

Estudo demográfico: População dos bovinos de raça Maronesa

2019

Autores:

Prof. Mário Silvestre

Prof.^a Ângela Martins

Eng.^a Paula Cristina Teixeira



Índice

1. Introdução	3
2. Grau de preenchimento da genealogia	5
3. Animais fundadores e ascendentes	7
4. Consanguinidade e tamanho efetivo da população	8
5. Evolução da consanguinidade	10
6. Considerações finais	11
7. Referências	12

1. Introdução

O ficheiro com a genealogia da população dos bovinos de raça Maronesa, até ao dia 2 de fevereiro de 2020, que a Associação de Criadores do Maronês submeteu para análise à equipa de melhoramento animal do CECAV/UTAD, continha 115587 animais (tabela 1). Neste estudo foram considerados os 96270 animais com o código de raça 07 (animais da raça Maronesa) nos quais foram excluídos 19317 animais de outras raças. A base de dados passou a apresentar 96270 registos.

Tabela 1. Distribuição dos 115587 animais de acordo com o código da raça.

Código da raça	Nº de animais
07	96270
09	3
11	13
12	1
16	14
20	17492
21	334
29	11
30	1440
32	1
33	5
Total	115587

Dos 96270 animais da raça Maronesa considerados, 39804 são machos e 56466 são fêmeas, distribuídos por 3696 criadores, dos quais constatou-se que 153 animais não estão associados a qualquer exploração (tabela 2). Verifica-se ainda que há 432 criadores com apenas um animal nascido e, no outro extremo, encontra-se uma exploração fictícia com 8058 registos de animais nascidos, devido a um desconhecimento do criador verdadeiro

destes animais (tabela 2). Estes valores extremos resultam de opções de gestão da base de dados, pelo que não correspondem a explorações reais.

Tabela 2. Classificação dos criadores de acordo com o n.º de animais nascidos de 1/1/1967 a 2/2/2020.

Nº animais por criador	Nº criadores	Nº Animais total	%
1	432	432	0,45
2	404	808	0,84
3	315	945	0,98
4	222	888	0,92
5	156	780	0,81
6	124	744	0,77
7	124	868	0,90
8	97	776	0,80
9	83	747	0,77
10	81	810	0,84
11 a 20	540	8003	8,30
21 a 100	947	42849	44,44
101 a 590	170	29562	30,66
8058*	1	8058	8,36
Sem criador atribuído	0	153	0,16
Total	3696	96270	100

* Exploração fictícia

A metodologia inerente aos cálculos apresentados pode ser consultada no manual do programa ENDOG versão4.8 (ex: forma de cálculo da consanguinidade, dos tamanhos efetivos, intervalos entre gerações, entre outras):

http://www.ucm.es/info/prodanim/html/JP_Web_archivos/EN_Us_G_.pdf.

2. Grau de preenchimento da genealogia

A figura 1 apresenta o grau de preenchimento da genealogia na globalidade, verificando-se que 79,5% dos animais têm pai conhecido e 80,3% dos animais têm mãe conhecida.

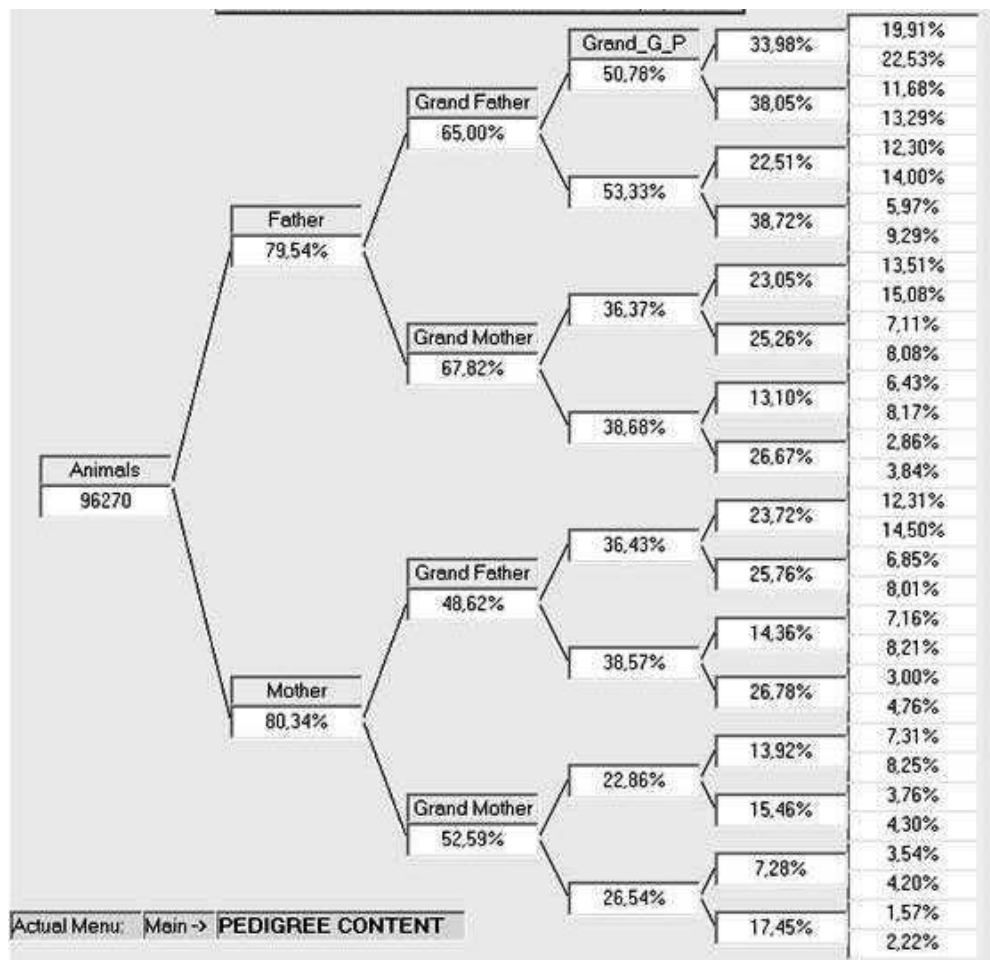


Figura 1. Grau de preenchimento da genealogia.

Existem na genealogia 18796 animais sem ambos progenitores conhecidos, 77342 animais só com mãe conhecida e 76571 animais só com pai conhecido. Assim 76439 animais (79,4 %) apresentam ambos os progenitores conhecidos. A tabela 3 apresenta o número de animais com pelo menos um ascendente desconhecido desde o ano de nascimento 1967. Como podemos observar na tabela 3, a maioria dos animais registados no Livro Genealógico a título inicial, isto é, desconhecendo-se os seus

progenitores, foi nos animais nascidos entre 1967 a 1997 representando um total de 98,4% dos fundadores. A partir do ano de 2000 houve uma preocupação acrescida por parte do Livro Genealógico no registo da genealogia dos animais, sendo notório a partir do ano 2001 um maior preenchimento da genealogia e a partir de 2008 praticamente todos os animais têm a sua genealogia preenchida.

Tabela 3. Número de animais com pelo menos um ascendente desconhecido desde o ano de nascimento 1967.

Ano Nascimento	Nº animais
1967 a 1999	19521
2000	122
2001	76
2002	23
2003	17
2004	6
2005	10
2006	10
2007	11
2008	6
2009	2
2010	3
2011	6
2013	5
2014	5
2015	2
2016	2
2017	2
2018	1
2019	1
Total	19831

3. Animais fundadores e ascendentes

Os ancestrais cujos pais são desconhecidos, um ou ambos, são considerados fundadores. Na genealogia estudada há 19821 animais fundadores e que se distribuem da forma referida no ponto anterior. O tamanho efetivo da população de fundadores é de 387,02 e a consanguinidade esperada pelo desequilíbrio da contribuição dos fundadores é de 0,13%.

A população de referência é definida pelo número de animais que têm ambos os progenitores conhecidos. Estes animais são 76439, sendo o número de ascendentes (ancestrais) desta população de referência 6786. Este número é determinado segundo a metodologia de Boichard *et al.* (1997), e são animais ascendentes, fundadores ou não, que explicam a variabilidade genética da população de referência.

- Número efetivo de Fundadores/Ancestrais para a população de referência: 246/224.

- Número de ancestrais que explicam 50% da variabilidade: 159

4. Consanguinidade e tamanho efetivo da população

A tabela 4 apresenta os 7 animais com maior consanguinidade.

Tabela 4. Animais com maior consanguinidade (F).

S.I.A	Sexo	Data Nascimento	F	Nº Gerações Máximas	Nº Gerações Completas
PT015752949	Macho	23-10-2011	0,516	5	2
PT619310685	Macho	09-06-2017	0,480	8	3
PT919267812	Macho	19-08-2016	0,480	8	3
PT018058951	Fêmea	18-06-2015	0,465	7	4
PT019310829	Fêmea	20-05-2017	0,465	7	4
PT619267101	Macho	26-05-2016	0,465	7	4
PT817574540	Macho	11-04-2014	0,465	7	4

A figura 2 mostra que para a consanguinidade do animal PT015752949 ($F=0,516$), um macho nascido a 23-10-2011, contribui o facto de a mãe ser também avó paterna.

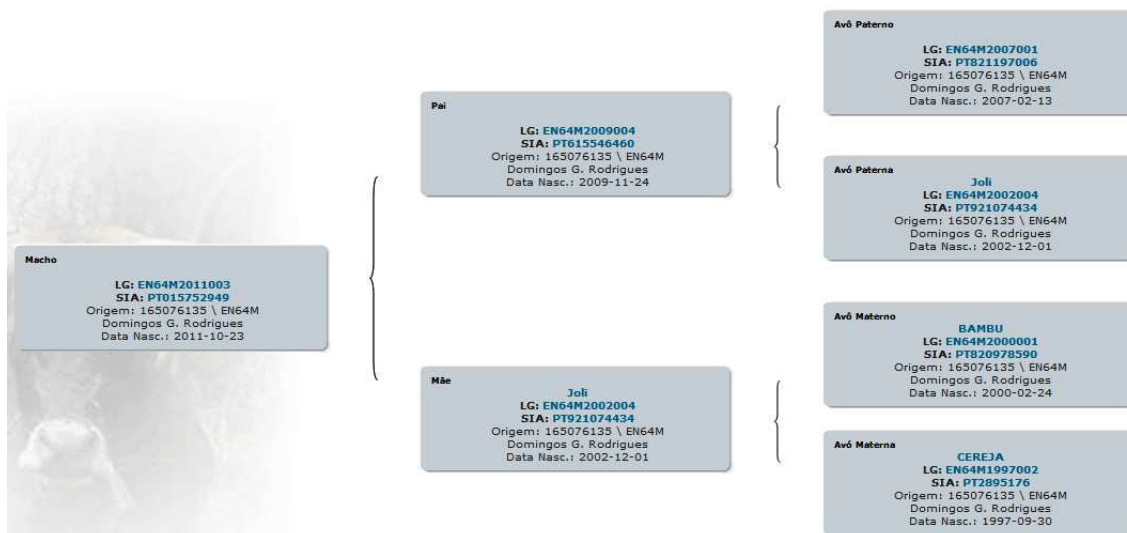


Figura 2. Ascendentes do animal PT015752949.

Os resultados globais para a população, no que respeita à consanguinidade e tamanho efetivo (N_e) foram:

- Número de animais avaliados: 96270
- Consanguinidade média total: 1,5%
- Animais consanguíneos: 14964
- Consanguinidade média total para os animais consanguíneos: 9,66%
- Incremento da consanguinidade (Geração máxima): 0,46%, $N_e = 108,98$
- Incremento da consanguinidade (Geração completa): 1,33%, $N_e = 37,64$

O N_e da população é determinado com base no incremento da consanguinidade, ou seja, $\Delta F = \frac{F_t - F_{t-1}}{1 - F_{t-1}}$; $N_e = 1/2\Delta F$. Só é possível calcular ΔF se $F_t > F_{t-1}$. A figura 3 apresenta a variação do tamanho efetivo dos bovinos da raça Maronesa, por ano de nascimento dos animais reprodutores. As acentuadas oscilações nos valores de N_e indiciam variações na consanguinidade dos reprodutores ao longo dos vários anos. A partir do ano de 2009 verifica-se um aumento favorável do tamanho efetivo, consequência da redução da consanguinidade dos reprodutores.

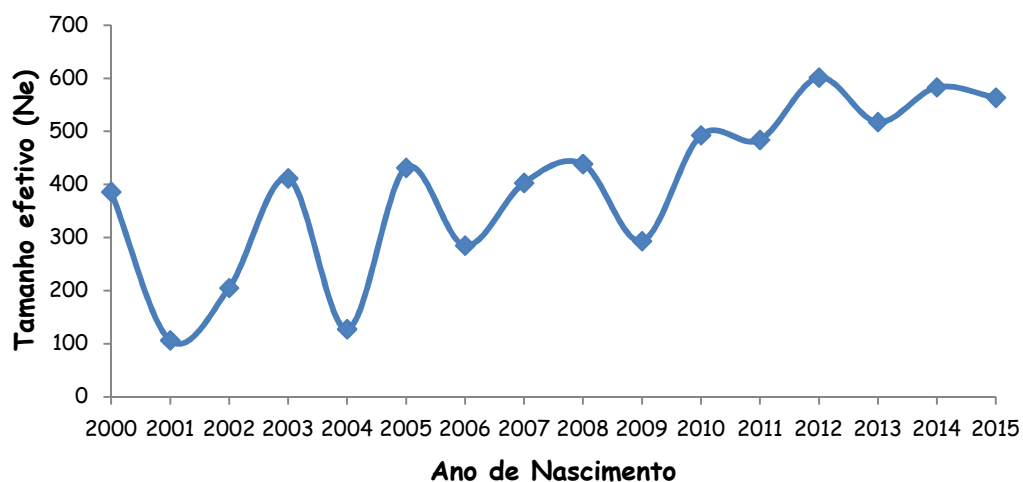


Figura 3. Variação do tamanho efetivo dos bovinos da raça Maronesa, por ano de nascimento dos animais reprodutores.

5. Evolução da consanguinidade

Em termos globais a consanguinidade média dos 96270 animais da raça Maronesa é de 1,5%. No entanto, os 14964 de animais consanguíneos apresentam uma consanguinidade média de 15,54% (tabela 5).

Tabela 5. Número de animais consanguíneos ($F>0$) e não consanguíneos ($F=0$) e respetiva consanguinidade média.

Consanguinidade	N	% animais	Cons. Média (%)
F=0	81306	84,46	0
F>0	14964	15,54	9,66
Total	96270	100	1,50

A tabela 6 apresenta o número total de animais, número de animais não consanguíneos ($F=0$) e número de animais consanguíneos ($F>0$), por ano nascimento, de 2000 a 2019.

Verifica-se que o número de animais consanguíneos passou de 5 em 2000 para 1631 em 2019. Em termos relativos, passou-se de 0,1% para 52,7% (tabela 6). No entanto, a consanguinidade média dos animais consanguíneos por ano nascimento tem vindo a decrescer (tabela 6), o que poderá refletir uma maior eficiência na gestão do Livro Genealógico.

Tabela 6. Número total de animais, número de animais não consanguíneos (F=0), número de animais consanguíneos (F>0), percentagem de animais consanguíneos e consanguinidade média dos animais consanguíneos, por ano nascimento.

Ano Nasc	Nº animais	N(F=0)	N(F>0)	% consanguíneos	Média (F,%)
2000	3933	3928	5	0,1	22,5
2001	3814	3785	29	0,8	22,6
2002	3991	3890	101	2,5	19,2
2003	3830	3690	140	3,7	16,3
2004	3933	3719	214	5,4	15,7
2005	4179	3800	379	9,1	15,0
2006	4162	3740	422	10,1	14,0
2007	4294	3749	545	12,7	13,1
2008	4090	3491	599	14,6	12,0
2009	4012	3294	718	17,9	12,3
2010	3694	2908	786	21,3	11,0
2011	3761	2937	824	21,9	10,1
2012	3680	2879	801	21,8	10,2
2013	3604	2690	914	25,4	8,9
2014	3637	2585	1052	28,9	8,9
2015	3715	2467	1248	33,6	8,7
2016	3801	2341	1460	38,4	8,3
2017	3351	1967	1384	41,3	8,3
2018	3294	1661	1633	49,6	7,4
2019	3094	1463	1631	52,7	7,2

6. Considerações finais

O trabalho e a pressão exercida sobre o Livro Genealógico da raça Maronesa, nos últimos anos, tem revelado uma maior conhecimento da genealogia dos animais, constando-se que 79,4% dos animais têm ambos os

progenitores conhecidos, isto permitiu avanços no conhecimento da genealogia e uma maior precisão no cálculo da consanguinidade. O aumento do número de animais consanguíneos reflete um conhecimento acrescido da genealogia, contudo o seu coeficiente de consanguinidade tem vindo a diminuir o que traduz uma maior eficiência na gestão do Livro Genealógico da raça.

7. Referências

Juan Pablo Gutiérrez and Félix Goyache (2005) A note on ENDOG: a computerprogram for analysing pedigree information. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 122: 172-176.