

ESTRUTURA GENÉTICA DO PORCO MALHADO DE ALCOBAÇA POR MEIO DE ESTATÍSTICAS F DE WRIGHT

Vicente A.^{1,2,3,4}, Faria R.^{1,3,4,5}, Santos J.J.⁶, Bastos J.⁶ e Carolino N.^{4,7,8,9}

1. Escola Superior Agrária do Instituto Politécnico de Santarém, Santarém, Portugal
2. CERNAS – Centro Recursos Naturais Ambiente e Sociedade, Pólo de Santarém, Portugal
3. CIEQV – Centro de Investigação em Qualidade de Vida, Santarém, Portugal
4. SPREGA – Sociedade Portuguesa de Recursos Genéticos Animais, Vale de Santarém, Portugal
5. HT Equine – Unipessoal Lda, Marvão – Portugal
6. FPAS – Federação Portuguesa das Associações de Suinicultores, LGMA, Montijo, Portugal
7. CIISA – Faculdade de Medicina Veterinária – Universidade de Lisboa, Portugal
8. INIAV – Instituto Nacional Investigação Agrária e Veterinária, Santarém, Portugal
9. EUVVG – Escola Universitária Vasco da Gama, Coimbra, Portugal

INTRODUÇÃO

Portugal, pela sua localização e características geográficas, possui uma diversidade extremamente rica de condições ambientais, que inclui uma grande diversidade de Recursos Genéticos Animais (RGA). As raças autóctones portuguesas fazem parte da sua história, cultura e tradições locais. Além disso, estas raças são uma componente importante do ambiente rural, contribuindo para o equilíbrio ecológico.

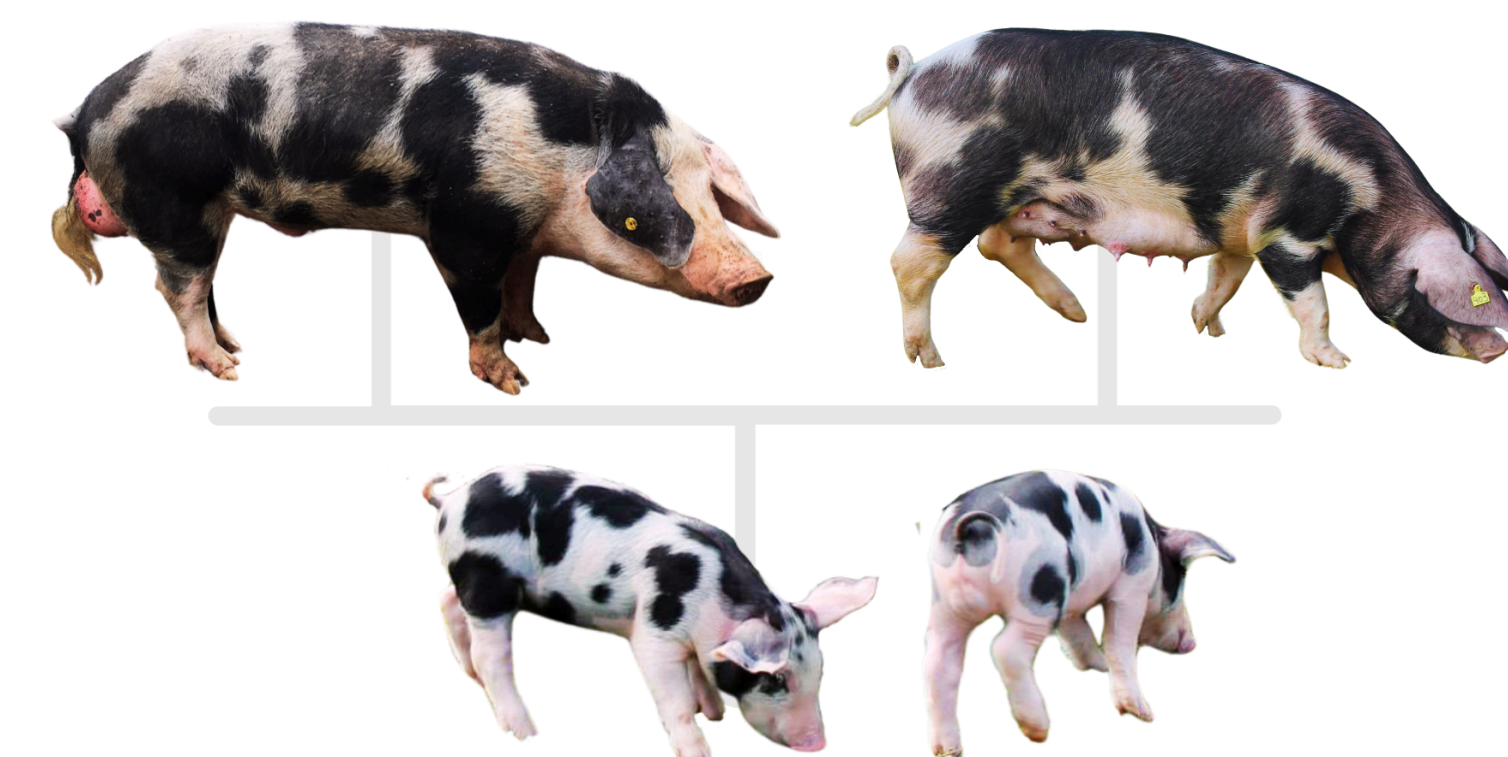


Figura 1. Macho e Fêmea da raça MA e seus leitões.

O porco Malhado de Alcobaca (MA), apresenta-se em 2024 (Figura 1 e 2), como uma das raças autóctones portuguesas em maior risco de erosão genética.

OBJETIVOS

O objetivo deste estudo foi obter informações aprofundadas sobre a estrutura genética da raça MA por intermédio da estatística F de Wright.

MATERIAL E MÉTODOS

TOTAL
18.319 ANIMAIS
NASCIDOS ENTRE 1987 E 2022

DUAS SUBPOPULAÇÕES REFERÊNCIA
SP1
10.652 ANIMAIS NASCIDOS ENTRE 2013 A 2019

SP2
5.561 ANIMAIS NASCIDOS ENTRE 2020 E 2022



Estrutura genética do MA avaliada pela estatística F de Wright

RESULTADOS

Coefficiente de consanguinidade individual em relação à população total

SP1 F_{IT} **SP2**
0,009 0,015

Indicando redução da heterozigotia dos indivíduos em relação à população total, sugerindo a prática de acasalamento consanguíneos.

Coefficiente de consanguinidade do indivíduo em relação à subpopulação

SP1 F_{IS} **SP2**
0,058 0,061

Sinalizam igualmente uma redução da heterozigotia, igualmente, devido à existência de acasalamentos entre animais aparentados nas SP.

Coefficiente consanguinidade da subpopulação em relação à pop. total

SP1 F_{ST} **SP2**
0,002 0,004

Valores de F quando < 0,05, indicam pouca diferença genética entre as subpopulações e a população total, como o presente estudo.

Índice de fixação, apresenta a variância genética que explica a estrutura da população avaliada.

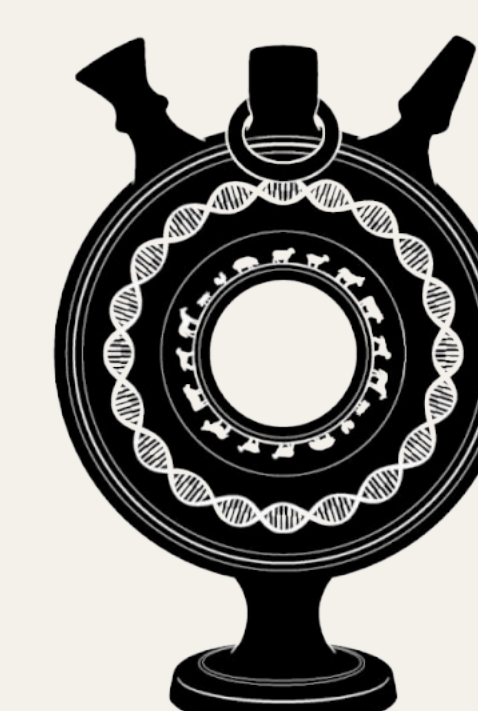


Figura 2. Fêmea da raça MA e seus leitões.

CONCLUSÃO

Os valores superiores observados na SP2 indicam uma maior preocupação e controle sobre os acasalamentos, tendo os criadores evitado animais com elevada consanguinidade.

Mesmo assim, será necessário um acompanhamento constante da raça MA, com apoio aos criadores por parte da associação e sugestão de acasalamentos dirigidos e, animais menos aparentados devem ser utilizados.





ESTRUTURA GENÉTICA DO PORCO MALHADO DE ALCOBAÇA POR MEIO DE ESTATÍSTICAS F DE WRIGHT

Vicente A.^{1,2,3,4}, Faria R.^{1,3,4,5}, Santos J.J.⁶, Bastos J.⁶ e Carolino N.^{4,7,8,9}

¹Escola Superior Agrária do Instituto Politécnico de Santarém, Santarém, Portugal

²CERNAS - Centro Recursos Naturais Ambiente e Sociedade, Pólo de Santarém, Portugal

³CIEQV - Centro de Investigação em Qualidade de Vida, Santarém, Portugal

⁴SPREGA – Sociedade Portuguesa de Recursos Genéticos Animais, Vale de Santarém, Portugal

⁵HT Equine - Unipessoal Lda, Marvão – Portugal

⁶FPAS - Federação Portuguesa das Associações de Suinicultores, LGMA, Montijo, Portugal

⁷CIISA - Faculdade de Medicina Veterinária – Universidade de Lisboa, Portugal

⁸INIAV - Instituto Nacional Investigação Agrária e Veterinária, Santarém, Portugal

⁹EUVG - Escola Universitária Vasco da Gama, Coimbra, Portugal

Palavras-chave: consanguinidade, erosão genética, Hardy Weinberg, suíno

O porco Malhado de Alcobaça (MA), apresenta-se, em 2024, como uma das raças autóctones portuguesas em maior risco de erosão genética. O objetivo deste estudo foi obter informações aprofundadas sobre a estrutura genética da raça por intermédio da estatística F de Wright.

A população total de suínos da raça MA, até 2022, continha 18.319 animais (47,6% machos), nascidos entre 1987 e 2022 e destes, foram criadas e avaliadas duas subpopulações de referência. A subpopulação de referência 1 (Sp1) com 10.652 animais (50,9% machos) nascidos de 2013 a 2019, contendo sensivelmente três gerações, e a subpopulação de referência 2 (Sp2) constituída por 5.561 animais (51,3% machos) nascidos entre 2020 e 2022, duração aproximada de uma geração.

A estrutura genética do MA foi avaliada pela estatística F de Wright e foram obtidos resultados para o coeficiente de consanguinidade individual em relação à população total (F_{IT}), com valores de 0,009 (Sp1) e 0,015 (Sp2), indicando redução da heterozigotia dos indivíduos em relação à população total, sugerindo a prática de acasalamento consanguíneos. Os valores do coeficiente de consanguinidade do indivíduo em relação à subpopulação (F_{IS}) foram de 0,058 (Sp1) e 0,061 (Sp2), e sinalizam igualmente uma redução da heterozigotia, igualmente, devido à existência de acasalamentos entre animais aparentados nas Sp1 e Sp2. Por último, avaliou-se o coeficiente de consanguinidade médio da subpopulação em relação à população total (F_{ST}), denominado também por índice de fixação, sendo o mais importante, apresentando a variância genética que explica a estrutura da população avaliada. Compreende um intervalo de 0 a 1 (como os demais), forneceu resultados de 0,002 e 0,004 para Sp1 e Sp2, respetivamente. Os valores de F_{ST} quando $< 0,05$, indicam pouca diferença genética entre as subpopulações e a população total, sendo o observado no presente estudo. Os resultados sugerem perda de variabilidade genética na raça MA, por utilização de sistemas de acasalamento consanguíneos e recurso a um reduzido número de animais reprodutores, indicando elevado desvio de uma população em equilíbrio ideal (Hardy Weinberg).

Os valores superiores observados na última geração (Sp2), indicam uma maior preocupação e controle sobre os acasalamentos, tendo os criadores evitado animais com elevada consanguinidade. Mesmo assim, não é suficiente e será necessário, um acompanhamento constante da raça MA, com apoio aos criadores por parte da associação e sugestão de acasalamentos dirigidos (animais menos aparentados), considerando que existem apenas cerca de 300 reprodutores Malhados de Alcobaça em atividade (25 machos e ~275 fêmeas).



XIV CONGRESSO IBÉRICO sobre RECURSOS GENÉTICOS ANIMAIS

VILA REAL

ESCOLA DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS
UNIVERSIDADE DE TRÁS-OS-MONTE E ALTO DOURO

12 a 14 de Setembro



2024

LIVRO DE RESUMOS

ISBN: 978-989-336718



Sociedade Portuguesa
de Recursos Genéticos
Animais
sprega.pt@gmail.com
www.sprega.com.pt

SERGA utad



LIVRO DE RESUMOS do

XIV CONGRESSO IBÉRICO sobre

RECURSOS GENÉTICOS ANIMAIS

2024

ISBN: 978-989-336718

AUTOR

Sociedade Portuguesa de Recursos Genéticos Animais – SPREGA

Ricardo Faria, António Vicente, José Pedro Araújo, Teresa Lupi Caldeira e Nuno Carolino

EDIÇÃO

Sociedade Portuguesa de Recursos Genéticos Animais – SPREGA

EDITOR

Sociedade Portuguesa de Recursos Genéticos Animais – SPREGA

COMISSÃO ORGANIZADORA

Ângela Martins (APEZ/UTAD)

António Vicente (ESAS/SPREGA)

José Pedro Araújo (ESA-IPVC/SPREGA)

Mariana Almeida (APEZ/UTAD)

Nuno Carolino (INIAV/SPREGA)

Paulo António Russo Almeida (UTAD)

Pedro Santos Vaz (APEZ)

Ricardo Faria (ESAS/SPREGA)

Telma G. Pinto (APEZ)

Teresa Lupi Caldeira (ESACB/SPREGA)