idade, o que se pode dever, em alguns casos, à utilização da inseminação artificial.

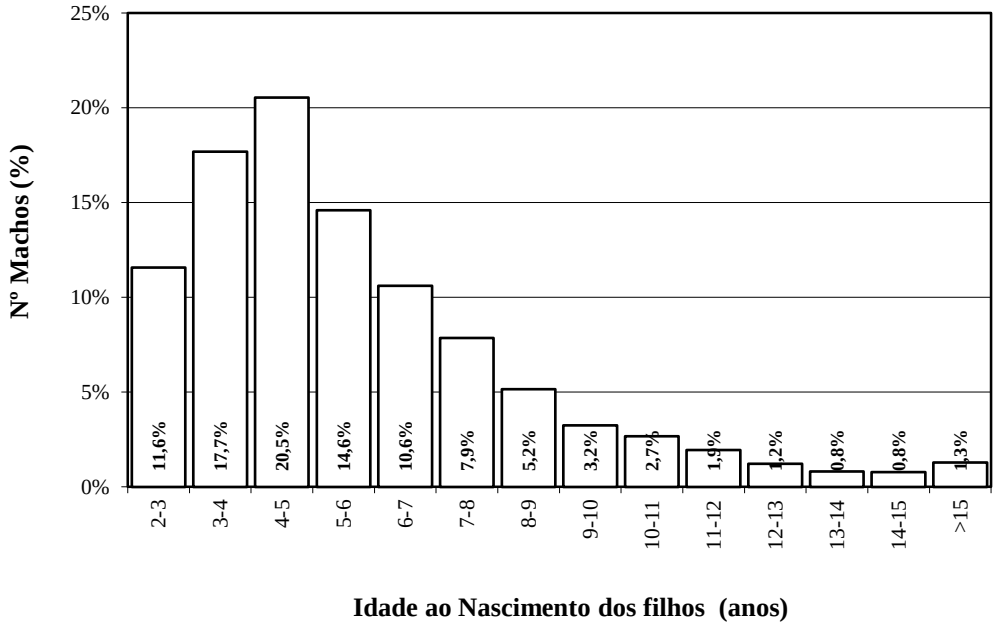


Figura 3.22 - Distribuição da idade dos touros ao nascimento dos filhos

(reprodutores ativos entre 2010 e 2019)

A distribuição do número de fêmeas reprodutoras segundo o número de descendentes puros (Figura 3.23) e a distribuição do número de fêmeas reprodutoras segundo o número de descendentes puros e cruzados (Figura 3.24) apresentam algumas semelhanças, embora hajam algumas diferenças no número de fêmeas com apenas 1 e 2 partos ao longo de toda a vida. Algumas fêmeas parem unicamente um animal puro, possivelmente o primeiro parto, permanecendo posteriormente em cruzamento. (O maior número de nascimentos por fêmea reprodutora ao longo da vida variam entre os 7 e 9. A raça barrosã apresenta ainda uma grande incidência de 6 a 12 filhos cada ao

longo de toda a vida, sendo responsava por 77740 nascimentos correspondendo a uma percentagem de 64% do número total de nascimentos. A maioria das fêmeas reprodutoras (53%), são responsáveis por 26% dos nascimentos ao longo desse período).

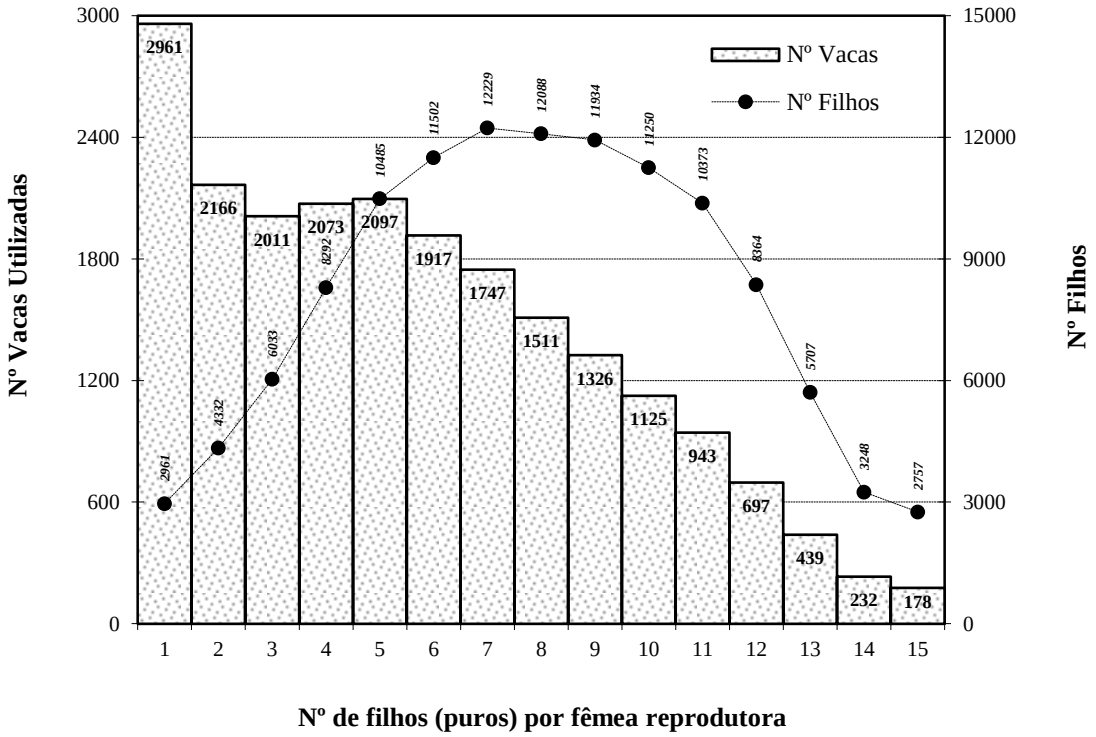


Figura 3.23 - Distribuição do número de fêmeas reprodutoras segundo o nº de descendentes

(21423 fêmeas reprodutoras nascidas entre 1990 e 2012 apenas com filhos puros)

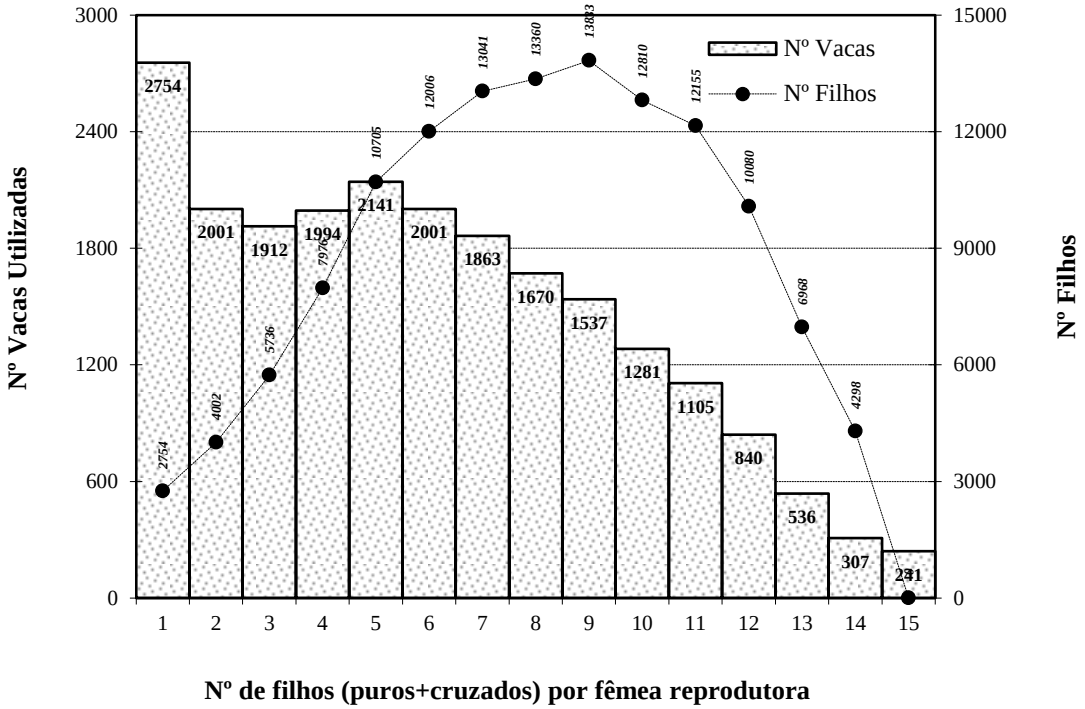


Figura 3.24 - Distribuição do número de fêmeas reprodutoras segundo o nº de descendentes

(22183 fêmeas reprodutoras nascidas entre 1990 e 2012 com filhos puros e cruzados)

A distribuição do número de machos reprodutores segundo o número de descendentes evidencia alguns desequilíbrios (Figura 3.25), demonstrando que os criadores revelam algumas preferências e utilizam de forma bastante desigual os machos. Um número significativo dos machos (1287 ↔ 70,8%) tiveram entre 11 e 500 filhos ao longo de toda a vida, sendo responsáveis por 103734 nascimentos (83%). Contudo, somente 23 reprodutores (1,3%) tiveram mais de 500 filhos cada, sendo responsáveis por mais de 15% dos nascimento, enquanto que mais de 27,9% do touros têm menos de 10 filhos cada e são progenitores de apenas 1% dos animais nascidos.

Esta situação, da utilização preferencial de alguns touros, também foi verificada em diversas outras raças autóctones Portuguesas (Alentejana: Afonso *et al.*, 1996; Carolino e Gama, 2008; Mertolenga: Carolino *et al.*, 2004; Marinhoa: Carolino *et al.*, 2012), em que um grande número de machos apresentam durante toda a sua vida reprodutiva um

reduzido número de filhos e, numa situação oposta, poucos machos têm, em média, um elevado número de filhos ao longo de toda a vida.

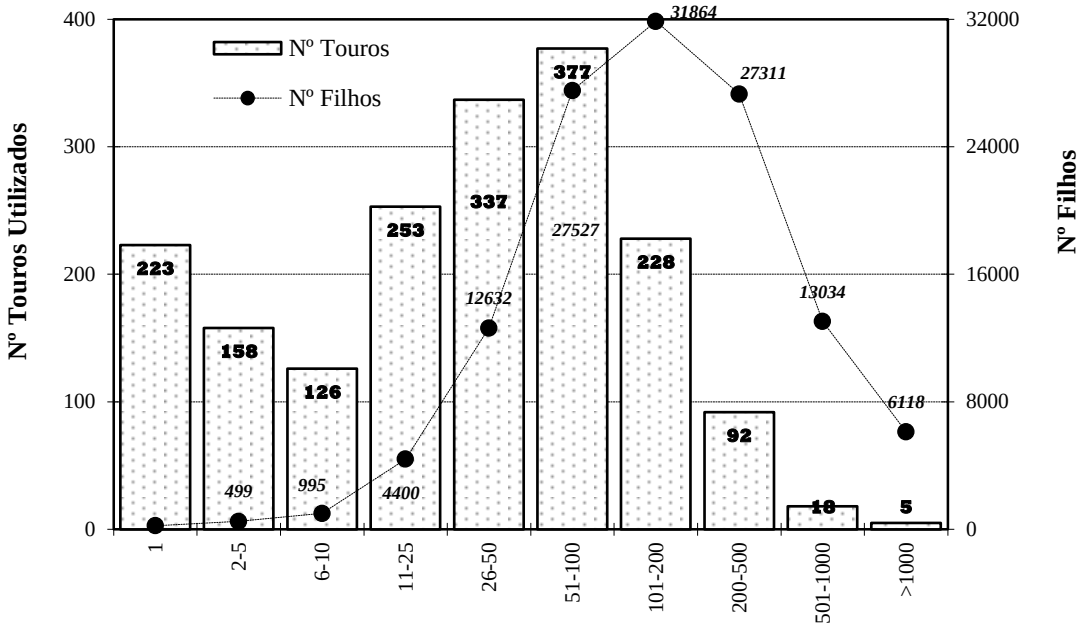


Figura 3.25 - Distribuição do número de touros reprodutores segundo o nº de descendentes

(1817 machos nascidos entre 1990-2012)

Os coeficientes de consanguinidade médios por ano de nascimento apresentaram uma tendência para aumentar ao longo dos últimos anos (Figura 3.26). Apesar da consanguinidade média registada em animais nascidos em 2019 ser próxima de 6%, a tendência é claramente crescente.

A estimativa do coeficiente de consanguinidade individual é muito sensível à qualidade e quantidade de informação genealógica disponível (Boichard *et al.*, 1997), isto é, quanto maior é o número de gerações conhecidas de um indivíduo, também maior é a probabilidade de se encontrem ascendentes comuns pela via paterna e materna e, consequentemente, uma estimativa mais levado do coeficiente de consanguinidade.

Para um indivíduo ser consanguíneo, os seus pais têm que ser aparentados, isto é, é necessário conhecer-se, pelo menos, 2 gerações). Como podemos observar na Figura 3.26, apenas a partir de 2006 se conhecem em média 2 gerações. O aumento da consanguinidade ao longo dos anos deve-se ao acasalamento de animais cada vez mais aparentados, por um lado devido ao aumento real do parentesco médio entre esses reprodutores, e por outro, devido ao aumento da informação genealógica que proporciona uma estimativa mais precisa do valor do grau de parentesco entre animais.

O facto de muitos criadores não disporem de touro próprio e recorrerem a machos disponíveis por outros criadores, bem como a utilização da inseminação artificial, pode estar na origem do excesso de descendentes de apenas alguns machos (Figura 3.25). Ainda que esta distribuição do número de touros segundo o número de descendentes por reprodutor seja normal para a espécie, por uma questão de precaução, deverá promover-se o controlo da utilização de reprodutores e evitar que alguns tenham um número excessivo de descendente.

As estimativas da consanguinidade são baixas e poderão estar influenciadas pela falta de informação genealógica em anos mais distantes (Figura 3.26), em que, em média, o número de gerações conhecidas era inferior a 2. Actualmente, a raça barrosã conta com 4,5 gerações conhecidas, no entanto, ao longo dos últimos anos nota-se uma tendência crescente da consanguinidade e que, animais nascidos em anos mais recentes, apresentam, em média, valores acima dos 5% de consanguinidade. Este aumento deve-se seguramente, por um lado, à melhoria da quantidade de informação genealógicas disponível e, por outro, ao acréscimo real do parentesco dos animais acasalados e, consequentemente da consanguinidade dos animais nascidos.

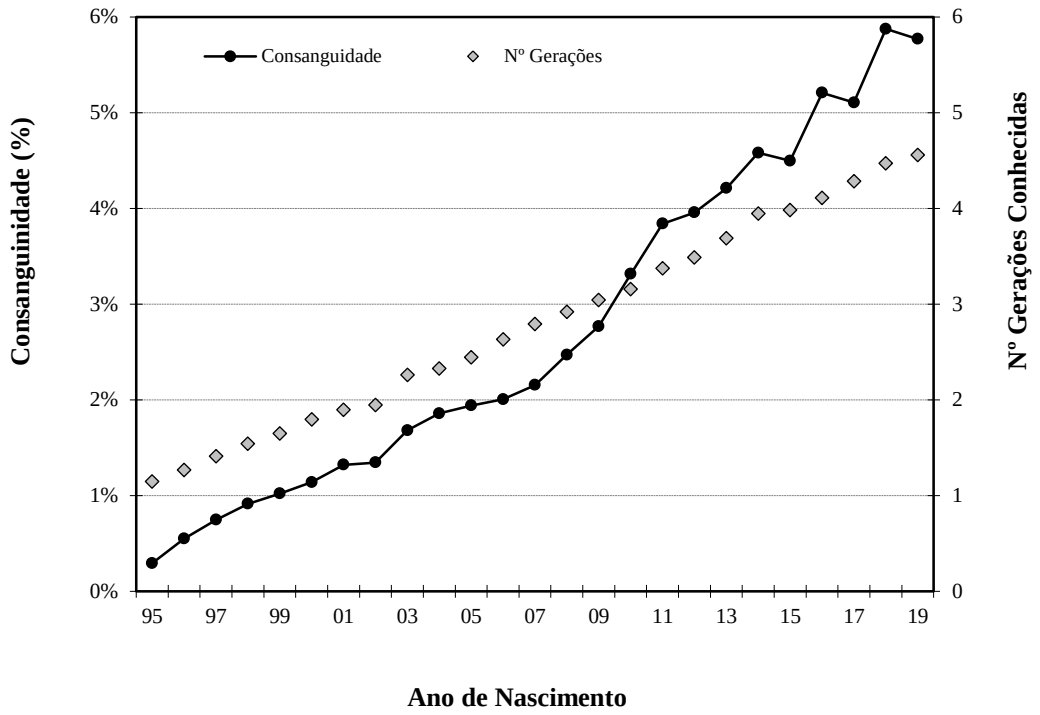


Figura 3.3 - Evolução da consanguinidade e do número de gerações conhecidas

A percentagem de animais nascidos consanguíneos nos últimos 10 anos (Figura 3.27) situa-se nos 45%, verificando-se um decréscimo considerável de animais nascidos não consanguíneos nos últimos 5 anos (2015-2019), enquanto que na primeira década do século XXI, em media, 16% dos animais nasciam consanguíneos e, nos últimos anos esta percentagem aumentou notavelmente.

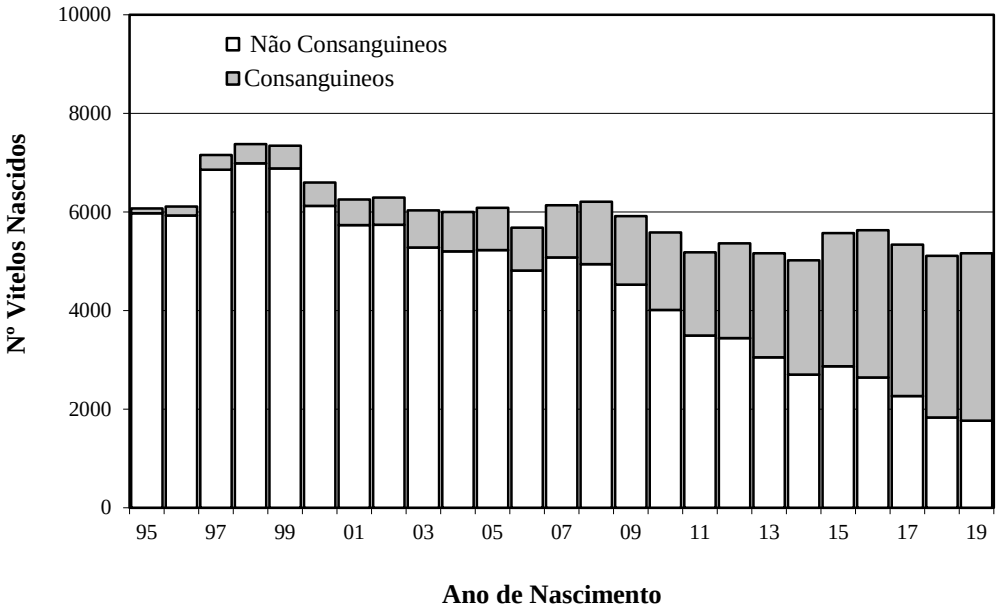


Figura 3.27 - Evolução da percentagem de animais nascidos consanguíneos

A partir dos registos de nascimentos entre 1995 e 2019, foram determinados os intervalos de gerações (L) para as 4 vias de seleção, designadamente, "pais de touros", "pais de vacas", "mães de touros" e "mães de vacas", de que resultou um intervalo de gerações médio de 6.86 anos (Figura 3.28).

Os valores relacionam uma elevada longevidade da raça Barrosã.

L (anos)	Pais	Mães	
Todos os animais	5.74	8.04	
Touros	5.58	7.93	**$L_{médio}$ = 6.86 anos**
Vacas	5.76	8.09	

Figura 3.28 - Intervalos de gerações (L) para as 4 vias de selecção, no período 2010-2019

Comparativamente a outras raças bovinas autóctones, a raça Barrosã regista um valor médio de intervalo de gerações baixo (6.86 anos) e apresenta alguma heterogeneidade nas 4 vias de selecção (mínimo de 5.58 anos nos Pais de Touros e máximo 8.09 anos nas Mães de Vacas. Este valor do intervalo de gerações é próximo do estimado para a

raça Barrosã 6.4 anos - Carolino *et al.*, 2011) e para outras raças autóctones portuguesas: Marinhoa (6.1 anos - Carolino *et al.*, 2012), e Alentejana (6.5 anos - Carolino e Gama, 2008) e bastante mais elevado do que nas raças francesas Aubrac, Gasconne e Salers, com valores de L entre 3.0 e 4.5 anos (Renand e Havy, 2000), e do que em diversas raças espanholas (Alistana, Asturiana de la Montaña, Asturiana de los Valles, Avileña-Negra Ibérica, Bruna dels Pirineus, Morucha, Pirenaica e Sayaguesa), com valores de L estimados entre os 3.7 e 5.5 anos (Gutiérrez *et al.*, 2000).

Como refere Carolino (2020) a longevidade é um atributo desejável das raças bovinas autóctones, mas a capacidade para se manter em produção até idades mais avançadas resultará num intervalo de geração elevado, tal como observado nas vias de seleção "Mãe de Touro" e "Mãe de Vaca" da raça Barrosã, o que, por sua vez, terá impacto nos resultados programa de melhoramento por seleção.

Na Figura 3.29 apresenta de novo a evolução da percentagem de animais consanguíneos, mas conjuntamente com o parentesco médio (AR). O parentesco médio (AR) representa o grau de parentesco médio entre cada animal e todos os indivíduos da população e que, segundo Goyache *et al.* (2003), é determinado pelo dobro da probabilidade de, num determinado *locus*, um alelo retirado aleatoriamente num do indivíduo e um alelo retirado aleatoriamente em cada individuo da população, serem idênticos por descendência, sendo calculado como a média dos coeficientes de parentesco na linha correspondente ao indivíduo na matriz de parentesco de toda a população. Através da Figura 3.29 confirma-se, de outra forma, o acréscimo do valor médio de parentesco entre animais ao longo dos anos, ainda que o respetivo valor médio do parentesco se mantenha reduzido.

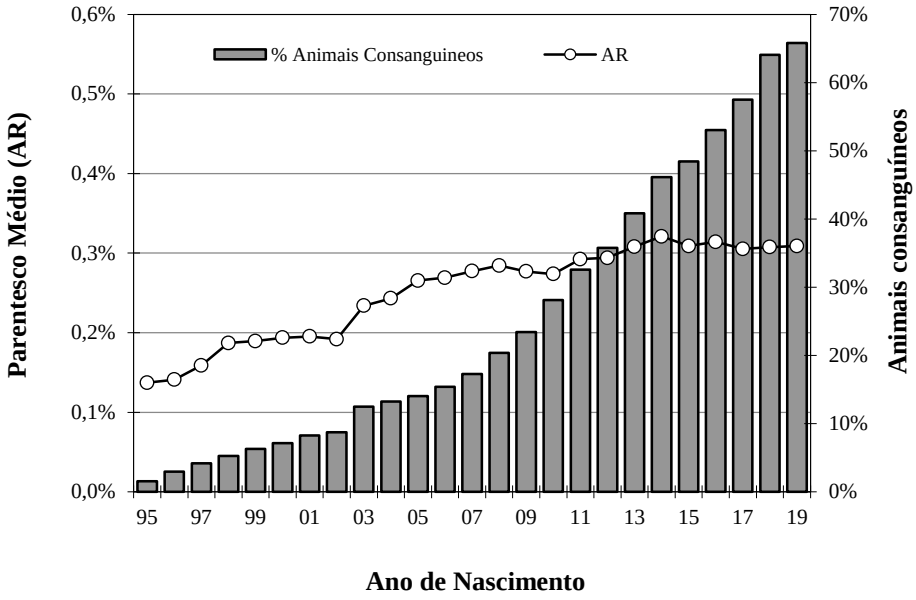


Figura 3.4 - Evolução do parentesco médio (AR) e da percentagem de animais consanguíneos

Realça-se um aumento muito ténue do parentesco médio entre animais (AR) ao longo dos últimos anos, registam valores médios superiores a 0.3%, ainda que seja evidente o acréscimo da percentagem de nascimentos consanguíneos (Figura 3.29). Estes resultados sugerem níveis de parentesco bastante desiguais entre reprodutores da mesma exploração ou até na região, quando comparados com o total da população.

Consoante o período considerado, o acréscimo anual da consanguinidade variou entre 0254% e 0.309% (Figuras 3.30 e 3.31). O acréscimo da consanguinidade por geração foi de 1.716%, 2.126% e 1.909% respetivamente, nos períodos 2000-2019, 2005-2019 e 2010-2019. Estes acréscimos poderão estar sobrestimados devido à subestimativa dos valores da consanguinidade em anos mais distantes e estimativas mais próximas do valor real em anos mais recentes, porém, merecem uma atenção particular.

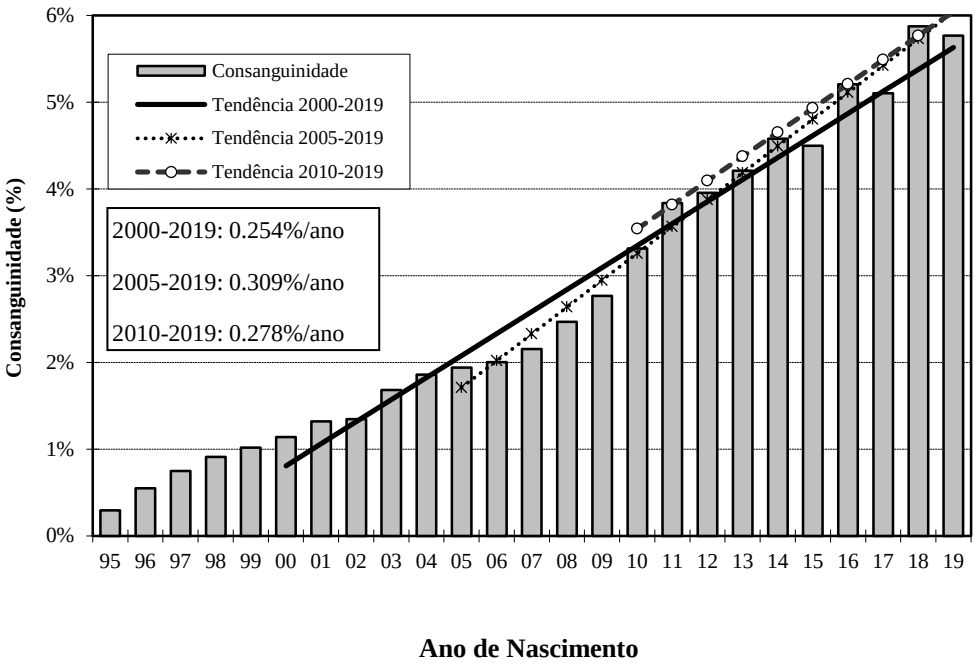


Figura 3.30 - Evolução e estimativa do acréscimo anual da consanguinidade

O acréscimo da consanguinidade por geração (ΔF/geração) estimado na raça Barrosã (2.126 % e 1.909 %) é elevado, mesmo quando comparado com os obtidos noutras raças autóctones, em que o número de gerações conhecidas é mais reduzido. É bastante mais elevado que os valores registados nas raças Francesas (0.012%/geração na Aubrac, 0.029%/geração na Gasconne e 0.202%/geração na Salers) por Renand e Havy (2000), mas próximo dos valores estimados em diversas raças portuguesas (raça Cachena como ΔF/geração entre 1.48% e 2.16% e Marinhoa como ΔF/geração entre 0.8402% e 1.5110%) e ao de diversas raças bovinas espanholas (Alistana com 1.35%/geração, Morucha com 1.78%/geração, Retinta com 1.99%/geração e Sayaguesa com 2.20%/geração) (Gutiérrez *et al.*, 2000).

Parâmetros demográficos estimados	Período considerado		
	2000-2019	2005-2019	2010-2019
ΔF/ano	0.254%	0.309%	0.278%
Intervalo de Gerações (L)	6.76	6.87	6.86
ΔF/geração	1.716%	2.126%	1.909%
Tamanho efetivo da população (N_e)	29.14	23.52	26.19

Figura 3.31 - Tamanho Efetivo da População (Ne) e Taxa de Consanguinidade (ΔF)

As taxas anuais de consanguinidade (ΔF/ano) estimadas para os diferentes períodos (0.254%, 0.309% e 0.278%) são superiores às estimadas para da raça Mertolenga (0.183%/ano) com base em 209503 animais nascidos entre 1978 e 2019 (Carolino et al., 2020). Se segundo os mesmos autores, é semelhante à obtida na raça bovina Alentejana a partir de animais nascidos entre 1968 e 2003 (0.33%/ano) e em animais nascidos entre 1968 e 2016 (0.23%/ano)

Estas estimativas obtidas na raça Barrosã, são inferiores às referidas por Carolino *et al.*, (2020) noutras raças autóctones Portuguesas, designadamente, Arouquesa e Preta, e nas raças Italianas Sardo Bruna e Sardo Modicana.

Quando a população ou período em estudo inclui animais com pouca informação genealógica (n_i <2), naturalmente, estes indivíduos terão níveis de consanguinidade próximos de zero, que ao serem analisados em conjunto com animais nascidos mais recentemente e com mais informações de pedigree, poderá resultar em sobrestimativa da taxa anual de consanguinidade (Carolino et al., 2020))

O tamanho efetivo da população (N_e) relaciona-se com a taxa de consanguinidade (F_i) e com o intervalo de gerações (L), havendo recomendações da FAO (1998), de que uma população deverá ter um N_e superior a 50 ou um ΔF/geração inferior a 1%, para que o risco de erosão genética seja considerado aceitável (Carolino, 2006). Atendendo a que as estimativas do ΔF/geração, para os três períodos de nascimentos (2000-2019, 2005-2019 e 2010-2019) é superior a 1% por geração, o tamanho efetivo da população obtido

para a raça bovina Barrosã é inferior ao valor mínimo recomendado pela FAO (29.14; 23.52; 26.19).

O trabalho de análise da estrutura genética de 8 raças bovinas Espanholas, desenvolvido por Gutiérrez et al. (2003), demonstrou que 6 destas raças apresentam um Ne inferior a 50 (Alistana: 36, Asturiana de la Montaña: 35, Avileña-Negra Ibérica: 40, Morucha: 27, Retinta: 25 e Sayaguesa: 21). Os mesmos autores apontam como a principal causa para o Ne reduzido nestas raças, o excessivo acasalamento intra-exploração.

Segundo Carolino *et al.,* (2020) a comparação do Ne de uma raça autóctones om o de uma raça internacional de dimensão mundial (por exemplo, Charolês, Limousine ou Blonde d'Aquitaine), em alguns casos com Ne> 500, é muito desigual. São realidades distintas e também possibilidades muito diferentes de maneio da variabilidade genética existente.

Importa realçar que, pelo facto do Livro Genealógico da raça Barrosã ter iniciado em 1981 e o intervalo de gerações ser de aproximadamente 7 anos, este valor pode estar subestimados, resultando na estimativa do acréscimo da consanguinidade por ano e, consequentemente, por geração (ΔF/geração) mais reduzidos e valores de tamanho efetivo da população (N_e) mais altos do que possivelmente os valores reais da população. Isto é, se o nível de conhecimento das genealogias dos animais fosse mais profundo (numero de gerações conhecidas mais elevado), as estimativas destes parâmetros demográficos sugeriam certamente valores de erosão genética mais elevados na raça Barrosã.

De facto, a taxa de consanguinidade por geração deve ser inferior a 1,0%, o que pode dificultar a seleção quando o tamanho da população é particularmente pequeno. No entanto, consoante o aumento da dimensão d população, a intensidade da seleção pode ser aumentada, bem como o diferencial de seleção.

Através das metodologias propostas por James (1972) e Boichard *et al.* (1997), através de aplicações desenvolvidas em Clipper Summer 87 (Carolino e Gama, 2002), foram determinadas as contribuições genéticas de fundadores (q_k) e de ascendentes (p_k) para a população nascida em quatro diferentes períodos (2000-2004, 2005-2009, 2010-2014 e 2015-2019), verificando-se uma contribuição genética, quer de fundadores, quer de

ascendentes, bastante desigual para respetivas populações definas pelos animais nascidos em diferentes períodos (Figuras 3.32, 3.33 e 3.34).

Estas metodologias baseiam-se no princípio de que um alelo retirado ao acaso de qualquer *locus* de um determinado animal tem 50% de probabilidade de ter origem no pai e igual probabilidade de ter origem na mãe (Carolino, 2006). Seguindo o mesmo raciocínio, um animal tem 25% de probabilidade de receber um alelo de cada um dos avós e 12.5% de cada um dos bisavós. Aplicando esta regra ao pedigree de qualquer animal, poderá calcular-se a probabilidade de origem dos seus genes a partir dos fundadores existentes na sua ascendência (animais com pai e mãe desconhecidos) ou, de outro modo, a contribuição genética de um fundador k (q_k) para determinado indivíduo ou conjunto de indivíduos.

O número de animais Fundadores é relativamente elevado (entre 31755 e 32219). No entanto, devido à contribuição genética desigual destes fundadores para as várias "populações em estudo", o número efetivo de fundadores (f_a) tem vindo a diminuir gradualmente de 644.87 para 473.12. De igual forma, o número de fundadores que explicam 50% da variabilidade genética existente na população em estudo, também tem vido a diminuir. Isto é, há uma tendência para cada vez menos animais justificarem uma determinada proporção da variabilidade genética da raça Barrosã.

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	31755	31173	644.87	344
2005-2009	32189	30024	523.92	241
2010-2014	32214	26315	509.01	216
2015-2019	32219	26811	473.12	155

Figura 3.32 - Contribuição genética de Fundadores para a população em estudo

O número efetivo de ascendentes (f_a), bem como o número de ascendentes que justificam 50% da variabilidade genética existente na população em estudo (Figuras

3.33 e3.34), para além de ser inferior ao número efetivo de fundadores em igual período, é tendencialmente mais pequeno à medida que a população em estudo é mais recente.

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	14580	31173	392.04	272
2005-2009	14735	30024	307.17	199
2010-2014	15564	26315	300.45	129
2015-2019	16731	26811	266.25	113

Figura 3.332 - Contribuição genética de Ascendentes para a população em estudo

Ainda que o número efetivo de ascendentes (f_a) não seja muito reduzido, regista-se alguma diferença entre o f_e e o f_a nos vários períodos estudados. Quanto maior for a diferença entre f_e e o f_a (isto é, quanto maior o rácio f_e/f_a), maior será a existência de afunilamentos ao longo do pedigree (Boichard *et al*., 1997). Rácios f_e/f_a abaixo de 2 indicam que não existem grandes afunilamentos da raça, em termos de diferentes níveis de utilização de reprodutores ao longo do tempo.

Observando os valores do rácio fe/fa obtidos ao longo do tempo para a raça Barrosã, com valores abaixo de 2 (entre 1.6 obtido em 2000-2004 e 1.8 obtido em 2015-2019, enquadrando-se com os registados para algumas raças autóctones Portuguesas (entre 1.4 e 1.9 na raça Marinhoa e entre 1.4 e 2.0 na raça Barrosã) e inferiores a varias raças espanholas, nomeadamente, Asturiana de los Valles (f_e/f_a=5.2), Alistana (f_e/f_a=4.7) e Sayaguesa (f_e/f_a=4.6).

População em Estudo	Nº Animais da 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	31173	644,87	392,04	252,83	1,64
2005-2009	30024	523,92	307,17	216,75	1,71
2010-2014	26315	509,01	300,45	208,56	1,69
2015-2019	26811	473,12	266,25	206,87	1,78

Figura 3.345 - Evolução do diferencial no número efetivo de Fundadores e de Ascendentes

Quanto maior for a diferença entre fe e o fa (isto é, quanto maior o rácio fe/fa), maior será a existência de afunilamentos ao longo do pedigree (Boichard et al., 1997). Os valores do rácio fe/fa obtidos para a raça Barrosã são indicadores de que existem alguns afunilamentos na raça, em termos de diferentes níveis de utilização de reprodutores ao longo do tempo.

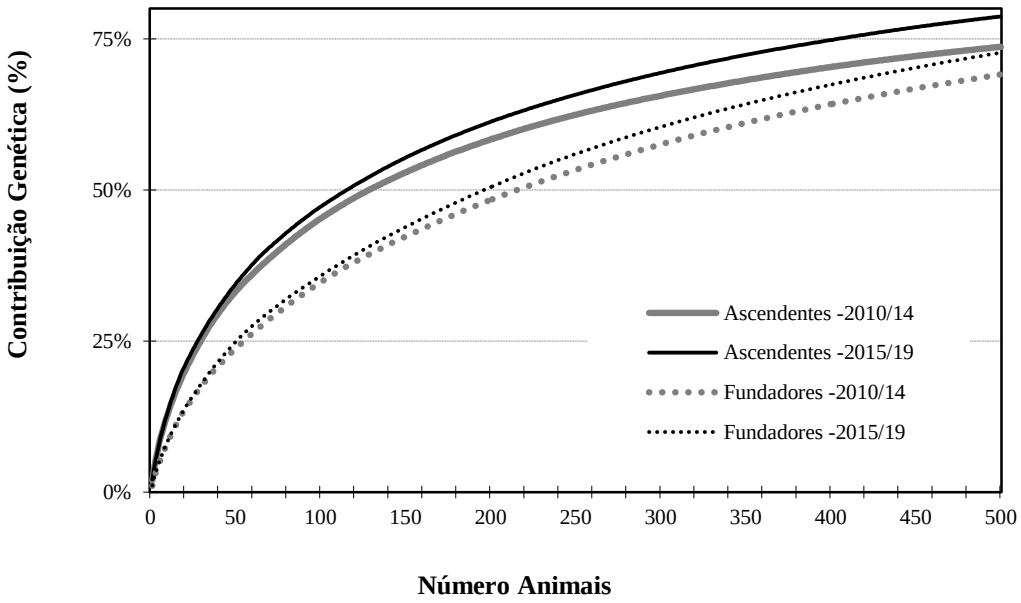


Figura 3.35 - Contribuição genética de Ascendentes e Fundadores para população em estudo (animais nascidos entre 2010-2014 e 2015-2016)

Ao contrário das Figuras anteriores, em que se identifica de várias formas a perda de alguma variabilidade genética ao longo dos anos, a Figura 3.36 evidencia um aumento do índice conservação genética (GCI).

O Índice de conservação genética (GCI) é um indicador demográfico do número efetivo de fundadores presentes no pedigree de um individuo. Este índice, segundo Alderson e Bodó (1992) poderá ser utilizado como uma forma alternativa de avaliar taxa de consanguinidade quando a informação genealógica é escassa.

Com o aumento do número médio de gerações conhecidas, o índice de conservação genético também aumenta. Embora o CGI seja claramente influenciado pelo nível de preenchimento das genealogias, este traduz o que cada individuo representa em termos de fundadores da população. Desta forma, o GCI poderá ser um bom indicador do "valor de conservação" de cada animal ao longo das gerações.

Assim, a evolução do valor médio do índice de conservação genética por ano de nascimento (Figura 3.36) indica que animais nascidos nos últimos anos apresentam uma maior proporção de genes dos diferentes fundadores.

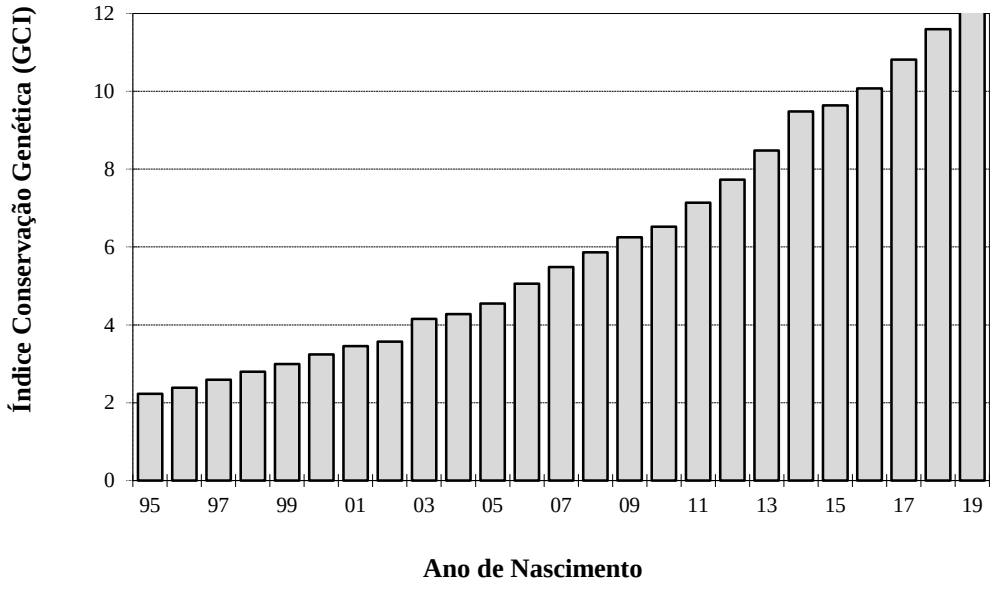


Figura 3.6 - Evolução do Índice de conservação genética (GCI)

4. Considerações Finais

A raça bovina Barrosã é atualmente explorada não só no continente, mas também no arquipélago dos Açores, embora predomine nas sub-regiões Minho-Lima (Serra do Barroso - Alto Minho) e no Douro, e nos distritos de Santarém e Évora.

Com um número de fêmeas reprodutoras de 8000, das quais, aproximadamente 7500 mantêm-se em linha pura, a raça Barrosã é classificada como "não ameaçada" segundo os critérios utilizados pela União Europeia (Regulamento da CE Nº 445/2002) Considerando a instabilidade do número de fêmeas reprodutoras em anos anteriores. A raça Barrosã, apesar dos dias de hoje não se classificar em "risco de abandono", a mesma, encontra-se muito próxima dessa situação.

O efetivo reprodutor da raça Barrosã encontra-se sensivelmente estabilizado desde o final da década de 90, oscilando entre as 7614 e 7539 fêmeas.

Os resultados obtidos com base na caracterização genética por análise demográfica da raça Barrosã realçam os seguintes aspetos principais:

- Efetivo reprodutor é atualmente constituído por 8000 fêmeas adultas, das quais, aproximadamente 7500 mantêm-se em linha puras e cerca de 300 machos, distribuídos por cerca de 900 criadores ativos.
- O número de fêmeas reprodutoras ativas apresentou um acréscimo constante desde o início do seculo, particularmente a partir de 2002.
- O número de animais nascidos anualmente puros e, por isso, inscritos no Livro de Nascimentos, tem oscilado um pouco nos últimos 20 anos. Observou-se ainda uma ligeira diminuição do número de nascimentos de animais, particularmente a partir de 2010, baixando dos 6000 nascimentos por ano. Nos últimos anos, a taxa de partos puros rondam os 70%, com uma tendência para diminuir ligeiramente.
- A raça Barrosã está classificada como "não ameaçada" segundo o Regulamento CE nº445/2002 e a Portaria n.º 618/2008.
- Explorada sobretudo no Minho-lima e no Douro, nos distritos de Viana do Castelo (Arcos de Valdevez, Cabeceiras de Basto, Ponte da Barca, Monção,

Ponte de Lima, Melgaço e Paredes de Coura), no distrito de Vila Real (Montalegre, Boticas e Chaves), no distrito de Braga (Braga, Vieira do Minho, Terras de Bouro, Vila Verde, Amares, Fafe e Póvoa de Lanhoso) e, com um menor número de criadores, nos diversos distritos do País, destes, ressalva-se os distritos de Évora (Alandroal e Montemor-o-Novo) e Santarém (Chamusca)

- Existe uma grande variabilidade na dimensão das explorações (número de animais nascidos por ano) entre concelhos. Ressalva-se o distrito de Santarém, que representa 1.7% das explorações. Este distrito é responsável por 46.9% dos animais nascidos, traduzindo explorações com grandes dimensões ao nível do efectivo reprodutor.
- A maioria dos animais nasce em explorações onde, em média, se registam 2, e 11-20 nascimentos por ano.
- Não apresenta sazonalidade reprodutiva, observando-se uma distribuição mensal do partos semelhante ao logo dos últimos 20 anos, com uma ligeira acumulação de partos entre Março a Maio.
- Nos últimos 10 anos, observou-se uma maior percentagem de partos durante o mês de Abril (11%) e menor durante o mês Novembro (6.3%). Confirma-se a distribuição mensal regular acima dos 6% dos nascimentos (a maior incidência dos nascimentos ocorrem nos meses de Março, Abril, Maio e Dezembro). Esta particularidade da raça e do sistema de produção é útil quando existe uma denominação de origem protegida diretamente relacionada (DOP), como é o caso da Carne Barrosã – DOP, de forma a não haver quebras de produto ao longo do ano.
- Constatou-se uma longevidade produtiva elevada. Comprova-se a capacidade das fêmeas da raça Barrosã em se manterem em produção até idades avançadas. 30.8% das fêmeas mantêm-se em produção para além dos 10 anos de idade, e 7.2% das fêmeas apresentando idade igual ou superior a 15 anos.
- Melhoria da informação genealógica nos últimos anos e, consequentemente, um acréscimo significativo do número de gerações conhecidas.

- A distribuição do número de descendentes por macho evidencia alguns desequilíbrios, sugerindo a necessidade de evitar que alguns machos tenham um número excessivo de descendentes.
- As estimativas da consanguinidade são baixas, verificando-se valores acima dos 5%, o que não são preocupantes. Contudo, os valores reais da consanguinidade poderão ser mais elevados. Esses valores poderão estar influenciados pela falta de informação genealógica em anos mais longínquos.
- Observa-se ainda um decréscimo do número de animais nascidos não consanguíneos ao longo dos anos.
- Embora os valores da consanguinidade não sejam preocupantes, o acréscimo anual da consanguinidade observado nos últimos anos e o aumento dos do número de animais nascidos consanguíneos, sugere-se o delineamento de acasalamentos com o objetivo de minimizar o parentesco entre reprodutores. A AMIBA poderia disponibilizar este serviço de aconselhamento aos criadores, através da informação disponível no Livro Genealógico.
- Perante os indicadores demográficos estimados, é recomendável aumentar a diversificação de machos a utilizar como reprodutores e evitar o número excessivo de descendentes por macho.
- Tamanho efetivo da população é reduzido (nos últimos 10 anos foi de 26,19), inferior ao valor recomendado pela FAO (50 ou ΔF/geração inferior a 1%), para que o risco de erosão genética da população seja considerado aceitável. Contudo, é importante ter em consideração que os acréscimos de consanguinidade por ano e por geração deverão estar sobrestimados.
- Número efetivo de fundadores e número efetivo de ascendentes possivelmente sobrestimados (devido ao insuficiente conhecimento das genealogias); observa-se no entanto, uma contribuição bastante desigual dos ascendentes para o património genético atual. Sendo necessário minimizar esta tendência, com o uso eficaz do património genético da raça Barrosã.

De um modo geral, reconhece-se uma evolução muito positiva na monitorização da raça bovina Barrosã, particularmente no controle das parições, registos de nascimentos e das respetivas genealogias dos animais. A melhoria recente da informação genealógica disponível foi essencial para a determinação de alguns indicadores demográficos baseados neste tipo de informação, sendo importantíssimo dar continuidade ao controlo das genealogias de todos os animais a inscrever no Livro de Adultos e, dentro do possível, a respetiva confirmação por análise de ADN. Este controle é fundamental para as ações de conservação, melhoramento e promoção a desenvolver na raça Barrosã.

Relembra-se que utilização excessiva de alguns touros, tanto em monta natural como em inseminação artificial, deverá ser controlada, de forma a evitar a contribuição genética desequilibrada. Sugere-se o reforço do delineamento de acasalamentos com o objetivo de minimizar o parentesco entre reprodutores e, consequentemente, da consanguinidade dos animais que irão nascer nos próximos anos, evitando o afunilamento genético da raça.

Confirma-se ainda que o número de fêmeas adultas de uma raça não deve ser generalizado como critério único para avaliar o risco de extinção ou para estudar a variabilidade genética duma população. Ao ser utilizado como único critério para definir o risco de extinção ou de erosão genética de uma raça e, consequentemente, para de atribuição de ajudas financeiras pode, em muitos casos, originar interpretações incorretas. Em populações reais, as condições de uma população ideal dificilmente serão conseguidas, pelo que um único critério de avaliação do risco de extinção de uma raça não será o adequado para todas as situações.

De uma forma geral, os parâmetros estimados indicam que a raça bovina Barrosã, em termos demográficos e estrutura genética, tem todas as condições para poder desenvolver um programa de seleção eficaz, que permita obter o progresso genético dos caracteres mais importantes para a raça e que tenha em consideração a manutenção da variabilidade genética da população.

5. Referências Bibliográficas

Afonso, F. P., L. T. Gama, R. N. Carolino e J. M. Almeida, (1996). Gestão do património genético, consanguinidade e depressão consanguínea num efectivo bovino da raça Alentejana. Rev. Port. Zoot., Ano III, Nº2:31-44.

Alfaia, C.P.M., Castro, M.L.F., Martins, S.I.V., Portugal, A.P.V., Alves, S.P.A., Fontes, C.M.G.A., Bessa, R.J.B. and Prates, J.A.M. (2007). Effect of slaughter season on fatty acid composition, conjugated linoleic acid isomers and nutritional value of intramuscular fat in Barrosã- PDO veal. Meat Sci. 75, 44–52.

Alderson, L. e I. Bodó, (1992). Review of species and breed studies. In: L. Alderson and I. Bodó, I. Genetic conservation of domestic livestock. Wallingford: C.A.B International, 1992, v.2. p.232-239.

Andrade, F. S., (1952). A raça bovina Transtagana, Sub-raça Alentejana. Colecção de livros agrícolas "A Terra e o Homem". Livraria Sá da Costa, Lisboa, Portugal.

Boichard, D. (2007) PEDIG: a fortran package for pedigree analysis suited for large populations. Jouy en Josas.

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.

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. (2006). Estratégias de selecção na raça bovina Alentejana. Tese de Doutoramento. Faculdade de Medicina Veterinária, Universidade Técnica de Lisboa, Lisboa, Portuga.

Carolino, N. e L. T. Gama, (2008). Indicators of genetic erosion in an endangered population: The Alentejana cattle breed in Portugal. Journal of Animal Science, 86: 47-56.

Carolino, N., J. Pais, P. Ventura, N. Henriques e L. Gama, (2004). Caracterização demográfica da raça bovina Mertolenga. Rev. Port. Zoot., Ano IX, Nº1:61-78.

Carolino, N., Gama, L. T. (2011) Caracterização genética por análise demográfica da raça bovina Cachena. Unidade de Investigação de Recursos Genéticos, Reprodução e Melhoramento Animal L-INIA, INRB, I.P.

Carolino, N., L. T. Gama, J. V. Leite e R. Dantas, (2011a). Caracterização genética por análise demográfica da raça bovina Cachena. Instituto Nacional dos Recursos Biológicos, Portugal.

Carolino, N., L. T. Gama, J. V. Leite e R. Dantas, (2011b). Caracterização genética por análise demográfica da raça bovina Barrosã. Instituto Nacional dos Recursos Biológicos, Portugal.

Carolino, N., M. Dunca e E. Ferreira, (2012). Caracterização genética por análise demográfica da raça bovina Marinhoa. Unidade Estratégica de Investigação e Serviços de Biotecnologia e Recursos Genéticos - INIAV, Portugal.

Carolino, N. e Espadinha, P. (2008) Caracterização genética por análise demográfica da raça bovina alentejana. Unidade de Investigação de Recursos Genéticos, Reprodução e Melhoramento Animal do L-INIA. Instituto Nacional de Investigação Agrária.

Carolino, N., Vitorino, A., Carolino, I., Pais, J., Henriques, N., Silveira, M., Vicente, A. (2020). Genetic Diversity in the Portuguese Mertolenga Cattle Breed Assessed by Pedigree Analysis. Animals 2020, 10(11), 1990.

Costa P, Costa A.F., Lopes P.A, Alfaia C.M., Bessa R.J.B., Roseiro L.C. and Prates J.A.M., (2011). Fatty acid composition, cholesterol and a-tocopherol of Barrosã - PDO veal produced in farms located in lowlands, ridges and mountains. J Food Comp. and Analysis 24, 987–994.

Costa, P., Roseiro, L. C., Partidário, A., Alves, V., Bessa, R. J. B., Calkins, C. and Santos, C., (2006). Influence of slaughter season and sex on fatty acid composition, cholesterol and alpha-tocopherol contents on diferent muscles of Barrosã-PDO veal. Meat Sci, 72, 130–139.

DGAV, (2013). Raças Autóctones Portuguesas. Direção Geral de Alimentação e Veterinária.

Falconer, D. S., Mackay, T. F. (1996) Introduction to quantitative genetics. Harlow, Longman House.

FAO (Food and Agriculture Organization), (1998). Secondary Guidelines: Management of Small Populations at Risk. FAO Editions, Rome, Italy.

FAO - Food and Agriculture Organization. (2007) The state of the word's animal genetic resources for food and agriculture. Roma, FAO Editions.

Faria, M. (2007) Os Cornos do Auroque: Raças de Bovinos no Entre Douro e Minho. Direção Regional de Agricultura e Pescas do Norte, http://www.drapn.min-agricultura.pt/drapn/conteudos/cen_documentos/outros/OsCornosdoAuroque.pdf, consultado no dia 16 de junho de 2020.

Gama, L. T. (2002) Melhoramento genético animal. Lisboa, Escolar Editora.

Gama, T. L; Carolino, N; Costa, M. S; Matos, C. P. (2004). Recursos genéticos animais em Portugal. Instituto Nacional de Investigação Agrária e das Pescas. 68

Garcia, M.; Rosário, J.; Antunes, M.; (1981) Raça Bovina Barrosã: inquérito para a sua caracterização e seu sistema de exploração, em Bovinos em Portugal. Direção Geral dos Serviços Veterinários. 46, http://www.amiba.com.pt/1981%20Bovinos%20em%20PortugalRaca%20Barrosa.pdf, consultado no dia 16 de junho de 2020.

García, J. E. Y. (2000). Catálogo de Raças Autóctones de Castela e Leão (Espanha) Região Norte de Portugal. I. Espécies bovina e equina. Edição, Fundação Rei Afonso Henriques, 77-89.

Goyache, F., Gutierrez, J.P., Fernandez, I., Gomez, E., Alvarez, I., Diez, J. and Royo, L.J. (2003). Using pedigree information to monitor genetic varia bility of endangered populations: the Xalda sheep breed of Asturias as an example. J. Anim. Breed. Genet., 120: 95-103.

Guerreiro, M. V., (1981) Pitões das Júnias: Esboço de Monografia Etnográfica. Serviço Nacional de Parques, Reservas e Património Paisagístico, em Lisboa, 87.

Gutiérrez, J. P., J. Altarriba, C. Díaz, R. Quintanilla, M. Izquierdo, J. Cañón e J. Piedrafita, (2000). “Demographic and genetic analysis of Spanish beef cattle

breeds", Characterization and assessment of genetic aptitudes of European local beef breeds for producing quality meat. Final Report of the FAIR I PL95/702 Research Project: 75-99. UAB, Barcelona, Spain.

Gutiérrez, J. P., Goyache, F. (2004) A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information. Journal of Animal Breeding and Genetics, 122,172-176

James, J. W., 1972. Computation of genetic contributions from pedigrees. Theor. Appl. Genet., 42:272-273.

Leal, R. S. C., (1998). Caracterização genética da raça bovina Barrosã; Universidade do Porto.

Lima, S. B. (1862) Estudos pecuários sobre a província de Tráz-os-Montes (Raça Vacum Barrosan), Archivo Rural (1858 - 1862).

Ministério da Agricultura, Mar, Ambiente e Ordenamento do Território; DGV. (2012) Programa de conservação e melhoramento genético animal (PCMGA); normas para aplicação/cumprimento do programa PRODER. Lisboa.

Monteiro, O. D., Mestre, B. R., Fontes, S. A., Azevedo, T. J. (2005) A raça Bovina Barrosã; Universidade de Tras-os-Montes e Alto Douro, Vila Real.

Renand, G. e A. Havy, (2000). "Demographic and genetic analysis of three French beef cattle breeds", Characterization and assessment of genetic aptitudes of European local beef breeds for producing quality meat. Final Report of the FAIR I PL95/702 Research Project. UAB, Barcelona, Spain.

Pereira, G. C, (2016) "As chegas de bois em Montalegre: etnografía, memoria e intervenção museológica, Universidade do Minho.

Piccoli, M. L., Neto, J. B., Pimentel, C. M. M., Cobuci, J. A., Barcellos, J. O. J., Gama, L.T. (2012) Parâmetros populacionais da raça Shorthron criada no Brasil. IX Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal.

Pizzaro, L. (1916). Breves considerações sobre a raça Barrosã e sua exploração

Schlotterer, C. (2004) The evolution of molecular markers - just a matter of fashion? Nature Reviews Genetics, 5, 63-90

Silva, M. M., Carolino, N., Sousa, M. O., Carolino, M. I., e Gama, L. T. (2008) Caracterização genética da raça ovina churra galega mirandesa. Relatório de atividades realizadas no âmbito do protocolo prevista no programa PRODER .

Anexos

▼B

ANEXO I

(Artigo 14.º)

Espécies de animais de exploração elegíveis	Limiar abaixo do qual uma raça local é considerada em risco de abandono Número de fêmeas reprodutoras (1)
Bovinos	7 500
Ovinos	10 000
Caprinos	10 000
Equídeos	5 000
Suínos	15 000
Aves de capoeira	25 000

(1) Número, calculado no conjunto dos Estados-Membros da União Europeia, de fêmeas reprodutoras de uma dada raça que se reproduzem em raça pura, inscritas num registo reconhecido pelo Estado-Membro (livro genealógico ou livro zootécnico).

Espécie	Raça Autóctone	Grau de Risco
	Barrosã	Grau C
	Brava de Lide	Grau C
	Cachena	Grau B
	Garvonesa	Grau A
	Jarmelista	Grau A
	Marinhoa	Grau A
	Maronesa	Grau C
	Mertolenga	Grau C
	Minhota	Grau C
	Mirandesa	Grau B
	Preta	Grau B
	Ramo Grande	Grau A
Ovina	Bord. Entre Douro e Minho	Grau B
	Campaniça	Grau C
	Churra Algarvia	Grau A
	Churra Badana	Grau B
	Churra do Campo	Grau A
	Churra do Minho	Grau B
	Churra Galega Bragançana Branca	Grau C
	Churra Galega Bragançana Preta	Grau A
	Churra Galega Mirandesa	Grau B
	Churra Mondegueira	Grau A
	Churra Terra Quente	Grau C
	Merina Branca	Grau C
	Merina Preta	Grau C
	Merino da Beira Baixa	Grau C
	Saloia	Grau B
	Serra da Estrela	Grau C
Caprina	Algarvia	Grau B
	Bravia	Grau C
	Preta Montesinho	Grau A
	Charnequeira	Grau B
	Serpentina	Grau B
	Serrana	Grau C
Suína	Alentejana	Grau B
	Bisara	Grau A
	Malhado de Alcobaça	Grau A
Asinina	Burro de Miranda	Grau A
	Burro da Graciosa	Grau A
Equina	Pônei da Terceira	Grau A
	Garrana	Grau A
	Puro-sangue Lusitano	Grau B
	Sorraia	Grau A
Avícola	Amarela	Grau A
	Branca	Grau A
	Pedrês Portuguesa	Grau A
	Preta Lusitânica	Grau A

B) Raças Exóticas

Espécie	Raça exótica
Bovina	Frísia
	Blonde d'Aquitaine
	Charolesa
	Limousine
	Salers
	Aberdeen Angus
	Simmental Fleckvieh
Equina	Puro Sangue Inglês
	Puro Sangue Árabe
Caprina	Boer
Ovina	Merina Precoce
	Île-de-France
	Suffolk
Suína	Duroc
	Landrace
	Large White
	Pietrain

Grau de Risco de Erosão Genética

Grau A: Risco muito elevado

Outro: Grau B — Risco elevado ou Grau C — Risco moderado