

9 - 3 | 2021

Estrutura demográfica e genética da raça bovina Alentejana

Demographic and genetic structure of Alentejana cattle breed

Estructura demográfica y genética de la raza bovina Alentejana

Francisco T. Rodrigues | António Vicente | Pedro Espadinha | Nuno Carolino

Electronic version

URL: <https://revistas.rcaap.pt/uiips/> ISSN: 2182-9608

Publisher

Revista UI_IPSantarém

Printed version

Date of publication: 31st December 2021 Number of pages: 20

ISSN: 2182-9608

Electronic reference

Rodrigues, F.T., Vicente, A., Espadinha, P. e Carolino, N. (2021). *Estrutura demográfica e genética da raça bovina Alentejana*. Revista da UI_IPSantarém. *Edição Temática: Ciências Naturais e do Ambiente*. 9(3), 13-32. <https://revistas.rcaap.pt/uiips/>

ESTRUTURA DEMOGRÁFICA E GENÉTICA DA RAÇA BOVINA ALENTEJANA

Demographic and genetic structure of Alentejana cattle breed
Estructura demográfica y genética de la raza bovina Alentejana

Francisco Tavares Rodrigues¹

¹Escola Superior Agrária - Instituto Politécnico de Santarém, 2001-904 Santarém; Portugal
francisco.tavaresrodrigues@gmail.com

António Andrade Vicente^{1,2,3}

¹Escola Superior Agrária - Instituto Politécnico de Santarém, 2001-904 Santarém; Portugal;
²Sociedade Portuguesa de Recursos Genéticos Animais SPREGA – Vale de Santarém, Portugal;
³CIISA. Faculdade de Medicina Veterinária - Universidade de Lisboa;
antonio.vicente@esa.ipsantarem.pt | ORCID 0000-0003-3869-5509 | Ciência ID 231F-EDE4-4366

Pedro Espadinha⁴

⁴Associação dos Criadores de Bovinos da Raça Alentejana ACBRA – 7450-051 Assumar, Portugal
pedroespadinha1968@gmail.com

Nuno Carolino^{2,3,5,6}

²Sociedade Portuguesa de Recursos Genéticos Animais SPREGA – Santarém, Portugal;
³CIISA. Faculdade de Medicina Veterinária - Universidade de Lisboa, Portugal
⁵Unidade Estratégica de Investigação e Serviços de Biotecnologia e Recursos Genéticos, INIAV, Pólo da Fonte Boa, Vale de Santarém; Portugal
⁶Escola Universitária Vasco da Gama, Coimbra; Portugal
nuno.carolino@iniav.pt | ORCID 0000-0001-9079-7380 | Ciência ID 5D15-EB0D-1C9B

RESUMO

A caracterização demográfica permite ajudar a combater a erosão genética animal, permitindo a utilização, de forma sustentável, dos recursos genéticos, delineando estratégias de conservação/melhoramento. Estimaram-se vários indicadores demográficos de diversidade genética para a raça Alentejana, obtidos por análise de genealogias, baseado no Livro Genealógico (LG), desde 1990. Atualmente o LG inclui 21746 fêmeas reprodutoras e 211 touros, representando uma das raças autóctones bovinas com maior efetivo. O intervalo de gerações foi de 6,01 anos, a taxa de consanguinidade/ano, entre 1990-2020, foi de 0,139% e o tamanho efetivo da população de 59,90. Desde 2007 os níveis de consanguinidade têm aumentado, podendo dever-se, em parte, a acasalamentos entre animais aparentados e existir um número reduzido de machos com muitos descendentes. As estimativas para o número efetivo de fundadores (f_e) foi de 84,94, no entanto, apenas 34 animais fundadores explicam mais de 50% da variabilidade genética. O rácio entre o f_e

e o número efetivo de ascendentes (f_a) indica uma tendência para o afinamento da raça, desde 2000. A situação da raça Alentejana não é muito preocupante, mas os resultados obtidos sugerem a necessidade de um programa de gestão eficaz garantindo a manutenção da variabilidade genética existente.

Palavras-chave: ascendentes, consanguinidade, diversidade genética, fundadores, *pedigree*.

ABSTRACT

Demographic characterisation allows preventing the erosion of animal genetic diversity and using, in a sustainable way, the genetic resources, outlining conservation/improvement strategies. This work was based on demographic indicators of genetic diversity of the Alentejana cattle breed, evaluated by pedigree analysis, analysing factors affecting genetic erosion, based on the Herdbook (LG), since 1990. Currently the LG includes 21746 breeding females and 211 bulls, representing one of the Portuguese indigenous cattle breeds with the largest herd. The average generation interval was 6,01 years, the inbreeding rate/year, between 1990-2020, was 0,139%, and the effective population size was 59,90. Since 2007 inbreeding levels have increased. This may be due to mating between related animals and because of a small number of sires having large offspring. The estimate for the effective number of founders (f_e) was 84,94, however, only 34 founders explain more than 50% of the genetic variability. Since 2000, the ratio between f_e and the effective number of ancestors (f_a) indicates a trend towards a bottleneck in the breed.

The situation of the Alentejana breed is not very concerning, but the results suggest the implementation of an effective management programme, ensuring the maintenance of the existing genetic variability.

Keywords: ancestors, founders, genetic diversity, inbreeding, pedigree.

1 INTRODUÇÃO

A raça bovina Alentejana é uma das raças bovinas autóctones portuguesas, que tem o maior número de animais, com cerca de 21750 fêmeas reprodutoras, embora apenas 7846 fêmeas sejam utilizadas em acasalamentos em linha pura, sendo as restantes utilizadas em cruzamento com machos de raças exóticas. A partir da segunda metade do século XX, a raça bovina Alentejana sofreu uma redução bastante significativa devido a alterações no panorama de produção, relacionadas com a tendência para a perda de rendimento na atividade pecuária e com a introdução de inúmeras raças exóticas, muito mais produtivas, mas também mais exigentes em condições de produção. Os animais desta raça apresentam “pelagem vermelha, podendo ir do retinto ao trigueiro, sendo os pelos todos da mesma cor” (Ralo, 1987) e são explorados em várias regiões de Portugal em cerca de 235 explorações agrícolas, pertencentes a 135 criadores aderentes ao Livro Genealógico da Raça Bovina Alentejana (LGRBA), principalmente na região do Alentejo (ACBRA, 2021).

A correta gestão da diversidade genética de uma raça é determinante para a sua utilização sustentável, bem como no delineamento de programas de conservação ou de melhoramento por seleção. É essencial conhecer a evolução da população ao longo do tempo e da sua variabilidade genética. Há ainda que ter em atenção, alguns aspetos importantes relacionados com a estrutura da própria população, tais como as variações no efetivo reprodutor, a evolução da consanguinidade ou o nível de utilização de alguns reprodutores que poderão condicionar as estratégias de seleção ou de conservação em curso.

A estrutura e a dinâmica de uma população podem ser descritas através da análise demográfica, considerando um grupo de indivíduos em permanente alteração e o seu pool genético (Gutiérrez *et al.*, 2003; Carolino, 2006). As análises de genealogias ou *pedigree* revelam-se fundamentais para a caracterização da diversidade genética das populações. Esta diversidade é um passo primordial para o estabelecimento de um programa de seleção ou para a realização de ações de conservação

(Fabbri, 2019). Contribui também substancialmente para a investigação genética na reprodução animal e na conservação, resultando em muitas aplicações.

Este trabalho teve como objetivo estudar a estrutura demográfica e genética da raça bovina Alentejana através da estimativa de diversos indicadores da variabilidade genética, por análise genealógica, a fim de disponibilizar informação que permita apoiar estratégias de seleção e conservação, minimizando a erosão genética.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Dados e parâmetros a estudar

Este estudo foi desenvolvido na Unidade Estratégica de Investigação e Serviços de Biotecnologia e Recursos Genéticos - Polo de Investigação da Fonte Boa, do Instituto Nacional de Investigação Agrária e Veterinária, IP (INIAV) a partir de todos os dados disponíveis no Livro Genealógico da Raça Bovina Alentejana (LGRBA) relativo a animais e explorações e recolhidos pela Associação de Criadores dos Bovinos de Raça Alentejana (ACBRA) até 2020.

Foram utilizados registos de nascimento e genealogias de 234979 indivíduos, inscritos no LGRBA (123458 fêmeas e 111521 machos). Adicionalmente, foram ainda utilizados 173861 registos de nascimentos de animais cruzados, filhos de fêmeas Alentejanas inscritas no Livro de Adultos. Os registos disponíveis foram usados para estimar diversos indicadores populacionais e de variabilidade genética tais como o intervalo de gerações (L); o grau de preenchimento das genealogias; o número de gerações conhecidas (n_i); a consanguinidade individual (F_i); o grau de parentesco (a_{ij}); o acréscimo da consanguinidade por ano ($\Delta F/\text{ano}$) e por geração ($\Delta F/\text{geração}$); o tamanho efetivo da população (N_e); as contribuições genéticas de fundadores (q_k) e ascendentes (p_k); o número efetivo de fundadores (f_e); o número efetivo de ascendentes (f_a) e o índice de conservação genética (GCI), cujas metodologias de cálculo se apresentam mais à frente.

Os registos utilizados, disponíveis na base de dados da ACBRA, encontram-se informatizados na plataforma Genpro online (Ruralbit), desenvolvida especificamente para a Gestão de Livros Genealógicos e que permite exportar dados em diversos tipos de formato, de modo a serem submetidos a diferentes tipos de análises.

Neste trabalho os dados foram convertidos em ficheiros Excel (.xlsx) e, posteriormente, editados em ficheiros DBASE de forma a serem submetidos a análise pelos procedimentos desenvolvidos por Carolino e Gama (2002) para este efeito, bem como pelo programa Endog (Gutierrez e Goyache, 2010). Foi necessário efetuar a validação dos dados de forma a evitar possíveis erros de digitação que poderiam originar resultados enviesados.

Vários parâmetros demográficos foram calculados para diferentes intervalos de tempo, o que permitiu uma melhor descrição da evolução da raça bovina Alentejana ao longo do tempo e, desta forma, avaliar a sua situação do passado até à atualidade.

2.2 Metodologia de Análise

Para avaliar o grau de preenchimento do *pedigree* recorreu-se ao número de gerações conhecidas por animal (n_i), calculado pela seguinte expressão:

$$n_i = \frac{n_s + 1}{2} + \frac{n_d + 1}{2}$$

Assumindo que, n_s e n_d representam o número de gerações conhecidas do pai e da mãe. Se o pai ou a mãe de um indivíduo forem desconhecidos, n_s ou n_d serão iguais a -1. Nos primeiros cálculos de gerações conhecidas, não são conhecidos os progenitores dos fundadores e deste modo $n_i=0$, e sequencialmente são calculados os valores para os indivíduos cujos pais já têm os respetivos n_i

determinados, de modo a que, quando se estiver a calcular o n_i de um animal, já estejam calculados os seus n_s e n_d .

O grau de parentesco entre indivíduos (a_{ij}) e o coeficiente de consanguinidade individual (F_i) foram estimados pelo método tabular, considerando que:

$$a_{ij} = \frac{1}{2} (a_{i, \text{Pai de } j} + a_{i, \text{Mãe de } j})$$

$$a_{ij} = a_{ji}$$

$$a_{ii} = 1 + F_i$$

$$F_i = \frac{1}{2} a_{(\text{Pai de } i, \text{Mãe de } i)}$$

Segundo Wright (1923), a consanguinidade individual (F_i), indica a probabilidade de dois alelos, no mesmo *locus*, serem iguais por descendência, 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 obtido por regressão dos valores dos coeficientes de consanguinidade individuais (F_i) no ano de nascimento, utilizando-se para o efeito o programa SAS (SAS Institute, 2019), segundo o seguinte modelo linear:

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

Onde 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 do $\Delta F/\text{ano}$, determinou-se o acréscimo da consanguinidade por geração ($\Delta F/\text{geração} = \Delta F/\text{ano} \cdot L$), em que L representa o intervalo médio de gerações, e corresponde à idade média dos pais à nascença dos filhos que os vão substituir. Este parâmetro é determinado a partir do intervalo de gerações pelas quatro vias de seleção possíveis, de Pais de Touros (L_{PT}), Pais de Vacas (L_{PV}), Mães de Touros (L_{MT}) e Mães de Vacas (L_{MV}), do seguinte modo:

$$L = \frac{L_{PT} + L_{PV} + L_{MT} + L_{MV}}{4}$$

O tamanho efetivo da população (N_e), segundo Cervantes *et al.* (2008) pode ser calculado a partir de ΔF_i , que por sua vez, pode ser facilmente calculado através da média ΔF_i dos n indivíduos incluídos numa determinada subpopulação. Para Falconer e Mackay (1996), o N_e pode ser definido, como o número de indivíduos de uma população com uma estrutura não ideal, a qual daria origem a uma determinada taxa de consanguinidade se a sua estrutura fosse ideal (grandes dimensões, ausência de seleção, acasalamento aleatório, igual número de machos e fêmeas, etc.). É calculado através da seguinte expressão:

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

Os números efetivos de fundadores (f_e) e de ascendentes (f_a), contribuições genéticas de fundadores (q_k) e de ascendentes (p_k) foram determinados segundo as metodologias descritas por James (1972) e Boichard *et al.* (1997) através de aplicações desenvolvidas em Clipper Summer 87 (Carolino e Gama, 2002). Estas metodologias baseiam-se 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. Seguindo o mesmo raciocínio, um animal tem 25% de probabilidade de receber um alelo de cada um dos avós e 12,5% de cada um dos bisavós. Aplicando esta regra ao *pedigree* de qualquer animal, poderá calcular-se a probabilidade da contribuição de origem dos seus genes a partir dos fundadores existentes na sua ascendência (animais com pai e mãe desconhecidos) ou, de outro modo, a contribuição genética de um fundador k (q_k) para determinado indivíduo ou conjunto de indivíduos. Calculadas desta forma, as contribuições acumuladas dos diferentes fundadores somam a unidade, sendo que:

$$\sum_{k=1}^f q_k = 1$$

Segundo Boichard *et al.* (1997), o somatório das contribuições de todos os fundadores justifica o patrimônio genético total da população em estudo, pelo que deverá ser igual a 1. De igual modo, se cada fundador tiver a mesma contribuição para a população ($1/f$), o número efetivo de fundadores é idêntico ao número real de fundadores ($f_e=f$).

O número efetivo 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 e é calculado através da seguinte expressão:

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

Em que, q_k corresponde à contribuição proporcional de cada fundador k , para a população em estudo, considerando como fundador um animal com ascendência direta desconhecida, ou um progenitor desconhecido em que apenas se conhece um dos seus ascendentes.

À semelhança do princípio utilizado para a contribuição dos fundadores pode-se determinar a contribuição marginal de cada ascendente para determinada população. Contudo, para se determinar a contribuição marginal de um ascendente para a população, para além de se calcular a contribuição de cada indivíduo, do mais novo para o mais velho, também se processam os mesmos cálculos no sentido inverso (do indivíduo mais velho para o mais novo), de modo a ser possível deduzir à contribuição genética de um determinado indivíduo as contribuições dos seus ascendentes que já estejam contabilizadas (Carolino, 2006).

Contudo, atendendo a que alguns dos ascendentes podem não ser fundadores e podem ser aparentados entre si, para que não ocorra redundância de informação (o somatório das contribuições individuais q_k tem que ser maior que 1), o conceito de contribuição marginal p_k de um ascendente é fundamental porque tem em conta a contribuição ainda não explicada por outros ascendentes já calculados. Desta forma, esta metodologia pressupõe que seja calculada a contribuição de um indivíduo, depois de deduzida a contribuição dos seus ascendentes que já foram contabilizados e que o somatório das contribuições marginais dos ascendentes seja igual a 1.

O número efetivo de ascendentes (f_a) representa o número de ascendentes (fundadores ou não) que explicam a totalidade da variabilidade genética da população em estudo, onde todos os ascendentes têm igual contribuição, e é determinado através da seguinte expressão:

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

No entanto, 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.

A análise demográfica das populações, tendo em conta o conceito de contribuição genética para a população ou proporção da variabilidade genética da população explicada por explorações, fundadores e ascendentes, é de extrema importância uma vez que permite avaliar se existem desequilíbrios na origem da população em estudo, detetando assim possíveis afunilamentos nas contribuições genéticas.

Através do programa ENDOG (Gutierrez e Goyache, 2005), obteve-se o parentesco médio (AR) entre cada indivíduo e a população e o Índice de conservação genética (GCI). Segundo Alderson e Bodó (1992), o Índice de conservação genética (GCI) representa a proporção de genes dos diferentes fundadores no *pedigree* de cada animal, sendo calculado a partir da contribuição genética

de cada um dos fundadores para todos os indivíduos, da população de acordo com a seguinte expressão:

$$GCI = \frac{1}{\sum p_i^2}$$

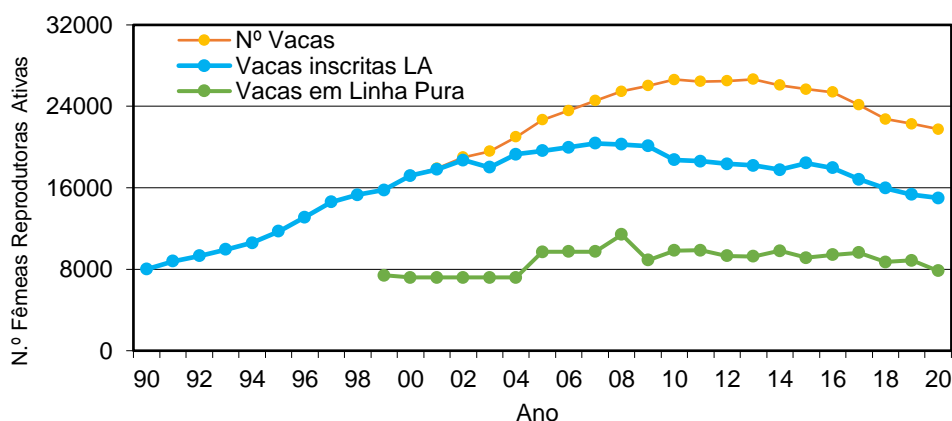
Em que p_i representa a proporção de genes do fundador i em cada indivíduo da população.

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A evolução anual do número de vacas registadas (todas as fêmeas reprodutoras, fêmeas inscritas no LA e fêmeas reprodutoras utilizadas em linha pura), para o período de 1990 a 2020, está apresentada na Figura 1. Globalmente o número total de fêmeas aumentou até ao ano de 2010, ano em que foram registadas cerca de 26600 vacas. Desde então o número de fêmeas reprodutoras tem vindo a diminuir, em média cerca de 490 vacas por ano. No ano de 2020, existiam aproximadamente 21750 vacas registadas, cerca de 15000 estavam inscritas no Livro de Adultos (LA) e somente cerca de 7850 eram utilizadas em acasalamentos em linha pura.

Figura 1

Número de fêmeas reprodutoras ativas por ano (Nº total de vacas; Nº vacas inscritas no Livro de Adultos - LA); Nº vacas em linha pura.



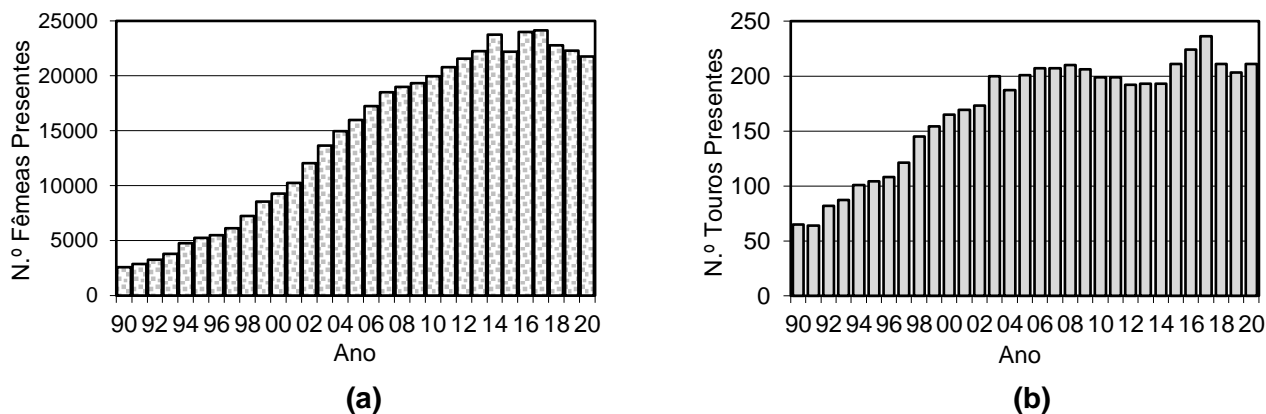
A raça Alentejana, em termos numéricos, é das principais raças bovinas autóctones exploradas em Portugal, conjuntamente com a raça Mertolenga, com aproximadamente 27000 fêmeas reprodutoras (Carolino *et al.*, 2020a). De acordo com a “Avaliação do estatuto de risco de extinção das Raças Autóctones Portuguesas” (Carolino *et al.*, 2013), foi classificada como uma raça em risco de extinção/Grau C (menor grau de ameaça), de acordo com a Portaria 55/2015 de 27 de fevereiro, na aplicação dos apoios 7.8.1 «Manutenção de raças autóctones em risco» e a Portaria 268/2015 de 1 de setembro, ação 7.8.3, «Conservação e melhoramento de recursos genéticos animais» do Programa de Desenvolvimento Rural do Continente (PDR2020).

Na Figura 2a pode constatar-se que o número total de fêmeas reprodutoras ativas aumentou consideravelmente até ao ano de 2014, entre 2015 e 2017 apresentou uma ligeira oscilação, variando, respetivamente, entre as 22205 e as 24150 fêmeas, mas diminuiu desde então. O número de vacas presentes tem vindo a diminuir desde 2017, em média aproximadamente menos 800 vacas por ano. Quando observamos os dados relativos ao número de touros reprodutores ativos (Figura 2b), constatamos que em 2017 foi atingido um máximo de 236 machos e, posteriormente, uma diminuição para valores que oscilam entre 211 e 203 touros. Imediatamente após ser atingido o máximo, em 2018 existiam 211 touros ativos e em 2019 este número diminuiu para 203, voltando a aumentar para 211 machos presentes no ano de 2020. Ao compararmos a Figura 2b (número de

touros reprodutores ativos por ano) com a Figura 2a (número de fêmeas reprodutoras ativas por ano) constatamos que os valores referentes aos animais reprodutores presentes por ano seguem a mesma tendência de declínio desde 2017.

Figura 2

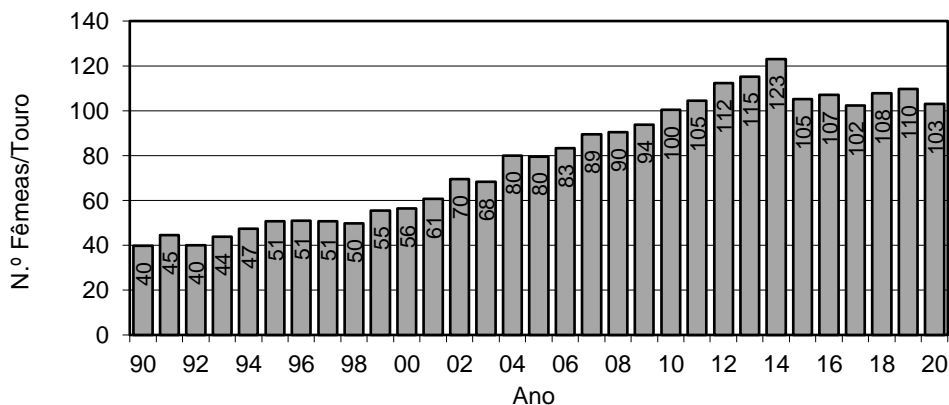
Número de reprodutores ativos por ano: (a) fêmeas ativas, (b) machos ativos.



Através da informação disponibilizada pela Figura 2, foi possível calcular a relação entre o n.º de fêmeas/macho ao longo dos anos, como demonstra a Figura 3.

Figura 3

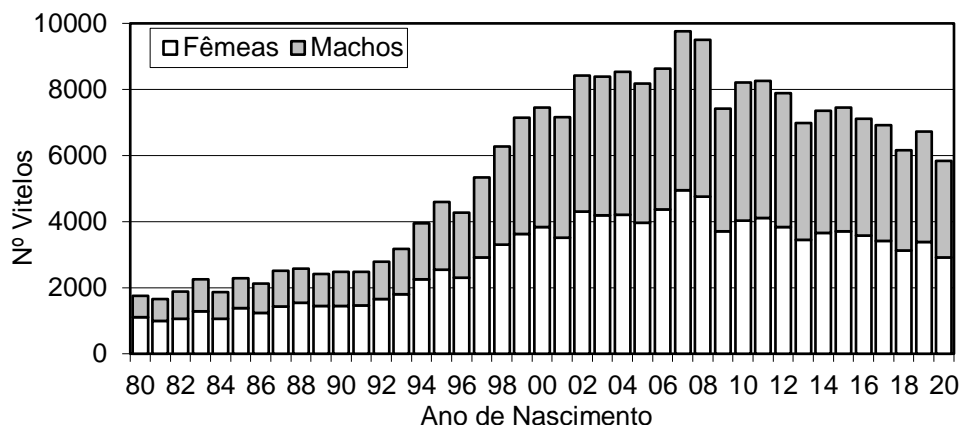
Número de fêmeas reprodutoras por touro ao longo dos anos.



Na Figura 3 verifica-se que, desde a década de 90 e até ao ano de 2014, o número de fêmeas reprodutoras por macho foi aumentando. Apesar dos valores referentes ao número de machos seguir a mesma tendência dos valores referentes ao número de fêmeas reprodutoras, estas tiveram um aumento mais rápido que o número de machos, o que contribuiu para valores que rondaram o número médio de 50 vacas por touro entre 1990 e 2002. No período entre 2003 e 2014, mantendo-se o número de machos relativamente constante (Figura 2b), verificou-se o aumento do número de fêmeas, resultando numa média de 92 vacas por touro, possivelmente devido ao aumento da sua utilização em cruzamento com raças exóticas de aptidão creatopoiética. Em 2014 registou-se um pico de 123 fêmeas por touro. Esta discrepância deveu-se ao elevado número de fêmeas reprodutoras (23732 vacas) em relação do número diminuto de touros reprodutores (193 touros). Em 2020 registou-se um decréscimo da relação número de fêmeas por macho face aos anos anteriores, existindo cerca de 103 fêmeas por touro. Estes valores estão relacionados com o facto de apenas uma parte das fêmeas ser mantida em linha pura.

Figura 4

Número de animais puros nascidos por ano e por sexo.



A partir da Figura 4 observa-se que desde 1990 acentuou-se o aumento dos nascimentos de animais de raça Alentejana. Este aumento pode dever-se ao facto de no ano de 1992 terem entrado em vigor em Portugal as "Medidas Agro-Ambientais", que constavam num apoio financeiro aos criadores que mantivessem as fêmeas em linha pura, durante um período de 5 anos. Em 2007 registou-se um pico nos nascimentos, observando-se cerca de 9770 animais inscritos no Livro de Nascimentos. Desde então tem-se assistido a uma tendência de diminuição do número de nascimentos de vitelos puros, verificando-se no período entre 2012 e 2020 menos de 8000 animais registados por ano.

Pela observação da Figura 5 pode-se constatar que ao longo dos últimos anos, tem-se verificado um aumento de explorações com maior número de animais nascidos por ano (entre os 51 e 200 nascimentos), o que nos últimos 10 anos corresponde a 57,7% dos animais nascidos.

Para a década 2000-2009 (Figura 5a), as explorações que inscreveram entre 51 a 100 animais no Livro de Nascimentos (LN) representaram 33% dos nascimentos, enquanto que para o período seguinte (2010-2020) (Figura 5b), esta proporção apresentava valores ligeiramente mais baixos, equivalendo a 29%.

Feita a comparação entre as décadas de 2000-2009 e a de 2010-2020 pode constatar-se que a percentagem de animais nascidos em explorações com mais de 200 nascimentos por ano e por exploração teve um acréscimo de 2% de 2000-2009 (4%) para 2010-2020 (6%). Estas explorações com mais de 200 nascimentos por ano representaram cerca de 33% do total de nascimentos registados entre 2010 e 2020. O número de explorações que registaram menos de 50 nascimentos/ano manteve-se constante nos últimos anos, representando 40% do total das explorações, e que são responsáveis por cerca de 9,5% do total de nascimentos.

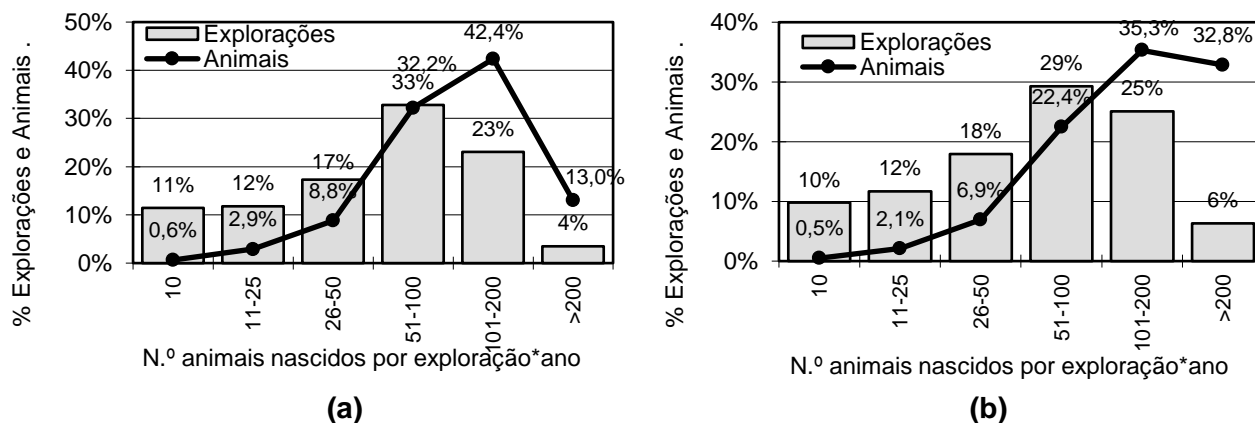
Verifica-se ainda que no período de 2010-2020 (Figura 5b), as explorações onde ocorreram até 10 nascimentos perderam expressão no panorama geral, representando apenas 0,5% do total de nascimentos.

Assim sendo, pode-se afirmar que nos últimos 10 anos existiu uma tendência de aumento da dimensão das explorações, comprovada por um aumento dos nascimentos nas explorações com mais de 100 nascimentos por ano, representando 68,1% do total de registos.

Como já foi referido, a raça bovina Alentejana é utilizada maioritariamente na região do Alentejo, onde se encontra cerca de 68% do efetivo aleitante (INE, 2021) e onde predomina o regime de produção extensivo em explorações de maiores dimensões.

Figura 5

Número de explorações e animais nascidos segundo a dimensão da exploração: (a) Animais nascidos entre 2000 e 2009, (b) Animais nascidos entre 2010 e 2020.

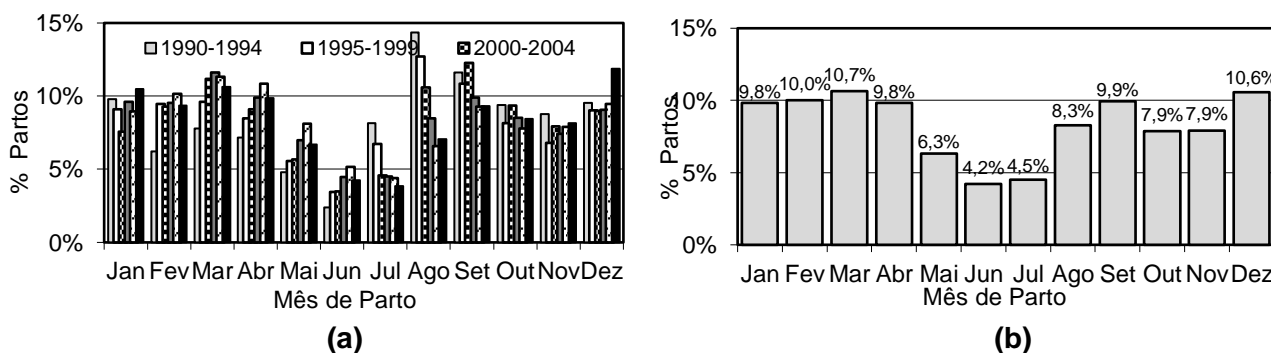


No que diz respeito à distribuição dos partos ao longo do ano, durante a década de 90 (Figura 6a) uma grande proporção de partos era registada em agosto, representando cerca de 13,5% do total de partos. Na última década estudada (2010-2020), representada na Figura 6b, pode-se afirmar que a distribuição mensal dos partos não revela grandes oscilações entre os meses. No entanto, denota-se uma ligeira acumulação de partos entre os meses de dezembro e abril e uma redução substancial de partos entre os meses de maio e julho. Esta distribuição dos partos ao longo do ano é similar à de outras raças nacionais de bovinos de carne, tanto exploradas noutras regiões do País, como é o caso das raças Marinhoa (Carolino e Guicho, 2016) e Cachena (Carolino *et al.*, 2020b), ou numa região semelhante, como é o caso da raça Mertolenga (Carolino *et al.*, 2020a), onde se observam distribuições uniformes dos partos ao longo do ano.

A distribuição relativamente homogénea dos partos ao longo do ano está relacionada com diversos fatores, mas sobretudo com a decisão do criador em manter o(s) touros(s) na vacada durante todo o ano. Em muitas situações é uma opção que resulta do maneio utilizado na exploração e/ou de uma opção comercial, visto que, os bovinos da raça Alentejana podem ser comercializados como produto DOP, através da “CarnAlentejana”, sendo fundamental que existam animais ao longo de todo o ano em condições de obter esta certificação de qualidade, em vez de uma produção sazonal, que seria penalizadora para o normal funcionamento do Agrupamento de Produtores.

Figura 6

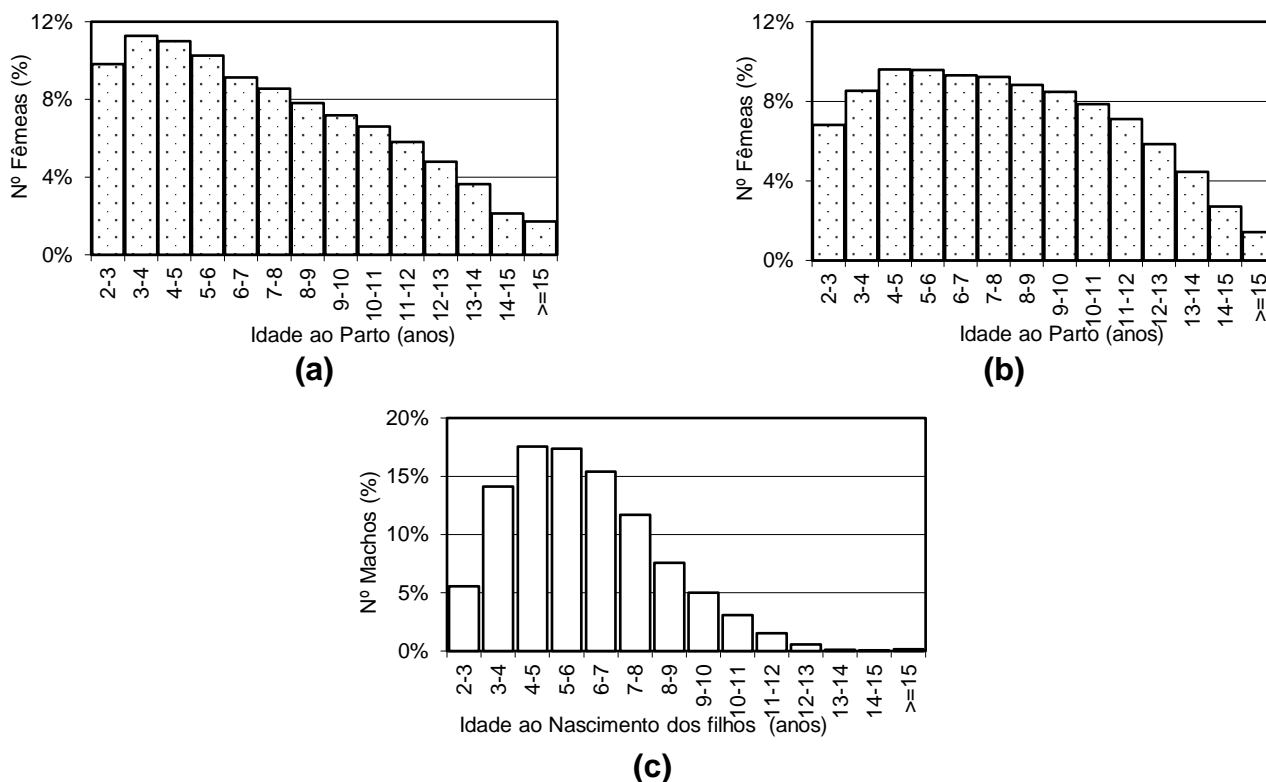
Distribuição mensal dos partos por período: (a) Animais puros e cruzados, (b) Distribuição mensal dos partos puros (entre 2010 e 2020)



Na Figura 7 é apresentada a distribuição da idade dos progenitores ao nascimento dos filhos. Em média, cerca de 22% das fêmeas utilizadas em linha pura (correspondente a 17589 vacas num universo de 78892) são mães entre os 3 e os 5 anos de idade e 14,5% mantêm-se em produção para além dos 12 anos de idade (Figura 7a), assemelhando-se a outras raças de carne, embora com valores ligeiramente mais baixos, como acontece com a raça Cachena (Carolino *et al.*, 2020b), e sendo ligeiramente inferior à raça Preta (Carolino *et al.*, 2017). Quanto à distribuição da idade das fêmeas ao parto (partos puros e partos cruzados), constata-se que é muito semelhante - entre os 3 e os 10 anos -, representando cerca de 63,5% das fêmeas utilizadas (Figura 7b).

Figura 7

Distribuição da idade dos progenitores ao nascimento dos filhos entre 2010 e 2020: (a) Idade das fêmeas - partos puros, (b) idade das fêmeas - partos puros e partos cruzados, (c) idade dos touros.

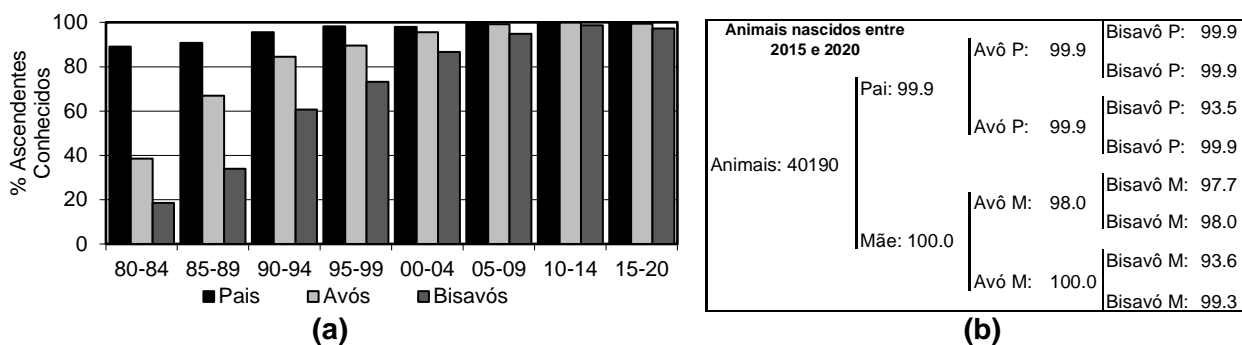


Na Figura 7c apresenta-se a distribuição da idade dos touros ao nascimento dos filhos e observa-se que, no período 2010-2020, 64,4% dos machos reprodutores foram pais entre os 3 e os 7 anos. No entanto, é notório que apenas 5,5% dos touros foram utilizados após os 10 anos de idade. Isso deve-se sobretudo ao facto de a prática da inseminação artificial ainda ser muito pouco utilizada na raça Alentejana, tal como acontece com a raça Mertolenga (Carolino *et al.*, 2020a), assim como na raça Cachena (Carolino *et al.*, 2020b). Por outro lado, se os touros são utilizados menos anos, comparativamente às fêmeas, isto é favorável à redução do intervalo de gerações e, assim, ao incremento da resposta anual à seleção.

A análise da informação genealógica revela-se muito útil para as diversas atividades de seleção, tendo em consideração a minimização da consanguinidade. Como se pode observar na Figura 8a, o nível do preenchimento das genealogias aumentou consideravelmente ao longo dos últimos anos. Nota-se claramente que a informação sobre as genealogias evoluiu ao longo dos anos desde o início do livro genealógico e que para animais nascidos entre 2015 e 2020 mais de 95% dos avós e bisavós são conhecidos (Figura 8b).

Figura 8

Evolução da percentagem de progenitores conhecidos.

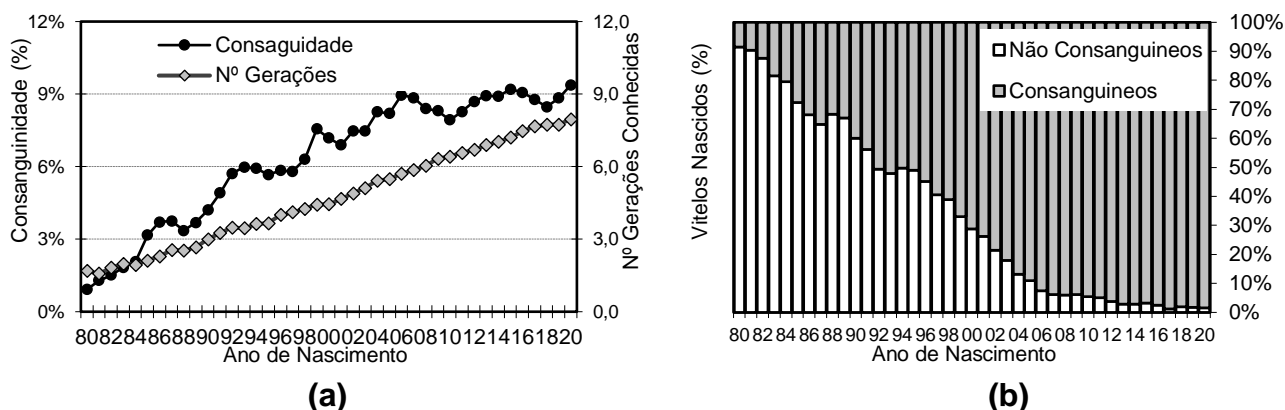


Na Figura 9a observa-se ainda a evolução da consanguinidade e do número de gerações conhecidas, constatando-se que, no período 1980-2020, a consanguinidade aumentou a um ritmo mais ou menos constante de 0,2%/ano. No entanto, quando comparado com raças exóticas, como as raças francesas Limousine ou Charolesa, nota-se que nestas a consanguinidade média anual também aumenta, apesar do ritmo ser consideravelmente inferior (0,04%/ano) (Bouquet *et al.*, 2011). Já nas raças espanholas, como a Avileña–Negra Ibérica, a Morucha e a Retinta, a consanguinidade média anual aumenta a um ritmo ainda mais lento de 0,01%/ano (Cañas-Álvarez *et al.*, 2014). O aumento do conhecimento da informação genealógica na raça bovina Alentejana tem sido constante desde que foi implementado o LGRBA, particularmente desde que a sua gestão passou a ser da responsabilidade da ACBRA. Animais nascidos em 2020 têm, em média, mais de 8 gerações conhecidas. O número médio de gerações conhecidas na raça Alentejana é muito satisfatório quando comparado com o reduzido conhecimento de outras raças autóctones como a raça Preta (Carolino *et al.*, 2017), a raça Arouquesa (Carolino *et al.*, 2018) ou a raça Cachena (Carolino *et al.*, 2020b), que revelam, em média, apenas 3 gerações conhecidas. No caso de algumas raças exóticas espanholas, como a raça Avileña–Negra Ibérica, notou-se que se conhecem 6 gerações de 79,3% dos animais, para a Morucha apenas 53,6% possui mais de 6 gerações conhecidas e no caso da raça Retinta, conhecem-se mais de 6 gerações em 80% dos animais da população (Cañas-Álvarez *et al.*, 2014)

Na Figura 9b está representada a evolução da percentagem de animais nascidos consanguíneos e pode-se verificar que tem aumentado ao longo dos anos, em parte, devido ao conhecimento cada vez mais aprofundado das genealogias dos animais (cerca de 4 gerações conhecidas em animais nascidos até 2000, para aproximadamente 8 em animais nascidos nos últimos anos) de que resulta uma estimativa mais precisa do grau de parentesco real entre reprodutores. No período entre 1980 e 2020, cerca de 78,3% dos animais nascidos tinham ascendentes aparentados. Desde 1996, mais de 50% dos animais que nasceram são consanguíneos, atingindo o valor mais elevado (99%) em 2017.

Figura 9

(a) Evolução da consanguinidade e do número de gerações conhecidas, (b) evolução da percentagem de animais nascidos consanguíneos.



Para determinar os intervalos de gerações (L) pelas 4 vias de seleção utilizaram-se os registos de nascimentos entre 1990 e 2020. Calcularam-se os intervalos de gerações de “pais de touros”, “mães de touros”, “pais de vacas” e “mães de vacas” de que resultou um intervalo de gerações médio de 6,01 anos (Tabela 1). Verificou-se ainda que o intervalo de gerações pelas vias maternas (cerca de 6,5 anos) foi mais elevado que pelas vias paternas (cerca de 5,4 anos). Os valores apresentados estão de acordo com a elevada longevidade da raça Alentejana já evidenciada na Figura 7 e a utilização de reprodutores por um longo intervalo de tempo, embora mais evidente nas fêmeas que nos machos.

Tabela 1

Intervalos de gerações (L) (anos) para as 4 vias de seleção (referente ao período entre 1990-2020)

L	Pais	Mães
Todos os animais	5,46	6,44
Touros	5,32	6,83
Vacas	5,46	6,43

} L médio = 6,01 anos

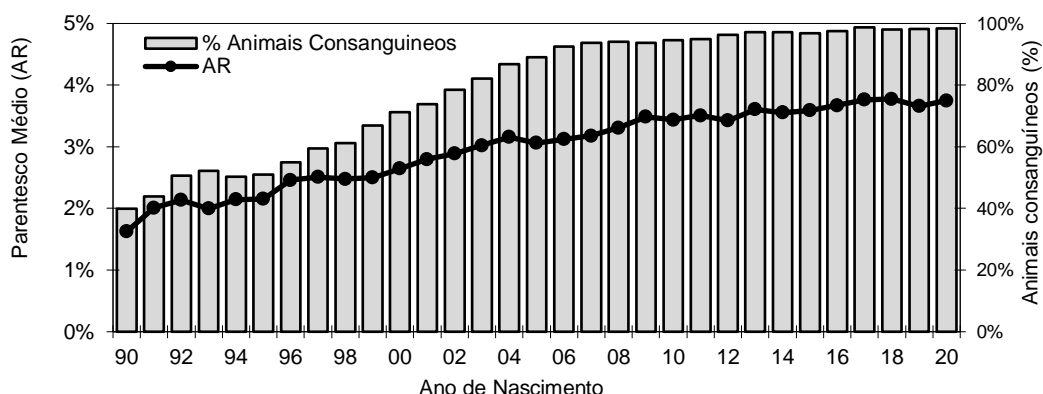
O valor do intervalo de gerações (L) estimado neste estudo para o período 1990- 2020 (6,01 anos) é próximo do valor estimado nas várias raças autóctones, como a raça Marinhoa (6,42 anos, Carolino e Guicho, 2016), a raça Preta (6,9 anos, Carolino *et al.*, 2017), a raça Cachena (6,8 anos, Carolino *et al.*, 2020b) ou a raça Mertolenga (6,61 anos, Carolino *et al.*, 2020a). Quando comparado com os valores de L de raças francesas, como a Aubrac, Gasconne e Salers com valores de L entre 3,0 e 4,5 anos (Renand e Havy, 2000) e com diversas raças espanholas (Alistana, Asturiana de la Montaña, Asturiana de los Valles, Avileña-Negra Ibérica, Bruna dels Pirineus, Morucha, Pirenaica e Sayaguesa) com valores de L estimados entre os 3,7 e 5,5 anos (Gutiérrez *et al.*, 2000) notou-se que a raça Alentejana apresentou um intervalo de gerações muito elevado – 6,01 anos.

Na Figura 10 apresenta-se a evolução do parentesco médio (AR) e a evolução da percentagem de animais consanguíneos. O parentesco médio (AR) define-se como a probabilidade de um alelo aleatoriamente escolhido na população total do *pedigree* pertencer a um determinado indivíduo (Gutiérrez e Goyache, 2005), ou seja, corresponde ao grau de parentesco médio entre cada animal e todos os indivíduos da população e, segundo Goyache *et al.* (2003), é determinado pelo dobro da probabilidade de, num determinado *locus*, um alelo retirado aleatoriamente de um indivíduo e um

alelo retirado aleatoriamente em cada indivíduo da população, serem idênticos por descendência. Pode ser calculado como a média dos coeficientes de parentesco na linha correspondente ao indivíduo na matriz de parentesco de toda a população.

Figura 10

Evolução do parentesco médio (AR) e da percentagem de animais consanguíneos.



Pode ainda observar-se através da Figura 10, que o coeficiente médio de parentesco (AR) e a percentagem de animais nascidos consanguíneos tem vindo a aumentar, de uma forma mais evidente a partir de 1998. No período 2005-2020, o parentesco médio entre animais, considerando toda a raça aumentou de cerca de 3,0% para 3,8% e a percentagem de animais nascidos consanguíneos de 89% para 99%, o que evidencia um claro aumento de emparelhamentos de reprodutores aparentados.

A Tabela 2 demonstra que a estimativa da taxa de consanguinidade anual ($\Delta F/\text{ano}$) e por geração ($\Delta F/\text{geração}$) é influenciada pelo conjunto de animais utilizado neste cálculo. Considerando os diferentes períodos, entre 1980-2020 e 1990-2020, nota-se que o acréscimo da consanguinidade por geração foi 1,10% e de 0,83%, respetivamente, e no período 2000-2020 este acréscimo rondava os 0,52% por geração, ou seja, atendendo que, até 1980 apenas se conheciam, em média, menos de 2 gerações por animal nascido, até 1990 menos de 3 gerações, a partir de 2000 mais de 4,5 gerações e nos últimos anos aproximadamente 8 gerações (Figura 9a), este diferencial, em termos de nível de preenchimento das genealogias, vai influenciar a estimativa dos coeficientes de consanguinidade de animais nascidos em diferentes períodos, o que, por sua vez, vai influenciar a estimativa do $\Delta F/\text{ano}$ calculado por regressão linear.

O tamanho efetivo da população (N_e) relaciona-se com a taxa de consanguinidade (F_i) e com o intervalo de gerações (L), havendo recomendações da FAO (1998) de que uma população deverá ter um N_e superior a 50 ou um $\Delta F/\text{geração}$ inferior a 1%, para que o risco de erosão genética seja considerado aceitável.

As estimativas de N_e e ΔF para os períodos 1990-2020 e 2000-2020 encontram-se dentro dos limites recomendados pela FAO ($N_e > 50$ ou de $\Delta F/\text{geração}$ inferior a 1%) o que indica que o risco de erosão genética da população é aceitável (FAO, 1998). Considerando o período (2000-2020), o tamanho efetivo da população apresenta valores mais elevados devendo-se, essencialmente, à estabilização do aumento da consanguinidade na última década.

Tabela 2

Tamanho Efetivo da População (N_e) e Taxa de Consanguinidade anual ($\Delta F/\text{ano}$) e por geração ($\Delta F/\text{geração}$).

Parâmetros demográficos estimados	Período considerado		
	1980-2020	1990-2020	2000-2020
$\Delta F/\text{ano}$ (%)	0,1826	0,1389	0,0864
Intervalo de Gerações (L) (anos)	6,01	6,01	6,05
$\Delta F/\text{geração}$ (%)	1,10	0,83	0,52
Tamanho efetivo da população (N_e)	45,6	59,9	95,7

Dada a diferença registada entre o número efetivo de fundadores (f_e) e o número efetivo de ascendentes (f_a) nos vários períodos estudados, pode concluir-se que nos últimos anos tem-se assistido a um afinilamento genético (Boichard *et al.*, 1997).

Pela análise das Tabelas 3 e 4 verificaram-se contribuições genéticas muito distintas, quer de fundadores, quer de ascendentes nos diferentes períodos de tempo considerados.

O número de animais fundadores (Tabela 3), isto é, que não possuem ambos os progenitores conhecidos, é reduzido (entre 6043 e 6561), no entanto, devido à contribuição genética desigual destes fundadores para as várias “populações em estudo”, o número efetivo de fundadores (f_e) tem vindo a diminuir gradualmente de 145,91 para 84,94. Verifica-se ainda que existe uma tendência para a redução da variabilidade genética da raça Alentejana, dado o aumento da consanguinidade média da população e a redução no número de fundadores e ascendentes. Esta redução pode ser explicada através do uso excessivo e desequilibrado de alguns sementais muito famosos no passado e seus descendentes que fizeram reduzir o f_e e o f_a até ao presente. Deve considerar-se ainda, o acréscimo de consanguinidade, em parte, relacionado com o de número de filhos por touro ser muito desigual, resultando numa contribuição desequilibrada dos touros com descendência (Tabela 3). Estes resultados evidenciam algum afinilamento da raça (*bottleneck*), originando perda de variabilidade genética.

A contribuição genética dos ascendentes, que têm ambos os progenitores conhecidos, segue uma tendência idêntica à contribuição genética dos fundadores (Tabelas 3 a 5). É notório que quanto mais recente é a população em estudo mais ascendentes conhecidos existem, menor é o número efetivo de ascendentes (f_a) e mais reduzido é o número de ascendentes que explicam mais de 50% da variabilidade genética. No período 2015-2020, 50% da variabilidade genética da população pode ser explicada pela contribuição de somente 34 fundadores e 22 ascendentes.

Quando o rácio f_e/f_a está abaixo de 2 significa que não existem grandes afinilamentos da raça, em termos de diferentes níveis de utilização de reprodutores ao longo do tempo (Boichard *et al.*, 1997). Contudo, pela observação da Tabela 5, verificou-se que desde 2000 este rácio é superior a 2, podendo ser prejudicial para a raça.

Tabela 3

Contribuição genética de fundadores para a população em estudo.

População em Estudo	N.º Fundadores Conhecidos	N.º Animais da População em Estudo	N.º Efetivo de Fundadores	N.º Fundadores que explicam +25% da Variabilidade Genética	N.º Fundadores que explicam +50% da Variabilidade Genética
1995-1999	6043	27329	145,91	16	57

2000-2004	6352	39552	122,14	13	49
2005-2009	6500	43354	107,57	11	43
2010-2014	6527	38544	92,81	10	37
2015-2020	6561	40190	84,94	9	34

Tabela 4

Contribuição genética de ascendentes para a população em estudo.

População em Estudo	N.º Ascendentes Conhecidos	N.º Animais da População em Estudo	N.º Efetivo de Ascendentes	N.º Ascendentes que explicam +25% da Variabilidade Genética	N.º Ascendentes que explicam +50% da Variabilidade Genética
1995-1999	13492	19227	77,69	10	44
2000-2004	19444	29941	57,02	7	35
2005-2009	24749	35815	47,02	6	32
2010-2014	25911	38547	40,51	5	26
2015-2020	24586	40190	38,77	5	22

Tabela 5

Evolução do diferencial no número efetivo de fundadores e de ascendentes.

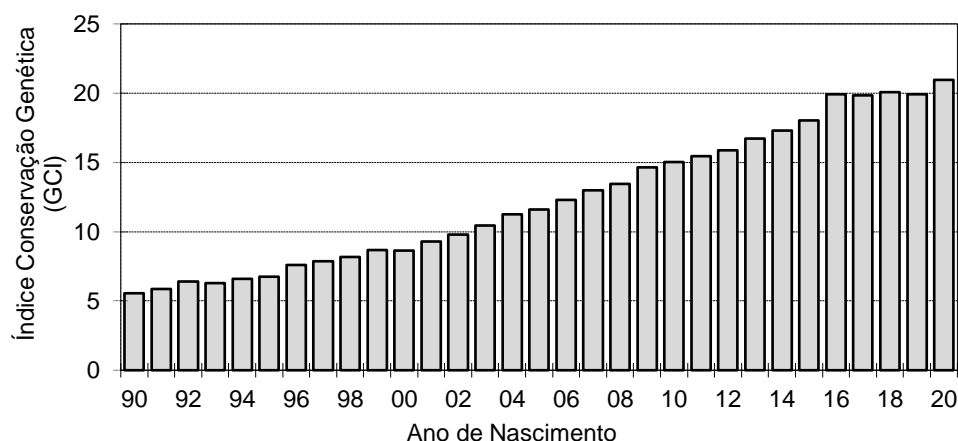
População em Estudo	N.º Animais da População em Estudo	N.º Efetivo de Fundadores (f_e)	N.º Efetivo de Ascendentes (f_a)	Diferencial $f_e - f_a$	Rácio f_e / f_a
1995-1999	19227	145,91	77,69	68,22	1,88
2000-2004	29941	122,14	57,02	65,12	2,14
2005-2009	35815	107,57	47,02	60,55	2,29
2010-2014	38547	92,81	40,51	52,30	2,29
2015-2020	40190	84,94	38,77	46,17	2,19

Pela observação da Figura 11 verifica-se uma evolução positiva do índice de conservação genética (GCI) ao longo dos anos. O GCI é um indicador demográfico que representa a proporção de genes dos diferentes fundadores na genealogia de cada animal (neste caso, por ano de nascimento). De acordo com Alderson e Bodó (1992), este índice poderá ser utilizado como uma forma alternativa de avaliar a taxa de consanguinidade em situações de escassa informação genealógica.

Os valores da Figura 11 poderão ser influenciados pelo nível de preenchimento das genealogias. É visível que nos últimos dez anos o índice de conservação genética tem aumentado, devendo-se, sobretudo, ao aumento do número médio de gerações conhecidas, apesar de se verificar uma erosão genética da população. Desta forma, o GCI poderá ser um bom indicador do “valor de conservação” de cada animal ao longo das gerações, indicando que os animais nascidos que apresentem um GCI elevado possuem uma maior proporção de genes dos diferentes fundadores. Assim, os animais que apresentem um elevado valor de conservação genética podem, com o recurso de programas de melhoramento genético, ser utilizados pelos criadores com o objetivo de manter os genes transmitidos pelos fundadores (Faria, 2017).

Figura 11

Evolução do Índice de conservação genética (GCI).



4 CONCLUSÃO

A raça bovina Alentejana está referenciada como uma das raças autóctones mais antigas (Andrade, 1952). É explorada sobretudo na região do Alentejo, podendo ainda ser encontrada, embora com menos expressão, no Ribatejo, na Beira Interior, na Beira Litoral e ainda em alguns concelhos do Norte. Atualmente, esta raça é explorada em cerca de 235 explorações, 135 das quais pertencentes à Associação dos Criadores de Bovinos da Raça Alentejana.

Com um efetivo de aproximadamente 21750 fêmeas reprodutoras, das quais, apenas cerca de 7850 são utilizadas em acasalamentos em linha pura, e um efetivo reprodutor masculino bastante mais reduzido de 211 animais, a raça apresenta atualmente níveis de consanguinidade que rondam os 9%, algo que deverá ser tido em conta no delineamento do programa de melhoramento/conservação. Atualmente apenas 34 animais fundadores, numa amostra de 6561 fundadores conhecidos, contribuem com cerca de 50% do património genético atual. Atendendo à diferença registada entre o número efetivo de fundadores (f_e) e o número efetivo de ascendentes (f_a), nos vários períodos estudados, observou-se, particularmente nos últimos anos, que se tem acentuado uma tendência para o afunilamento genético na raça bovina Alentejana.

A raça bovina Alentejana não apresenta uma sazonalidade reprodutiva muito vincada, observando-se uma distribuição de partos aos longo de todo o ano durante as últimas três décadas.

Desde o início do milénio, a taxa de partos puros tem revelado tendência para diminuir (rondando atualmente os 30% dos partos observados). O coeficiente médio de parentesco (AR) e a percentagem de animais nascidos consanguíneos tem vindo ao aumentar, o que, evidencia um claro aumento de emparelhamentos entre reprodutores aparentados.

Dada a importância da raça bovina Alentejana, o estabelecimento de medidas eficazes de conservação e gestão da diversidade genética, nos dias de hoje, é universalmente aceite como essencial para a utilização sustentável dos recursos genéticos animais em geral, em particular para esta população que está incluída num programa de melhoramento genético. Deste modo, a monitorização dos parâmetros demográficos revela-se necessária e importante para avaliar o risco de perda de diversidade genética ou de extinção da raça.

Os resultados deste estudo poderão servir de apoio a decisões relacionadas com o atual programa de seleção da raça bovina Alentejana, que se pretende eficaz a longo prazo, sendo, para isso, essencial a gestão da variabilidade genética da mesma, mediante uma correta utilização da população.

Baseado na evolução da estrutura populacional da raça bovina Alentejana e nos parâmetros demográficos estimados, e a necessidade de se tomarem algumas precauções nas medidas de

conservação da variabilidade genética, deverá ser dada particular atenção ao controle da consanguinidade e nos critérios de utilização ou seleção de machos reprodutores. Foi notório que, ao longo dos últimos anos, o coeficiente médio de consanguinidade foi aumentando, ainda que as estimativas atuais da taxa de consanguinidade e do tamanho efetivo da população não se encontrarem dentro dos parâmetros críticos preconizados pela FAO.

É fundamental adotarem-se estratégias reprodutivas que minimizem a coancestralidade, bem como um reforço no delineamento de acasalamentos entre animais menos aparentados, com o objetivo de minimizar o parentesco entre reprodutores e, conseqüentemente, a consanguinidade das gerações futuras, evitando o afinilamento genético da raça. Por forma a concretizar este objetivo, a ACBRA tem condições para disponibilizar aos criadores associados uma análise do parentesco médio entre um macho candidato a reprodutor e as fêmeas de determinada exploração. A introdução desta medida auxiliaria os criadores no processo de seleção de touros. Ainda de acordo com a estratégia referida, as explorações incluídas no programa de seleção da raça bovina Alentejana poderiam admitir a possibilidade de ficar sujeitas, sob orientação da ACBRA, a critérios de utilização de machos reprodutores, relativamente ao potencial genético do animal para período de utilização como reprodutor, o número de descendentes ou ainda outras características de interesse.

A raça Alentejana, através da monitorização dos parâmetros demográficos estimados, revela estar em condições para poder desenvolver um programa de seleção eficaz, com capacidade de garantir, a longo prazo, o progresso genético para a raça e que tenha em consideração a manutenção da variabilidade genética da população. Considera-se ainda que, é imprescindível o controlo da raça bovina Alentejana, através da introdução de ações de conservação e melhoramento, sob a supervisão das entidades competentes.

5 REFERÊNCIAS

- ACBRA, 2021. Associação dos Criadores de Bovinos da Raça Alentejana. <https://www.bovinoalentejano.pt/index.php?idm=1>. Consulta a 23 de outubro de 2021.
- Andrade, F.S. (1952). Raça Bovina Trastagana Sub-Raça Alentejana. Lisboa, Livraria Sá da Costa. 229pp.
- Alderson, L. e I. Bodó, (1992). Review of species and breed studies. In: L. Alderson and I. Bodó, I. Genetic conservation of domestic livestock. Wallingford: C.A.B International, v.2. p.232-239.
- Boichard, D., Maignel, L. & Verrier, É. (1997). The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. *Genetic Selection Evolution*. 29(1): 5–23.
- Bouquet, A., Venot, E., Laloë, D., Forabosco, F., Fogh, A., Pabiou, T., Moore, K., Eriksson, J.Å., Renand, G., & Phocas, F., (2011). Genetic structure of the European Charolais and Limousin cattle metapopulations using pedigree analyses. *Journal of Animal Science*. 89: 1719-1730. doi: 10.2527/jas.2010-3469.
- Cañas-Álvarez, J. J, González-Rodríguez, A., Martín-Collado, D., Avilés, C., Altarriba, J., Baro, J.A., De la Fuente, L.F., Díaz, D., Molina, A., Varona, L., & Piedrafita, J. (2014). Monitoring changes in the demographic and genealogical structure of the main Spanish local beef breeds. *Journal of Animal Science*. 92: 4364-4374. doi: 10.2527/jas.2013-7420.
- Carolino, N. (2006). Estratégias de selecção na Raça bovina alentejana. Tese de Doutoramento - Faculdade de Medicina Veterinária/Universidade Técnica de Lisboa. 392pp.
- Carolino, N. & Guicho, E., (2016). Caracterização genética por análise demográfica da raça bovina Marinhoa. Unidade Estratégica de Investigação e Serviços de Biotecnologia e Recursos Genéticos - INIAV, Portugal.
- Carolino, N. & 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.

- Carolino, N.; Afonso, F. & Calção, S. (2013). Avaliação do Estatuto de Risco de Extinção das Raças Autóctones Portuguesas; Gabinete de Planeamento e Políticas. PDR2020: Lisboa, Portugal.
- Carolino, N., Santos-Silva, F., Dantas, Carolino, I., Ferreira, F. & Silveira, M. (2017). Caracterização genética por análise demográfica da raça bovina Preta. Unidade Estratégica de Investigação e Serviços de Biotecnologia e Recursos Genéticos - INIAV, Portugal.
- Carolino, N., Santos-Silva, F., Dantas, Carolino, I., Borges, A., Cirnes, M. & Silveira M. (2018). Caracterização genética por análise demográfica da raça bovina Arouquesa. Unidade Estratégica de Investigação e Serviços de Biotecnologia e Recursos Genéticos - INIAV, Portugal.
- Carolino, N., Machado, R., Dantas, R. & Silveira, M., (2020b). Caracterização genética por análise demográfica da raça bovina Cachena. Unidade Estratégica de Investigação e Serviços de Biotecnologia e Recursos Genéticos - INIAV, Portugal.
- Carolino, N., Vitorino, A., Carolino, I., Pais, J., Henriques, N., Silveira, M. & Vicente, A. (2020a). Genetic Diversity in the Portuguese Mertolenga Cattle Breed Assessed by Pedigree Analysis. *Animals*, 10(11), 1990.
- Cervantes, I., Goyache, F., Molina, A., Valera, M. & Gutiérrez, J.P., (2008). Application of individual increase in inbreeding to estimate effective sizes from real pedigrees. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 125: 301-310.
- Faria, R., Paschoal, V. R., Maiorano, A. & Ospino, A. T., (2017). Índice de conservação genética da raça de cavalos puro-sangue Lusitano no Brasil. X CONINCE, Congresso de iniciação Científica Eduvale, Brasil; DOI:10.13140/RG.2.2.33975.37289
- Falconer, D. S., & Mackay, T. F. C. (1996). *Introduction to quantitative genetics*. Longman, Harlow, 4th Edition, United Kingdom. 448pp.
- Fabbri, M. C., Gonçalves de Rezende, M. P., Dadousis, C., Biffani, S., Negrini, R., Carneiro, P. L. S., & Bozzi, R., (2019). Population Structure and Genetic Diversity of Italian Beef Breeds as a Tool for Planning Conservation and Selection Strategies. *Animals*: 9, 880; doi:10.3390/ani9110880.
- FAO (1998). *Secondary Guidelines: Management of Small Populations at Risk*. FAO Editions, Rome, Italy. 210pp.
- Goyache, F., Gutierrez, J.P., Fernandez, I., Gomez, E., Alvarez, I., Diez, J. & Royo, L.J. (2003). Using pedigree information to monitor genetic variability of endangered populations: the Xalda sheep breed of Asturias as an example. *J. Anim. Breed. Genet.*, 120: 95-103.
- Gutiérrez, J.P. & Goyache, F. (2005). A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information. *J. Anim Breed Genet.*, 122, 172- 176.
- Gutiérrez, J.P. & Goyache, F. (2010). *User's Guide ENDOG v4.8 A Computer Program for Monitoring Genetic Variability of Populations Using Pedigree Information*. Departamento de Producción Animal. Facultad de Veterinaria. Universidad Complutense de Madrid. 44pp.
- Gutiérrez, J. P., Altarriba, J., Díaz, C., Quintanilla, R., Izquierdo, M., Cañón, J., & Piedrafita, J., (2000). "Demographic and genetic analysis of Spanish beef cattle breeds", Characterization and assessment of genetic aptitudes of European local beef breeds for producing quality meat. Final Report of the FAIR I PL95/702 Research Project: 75-99. UAB, Barcelona, Spain.
- Gutiérrez, J. P., Altarriba, J., Díaz, C., Quintanilla, R., Cañón, J., & Piedrafita, J., (2003). "Pedigree analysis of eight Spanish beef cattle breeds", *Genet. Sel. Evol.* 35: 43–63; INRA, EDP Sciences, 2003; DOI: 10.1051/gse:2002035.
- INE, (2021). *Estatísticas Agrícolas – 2020*. © INE, I.P., Lisboa, Portugal. 178pp.
- James, J. W., (1972). Computation of genetic contributions from pedigrees. *Theor. Appl. Genet.*, 42: 272-273
- Ralo, J. C. (1987). *Estação Regional de Fomento Pecuário do Alto Alentejo, Estiva de Bovinos*.

Renand, G. & A. Havy, (2000). "Demographic and genetic analysis of three French beef cattle breeds", Characterization and assessment of genetic aptitudes of European local beef breeds for producing quality meat. Final Report of the FAIR I PL95/702 Research Project. UAB, Barcelona, Spain.

SAS Institute Inc., (2019). Copyright© 2019 SAS Institute Inc., Cary, NC, USA.

Wright, S. (1923). Coefficients of inbreeding and relationship, American Naturalist, 56:330.

6 AGRADECIMENTOS

Os autores deste trabalho gostariam de agradecer à Associação de Criadores de Bovinos de Raça Alentejana (ACBRA) e à Ruralbit pela cedência dos dados que permitiu a realização deste estudo.