

RETROSPECTIVA SOBRE ESTUDOS DEMOGRÁFICOS EM RAÇAS AUTÓCTONES PORTUGUESAS

Nuno Carolino^{1,2*}, Luís Gama^{1,3} e António Vicente⁴

¹Unidade de Recursos Genéticos, Reprodução e Melhoramento Animal - INRB, I.P., Fonte Boa, 2005-048 Vale de Santarém.carolinonuno@sapo.pt; ²Escola Universitária Vasco da Gama; ³Faculdade de Medicina Veterinária; ⁴Escola Superior Agrária de Santarém.

RESUMO

A análise demográfica de uma população permite descrever a sua estrutura, considerando-a como um grupo de indivíduos em permanente renovação. Por isso, trata-se de uma metodologia importante de caracterização das populações, já que descreve a sua variabilidade genética e respectiva evolução ao longo das gerações. A manutenção da diversidade genética intra-racial é um aspecto essencial, no âmbito da conservação dos recursos genéticos animais e de grande importância para qualquer programa de melhoramento genético eficaz. Adicionalmente, o estudo da demografia da população permite realçar alguns aspectos importantes, de acordo com cada situação em particular, que poderão afectar a gestão da própria população, nomeadamente em termos da escolha dos métodos de selecção e de acasalamento mais adequados.

Palavras-chave: Conservação, Melhoramento, Recursos Genéticos, Demografia

SUMMARY

Management of genetic diversity of a breed is essential for its sustainable use in the future, in conservation and selection programs. Demographic analysis of a population can describe its structure, considering it as a group of individuals in permanent renewal. Therefore, it is an important method for characterization of populations, because it describes the evolution of their genetic variability over generations. Additionally, the demographic study of a population can highlight some important aspects, according to each particular situation, which could affect its own management, particularly in defining the more adequate selection strategies and breeding schemes.

INTRODUÇÃO

A manutenção da diversidade genética intra-racial é um aspecto essencial no âmbito da conservação dos recursos genéticos animais e de grande importância para qualquer programa de melhoramento genético eficaz. A análise demográfica de uma população permite descrever a sua estrutura, considerando-a como um grupo de indivíduos em permanente renovação. Trata-se de uma metodologia fundamental para a caracterização das populações, já que descreve a sua variabilidade genética e respectiva evolução ao longo das gerações.

Diversos parâmetros demográficos, baseados no conceito da contribuição genética para a população ou na proporção da variabilidade genética da população explicada por explorações, fundadores, ascendentes, etc., têm sido utilizados por vários autores (Robertson, 1953; James, 1972; Boichard et al., 1997; Carolino e Gama, 2008, entre outros) como indicadores da variabilidade genética numa população ao longo do tempo. Adicionalmente, o estudo da demografia da

população permite realçar alguns aspectos importantes, de acordo com cada situação em particular, que poderão afectar a gestão da própria população, nomeadamente em termos da escolha dos métodos de selecção e de acasalamento mais adequados.

MATERIAIS E MÉTODOS

A partir da informação genealógica acumulada ao longo dos anos sobre diversas raças autóctones Portuguesas e através de diversas aplicações informáticas construídas para o efeito (Carolino e Gama, 2002), têm sido estimados vários parâmetros demográficos, tais como a dimensão dos efectivos, intervalo de gerações, grau de preenchimento das genealogias, número de gerações conhecidas, consanguinidade individual, grau de parentesco, acréscimo anual da consanguinidade, tamanho efectivo da população, contribuições genéticas de fundadores, ascendentes e explorações, número efectivo de fundadores, de ascendentes e explorações, entre outros. Estas aplicações informáticas, que incluem nos seus procedimentos diversos tipos de validações dos dados a serem submetidos a análise, foram desenvolvidas segundo as metodologias descritas por James (1972) e Boichard et al. (1997), que se baseiam 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.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise demográfica das populações permite avaliar se existem desequilíbrios nas contribuições genéticas para a população em estudo, detectando assim possíveis afunilamentos ocorridos ao longo do tempo.

Como exemplo de situações extremas verificadas em Portugal, no Quadro I são apresentados alguns parâmetros demográficos estimados na raça bovina Mertolenga e na raça Suína Malhado de Alcobaça.

A raça Mertolenga é, em termos de número de animais registados, a principal raça bovina autóctone em Portugal, com 21000 fêmeas inscritas no Livro Genealógico (LG). Apesar do aumento constante do número de animais inscritos no LG, a taxa anual de consanguinidade é de 0,33%, de que resulta um aumento por geração de 2,00% e um tamanho efectivo da população de 25,0. O número efectivo de fundadores representados na população actual é de 125 e cerca de 85 fundadores justificam mais de 50% da variabilidade dessa população. Numa situação oposta, a raça suína Malhado de Alcobaça, considerada oficialmente como extinta, foi recuperada a partir de um reduzido número de animais e reconhecida em 2006. Actualmente, tem um efectivo de 200 fêmeas reprodutoras, concentradas em apenas uma exploração, com uma taxa anual de consanguinidade de 0,76%, um tamanho efectivo da população de 25,1, em que cerca de 50 % do património genético do efectivo actual é justificado pelas contribuições genéticas de apenas 5 animais fundadores.

Apesar destas duas raças apresentarem dimensões e processos históricos completamente distintos e terem estatutos de risco também diferentes, tanto segundo os critérios da FAO como da União Europeia, verifica-se que, curiosamente, ambas apresentam perdas de variabilidade genética semelhantes, ou seja, a taxa de consanguinidade por geração é muito semelhantes. O tamanho efectivo destas populações é cerca de metade do valor mínimo recomendado pela FAO ($N_e > 50$) para a manutenção aceitável da variabilidade genética intra-racial, tanto no âmbito dos programas de conservação (Meuwissen e Woolliams, 1994; FAO, 1998) como nos programas de selecção (Goddard e Smith, 1990), o que sugere a necessidade de uma redefinição das estratégias de selecção ou de conservação para estas raças.

Um outro aspecto a realçar, com base nos resultados das diversas análises demográficas, é que o número de fêmeas adultas numa população não pode ser generalizado como critério único para avaliar o risco de extinção ou para estudar a variabilidade genética numa população. Ao ser utilizado como critério de atribuição de ajudas financeiras pode, em muitos casos, originar interpretações incorrectas sobre o risco de extinção ou de erosão genética de uma raça. Em populações

reais, as condições de uma população ideal não são satisfeitas, pelo que um único critério de avaliação do risco de extinção de uma população poderá não ser adequado em situações diferentes.

Quadro I – Parâmetros demográficos estimados para a raça bovina Mertolenga¹ e para a raça suína Malhado de Alcobaca²

Parâmetros demográficos	Raça Bovina Mertolenga	Raça Suína M. Alcobaca
Número de fêmeas inscritas no LG	21000	160
População de referência (nº de animais)	25832 ³	236 ⁴
Número de gerações conhecido	6.1	4.2
Coefficiente de consanguinidade (%)	7.50	9.03
Animais com consanguinidade ≠ 0 (%)	75	98
ΔF /ano (%)	0.33	0.76
ΔF /geração (%)	2.00	1.99
Intervalo de gerações médio (anos)	6.0	2.6
Tamanho Efectivo da População	25.0	25.1
Numero de Fundadores	7556	72
Numero Efectivo		
Fundadores	125.0	13.1
Ascendentes	85.0	12.7
Contribuição para 50% da variabilidade genética		
Fundadores	85	5
Ascendentes	69	5
Contrib. dos 2 ascendentes mais influentes (%)	13.4	28.1

¹Carolino et al. (2004); ²Vicente (2006); ³Animais nascidos entre 1995 e 1999; ⁴Animais nascidos entre 2003 e 2004

CONCLUSÕES

A caracterização demográfica das populações é indispensável quando se pretende pôr em prática um programa de melhoramento genético por selecção ou quando se pretende desenvolver um programa de conservação. Para o seu delineamento é fundamental o conhecimento de alguns indicadores, como sejam a dimensão das explorações, a estrutura etária, os estrangulamentos em termos de utilização excessiva de alguns reprodutores, as trocas de material genético entre explorações, etc.

Os diversos parâmetros demográficos considerados em conjunto, e não individualmente, poderão tornar-se uma ferramenta fundamental para a definição e apoio à execução de programas de conservação e de selecção de animais.

BIBLIOGRAFIA

Boichard, D., L. Maignel and E. Verrier (1997) The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. *Genetic Selection Evolution*, 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., J. Pais, P. Ventura, N. Henriques e L.T. Gama (2004) Caracterização demográfica da raça bovina Mertolenga. Revista Portuguesa de Zootecnia, Ano XI, Nº1:61:78.

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.

FAO (1998) Secondary Guidelines for Development of National Farm Animal Genetic Resources Management Plans: Management of Small Populations at Risk. FAO, Rome, Italy.

Goddard, M.G., and C. Smith (1990) Optimum number of bull sires in dairy cattle breeding. Journal of Dairy Science, 73:1113–1122.

James, J.W. (1972) Computation of genetic contributions from pedigrees. Theoretical and Applied Genetics 42:272-273.

Meuwissen, T.H.E. and J.A. Woolliams (1994) Effective sizes of livestock populations to prevent a decline in fitness. Theoretical and Applied Genetics, 89:1019–1026.

Vicente, A. (2006) Caracterização do porco Malhado de Alcobaça. Tese de Mestrado. Faculdade de Medicina Veterinária. Universidade Técnica de Lisboa.