

CARACTERIZAÇÃO DEMOGRÁFICA DO CAVALO LUSITANO (2ª PARTE)

NESTE ARTIGO VAMOS CONTINUAR A FALAR SOBRE ASPECTOS RELACIONADOS COM A CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA POR ANÁLISE DEMOGRÁFICA NA RAÇA LUSITANA, FUNDAMENTAIS AO CONHECIMENTO DA ESTRUTURA POPULACIONAL E DOS VÁRIOS PARÂMETROS QUE PERMITAM LEVAR “A BOM PORTO” UM PROGRAMA SUSTENTADO DE MELHORAMENTO GENÉTICO POR SELECÇÃO DO CAVALO PURO-SANGUE LUSITANO.



António Vicente ^{1,2,3}



Nuno Carolino ^{2,3,4}



Luís T. Gama ³

¹ Escola Superior Agrária do Instituto Politécnico de Santarém, Apartado 310, 2001-904 Santarém, Portugal;

² Unidade Estratégica de Investigação e Serviços de Biotecnologia e Recursos Genéticos, INIAV, IP 2005-048 Vale de Santarém, Portugal;

³ CIISA - Faculdade de Medicina Veterinária, Universidade de Lisboa, 1300-477 Lisboa, Portugal;

⁴ Escola Universitária Vasco da Gama, Av. José R. Sousa Fernandes 197 Lordemão, 3020-210 Coimbra, Portugal

Na primeira parte deste estudo (edição anterior da revista, N.º114) centramos as nossas atenções na definição de conceitos de base, descrição de materiais e métodos empregues e de alguns resultados importantes referentes aos efectivos e coudelarias existentes, sua distribuição em Portugal e no mundo e ainda o número de descendentes por reprodutor. Na 2.ª parte desta caracterização vamos falar sobre a dispersão das pelagens na raça Lusitana, o intervalo e número de gerações conhecidas e, fundamentalmente, sobre parâmetros de consanguinidade, fundadores e ascendentes do cavalo Lusitano. Esperamos que gostem e lhes seja útil!

RESULTADOS E DISCUSSÃO (CONTINUAÇÃO)

Sempre importante e valorizado pela maioria dos criadores é a questão da cor da pelagem dos cavalos por si criados, existindo até algumas coudelarias que se especializam na produção de animais com um tipo específico de pelagem. De seguida, apresentam-se os resultados de

um estudo estatístico sobre a distribuição da cor da pelagem no cavalo Lusitano, conforme consta do Studbook, a quando da sua inscrição no Livro de Adultos (Figura 1). Como seria de esperar, a pelagem ruça é a mais comum (~ 60%), seguida pela pelagem castanha (~ 24%). Tal como citado no padrão racial do cavalo Lusitano, que refere as pelagens ruça e castanha como as mais comuns, podemos constatar que 84% dos animais registados entre 1967 e 2009 apresentam estas duas pelagens. De seguida, e

por ordem de importância temos as pelagens: baia, preta, lazã, isabel, palomina, rata (parda cinzenta) e malhada. Na nossa opinião, e graças ao actual conhecimento do determinismo genético da cor das pelagens, as que foram classificadas anteriormente no Studbook como rucilha, rosilha e branca foram incorrectamente atribuídas. Possivelmente eram animais de pelagem ruça, o que eleva ainda mais o domínio desta pelagem na raça Lusitana e no tronco ibérico.

Um outro aspecto importante

a ser estudado numa caracterização genética por análise demográfica é o intervalo de gerações estimado (L), definido como a idade média dos pais quando nascem os filhos que os vão substituir (Gama, 2002). Esta informação revela-se fundamental para o conhecimento da rapidez do progresso genético num esquema de selecção e da obtenção dos produtos pelos criadores. Podemos estudar o intervalo de gerações médio, baseado na idade média de pais e mães ou então nas 4 vias de selecção (pais de garanhões, mães de éguas reprodutoras, pais de éguas reprodutoras e mães de garanhões).

O intervalo de gerações médio estimado, baseado na idade de pais e mães, foi de 10.52 anos (Quadro 1). Se considerarmos as 4 vias possíveis de selecção de reprodutores o L médio foi de 10.28 anos, um valor elevado comparativamente com o de outras espécies de animais domésticos mas que está dentro da normalidade para equinos. Comparativamente, e a título exemplificativo, podemos referir valores

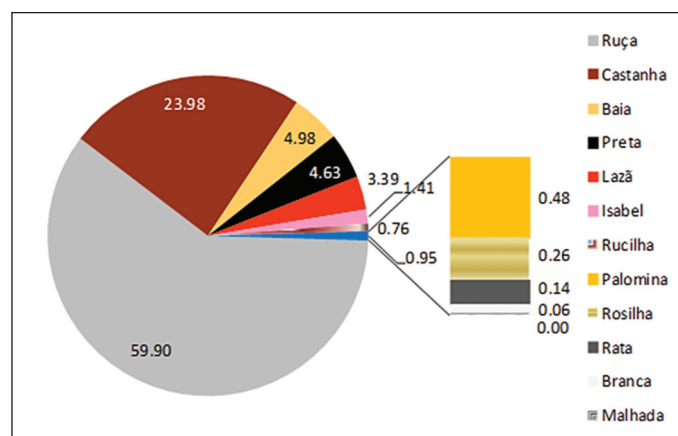


Figura 1 – Distribuição percentual das cores da pelagem no cavalo Lusitano (animais inscritos entre 1967 e 2009)

Quadro 1 – Intervalo de gerações (L) estimado para o cavalo Lusitano

Intervalo gerações (em anos)	L	L médio
Garanhões	11.33±5.23	10.52
Éguas	9.71±4.48	
Pais de Garanhões	10.79±5.45	10.28
Mães de Garanhões	10.98±5.23	
Pais de Éguas	9.76±4.50	
Mães de Éguas	9.59±4.46	

semelhantes noutras raças de cavalos de sela: 9.5 anos para o Mangalarga (Mota et al., 2006); 10.1 anos para o PRE (Valera et al., 2005); 10.2 anos para o Trakehner (Teegen et al., 2009) ou 10 anos para o Hanoveriano (Hamann e Distl, 2008). No caso de cavalos de tiro o intervalo de gerações é, regra geral, mais reduzido e a rondar os 8 anos (7.9 anos para o Noriker da Áustria – Druml et al., 2009; 8.3 anos para o Franches-Montagnes – Poncet et al., 2006). Estes valores mais reduzidos no L, vantajosos para o incremento do progresso genético anual, são explicados pela mais rápida utilização dos reprodutores destas raças de tracção, não estando tão dependentes de serem montados ou apresentarem resultados desportivos para a sua utilização em reprodução, como acontece com os cavalos de sela.

No caso do cavalo Lusitano constatamos ainda que o L estimado, quando as vias de selecção dizem respeito a éguas reprodutoras, é, regra geral, mais baixo (menos ~1.5 anos quando comparado com os garanhões), explicado essencialmente pela utilização quase exclusiva das fêmeas Lusitanas em reprodução, e somente um reduzido número destinado à funcionalidade e a serem montadas. Este facto favorece o progresso genético e, consequentemente, o esquema de selecção, começando as éguas a reproduzir-se mais cedo na

sua vida produtiva.

Revela-se igualmente pertinente estudar o nível de conhecimento e a profundidade da informação genealógica na raça. Tendo por base registos genealógicos conhecidos no cavalo Lusitano desde 1824, estimou-se que a percentagem média de informação disponível de pais, avós e bisavós na totalidade da base de dados (n=53411) foi de 98.78%, 97.80% e 97.08%, respectivamente. Se considerarmos somente a população de referência em estudo (todos os animais nascidos entre 2005 e 2009, n=9712) todos esses ascendentes são conhecidos. Comprova-se assim o aprofundado conhecimento genealógico nesta população, muito superior quando comparado com outras espécies ou mesmo outras raças de cavalos domésticos. Existe assim um manancial muito relevante de genealogias para ser trabalhado e estudado na raça e um conhecimento genealógico extraordinário.

Relacionado com esta temática podemos igualmente determinar o número de gerações conhecidas para o cavalo Lusitano, que é estimado individualmente para todos os animais por intermédio da expressão:

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

Onde n_p e n_m representam, respectivamente, o número de

gerações conhecidas do pai e da mãe. Este parâmetro tem aumentado gradualmente ao longo dos anos, à medida que conhecemos cada vez mais informação genealógica, apresentando um valor de 11.20 ± 0.71 gerações conhecidas para a população de referência, com um máximo de 11.5 para os animais nascidos em 2009 (Figura 2).

O gráfico da figura 2 mostra que já mesmo antes do século XIX existia conhecimento sobre

individual foi estimado com recurso ao software MTDFREML (Boldman et al., 1995), considerando a totalidade da matriz de parentescos conhecida (53411x53411 indivíduos). A consanguinidade exprime-se pelo coeficiente de consanguinidade de um indivíduo e define-se como a probabilidade de dois alelos num mesmo locus serem idênticos por descendência, ou seja, serem cópia de um gene do mesmo ancestral

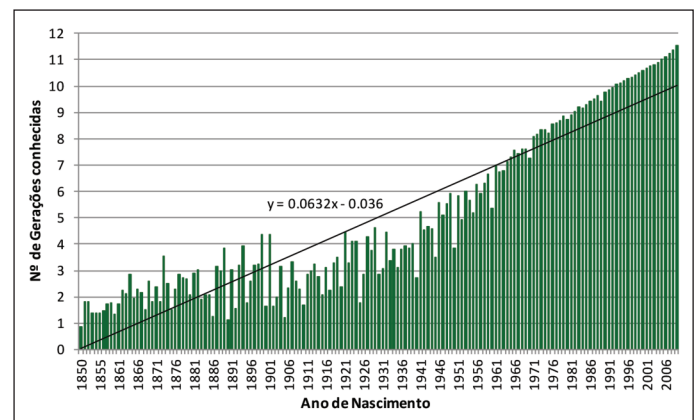


Figura 2 – Evolução do número de gerações conhecidas na raça Lusitana e respectiva linha de tendência

genealogias de cavalos Lusitanos, o que é extraordinário. Se considerarmos o intervalo de gerações de 10.5 anos e o conhecimento médio de 11.5 gerações (ano de 2009) quer dizer que temos ao nosso dispor informação genealógica de quase 121 anos (10.5×11.5), algo muito relevante e significativo e que comprova a importância e ancestralidade do cavalo Lusitano. Poucos Studbooks no mundo inteiro têm à sua disposição tão completa informação genealógica.

Uma outra área de estudo sempre interessante e que divide opiniões é a consanguinidade. Por consanguinidade entende-se o acasalamento de indivíduos aparentados entre si, ou seja, indivíduos que têm entre si ascendentes comuns. Um animal consanguíneo é aquele que é filho de dois parentes (dois animais aparentados entre si). O coeficiente de consanguinidade

comum (Gama, 2002).

Se consideramos a totalidade da base de dados (n=53411) o coeficiente de consanguinidade médio estimado foi de 9,92%, mas para animais nascidos entre 2005 e 2009 (n=9712) esse valor aumenta para 11,34%. Estes valores são relativamente idênticos aos estimados para o PRE (~8,5%; Valera et al., 2005) ou para o Lipizzano (~10,8%; Zechner et al., 2002). No cavalo Lusitano, a consanguinidade manteve-se relativamente estável até 1995, altura em que começou a aumentar (Figura 3), para atingir um valor máximo de 11,64% para os poldros nascidos em 2008. Relembramos o leitor que o Studbook da raça só foi fechado a novas entradas de equinos em 1989, significando que, após essa data, somente animais inscritos no livro genealógico se podiam reproduzir entre si e, consequentemente,

temente, existe uma tendência crescente de acasalamentos entre animais aparentados, sendo o grau de parentesco cada vez maior.

Actualmente todos os cavalos da população de referência (2005-2009) apresentam um valor de consanguinidade diferente de zero ($F_x \neq 0$) e somente 3% da totalidade dos animais inscritos no Studbook não são consanguíneos. O aumento anual da taxa de consanguinidade ($\Delta F/\text{ano}$) estimou-se por regressão do coeficiente de consanguinidade individual (F_i) no ano de nascimento, com recurso ao software SAS (SAS Institute, 2004), por intermédio de um modelo linear. Estimou-se o $\Delta F/\text{ano}$ em $0.178 \pm 0.0701\%$, ou seja, um incremento anual médio da consanguinidade de cerca de 0.2%. Se consideramos o aumento da taxa de consanguinidade por geração ($\Delta F/\text{ger}$) (~10,3 anos), este valor eleva-se para 1.78%, significativo, relevante e que deverá ser considerado no futuro.

A forma mais extrema de reprodução intensiva seria considerar, hipoteticamente, que numa dada geração iríamos acasalar o mesmo garanhão com todas as éguas existentes na população. Com esta prática de criação estaríamos, obviamente, a reduzir o pool genético da população, mesmo para um grupo vasto de fêmeas reprodutoras sem relações de parentesco. Para melhor compreender o que se pretende explicar relativamente à importância da preservação da variabilidade e do pool genético de uma população introduzimos o conceito de Tamanho Efectivo da População (N_e). Considerando uma população com 100 indivíduos, com igual número de machos e de fêmeas (50 cada), onde todos se acasalavam aleatoriamente, com igual probabilidade e com um número idêntico de descendentes por cada progenitor, neste cenário irrealista o tama-

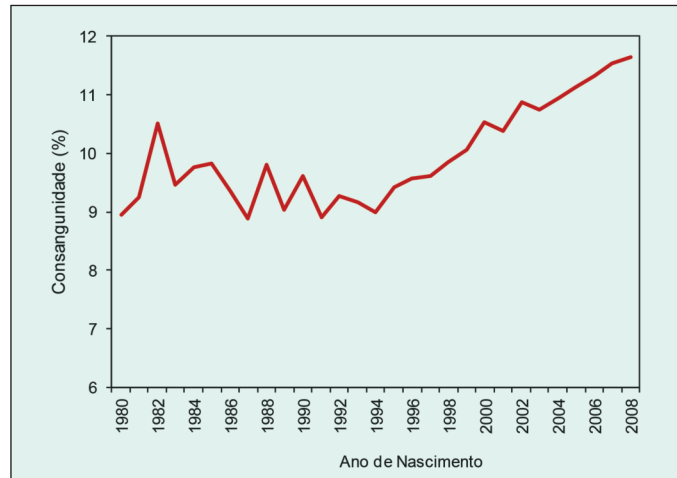


Figura 3 – Evolução da consanguinidade (em %) no cavalo Lusitano desde 1980

nho efectivo dessa população fictícia seria igual a 100 (o número total dos indivíduos da população). Como na realidade esse cenário é impossível e existem sempre acasalamentos preferenciais, desequilibrados e com enormes diferenças de descendentes por progenitor, daí a importância do cálculo de N_e que nos indica como está a ser gerida a variabilidade genética na raça Lusitana e se existem muitos desequilíbrios ou não nos acasalamentos. Existe assim uma relação directa entre a consanguinidade e o tamanho efectivo da população. Num grupo de indivíduos onde aumenta muito a consanguinidade, com redução da variabilidade genética e aumento da homozigotia, naturalmente também o N_e se irá reduzir.

Segundo Falconer e MacKay (1996), o tamanho efectivo da população (N_e) pode ser definido como o número de indivíduos de uma população com uma estrutura não ideal (diferenças entre número de machos e fêmeas em actividade, acasalamentos não aleatórios, ocorrência de selecção, etc) que origina uma determinada taxa de consanguinidade. Neste estudo o N_e foi calculado por $N_e = 1/2(\Delta F/\text{ger})$, onde $\Delta F/\text{ger}$ representa o aumento da consanguinidade por geração. O valor de N_e estimado para o Lusitano foi de 28.15 indivíduos, um número baixo, tendo em consideração o limite mínimo aceitável de 50 definido pela FAO/ONU. No caso da população Lusitana este valor é quase metade do recomen-

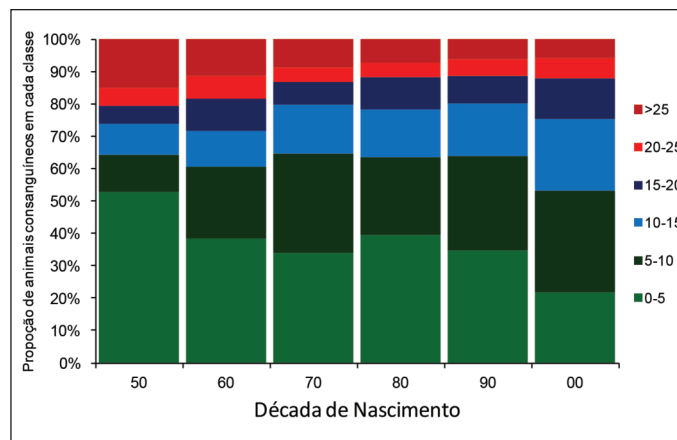


Figura 4 – Evolução da consanguinidade (%), segundo diferentes classes, nas últimas décadas de nascimentos de poldros Lusitanos

dado, indicando que existem fortes probabilidades de ocorrência de perdas de variabilidade e, conseqüentemente, erosão genética. Regra geral, o valor de $N_e > 50$ está recomendado para impedir a depressão consanguínea e uma diminuição detectável na viabilidade ou capacidade reprodutiva de uma população.

Fomos igualmente estudar a evolução da consanguinidade ao longo das últimas décadas de criação de cavalos Lusitanos (Figura 4).

O que claramente se pode observar pela análise do gráfico da Figura 4 é a redução da frequência das classes superior ($F_x > 25\%$) e inferior ($0 < F_x < 5\%$) de consanguinidade e a sua redistribuição por classes intermédias (entre 5 e 20% de F_x). Isto significa que cada vez mais é difícil criar animais com pouca ou nenhuma consanguinidade mas que os criadores também têm cada vez mais atenção na escolha dos acasalamentos entre animais muito aparentados, evitando valores muito elevados de F_x . Como trabalhamos com uma população fechada a tendência natural de evolução da consanguinidade será para aumentar, devendo existir pela parte dos criadores consciência das vantagens e desvantagens da sua utilização e os problemas que poderá originar.

Revela-se também interessante o estudo do uso da consanguinidade pelos diferentes criadores do cavalo Lusitano (Figura 5), constatando-se que, enquanto existem alguns que tentam minimizar o acasalamento entre parentes, por outro lado, existem outros que produzem intencionalmente animais mais consanguíneos.

O estudo dos fundadores e ascendentes da raça Lusitana apresenta-se como um assunto de capital importância, também ele muito relacionado com o que se tem discutido até aqui. Adicionalmente, e a par do aprofundado conhecimento ge-

nealógico e da consanguinidade da população, é sempre importante complementar a informação conhecida com o estudo dos animais que estão na fundação desta nobre raça, bem como quais são os animais que mais contribuíram para a formação da população actual. Um fundador define-se como um animal com pais desconhecidos (um ou ambos) e um ascendente é um animal com filhos (que podem ser muitos ou poucos) e pode ser também ele um fundador, ou não.

Da totalidade dos equinos registados no Studbook da raça até 2009 (n=53411) contabiliza-se uma contribuição genética de 796 fundadores (267 garanhões e 529 éguas), pertencentes a 110 diferentes coudearias fundadoras. Os 53411 animais registados até 2009 apresentam um total de 17487 ascendentes.

Mais importante ainda que enumerar o número de fundadores e ascendentes da raça, interessa determinar o número efectivo de fundadores (f_e) e de ascendentes (f_a) e as respectivas contribuições genéticas de fundadores (q_k) e ascendentes (p_k), parâmetros estimados por procedimentos desenvolvidos por Carolino e Gama (2002), segundo metodologia proposta por Boichard et al. (1997). O número efectivo de fundadores (f_e) representa o número de fundadores (f) que daria origem à diversidade genética observada na população em estudo, se todos os fundadores tivessem igual contribuição, tendo sido calculado através da expressão seguinte:

$$f_e = \frac{1}{\sum_{k=1}^f q_k^2}$$

em que, q_k corresponde à contribuição proporcional de cada fundador k para a população em estudo (que neste estudo é representada pelos animais nascidos entre 2005 e 2009).

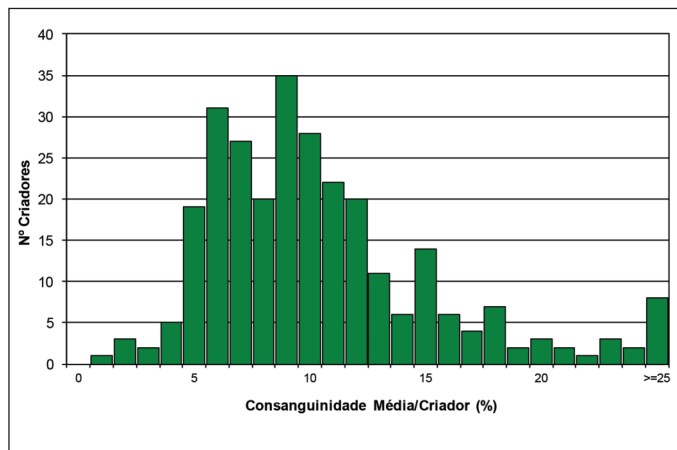


Figura 5 – Distribuição da consanguinidade média por criador (%)

O número efectivo de ascendentes (f_a) representa o número de ascendentes (fundadores ou não) que explicam a totalidade da variabilidade genética da população em estudo, se todos os ascendentes tivessem igual contribuição, tendo sido determinado através das seguintes expressões:

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

em que p_k corresponde à contribuição marginal de um ascendente, ou seja, a contribuição ainda não explicada pelos seus ascendentes já calculados, q_k corresponde à proporção com que cada ascendente k contribui para a população em estudo, à qual é deduzida a contribuição de todos os seus parentes cujas contribuições já foram determinadas e a_{ij} é o parentesco entre k e cada um dos seus $n-1$ ascendentes.

As contribuições acumuladas de fundadores e ascendentes apresentam-se na figura 6, onde se pode observar uma forte influência de um número muito restrito de indivíduos. Efectivamente, apenas 14 fundadores e 6 ascendentes da raça são responsáveis por 50% do pool genético da população, com uma contribuição dos 2 mais influentes fundadores e ascendentes de 20% e 33%, respectivamente. Um resultado

muito desequilibrado de contribuições genéticas para a população de referência que leva à obtenção de um número efectivo de fundadores e de ascendentes muito baixo de 28 e 12

indivíduos, respectivamente. A redução progressiva da variabilidade genética observada nos últimos anos de criação deve-se essencialmente à utilização excessiva de algumas importantes e famosas linhas paternas, muito em moda e populares e que se encontram cada vez mais representada no pool genético da raça (Figura 7). Por exemplo o ascendente predominante da raça (Agareno MV), nascido em 1931, apresentava uma contribuição genética para a população de ~10% no período 1980-1984, mas essa contribuição elevou-se para um valor de 25% no último período estudado (2005-2009), representando actualmente 1/4 do total da variabilidade genética da raça! É obra!

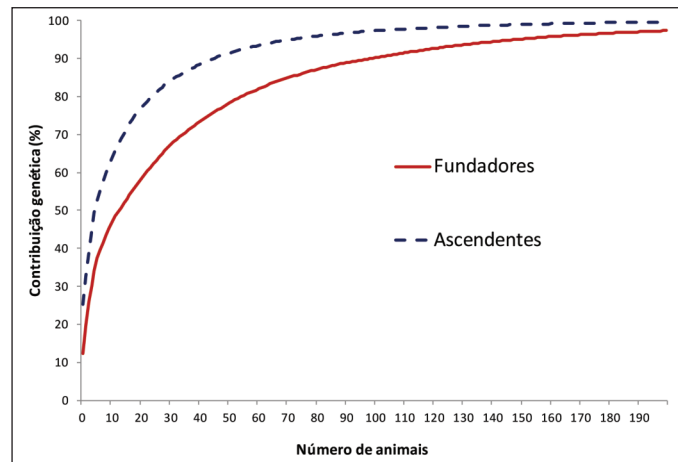


Figura 6 – Contribuição genética cumulativa, para a população de referência (animais nascidos entre 2005 e 2009, n=9712), de fundadores e ascendentes da raça

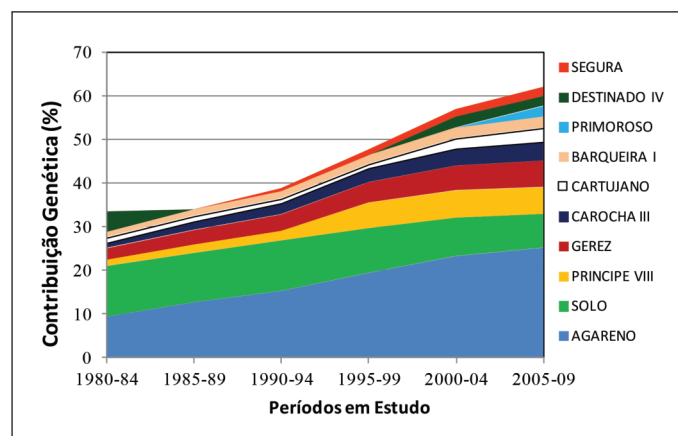


Figura 7 – Evolução das contribuições genéticas marginais dos 10 principais ascendentes da raça Lusitana, para os últimos 30 anos, em períodos de 5 anos

Igualmente, os dez principais ascendentes do cavalo Lusitano aumentaram a sua contribuição de 37% (1980-1984) para 62% (2005-2009) (Figura 7).

Pela análise do Quadro 2 podemos observar a grande influência de alguns cavalos e éguas, muito importante para a formação da actual população Lusitana. Somente 22 animais são capazes de explicar 80% da diversidade genética existente na raça e alguns deles estão presentes em todos ou quase todos os pedigrees do grupo de animais estudado (n=9712). A percentagem média da sua presença nas genealogias é de 84% e se considerarmos somente os principais 10 ascendentes esse valor eleva-se para 90.5%. Existe de facto uma concentração muito acentuada em alguns ascendentes, com repercussões evidentes ao nível da variabilidade genética existente actualmente na raça Lusitana.

Na Figura 8 apresentamos ainda imagens de alguns dos principais ascendentes da raça Lusitana, vantagem de estarmos a falar de equinos e toda esta informação estar muito bem documentada e valorizada desde o início da fotografia. Assim se constata mais uma vez a importância e relevância do cavalo para o homem em geral e do cavalo Ibérico para o nosso povo em particular!

CONCLUSÕES

O cavalo Lusitano possui uma história muito rica, com notável informação genealógica que permite a realização de estudos e trabalhos de interesse e relevo para a raça. Global-

Quadro 2. Listagem dos principais ascendentes da raça Lusitana, com base numa população de referência de cavalos nascidos entre 2005 e 2009 (n=9712 indivíduos)

NOME	ANO NASCIMENTO	CONTRIBUIÇÃO MARGINAL (%)	ACUMULADO (%)	Nº DESCENDENTES	% NA POP. REFERENCIA
AGARENO	1931	25.26	25.26	9317	95.93
SOLO	1893	7.71	32.97	9536	98.19
PRINCIPE VIII	1943	6.10	39.07	8286	85.32
GEREZ	1905	5.96	45.03	9319	95.95
CAROCHA III	1927	4.41	49.44	9120	93.90
CARTUJANO	1928	3.16	52.61	9220	94.93
BARQUEIRA I	1913	2.65	55.26	9319	95.95
PRIMOROSO	1927	2.39	57.65	9466	97.47
DESTINADO IV	1930	2.34	59.99	8025	82.63
SEGURA	1943	2.13	62.12	6298	64.85
FEHRAN	1895	1.84	63.96	9710	99.98
MACHAQUITO	1900	1.82	65.77	8526	87.79
VISCAINA	1933	1.60	67.37	6464	66.56
WHISKY	1947	1.57	68.94	4354	44.83
SULTAO I	1942	1.34	70.28	7342	75.60
MARIALVA II	1930	1.31	71.59	6936	71.42
REGEDOR	1923	1.24	72.83	3919	40.35
RECELOSO	1900	1.20	74.03	9471	97.52
ALMIRANTE	1870	1.07	75.10	9712	100.00
VENTERA I	1933	1.02	76.13	6165	63.48
ROLA	1915	0.92	77.04	9317	95.93
DIPLOMATICA	1900	0.88	77.93	9489	97.70

mente, o número de animais registados nos últimos anos evoluiu muito significativamente (em Portugal e no resto do mundo), graças principalmente à implementação da associação de criadores - APSL, e ao aumento da popularidade deste cavalo, dadas as suas boas características comportamentais, de beleza e desempenho funcional nas mais variadas actividades (lazer, toureio, dressage,

equitação de trabalho, atrelagem, arte equestre, etc).

Um aspecto a frisar é a baixa relação existente entre o número de garanhões e éguas reprodutoras, originando uma reduzida intensidade de selecção. Existe um elevado número de machos aprovados, em relação ao número de fêmeas activas reprodutivamente, e muitos deles nem chegam mesmo a reproduzir-se, complicando a im-

plementação do esquema de selecção e o progresso genético que se poderá obter. Para o caso do cavalo Lusitano o rácio existente entre machos e fêmeas é de 1:3 a 1:5 enquanto que, por exemplo, para a raça Hannoveriana esse valor é de 1:45 (Hamman e Distl, 2008). Deste modo o número médio de descendentes por garanhão Lusitano ronda os 13 indivíduos, valor muito baixo. Em contra-

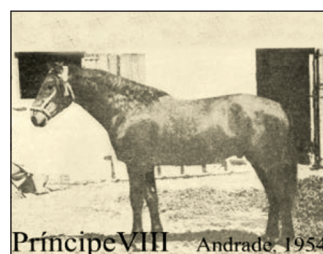


Figura 8 - Imagens de 4 dos principais ascendentes da raça Lusitana



partida, somente 56 garanhões, muito populares, são responsáveis por ~15% da produção total da raça, com uma média de 135 descendentes. Talvez seja por esta grande disseminação e desequilíbrio na utilização dos reprodutores que a consanguinidade média nesta população não tenha aumentado tanto quanto seria de esperar e se apresente em valores intermédios que, actualmente, rondam os 11%. O que já se revela mais preocupante é o aumento da taxa anual de consanguinidade (+~0.20%) o que origina um tamanho efectivo da população muito baixo ($N_e=28$), com consequentes perdas de variabilidade genética

e dificuldades acrescidas na conservação e selecção do cavalo Lusitano.

Mais importante ainda que uma análise isolada da consanguinidade na raça interessa observar a sua relação com os fundadores e ascendentes da população para melhor compreendermos as alterações ocorridas no pool genético do cavalo Lusitano ao longo dos tempos. A contribuição genética de fundadores e ascendentes para a população actual revelou-se muito afunilada e concentrada em algumas famílias de reprodutores muito famosos, apresentando a raça Lusitana números efectivos de fundadores e ascendentes mais reduzidos

que outras populações como o PRE ou Hanoveriano.

Graças a uma análise abrangente, com este estudo, podemos confirmar uma redução considerável no número de fundadores e ascendentes da raça, indicando redução da diversidade genética nesta população, com existência de estrangulamentos que conduzem à erosão genética, nem sempre perfeitamente identificada pelo estudo da evolução da consanguinidade.

De futuro metodologias específicas poderiam ser implementadas para combater a perda de variabilidade genética na raça Lusitana, pela inclusão de dados de uma análise conjunta

de parâmetros moleculares e genealógicos, na definição das estratégias de selecção, com maximização das contribuições genéticas de diferentes ascendentes e fundadores. Deverá ser ponderada a planificação de acasalamentos dirigidos, sempre muito complexos e de difícil decisão em criação cavalara.

Estudos deste tipo são importantes para fornecer mais informações aos criadores e proprietários de cavalos Lusitanos, e lhes permitam ter outro tipo de ferramentas para a selecção e melhoramento desta maravilhosa raça autóctone portuguesa. Terminada que está a caracterização demográfica da população Lusitana, no futuro, iremos abordar a temática da morfologia e respectiva avaliação genética.

Em jeito de conclusão podemos afirmar que esta raça teve um desenvolvimento, expansão e melhoramento notáveis mas existe ainda um longo e desafiante caminho a percorrer, ...por todos em conjunto! Mãos à obra! ■

AGRADECIMENTOS

Os autores agradecem à Fundação Alter Real pela cedência dos dados para este estudo, bem como à APSL por todo o apoio e colaboração no mesmo.

BIBLIOGRAFIA CONSULTADA

- Andrade, R. d' (1945). *Alredor del caballo español*. Lisboa, 867 pp.
- Barreto, A. T. (1999). *Cavalos Veiga: Tradição e actualidade*. Edições Inapa, Lisboa, 155 pp.
- Boichard, D., Maignel, L. and Verrier, É. (1997). The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. *Genetic Selection Evolution*. 29:5-23.
- Boldman, K. G., L. A. Kriese, L. D. Van Vleck e S. D. Kachman (1995). *A manual for use of MTDFREML. A set of programs to obtain estimates of variances and covariances*. United States Department of Agriculture, Agricultural Research Service.
- Carolino, N. e Gama, L. T. (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).
- Druml, T., Baumung, R. and Sölkner, J. (2009). Pedigree analysis in the Austrian Noriker draught horse: Genetic diversity and the impact of breeding for coat colour on population structure. *J. Anim. Breed. Genet.* 126: 348-356.
- Falconer, D. S. e T. F. C. Mackay. (1996). *Introduction to Quantitative Genetics*. 4th Ed. Longman Group Ltd., Essex, England, UK.
- Gama, L. T. (2002) *Melhoramento genético animal*. Escolar Editora. Lisboa. 306pp
- Hamann, H e Distl, O. (2008). Genetic variability in Hanoverian warmblood horse using pedigree analysis. *J. Ani. Sci.* 86(7):1503-1513.
- Mota, M.D.S., Almeida Prado, R.S. and Sobreiro, J. (2006). Characterization of the Mangalarga horse population in Brazil. *Archivos Zootecnia*. 55: 31-37.
- Poncet, P., Pfister, W., Muntwyler, J., Glowatzki-Mullis, M. and Gaillard, C. (2006). Analysis of pedigree and conformation data to explain genetic variability of the horse breed Franches-Montagnes. *J. Anim. Breed. Genet.* 123: 114-121.
- SAS Institute. (2004). *SAS® 9.1.2 for Microsoft Windows*. SAS International, Heidelberg, Germany.
- Teegen, R., Edel, C. and Thaller, G. (2009). Population structure of the Trakehner Horse breed. *Anim.* 3: 6-15.
- Valera, M., Molina, A., Gutiérrez, J.P., Gómez, J. e Goyache, F. (2005). Pedigree analysis in the Andalusian horse: population structure, genetic variability and influence of the Carthusian strain. *Livest. Prod. Sci.* 95: 57-66.
- Zechner, P., Sölkner, J., Bodo, I., Druml, T., Baumung, R., Achmann, R., Marti, E., Habe, F. and Brem, G. (2002). Analysis of diversity and population structure in the Lipizzan horse breed based on pedigree information. *Livest. Prod. Sci.* 77, 137-146.