



**RAÇA SUÍNA MALHADO DE ALCOBAÇA –
CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA POR
ANÁLISE DEMOGRÁFICA – 2022**

Escola Superior Agrária do Instituto Politécnico de Santarém

2022

Raça suína Malhado de Alcobaça – Caracterização genética por análise demográfica - 2022

António Vicente

Instituto Politécnico de Santarém

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

Tel: (+351) 243307300

antonio.vicente@esa.ipsantarem.pt

<https://www.ipsantarem.pt/escola-superior-agraria-de-santarem/>



2

Nuno Carolino, Andreia Vitorino, Inês Carolino

Instituto Nacional de Investigação Agrária e Veterinária, I.P.

Unidade Estratégica de Investigação e Serviços de Biotecnologia e Recursos Genéticos
Estação Zootécnica Nacional – Fonte Boa
2005-048 Vale de Santarém
PORTUGAL

Tel: (+351) 243767313 Telm:(+351) 963092508 Fax: (+351) 243767307

nuno.carolino@iniav.pt

<http://www.inia.pt/>



João Bastos

Federação Portuguesa de Associações de Suinicultores

Av. António Augusto de Aguiar, 179 - r/c
1050-014 Lisboa
PORTUGAL

Tel: (+351) 213 879 949

Fax: (+351) 213 883 177

fpas@suinicultura.com

<http://www.suinicultura.com>



Manuel Silveira

Ruralbit, Lda

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

Tel: (+351) 302 008 332 Fax: (+351) 224 107 440

geral@ruralbit.pt

www.ruralbit.pt/



Vicente A., Vitorino A., Carolino I., Bastos J., Silveira M. e Carolino N. (2022). Raça suína Malhado de Alcobaça – Caracterização Genética por Análise Demográfica 2022. Escola Superior Agrária do Instituto Politécnico de Santarém. Portugal.

RAÇA SUÍNA MALHADO DE ALCOBAÇA - CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA POR ANÁLISE DEMOGRÁFICA - 2022

Introdução

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

A caracterização genética por análise demográfica da raça Malhado de Alcobça foi efetuada em conjunto, pela Escola Superior Agrária de Santarém – Instituto Politécnico de Santarém e pela Estação Zootécnica Nacional – Unidade Estratégica de Investigação e Serviços de Biotecnologia e Recursos Genéticos do Instituto Nacional de Investigação Agrária e Veterinária, I.P. (INIAV), a partir de toda a informação disponível no Livro Genealógico do Malhado de Alcobça (LGMA), gerido pela Federação Portuguesa de Associações de Suinicultores (FPAS) e compilado na plataforma informática Genpro da Ruralbit. Desta forma, utilizou-se toda a informação acumulada na base de dados da FPAS, designadamente, registos de partos, de inscrições no LG e de genealogias, tendo-se analisado os seguintes parâmetros demográficos:

- Evolução dos registos no Livro Genealógico
- Evolução do número de Criadores, dimensão das explorações e dispersão geográfica
- Intervalo de gerações (L)
- Grau de preenchimento das genealogias
- Número de gerações conhecidas (n_i)
- Consanguinidade individual (F_i)
- Grau de parentesco entre indivíduos (a_{ij})
- Acréscimo da consanguinidade por ano ($\Delta F/\text{ano}$) e por geração ($\Delta F/\text{geração}$)
- Tamanho efetivo da população (N_e)

Metodologia Utilizada

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

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

Para os cálculos consideraram-se todos os registos disponíveis na base de dados da FPAS, que perfaziam um total de 18935 indivíduos, designadamente, 9023 machos, 178 dos quais são reprodutores, e 9912 fêmeas, 1135 das quais são reprodutoras. Construiu-se um ficheiro com todos os indivíduos, a partir do qual se elaborou a matriz de parentescos entre todos os animais conhecidos (Van Vleck, 1993).

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

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

O acréscimo anual da consanguinidade ($\Delta F/\text{ano}$) foi estimado por regressão do coeficiente de consanguinidade individual (F_i) no ano de nascimento, tendo-se utilizado para o efeito o programa SAS (SAS Institute, 2017) e o seguinte modelo linear:

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

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

O número de gerações conhecidas (n_i) foi obtido individualmente, para todos os animais na base de dados ($n=18935$) através da seguinte expressão:

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

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

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

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

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

Apresentação dos Resultados

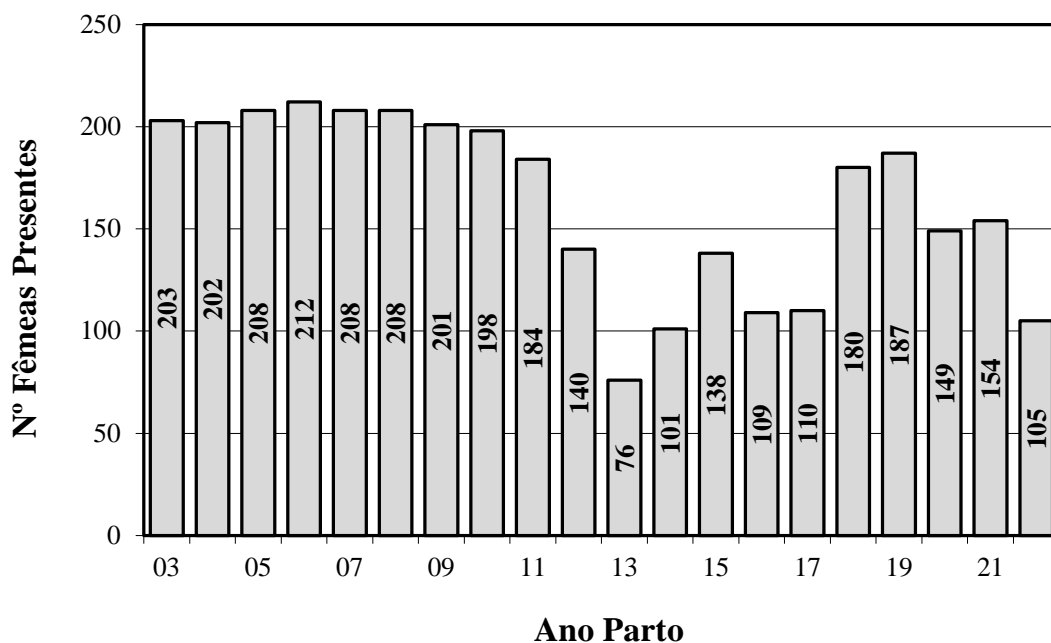


Figura 1 - Número de fêmeas reprodutoras ativas presentes por ano¹

7

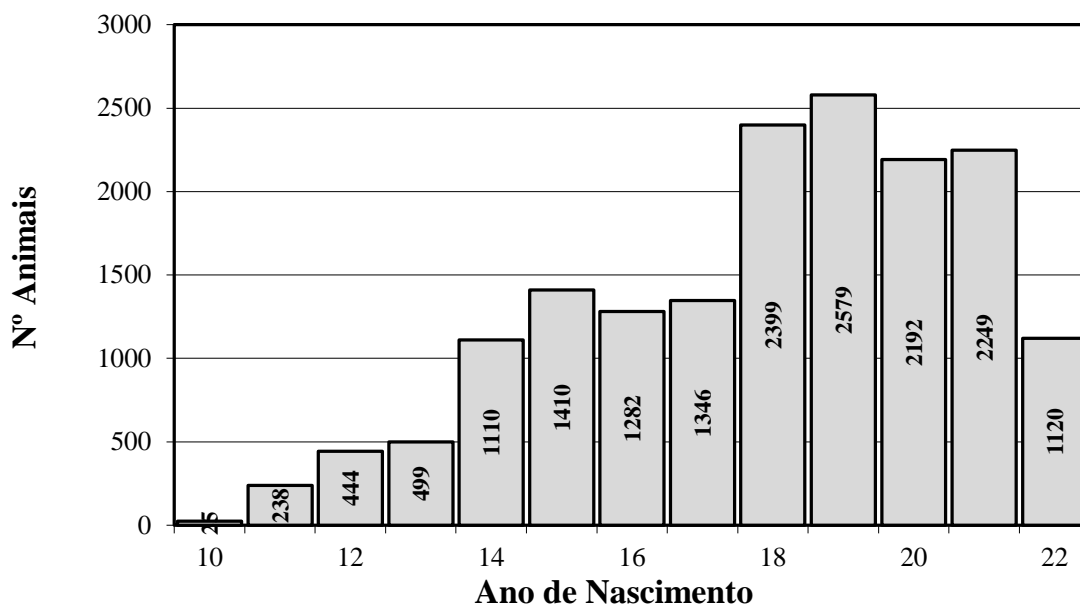


Figura 2 - Número de leitões nascidos por ano²

Nota importante: dados incompletos referentes ao ano de 2022

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 – 150 dias. Teve-se em consideração que a fêmea estaria presente na exploração e ativa 150 dias antes do 1º parto.

² A informatização de todos os nascimentos apenas se começou a efetuar a partir de 2014-2015.

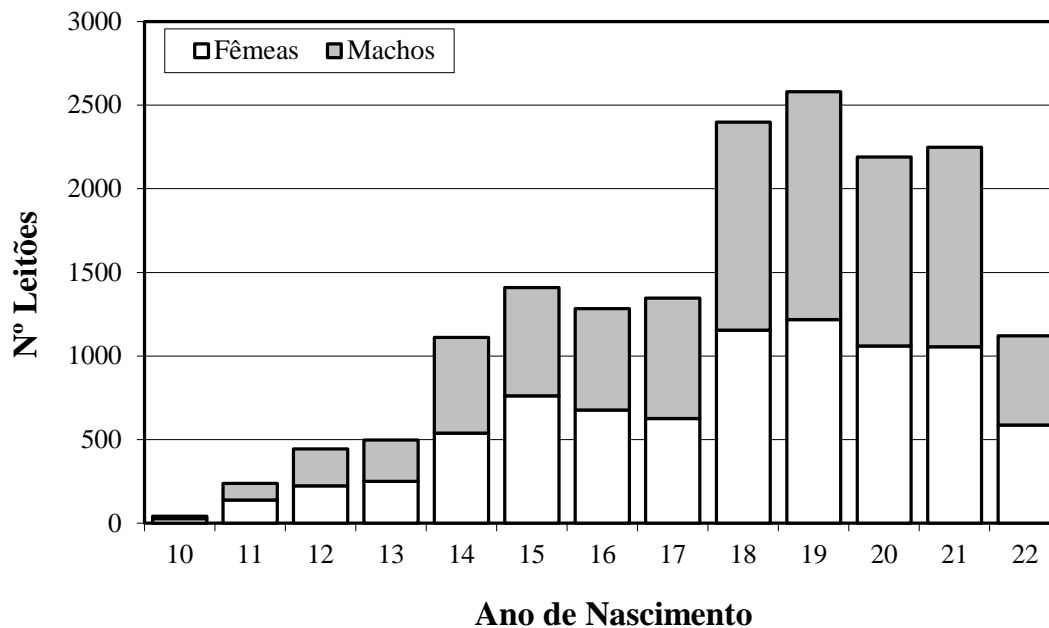


Figura 3 - Número de leitões nascidos por ano e por sexo

Nota importante: dados incompletos referentes ao ano de 2022

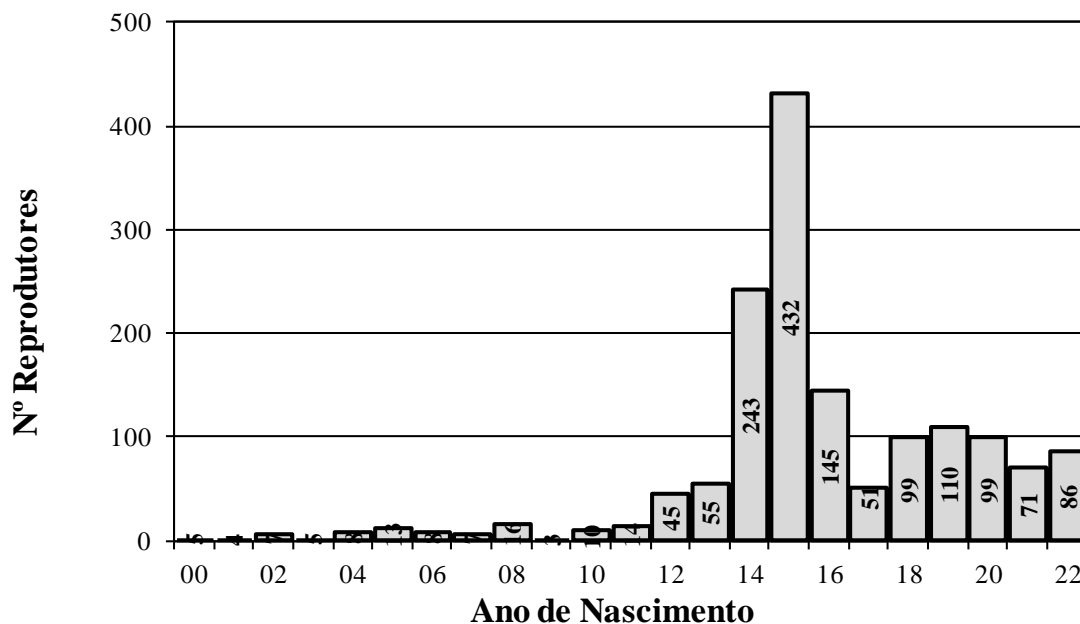


Figura 4 - Número de animais inscritos no LA por ano de nascimento

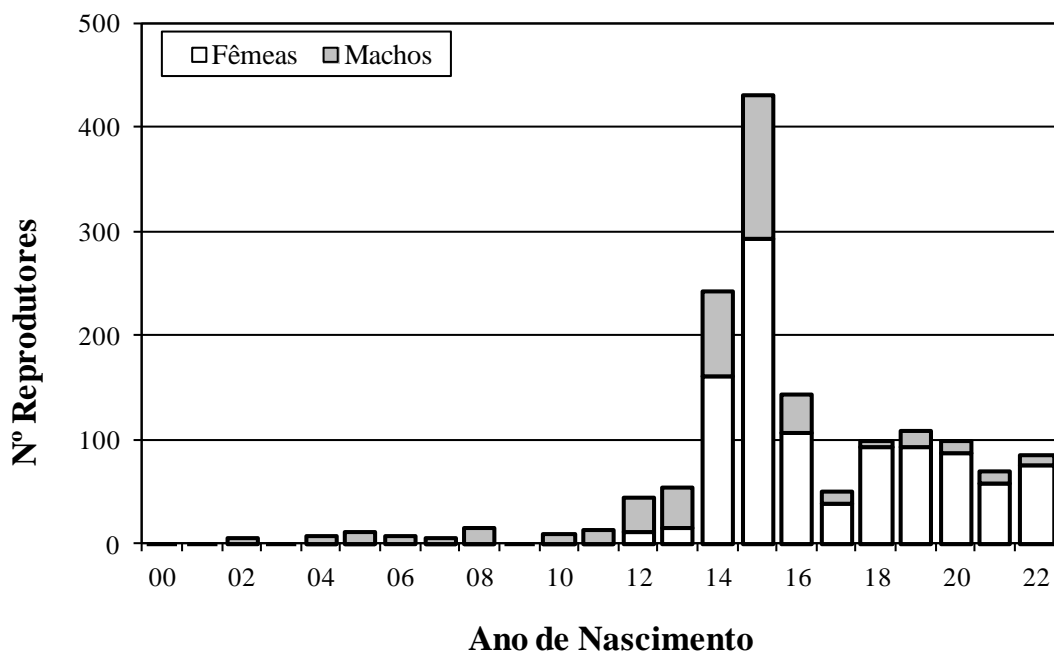


Figura 5 - Número de animais inscritos no LA nascidos por ano de nascimento e sexo

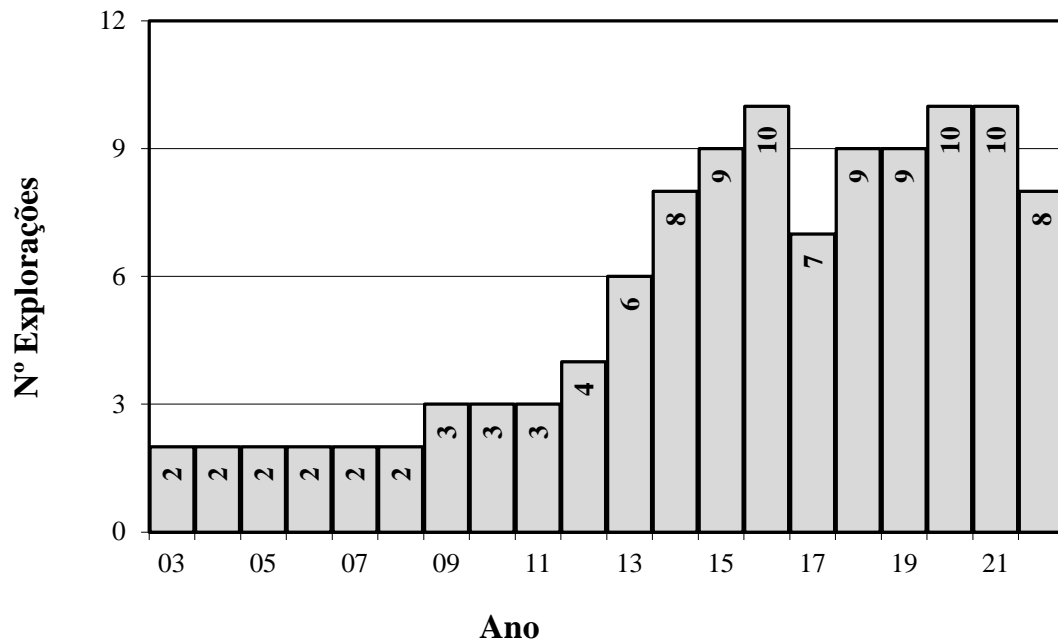


Figura 6 - Número de explorações ativas por ano

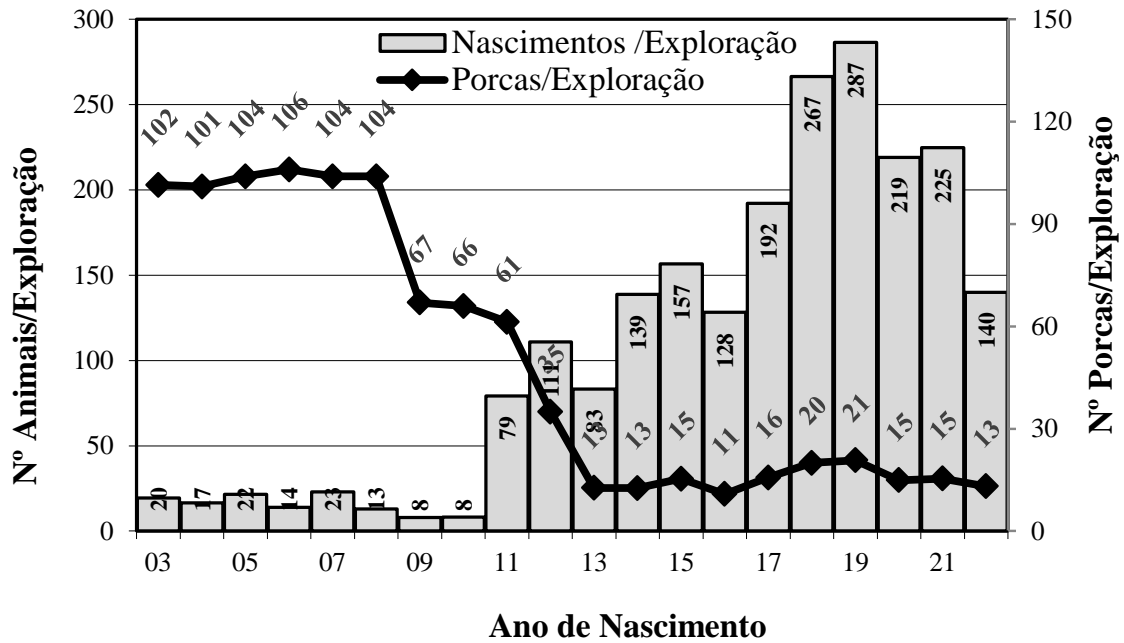


Figura 7 - Número médio de nascimentos e de porcas por ano e por exploração

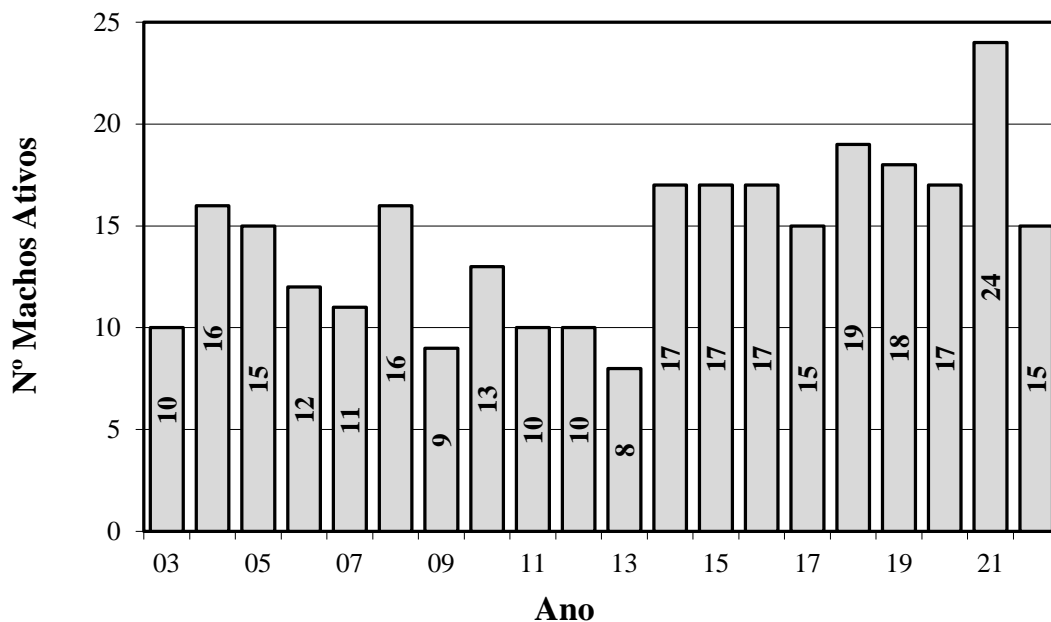


Figura 8 - Número de machos reprodutores presentes por ano

Nota importante: dados incompletos referentes ao ano de 2022

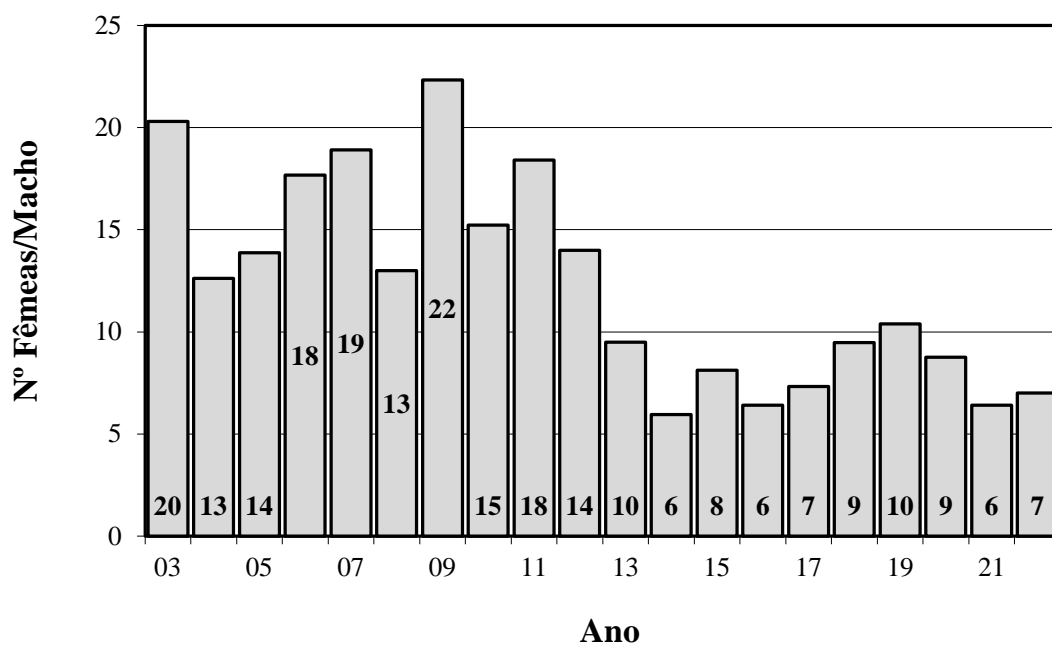


Figura 9 - Número de fêmeas reprodutoras por macho reprodutor ao longo dos anos

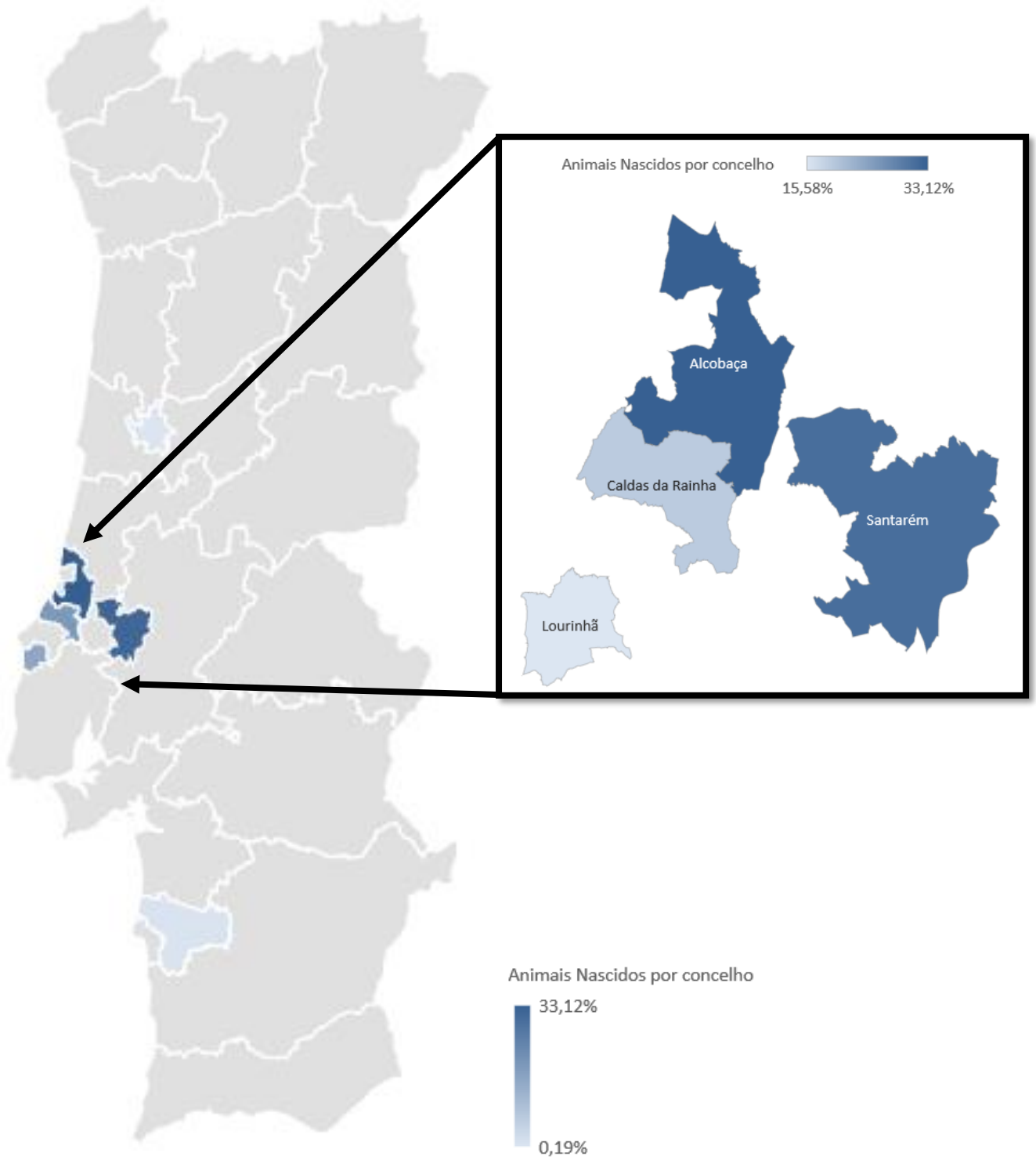


Figura 10 - Distribuição geográfica do número de animais nascidos
(Animais nascidos entre 2015 e 2019)

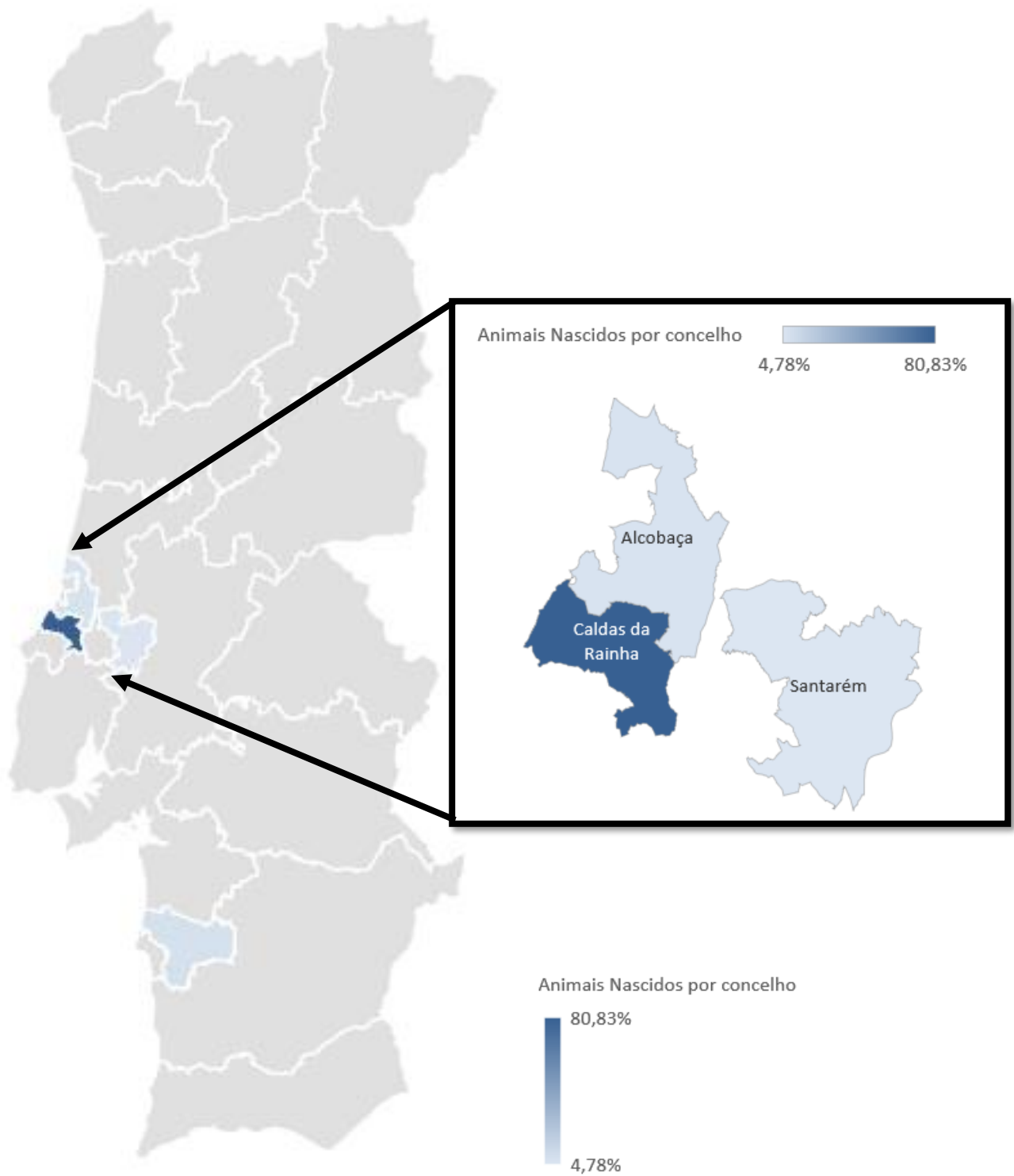


Figura 11 - Distribuição geográfica do número de animais nascidos
(Animais nascidos entre 2020 e 2022)

Nota importante: dados incompletos referentes ao ano de 2022

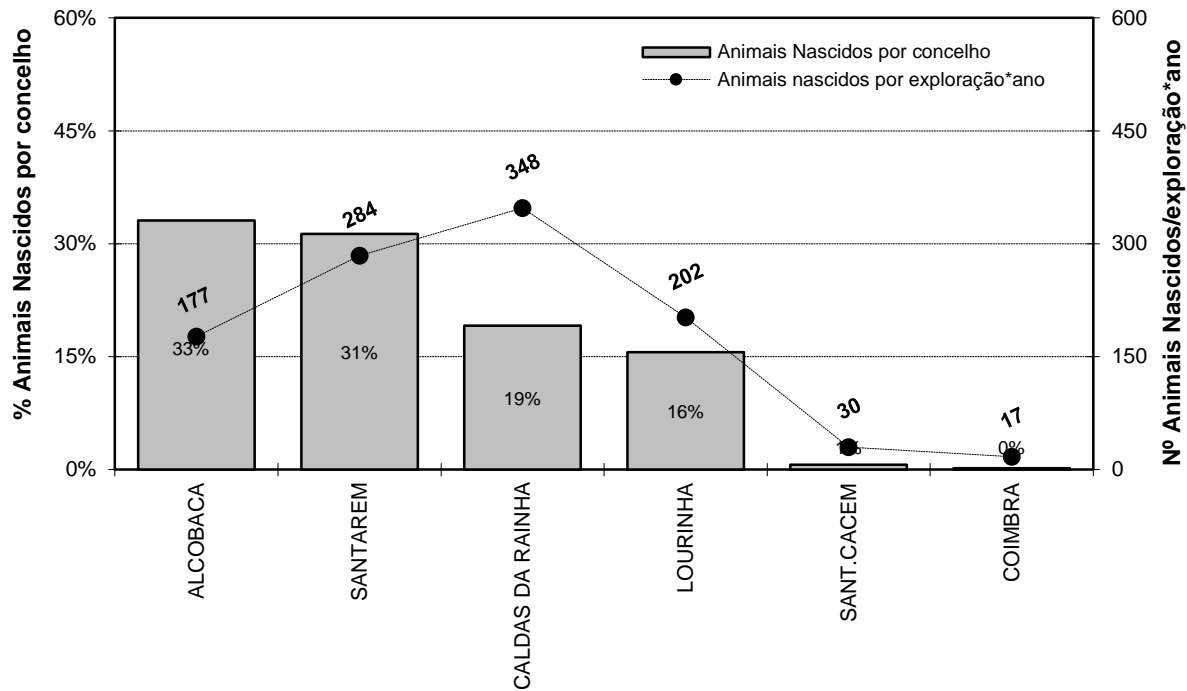


Figura 12 - Número médio de animais nascidos por exploração*ano segundo o Concelho (Animais nascidos entre 2015 e 2019)

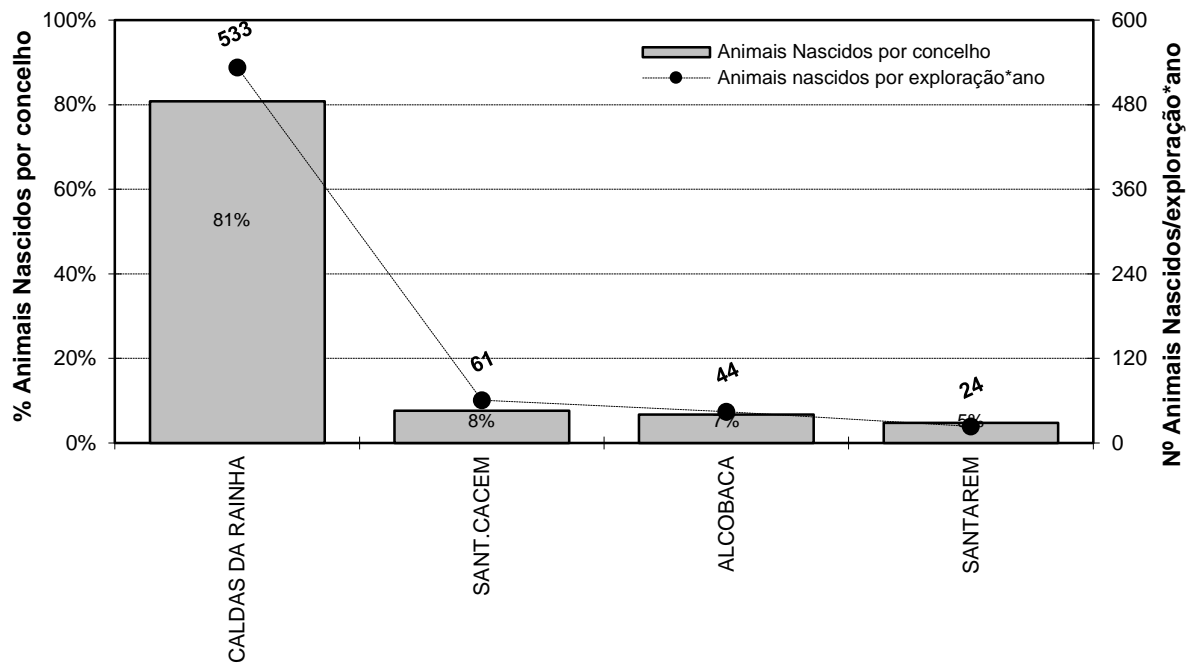


Figura 13 - Número médio de animais nascidos por exploração*ano segundo o Concelho (Animais nascidos entre 2020 e 2022)

Nota importante: dados incompletos referentes ao ano de 2022

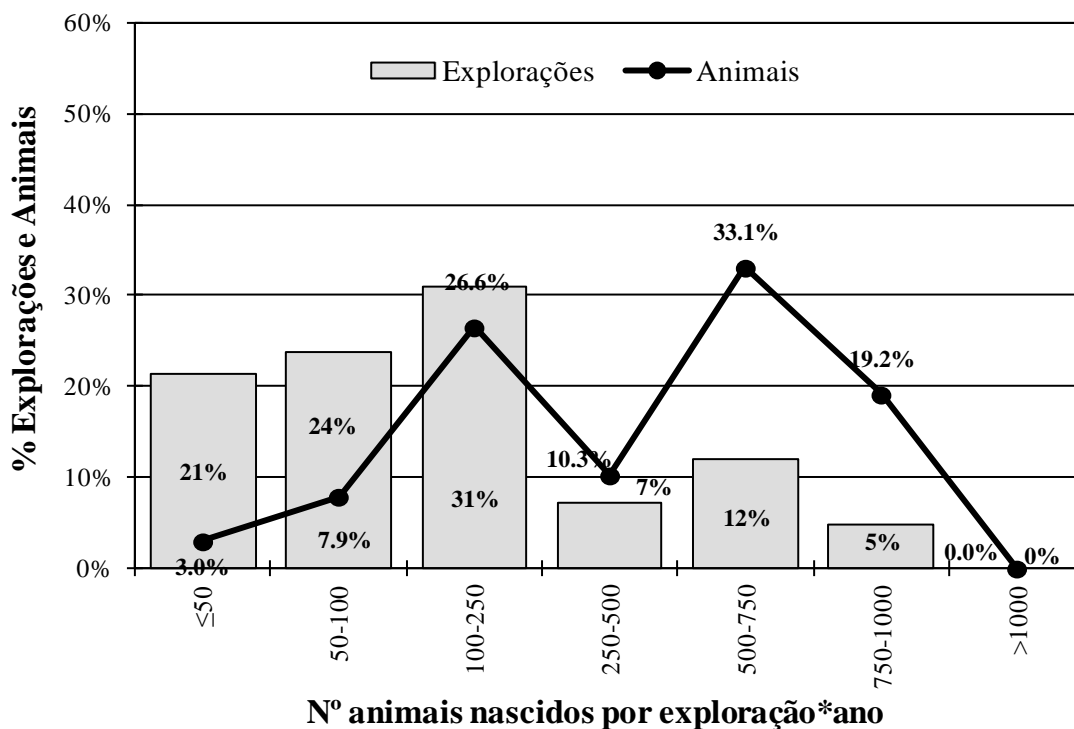


Figura 14 – Número de explorações e animais nascidos segundo a dimensão da exploração (Animais nascidos entre 2015 e 2019)

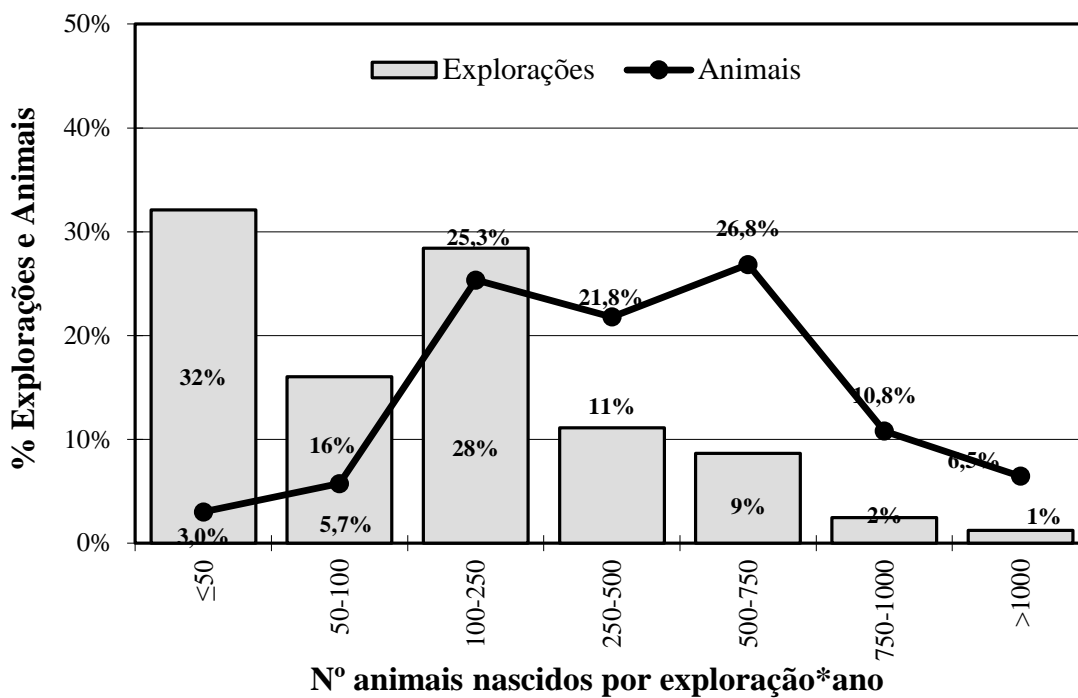


Figura 15 – Número de explorações e animais nascidos segundo a dimensão da exploração (Animais nascidos entre 2020 e 2022)

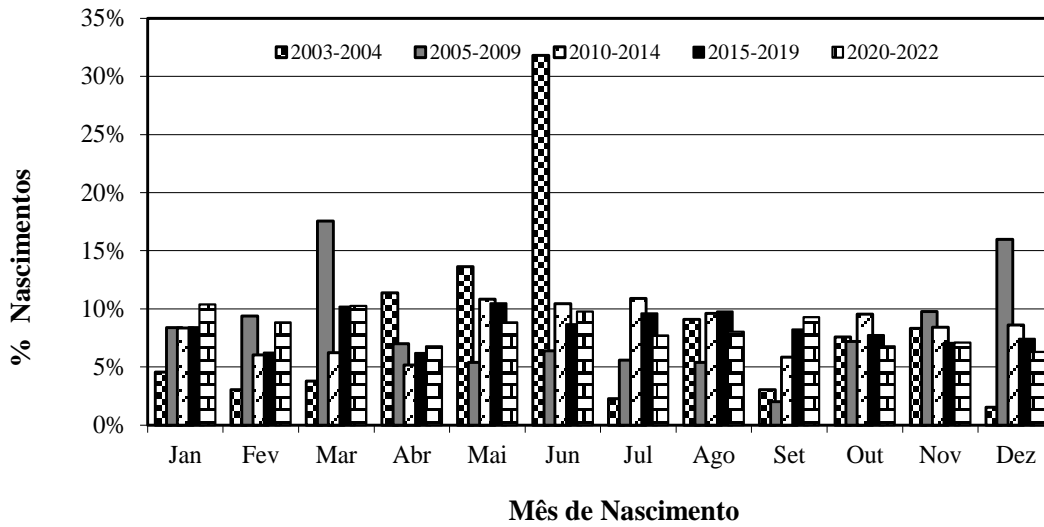


Figura 16 – Distribuição mensal dos nascimentos por período

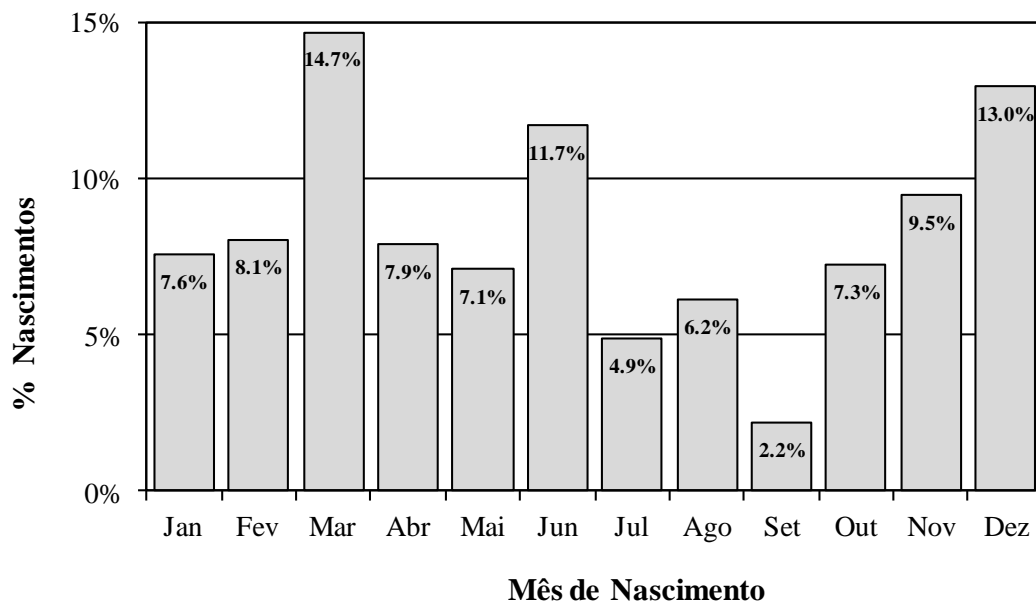


Figura 17 – Distribuição mensal dos nascimentos
(Nascimentos entre 2000 e 2009)

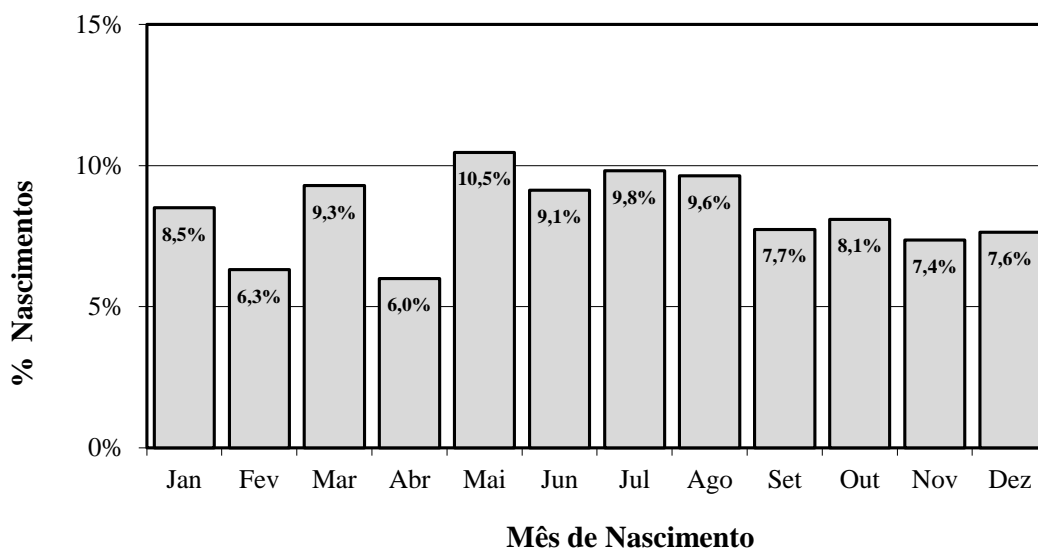


Figura 18 – Distribuição mensal dos nascimentos
(Nascimentos entre 2010 e 2022)

| | | | | | | | | | | | | | | |
|---|--|----------------|------------|------------|--------------|--------------|--------------|--------------|-----------------|-----------------|----------------|----------------|-----------------|-----------------|
| Animais nascidos entre 2010 e 2014 | | Animais: 24146 | Pai: 100.0 | Mãe: 100.0 | Avô P: 100.0 | Avó P: 100.0 | Avô M: 100.0 | Avó M: 100.0 | Bisavô P: 100.0 | Bisavó P: 100.0 | Bisavô M: 99.6 | Bisavó M: 99.1 | Bisavô M: 100.0 | Bisavó M: 100.0 |
| Animais nascidos entre 2015 e 2019 | | Animais: 9146 | Pai: 98.6 | Mãe: 98.7 | Avô P: 97.9 | Avó P: 97.9 | Avô M: 98.5 | Avó M: 98.5 | Bisavô P: 97.9 | Bisavó P: 97.9 | Bisavô M: 97.1 | Bisavó M: 97.1 | Bisavô M: 97.1 | Bisavó M: 97.1 |

Figura 19 – Nível de preenchimento das Genealogias (%)

| | | | |
|---|------------|--------------|-----------------|
| Animais nascidos entre 2020 e 2022 | | Avô P: 100.0 | Bisavô P: 100.0 |
| Animais: 5561 | Pai: 100.0 | Avó P: 100.0 | Bisavó P: 100.0 |
| | | Avô M: 100.0 | Bisavó M: 99.8 |
| | Mãe: 100.0 | Avó M: 100.0 | Bisavó M: 99.8 |
| | | Avó M: 100.0 | Bisavó M: 100.0 |
| | | Avó M: 100.0 | Bisavó M: 100.0 |

Figura 20 – Nível de preenchimento das Genealogias (%; Cont.)

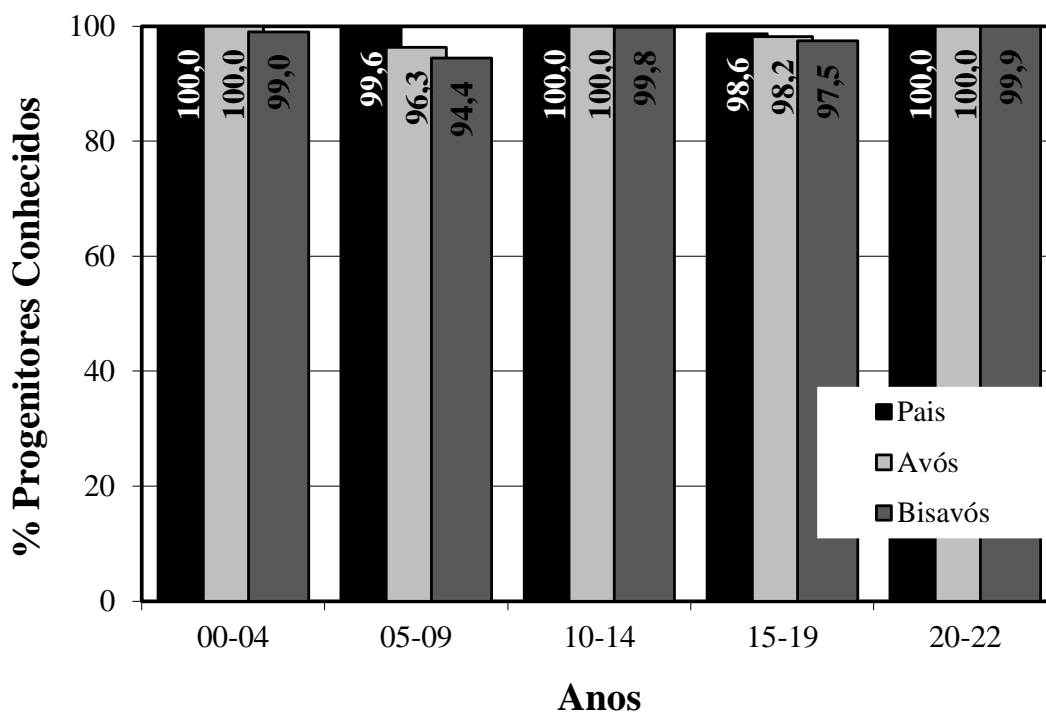


Figura 21 – Evolução da percentagem de progenitores conhecidos

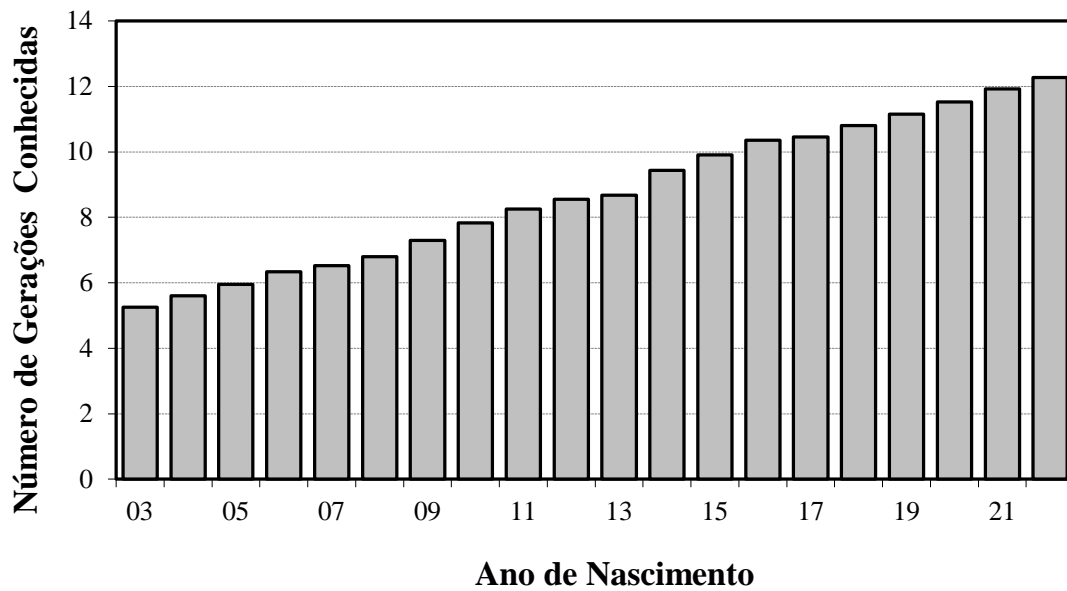


Figura 22 – Evolução do número médio de gerações conhecidas

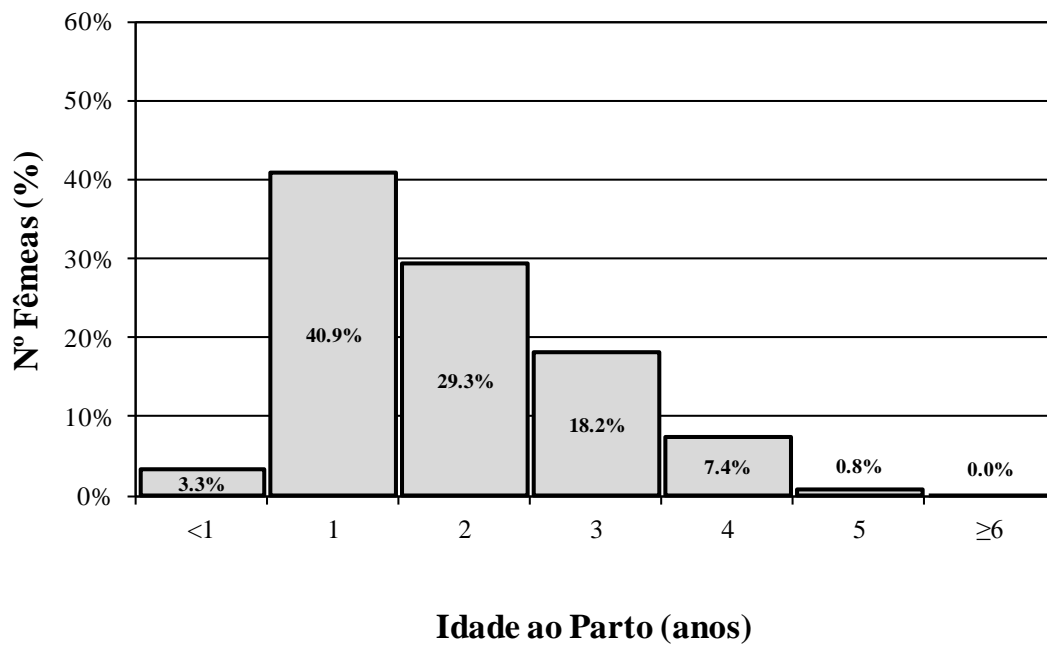


Figura 23 – Distribuição da idade das fêmeas ao parto

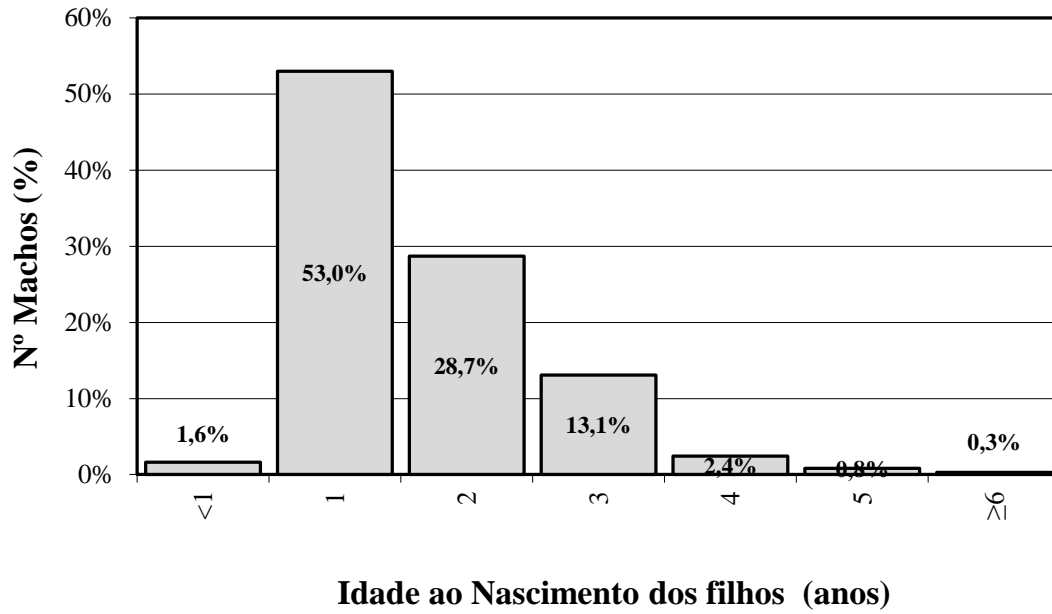


Figura 24 – Distribuição da idade dos machos ao nascimento dos filhos

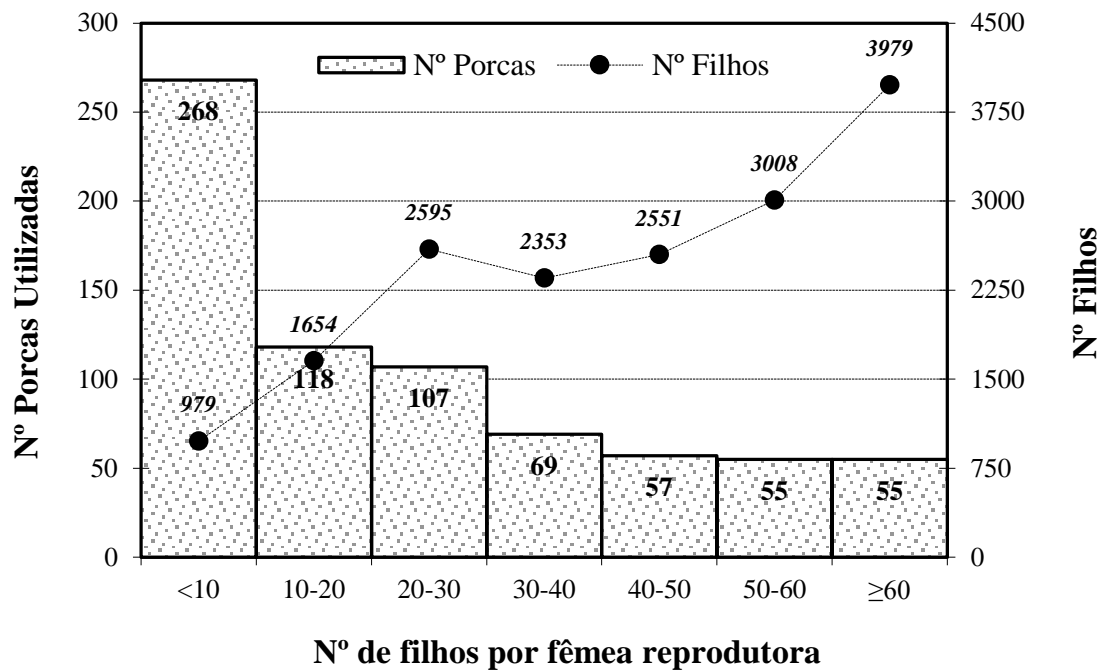


Figura 25 – Distribuição do número de fêmeas reprodutoras segundo o nº de descendentes (729 fêmeas reprodutoras)

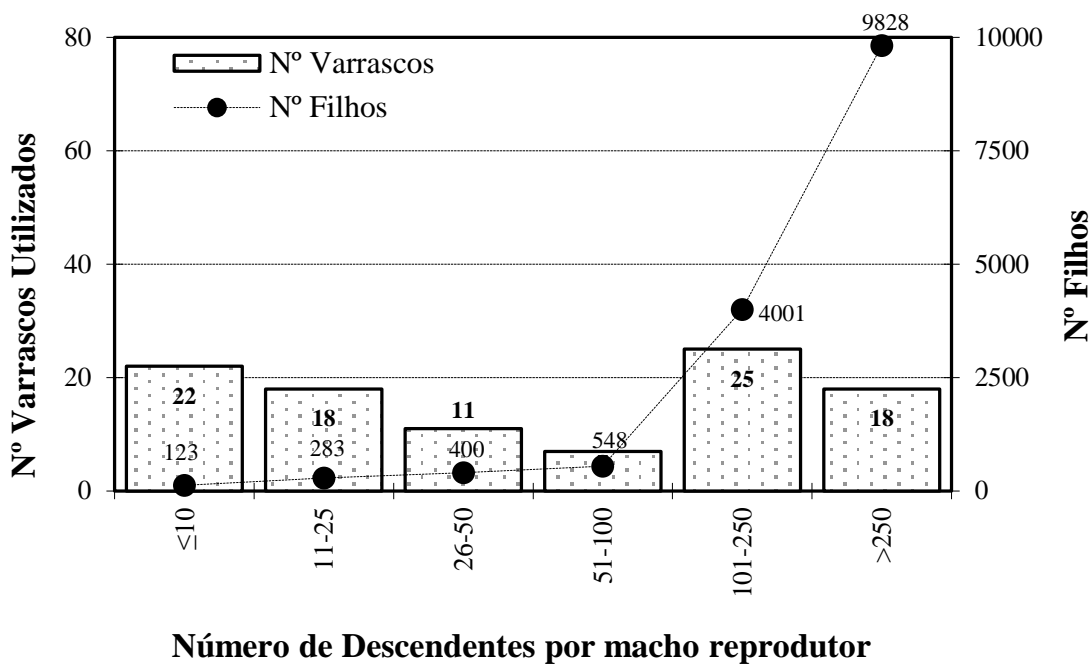


Figura 26 – Distribuição do número de machos reprodutores segundo o nº de descendentes (101 machos nascidos entre 2000-2020)

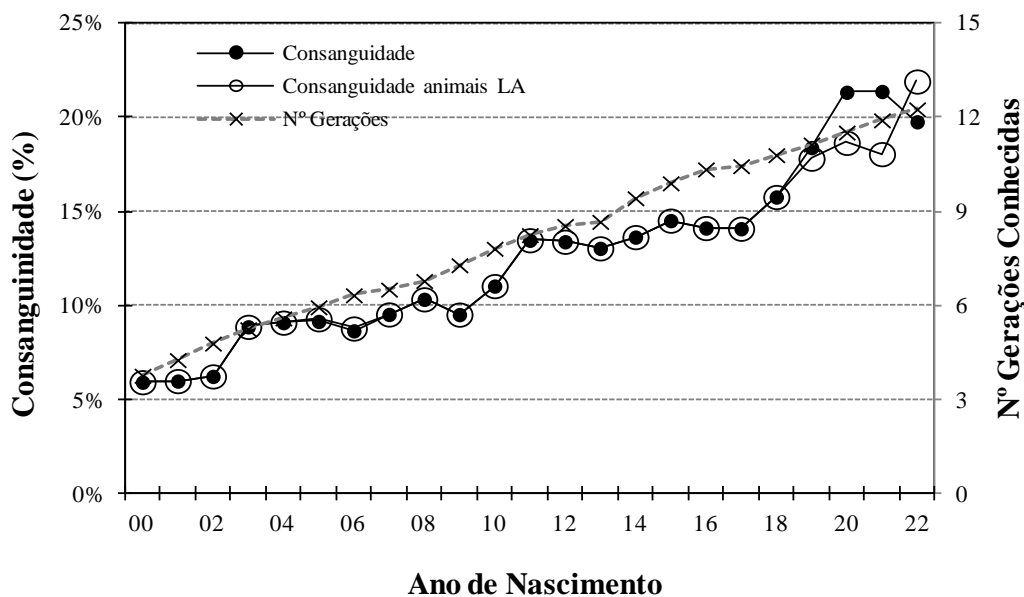


Figura 27 – Evolução da consanguinidade e do número de gerações conhecidas

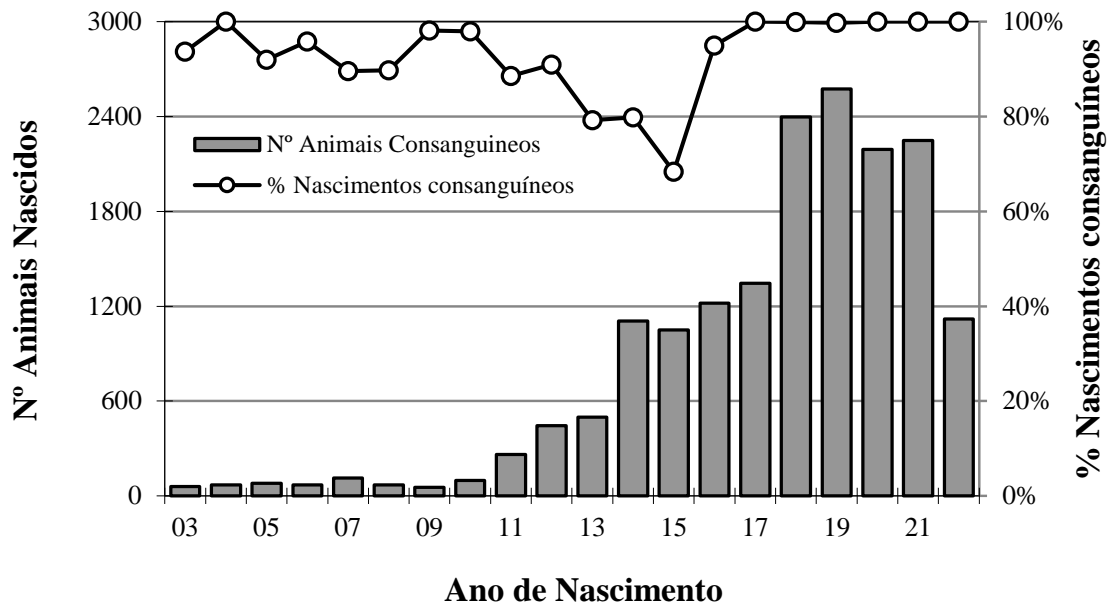


Figura 28 – Evolução do número de animais nascidos consanguíneos

| L (anos) | Pais | Mães |
|------------------|------|------|
| Todos os animais | 1.72 | 2.00 |
| Varrascos | 1.77 | 2.09 |
| Porcas | 1.71 | 1.99 |

} **L = 1.89 anos**

Figura 29 – Intervalos de gerações (L) para as 4 vias de seleção
(animais nascidos entre 2013-2022)

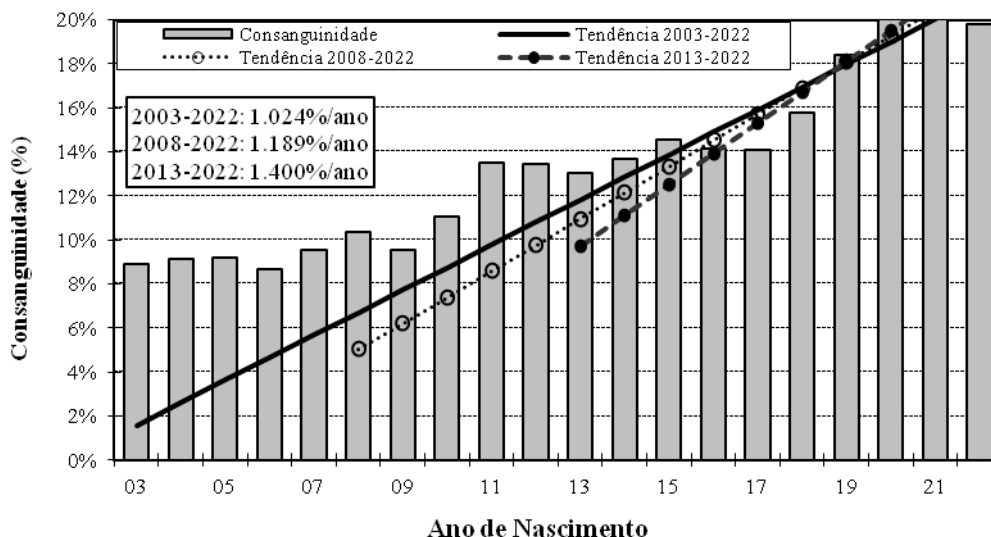


Figura 30 – Evolução e estimativa do acréscimo anual da consanguinidade

Quadro 1 – Tamanho Efetivo da População (N_e) e Taxa de Consanguinidade (ΔF)

| Parâmetros demográficos estimados | Período considerado | | |
|--|---------------------|-----------|-----------|
| | 2003-2022 | 2008-2022 | 2013-2022 |
| ΔF /ano | 1.02% | 1.19% | 1.40% |
| Intervalo de Gerações (L) | 1.90 | 1.89 | 1.89 |
| ΔF /geração | 1.94% | 2.25% | 2.64% |
| Tamanho efetivo da população (N_e) | 25.75 | 22.25 | 18.91 |

Considerações finais

A população Malhado de Alcobaça (MA) foi constituída no século XIX, resultante de cruzamentos sucessivos de porcos Bísaros dos Açores com porcos ingleses das raças Berkshire e Yorkshire. Estes animais, também denominados por “porcos da terra” eram descritos como tendo excelentes características, nomeadamente, de rusticidade e de morfologia, com boa densidade muscular, típica da raça Bísara e a boa conformação, eficiência alimentar e grande precocidade típicas das raças inglesas. Estas qualidades ajudaram a que rapidamente estes animais ficassem a predominar na região Oeste de Oeiras até Leiria.

Em 1947, estima-se que houvesse cerca de 65000 animais desta população, distribuídos pela região de Alcobaça, Batalha e Porto de Mós. No entanto, o fraco potencial económico dos seus pequenos criadores, que normalmente não possuíam mais do que duas porcas reprodutoras, associado à tendência para se introduzir a raça Large White nos seus efetivos, na tentativa de se obter carne de porco magra e, no final de 1957, o surto de Peste Suína Africana que assolou Portugal, provocou a diminuição destes animais criados em linha pura, colocando-os em vias de extinção.

Durante muitos anos, a preservação desta população foi somente assegurada por um criador, na região oeste (Torres Vedras), mas em 2003, na sequência de várias iniciativas da então Direção Geral de Veterinária, viria a ser implementado o registo zootécnico dos indivíduos desta população, ano em que foi também efetivamente reconhecida e homologada a raça Malhado de Alcobaça.

Em 2014, a Federação Portuguesa de Associações de Suinicultores (FPAS) assegurou a gestão do livro genealógico (LGMA) da raça e foram também criados um núcleo de conservação no polo de investigação da Fonte Boa – Instituto Nacional de Investigação Agrária e Veterinária (INIAV) e um núcleo de multiplicação na Escola Profissional Agrícola e de Desenvolvimento Rural de Cister (EPADRC), em Alcobaça. Desde então, muitos organismos, tais como a Escola Superior Agrária de Santarém, têm estado envolvidos na promoção e divulgação da raça, associados a vários trabalhos de preservação, com reflexo no aumento do número de criadores.

A raça Malhado de Alcobaça está classificada com o maior grau de ameaça (Grau A) nas portarias n.º 55/2015 e 268/2015 que estabelecem, respetivamente, os regimes de 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).

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

Atualmente, o efetivo da raça suína Malhado de Alcobaça está próximo das 250 fêmeas reprodutoras, 180 das quais mantidas em linha pura e 15 varrascos, criados em 8 explorações, pelo que, apesar de todos os esforços e trabalhos já desenvolvidos, continua seriamente ameaçada de extinção.

Os resultados obtidos com base na caracterização genética por análise demográfica da raça suína Malhado de Alcobaça, realizada na Escola Superior Agrária de Santarém – Instituto Politécnico de Santarém em colaboração com a Estação Zootécnica Nacional – Unidade Estratégica de Investigação e Serviços de Biotecnologia e Recursos Genéticos do Instituto Nacional de Investigação Agrária e Veterinária, I.P. (INIAV) realçam os seguintes aspetos principais:

- Efetivo reprodutor atualmente constituído por cerca de 150 fêmeas ativas em linha pura e 15 machos, distribuídos por cerca de 8 explorações (Figuras 1 a 8).
- O número de fêmeas reprodutoras ativas e inscritas no Livro de Adultos manteve-se acima das 200 (Figura 1), desde o início do funcionamento do Livro Genealógico até 2009, ano em que, por causas diversas, a exploração original sofreu diversos ajustes, nomeadamente pela crise económica que afetou Portugal em geral e o setor suínico em particular, com repercussões no efetivo reprodutor do único criador na altura. Entre 2010 e 2017 o número de fêmeas reprodutoras variou bastante, embora tenha recuperado para próximo das 190 até 2019. Nos últimos três anos voltou a decrescer, embora os dados dos efetivos se encontrem incompletos para o último ano em análise (2022) por atrasos dos produtores em atualizar a informação disponível.
- O número de animais puros nascidos por ano e, conseqüentemente, inscritos no Livro de Nascimento, atingiu o valor mais elevado em 2019 (2579 leitões), resultado de uma tendência crescente e de uma melhor monitorização dos dados nos últimos anos (Figuras 2 e 3) com a informatização de toda a informação existente de nascimentos desde a utilização da plataforma Genpro da Ruralbit, em comparação com a compilação somente parcial dos dados de reprodutores antes disso. Desde 2016, que o número de machos e de fêmeas registados no livro de nascimentos é muito semelhante.
- A distribuição do número de animais inscritos por ano de nascimento no Livro de Adultos (Figura 4) e por sexo (Figura 5) demonstra um acréscimo nos últimos anos, principalmente ao nível das futuras fêmeas reprodutoras, pelo que, caso não haja nenhum imprevisto, espera-se que possa resultar num acréscimo do número de nascimentos por ano.
- O número de explorações também decresceu nos últimos anos (Figura 6), encontrando-se 8 explorações ativas no ano de 2022. De salientar que esta raça apresenta particularidades demográficas únicas quando comparada às restantes populações

autóctones, pelo facto de, desde a década de 80 do século passado até ao ano de 2010, apenas se encontrar ativa uma exploração (Selepor, SA).

- O número médio de nascimentos por exploração e por ano aumentou até 2019, tendo sofrido uma redução nos últimos anos para os 225 nascimentos por exploração em 2021. O número médio de porcas por exploração tem-se mantido estável nos últimos anos, em cerca de 15 porcas (Figura 7). Estas discrepâncias podem ser devidas a algumas falhas na comunicação dos nascimentos no início do LGMA e ao aumento do número de explorações, algumas com poucas fêmeas reprodutoras. Inicialmente apenas se informatizam os registos dos animais que chegavam a reprodutores.
- O número de machos reprodutores presentes por ano também sofreu uma redução, encontrando-se atualmente nos 15 varrascos (Figura 8). Constata-se um acréscimo desde 2014 até 2021, após alguma variação anual observada desde o início do LGMA.
- Ao longo dos últimos 10 anos, o número de fêmeas reprodutoras ativas por macho (Figura 9) tem variado bastante, entre as 6 e as 22 porcas por varrasco, principalmente devido à variação anual também elevada do número de fêmeas reprodutoras disponíveis.
- Aquando do início do LGMA, a raça era utilizada unicamente em 3 concelhos do País (Figura 10), designadamente, Caldas da Rainha, Lourinhã e Santarém. Devido à dimensão da população, a exploração da raça Malhado de Alcobaça, ainda está limitada a poucos concelhos do País (Figuras 10 e 11). Atualmente é criada nos concelhos de Alcobaça (33%), Santarém (31%), Caldas da Rainha (19%), Lourinhã (16%) e Santiago do Cacém e Coimbra (<1%).
- Existe uma grande variabilidade entre concelhos, no número de animais nascidos por ano e por exploração (Figura 12), observando-se no concelho das Caldas da Rainha, entre 2015 e 2019, 348 inscrições no Livro de Nascimentos por exploração/ano e que, numa situação oposta, em Coimbra, nascem anualmente, em média apenas cerca de 17 animais por exploração.
- Para o período de 2015-2019 (Figura 14), com o aumento do número de criadores, o número de explorações e de animais nascidos segundo a dimensão da exploração está mais distribuído. 45% das porcas pertencem a explorações onde se registam anualmente, em média, menos de 100 animais e 26.6% em explorações onde nascem entre 100 e 250 animais por ano. 33.1% dos nascimentos registam-se em explorações com 500-750 animais nascidos por ano.

- Para o período de 2020-2022 (Figura 15), a maior parte do efetivo (26.8%) tinha origem em explorações com 500 a 750 animais nascidos por ano, seguida de explorações com 100-250 animais nascidos por ano (25.3%). Cerca de 7% dos animais nasceram em explorações de maiores dimensões (mais de 1000 animais nascidos por ano) e cerca de 3% em explorações onde nascem, em média, menos de 50 animais por ano.
- Os partos e, conseqüentemente, os nascimentos ocorrem durante todo o ano (Figuras 16 a 18), como é habitual neste tipo de exploração, onde é normalmente criado o Malhado de Alcobaça, em que o efetivo reprodutor é mantido maioritariamente em regime intensivo. Até 2009 (Figura 17), devido à irregularidade na obtenção de registos, a distribuição mensal dos nascimentos não foi tão uniforme. Contudo, na década seguinte (Figura 18) já é possível observar uma distribuição dos nascimentos ao longo do ano mais homogénea.
- O nível de preenchimento das genealogias é muito bom, embora em dois períodos, entre 2005 e 2009 e entre 2015 e 2019, devido ao aumento do número de explorações com Malhado de Alcobaça, o controlo das genealogias não foi total, registando-se a entrada de alguns animais cuja ascendência não é conhecida (Figuras 19 e 21). O controlo das paternidades e o conhecimento da genealogia o mais profundo possível é importante para a gestão de uma população ameaçada, como é o caso do Malhado de Alcobaça.
- O número de gerações conhecidas (Figura 22) apresenta uma evolução considerável ao longo dos anos, sendo superior a 10 em animais nascidos a partir de 2016 e superior a 12 nos animais nascidos em 2022. Pelo facto de esta população ter tido origem numa única exploração, que procedia ao registo das genealogias, no início do LGMA em 2003, os animais que nasciam, em média, tinham mais de 5 gerações conhecidas.
- Estes valores, do preenchimento das genealogias e do número de gerações conhecidas, que se pretendem o mais elevado possíveis, resultam de um esforço consistente dos seus produtores e da FPAS na gestão do Livro Genealógico.
- O aumento da informação genealógica disponível é muito útil para as diversas atividades relacionadas com a conservação e seleção da raça, tendo em consideração a minimização da consanguinidade. Através do BLUP – Modelo Animal, utilizado para a avaliação genética da raça Malhado de Alcobaça, a precisão da predição dos valores genéticos poderá ser melhorada pela utilização de todas as informações de parentesco entre os animais que são avaliados. Esta metodologia baseada em modelos mistos,

utiliza a matriz do numerador do coeficiente de parentesco, que inclui todas as informações de parentes disponíveis, pode tirar partido da extensa informação genealógica disponível.

- Deverá dar-se continuidade ao controlo de filiação através da análise de ADN como instrumento de controlo do respetivo Livro Genealógico.
- A distribuição da idade das fêmeas ao parto é a típica para a espécie suína (Figura 23). A maioria dos leitões nasce de fêmeas que parem quando têm entre 1 e 3 anos de idade. A percentagem de fêmeas que parem para além dos 5 anos de idade é muito reduzida.
- A maioria dos machos reprodutores, ou seja, cerca de 50% dos varrascos, tem cerca de 1 ano quando nascem os filhos (Figura 24). O número de leitões nascidos filhos de varrascos com idades mais avançadas (>4 anos) é muito reduzido, em parte, pelo facto da inseminação artificial com sémen congelado ser inexistente e se utilizar principalmente a inseminação artificial com sémen refrigerado ou a monta natural.
- A distribuição do número de fêmeas reprodutoras segundo o número de descendentes que tiveram ao longo de toda a vida (Figura 25) demonstra que poucas porcas (55) têm mais de 60 filhos inscritos como MA ao longo de toda a vida. A maioria das porcas com informação disponível sobre os partos (268 fêmeas) tem apenas 979 filhos, ou sejam, em média 3.7 leitões por porca. Esta distribuição demonstra que numa fase inicial de funcionamento do LGMA nem todos os nascimentos eram completamente controlados e informatizados na base de dados, sendo na globalidade somente registados os partos dos futuros reprodutores. Isto é, no passado foi registada a prolificidade resultante de cada parto, mas não se procedia à identificação de todos os leitões no livro de nascimentos. Razão pela qual muitas porcas têm pouca informação sobre os filhos que tiveram ao longo da vida. Outro aspeto a considerar é a possibilidade das fêmeas reprodutoras terem sido usadas em cruzamento terminal, por exemplo, para leitão de assar, com outras raças como são os casos da Landrace ou Bísara e os seus descendentes, cruzados para abate, não terem sido registados na base de dados do LGMA.
- A distribuição do número de descendentes por macho evidencia um desequilíbrio acentuado (Figura 26), demonstrando que os criadores têm preferência por apenas alguns varrascos ou facilidade de obtenção dessa genética proveniente de doses de sémen de varrascos disponíveis para utilização pelos produtores provenientes do centro de IA, AIM CIALA. Apenas 18 machos reprodutores são responsáveis por 65% dos nascimentos. Por outro lado, quase metade dos varrascos (22 machos ↔ 22%), no total,

é pai de apenas 1% dos animais nascidos. Estes resultados confirmam a necessidade de evitar que alguns varrascos tenham um número excessivo de descendentes ao longo de toda a vida, enquanto outros têm poucos.

- A consanguinidade aumentou de forma mais ou menos constante, entre 1.02%/ano e 1.40%/ano (Figuras 27 e 30) conforme o período considerado, desde a constituição do LGMA e até 2022, ano em que atingiu o valor mais elevado, aproximadamente 20%. Este valor de 20% pode considerar-se preocupante, ainda mais, quando se constata que o aumento da consanguinidade média foi muito pronunciado nos últimos 3 anos (2020-2022).
- Algumas medidas de precaução do aumento da consanguinidade têm vindo a ser tomadas por parte da Secretaria do LGMA, de forma a evitar que possa vir a aumentar ainda mais. A estimativa da consanguinidade depende do coeficiente de parentesco real dos pais de cada indivíduo, mas também da informação genealógica disponível para esse cálculo. Como a quantidade de informação genealógica disponível é considerável esta estimativa da consanguinidade é obtida com precisão bastante aceitável.
- Ao longo dos anos, ocorreu um acréscimo também considerável do número de animais nascidos consanguíneos (Figura 28). Há a registar nos últimos 3 anos um aumento importante do número de nascimentos, mas infelizmente acompanhado do aumento da consanguinidade dos animais que têm vindo a nascer. Constata-se que, nos últimos três anos, todos os nascimentos são consanguíneos. Ou seja, com um efetivo reprodutor reduzido, como é o caso da raça Malhado de Alcobaça, há uma enorme dificuldade em definir-se acasalamentos não consanguíneos (entre animais não aparentados). Deverá manter-se o esforço, ao nível de cada exploração, de forma a evitar o aumento da consanguinidade.
- O Intervalo de gerações é pouco mais elevado nas fêmeas (≈ 2.0 anos) dos que nos machos (≈ 1.72 anos), resultando num intervalo médio de gerações de 1.89 anos (Figura 29).
- O acréscimo da consanguinidade por geração, resultante da multiplicação do acréscimo médio anual da consanguinidade pelo intervalo de gerações, foi de 1.94%, 2.25% e 2.64% considerando-se, respetivamente, os períodos entre 2003-2022, 2008-2022 e 2013-2022 (Quadro 1).
- O tamanho efetivo da população (N_e) é reduzido, estimado entre 18.91 e 25.75, considerando-se os três diferentes períodos (Figura 30 e Quadro 1). Quando considerados todos os registos de nascimentos (2003-2022), o tamanho efetivo da

população apresenta valores ligeiramente superiores, mas ainda inferiores aos considerados aceitáveis (> 50) para o correto controle da variabilidade genética da população. Os valores obtidos nos três períodos estudados são inferiores ao valor recomendado pela FAO (mínimo de 50 ou ΔF /geração inferior a 1%), para que o risco de erosão genética da população seja considerado aceitável.

De um modo geral, os parâmetros demográficos estimados para a raça Malhado de Alcobaça, apesar de espectáveis dada a origem da população atual, indicam que se deverá prestar especial atenção à manutenção da variabilidade genética da raça.

Os resultados obtidos indicam uma significativa melhoria da monitorização da raça, particularmente ao nível do controle do registo dos nascimentos e informatização de toda a informação existente.

A FPAS deverá disponibilizar aos Criadores seus associados uma análise prévia do parentesco médio entre os machos a utilizar e as fêmeas de determinada exploração, ferramenta esta que se encontra disponível na plataforma Genpro da Ruralbit.

A utilização excessiva de alguns machos como reprodutores deverá ser considerada no programa de conservação e melhoramento da raça, tendo em conta o impacto que poderá ter na redução da variabilidade genética da população.

Os valores médios da consanguinidade dos animais nascidos nos últimos anos, o acréscimo anual e por geração da consanguinidade, bem como o tamanho efetivo da população, sugerem que se deverá manter uma especial atenção nos emparelhamentos de toda a população.

Bibliografia

- Alderson L, 1992. A system to maximize the maintenance of genetic variability in small populations. In Genetic Conservation of Domestic Livestock II, Eds. Alderson, L. and Bodo, I., CABI, Wallingford, U.K., pp. 18-29.
- Boichard, D., L. Maignel e É. Verrier, 1997. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. *Genet. Sel. Evol.*, 29:5-23.
- Boldman, K. G., L. A. Kriese, L. D. Van Vleck, C. P. Van Tassell e S. D. Kachman, 1995. A Manual for Use of MTDFREML. A set of programs to obtain estimates of variances and covariances [DRAFT]. USDA, ARS, Clay Center, NE, USA.
- Carolino, N. e L. T. Gama, 2002. Manual de Utilização de Software para a Gestão de Recursos Genéticos Animais. Estação Zootécnica Nacional, Instituto Nacional de Investigação Agrária e Pescas, Portugal (policopiado).
- Carolino, N., L. Gama, e A. A. Vicente. 2008. Retrospectiva sobre estudos demográficos em raças autóctones portuguesas. IX Simposio Iberoamericano sobre Conservación y Utilización Recursos Zoogenéticos.
- Carolino N., Vitorino A., Carolino I., Bastos J., Vicente A. e Silveira M. (2020). Raça suína Malhado de Alcobaça – Caracterização Genética por Análise Demográfica 2020. Instituto Nacional de Investigação Agrária e Veterinária, Estação Zootécnica Nacional - Fonte Boa, Portugal.
- Falconer, D. S. e T. F. C. Mackay, 1996. Introduction to Quantitative Genetics. 4th Ed. Longman Group Ltd., Essex, England, UK.
- FAO (Food and Agriculture Organization), 1998. Secondary Guidelines: Management of Small Populations at Risk. FAO Editions, Rome, Italy.
- Gutierrez, J.P., Goyache, F., 2005. A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information. *J. Anim. Breed. Genet.* 122, 172–176.
- SAS Institute Inc., 2006. Base SAS® 9.1.3 Procedures Guide, Second Edition, Volumes 1, 2, 3, and 4. Cary, NC.
- Van Vleck, L. D., 1993. Selection index and introduction to mixed model methods. CRC Press, Boca Raton, USA.
- Vicente, A. 2006. Caracterização do porco Malhado de Alcobaça. Dissertação de Mestrado em Produção Animal. Universidade Técnica de Lisboa.
- Vicente, A. 2013. Malhado de Alcobaça: importância da sua conservação e divulgação. *Rev. Suinicultura* no 99. 18–28.
- Vicente, A., A. Roque, T. Tavares, J. Bastos, R. Anselmo, e N. Carolino. 2018. Raça Suína Malhado de Alcobaça: Estimativa de parâmetros genéticos e efeitos fixos para o peso a diferentes idades. *Resúmenes XI Congreso Ibérico para los Recursos Genéticos Animales*, 26–27.
- Wright, S., 1923. Mendelian analysis of pure breeds of livestock. I - The measurement of inbreeding and relationship. *J. Heredity*, 14:339-348.