

Faculdade de Medicina Veterinária
Universidade de Lisboa

Raça Ramo Grande

Caracterização Genética por Análise Demográfica

Relatório elaborado no âmbito do Programa de Melhoramento da raça Ramo Grande, ao abrigo do Protocolo estabelecido entre a DRADR e a FMV

Dezembro 2013

Raça Ramo Grande

Caracterização Genética por Análise Demográfica



Este relatório foi elaborado por solicitação da DRADR, ao abrigo do Contrato de Parceria estabelecido com a FMV-UL, e visa dar cumprimento aos objectivos previstos no Programa de Melhoramento da Raça Ramo Grande

Autoria

Prof. Luís Telo da Gama (FMV/UL)

Colaboração

Engª Ana Luísa Pavão (DRADR)
Engº Manuel Silveira (Ruralbit)

Raça Ramo Grande – Sumário

Resultados médios globais

Demografia

- 2020 vacas, 423 touros e 6224 vitelos registados desde a implementação do RZ.
- Maioria das vacas são presentemente utilizadas em cruzamento
- 572 explorações com animais registados, sobretudo em São Jorge
- 10.7 vitelos registados/exploração durante o período estudado
- Metade das explorações produz apenas um vitelo puro por ano
- Partos sobretudo em Março-Abril

Informação genealógica

- 10.9 vitelos registados/touro
- 2.6 vitelos registados/vaca
- Intervalo de gerações: 4.7 anos
- Animais nascidos em 2011-2013:
    - Média de 3.1 gerações completas conhecidas
    - Cerca de 2/3 dos animais têm 3 gerações conhecidas (bisavós)

Consanguinidade e parentesco

- 8% de acasalamentos consanguíneos
- Taxa de consanguinidade: 0.36%/ano
- Parentesco médio intra-exploração: 36%
- Animais nascidos em 2011-13:
    - 40% são consanguíneos
    - Consanguinidade média: 4.1%

Estrutura racial

- Tamanho efectivo da população: 30
- Contribuições genéticas
    - Nº efectivo de ascendentes: 40
    - Nº efectivo de explorações: 13
- Exploração com contribuição genética mais destacada:
    - António Rodrigues Nunes – Angra do Heroísmo (23.6%)
- Animais da Graciosa bastante diferenciados dos restantes

I. Introdução

O conhecimento da estrutura populacional de uma raça é essencial para o delineamento e execução de qualquer programa visando a sua conservação e/ou melhoramento. Esta estrutura populacional pode ser avaliada tanto pela análise de marcadores genéticos como pela análise demográfica baseada na informação genealógica acumulada ao longo do tempo.

A demografia de uma raça tem um impacto profundo na manutenção da sua variabilidade genética, sendo um dos objectivos principais a minimização da erosão genética a longo prazo. Neste sentido, indicadores como, por exemplo, a evolução da consanguinidade, o tamanho efectivo da população ou a representatividade de ascendentes e fundadores no património genético da raça, são essenciais para o conhecimento do seu historial genético e para identificação de estrangulamentos que possam condicionar a sua variabilidade genética.

A raça Ramo Grande corresponde ao remanescente dos bovinos que durante cinco séculos foram explorados para trabalho, carne e leite nas diversas ilhas do arquipélago dos Açores. Estes animais resultaram dos bovinos levados inicialmente do território continental pelos primeiros povoadores, que viriam depois a sofrer a influência do fluxo sucessivo de animais de outras origens. A mecanização da agricultura e a introdução em larga escala de animais do tipo Holstein-Frísia nos Açores ao longo do século XX, levou ao desaparecimento quase total da raça Ramo Grande em meados daquele século, tendo apenas sobrevivido alguns núcleos isolados e de pequena dimensão, dispersos por diversas ilhas dos Açores.

O reconhecimento da importância histórica e cultural da raça Ramo Grande e a percepção de que estava em risco de perder-se definitivamente o reduzido censo que restava, levou a que na década de 1990 ressurgisse o interesse por esta raça e fosse feito um esforço para a sua salvaguarda. Foi então realizado um primeiro trabalho de levantamento e caracterização, que viria a culminar com a aprovação do Regulamento do Registo Zootécnico em 1996.

O resgate da raça Ramo Grande apresenta duas particularidades que poderão ter condicionado a sua variabilidade genética e a diferenciam de outras raças com um historial mais antigo em termos de registos genealógicos. Concretamente, na raça Ramo Grande:

- os efectivos encontram-se dispersos por sete ilhas, mantidos de forma relativamente isolada (salvo o uso ocasional da inseminação artificial), criando-se assim sub-populações que tenderão a diferenciar-se geneticamente.

- o RZ tem-se mantido aberto à inscrição de novos animais, o que resultará inevitavelmente num menor número de gerações conhecidas, numa consanguinidade mais baixa e numa maior diversidade genética.

Neste trabalho utilizou-se a informação genealógica disponível na raça bovina Ramo Grande para estudar a evolução da variabilidade genética e os factores que a condicionam nesta raça, no sentido de estabelecer estratégias mais adequadas de manutenção da diversidade genética a longo prazo.

Naturalmente, os resultados desta análise reflectem o grau de fiabilidade e o nível de preenchimento da informação registada, pelo que as possíveis falhas ou incorrecções nessa informação irão reflectir-se inevitavelmente na análise e interpretação dos resultados.

Por outro lado, estudos com marcadores microssatélites indicam que a raça Ramo Grande poderá ter sofrido a influência recente de raças bovinas exóticas introduzidas nos Açores (Ginja et al., 2010), o que deve ser investigado de forma mais aprofundada. Efectivamente, em simultâneo com a gestão da diversidade genética com base na informação genealógica (como se pretende neste relatório) é indispensável garantir que os animais considerados como pertencentes à raça Ramo Grande estão de facto isentos de miscigenação com raças exóticas. Neste sentido, estudos com marcadores genéticos adequados são essenciais para identificar os animais que manifestem a introdução de genes exóticos, que no caso de existirem deverão ser excluídos do RZ, de forma a assegurar a identidade e homogeneidade da raça Ramo Grande.

II. MATERIAL E MÉTODOS

1. Informação disponível

Utilizou-se toda a informação genealógica disponível na base de dados da raça bovina Ramo Grande, cuja gestão é assegurada pelo software Genpro da Ruralbit. Os registos utilizados incluíram animais com nascimentos registados entre 1/1/1982 e 19/10/2013.

Os dados iniciais consistiam em registos de nascimentos de 11342 animais filhos de vacas Ramo Grande. A informação correspondente a cada animal incluiu:

- animal
- pai
- mãe
- data de nascimento
- criador de origem
- grupo genético
- ilha

Foram feitas as validações julgadas adequadas em termos de coerência de datas e compatibilidade de sexo, e corrigidos ou excluídos os registos considerados incorrectos.

2. Análise estatística

Após estas validações, os registos de nascimento viriam a ser submetidos a diferentes análises estatísticas, utilizando para o efeito os programas SAS 9.3 (SAS Institute, 2012), ENDOG v4.8 (Gutierrez and Goyache, 2005) e PEDIG (Boichard, 2002).

A interpretação e importância de cada um dos parâmetros demográficos considerados são discutidas na correspondente secção de apresentação dos resultados.

N.B.

Para o cálculo de diversos parâmetros demográficos tornou-se necessário considerar uma população dita "de referência", que nesta análise correspondeu ao grupo de vitelos nascidos no período 2011-2013.

III. RESULTADOS

1. Número de animais registados

Quadro 1. Principais indicadores demográficos

Indicador	
Nº total de animais no RZ (puros e cruzados)	11339
Nº vitelos puros registados	6224
Nº touros	423
Nº vacas	2020
Nº explorações	572

Quadro 2. Número de explorações e número total de animais puros e cruzados registados por ilha.

Ilha	*Explorações*	*Vitelos puros*	*Vitelos cruzados*
Faial	89	667	573
Graciosa	3	66	54
Pico	62	426	541
Sta. Maria	61	39	32
S. Jorge	399	2930	2958
S. Miguel	31	200	136
Terceira	172	1500	683

Figura 1. Evolução global do número de registos de animais puros (RG) e cruzados (CR).

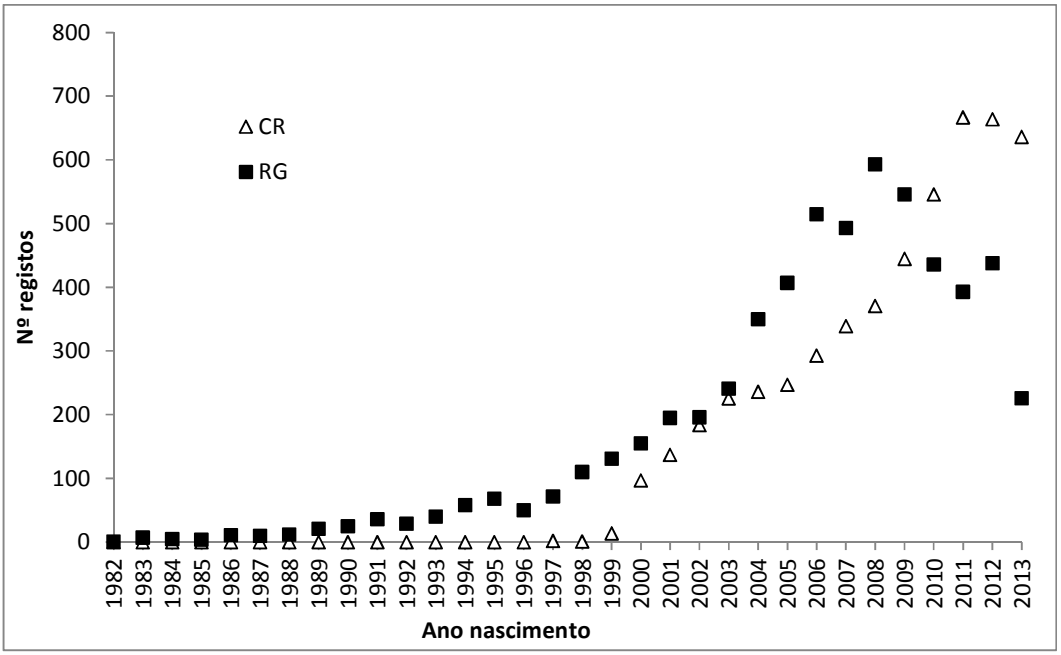


Figura 2. Evolução do número de registos de animais puros (RG) e cruzados (CR) nas diferentes ilhas.

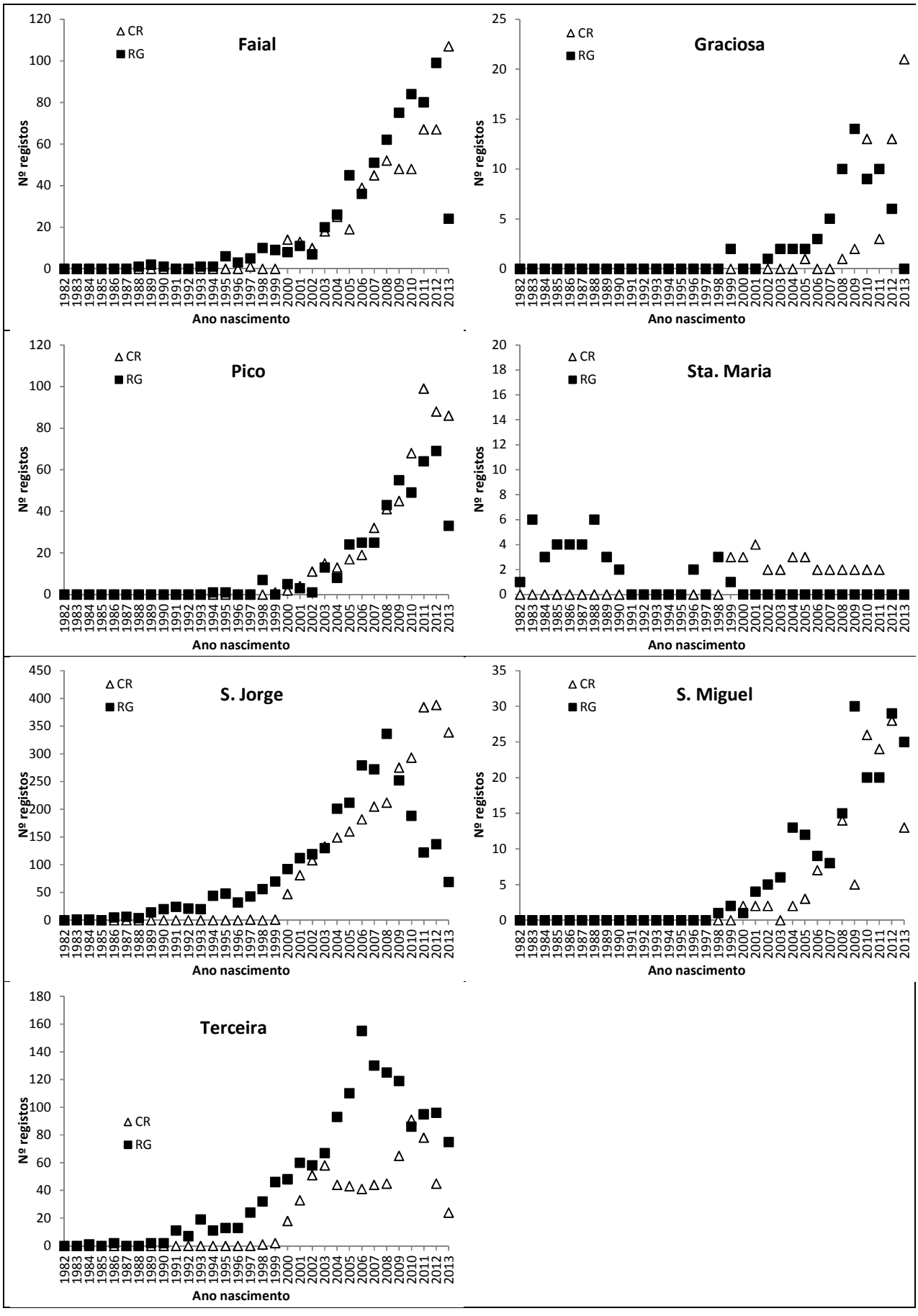
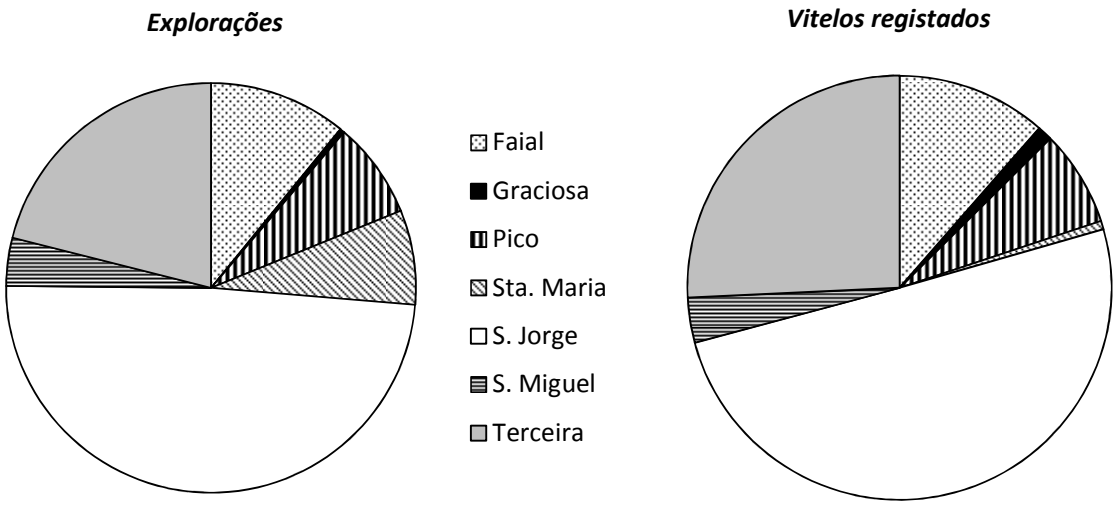


Figura 3. Distribuição do número de explorações e de vitelos registados por ilha



Quadro 3. Número de vitelos nascidos por exploração-ano e número correspondente de explorações-ano

Nº vitelos nascidos por exploração-ano	Nº explorações-ano
1	1133
2	457
3	215
4	146
5	87
6	60
7	36
8	27
9	15
10-14	44
15-19	21
=>20	13

Figura 4. Frequência de nascimentos ao longo do ano

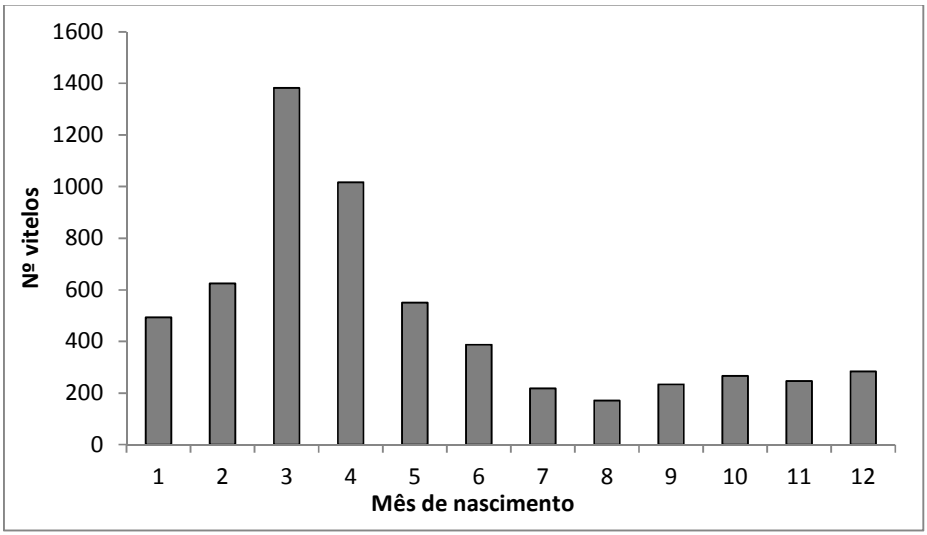


Figura 5. Nº vitelos registados por exploração

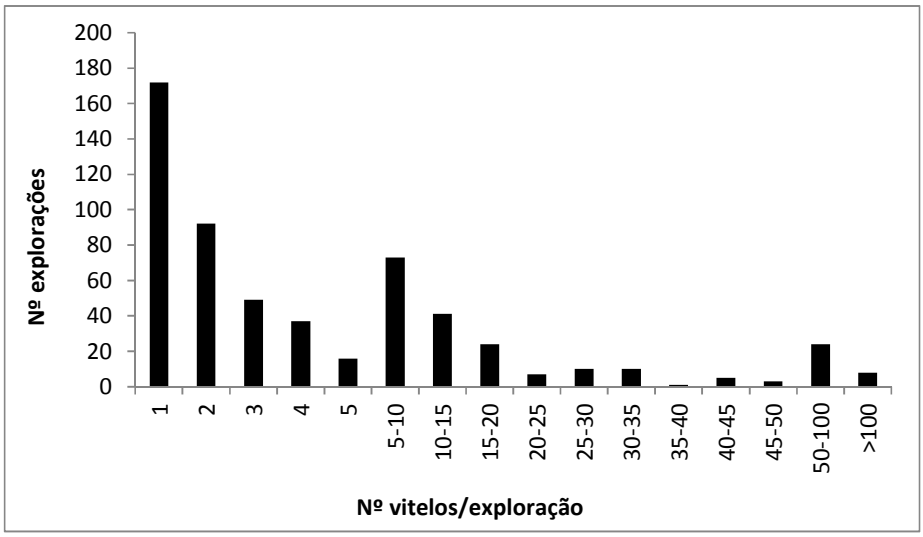


Figura 6. Nº descendentes registados por touro

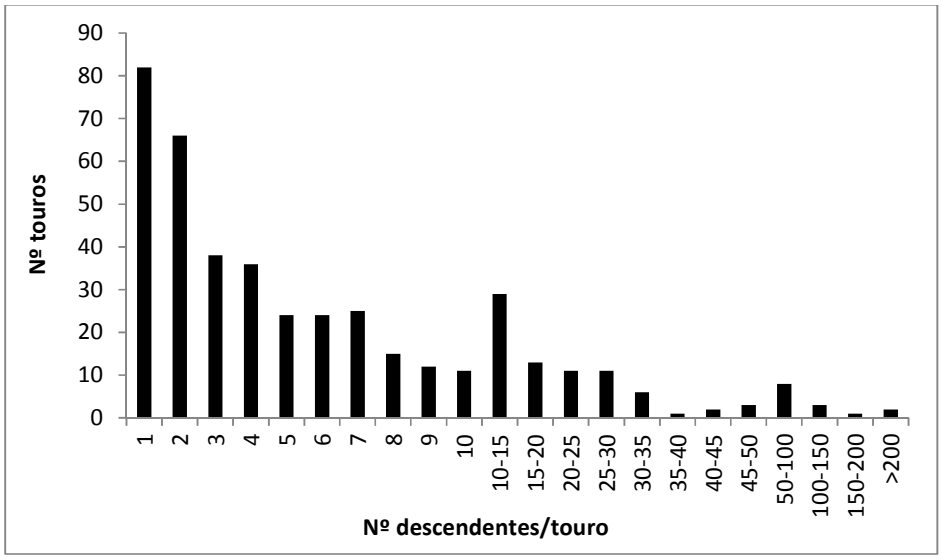


Figura 7. Nº descendentes registados por vaca

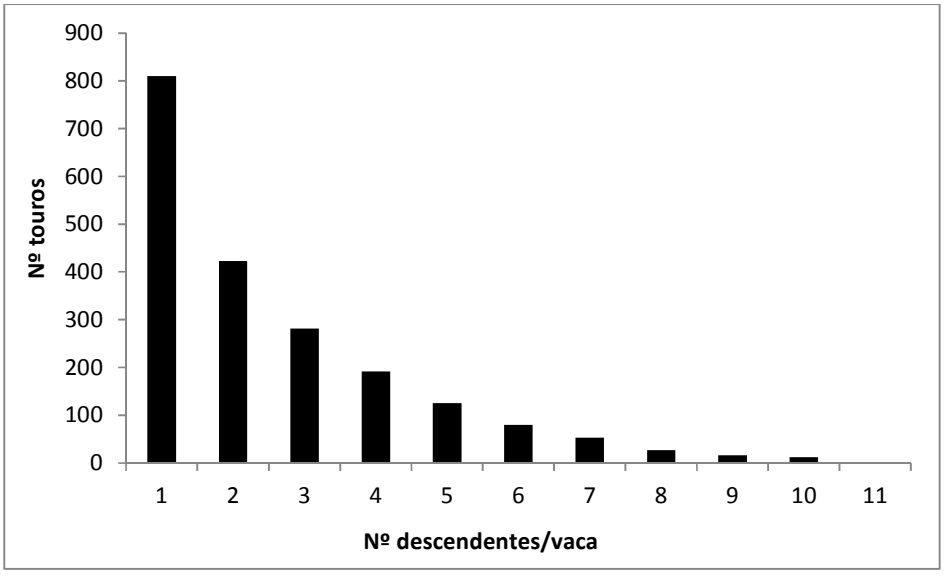


Figura 8. Distribuição etária dos progenitores

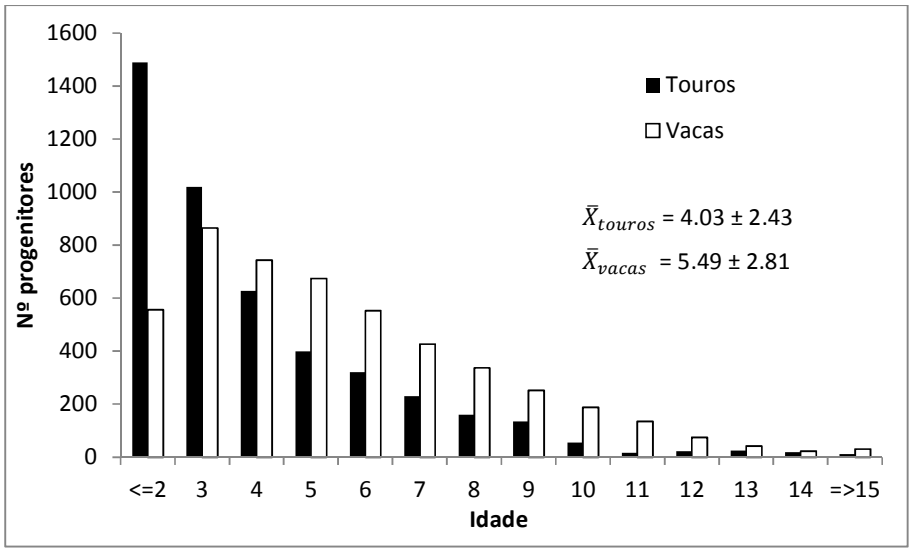
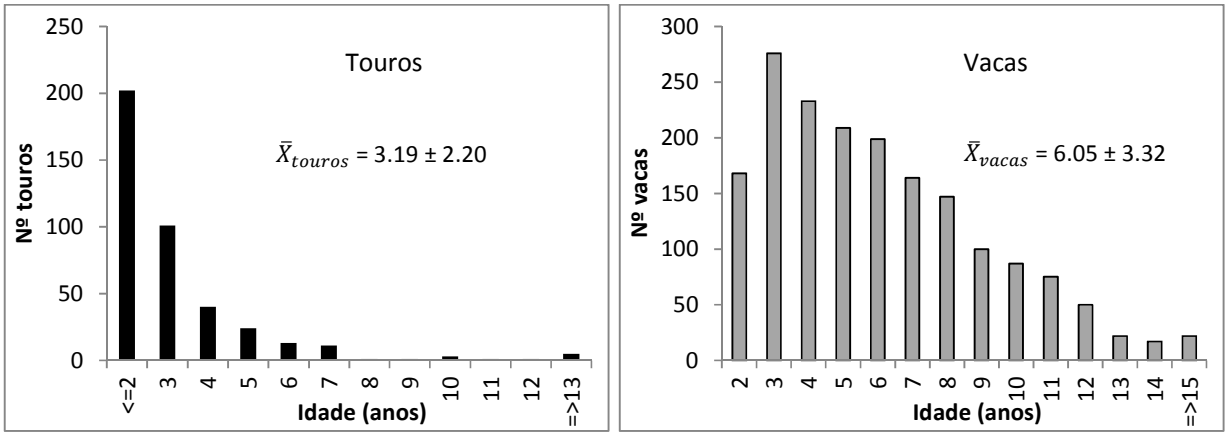


Figura 9. Longevidade produtiva dos touros e vacas



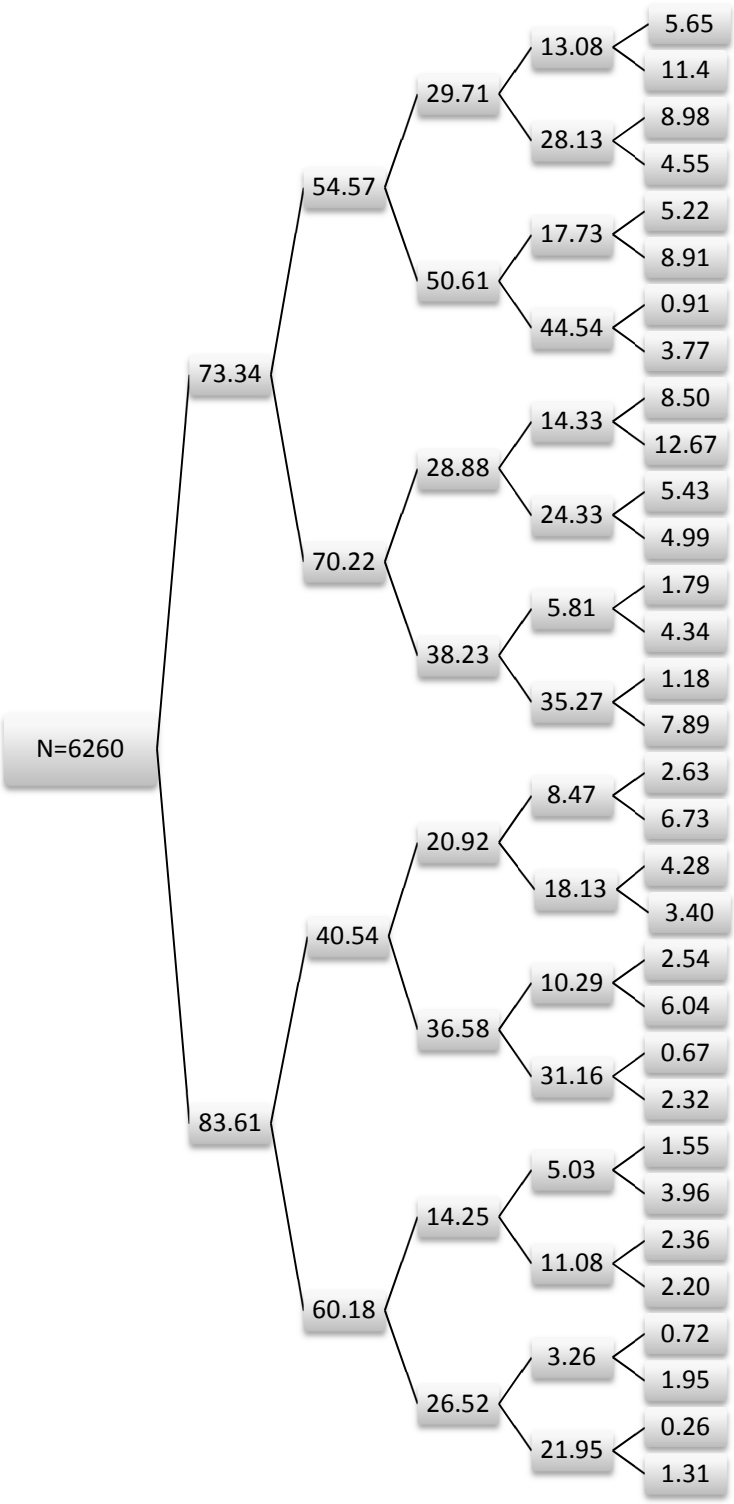
Quadro 4. Intervalo de gerações (população total)

Tipo	N	Média	d.p.
Pai-filho	288	4.150	2.634
Pai-filha	1011	3.823	2.348
Mãe-filho	350	5.429	2.550
Mãe-filha	1204	5.385	2.685
Média global	**2853**	**4.712**	**2.656**

Grau de preenchimento das genealogias

População total

Figura 10. Percentagem de ascendentes conhecidos (linha paterna em cima; linha materna em baixo)



População de referência

Figura 11. Percentagem de ascendentes conhecidos (linha paterna em cima; linha materna em baixo)

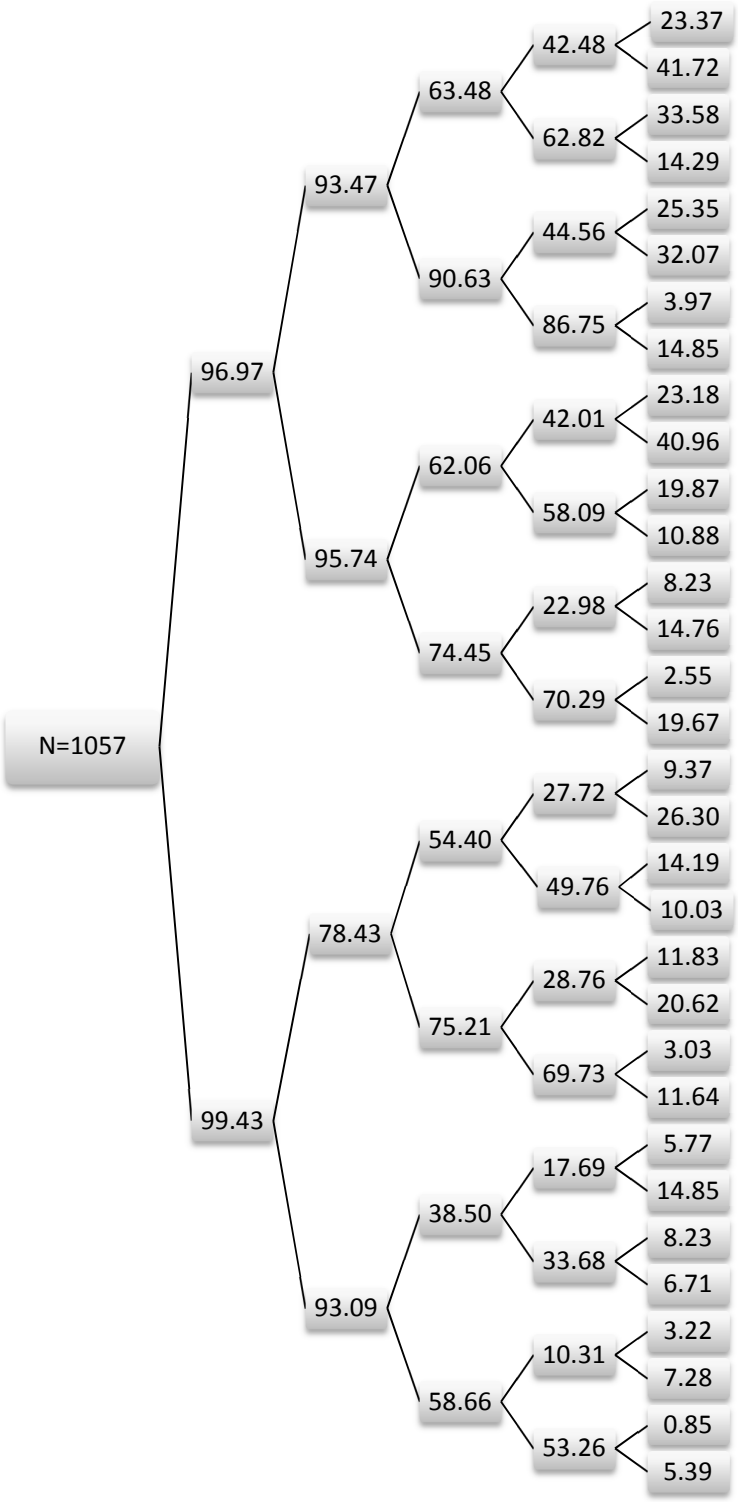


Figura 12. Percentagem de animais consoante o número de gerações conhecido.

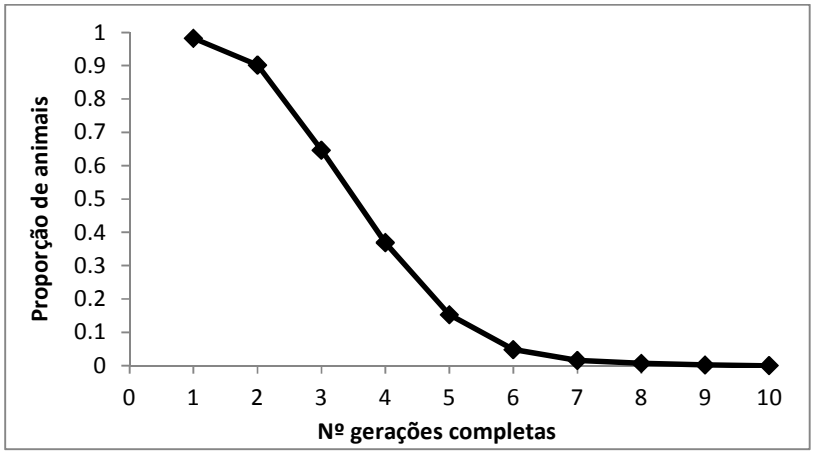
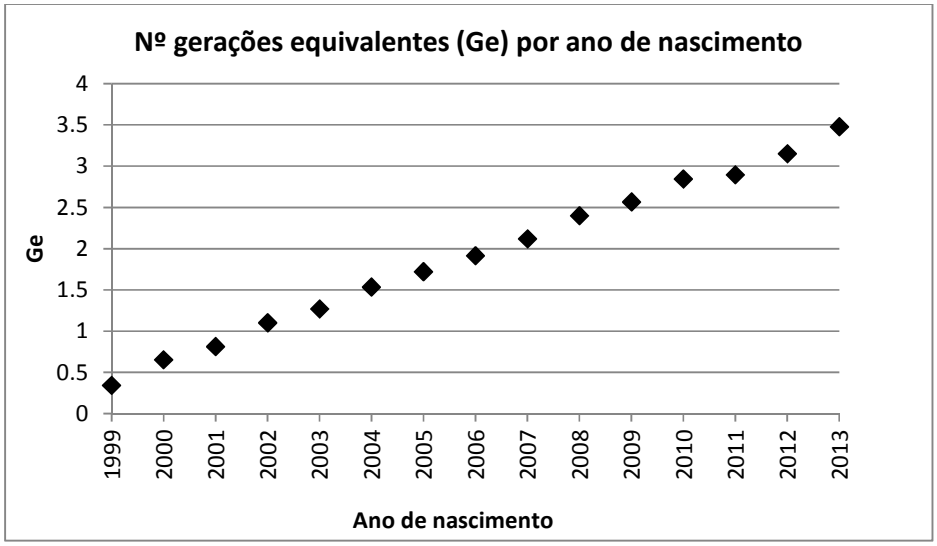


Figura 13. Número médio de gerações equivalentes por ano de nascimento



Quadro 5. Acasalamentos consanguíneos

Vitelos resultantes de acasalamento entre:	n	% total
Irmãos plenos	11	0.18
Meio-irmãos	288	4.60
Pai - filha	188	3.00
TOTAL	487	7.78

Quadro 6. Ramo Grande – Indicadores demográficos

POPULAÇÃO TOTAL

Indicador	
Nº total de animais (puros e cruzados)	11339
Nº vitelos registados	6224
Nº pais	423
Nº mães	2020
Nº explorações	572
Nº vitelos puros/touro	10.85±26.15
Nº vitelos puros/vaca	2.59±1.93
Nº vitelos puros/exploração	10.68±22.23
Nº equivalente gerações completas	1.85 ± 1.21
Consanguinidade média (%)	2.19 ± 5.87
Animais consanguíneos (%)	19.11
Consanguinidade média dos animais consanguíneos (%)	11.48 ± 8.60
Valor máximo do coef. consanguinidade (%)	43.75
Parentesco médio (%)	1.85 ± 1.21
Taxa de consanguinidade anual (%)	0.357±0.023
Taxa de consanguinidade por geração (%)	1.682
Tamanho efectivo da população	29.72
Número de fundadores	1347
Número de ascendentes	937
Número de explorações fundadoras	253
Número de fundadores explicando 50% da diversidade genética	131
Número de ascendentes explicando 50% da diversidade genética	40
Número de explorações explicando 50% da diversidade genética	10
Índice de conservação genética (GCI)	2.52 ± 1.22

Quadro 7. Ramo Grande – Indicadores demográficos

POPULAÇÃO DE REFERÊNCIA

Indicador	
Nº animais na população de referência[a]	1057
Nº equivalente gerações completas	3.13 ± 0.84
Consanguinidade média (%)	4.07 ± 7.32
Animais consanguíneos (%)	40.6
Consanguinidade média dos animais consanguíneos (%)	10.04 ± 8.49
Valor máximo do coef. consanguinidade (%)	37.5
Parentesco médio (%)	2.12 ± 1.11
Tamanho efectivo da população (Ne)[b]	27.1
Nº fundadores representados	534
Nº ascendentes representados	517
Nº explorações fundadoras representadas	185
Número de fundadores explicando 50% da diversidade genética	32
Número de ascendentes explicando 50% da diversidade genética	19
Número de explorações explicando 50% da diversidade genética	7
Nº efectivo de fundadores (f_e)	84
Nº efectivo de ascendentes (f_a)	40
Nº efectivo de explorações	13
Rácio f_e/f_a	2.1
Nº efectivo de genomas fundadores (f_g)	26
Rácio f_e/f_g	3.2
Índice conservação genética (GCI)	3.58 ± 1.20

[a] Vitelos puros nascidos no período 2011-2013

[b] Calculado a partir da taxa individual de consanguinidade

Consanguinidade e parentesco

Figura 14. Distribuição da consanguinidade percentual nos animais consanguíneos na população total

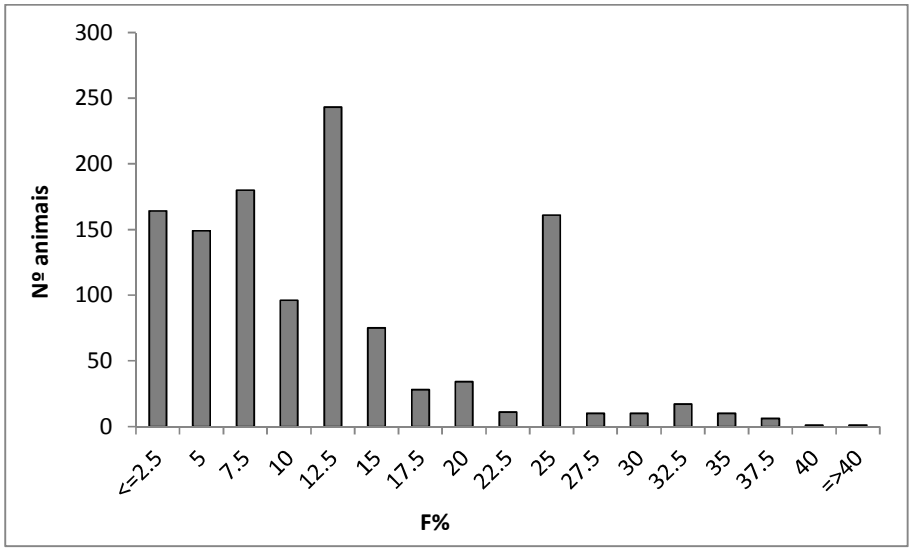


Figura 15. Distribuição da consanguinidade percentual nos animais consanguíneos na população de referência

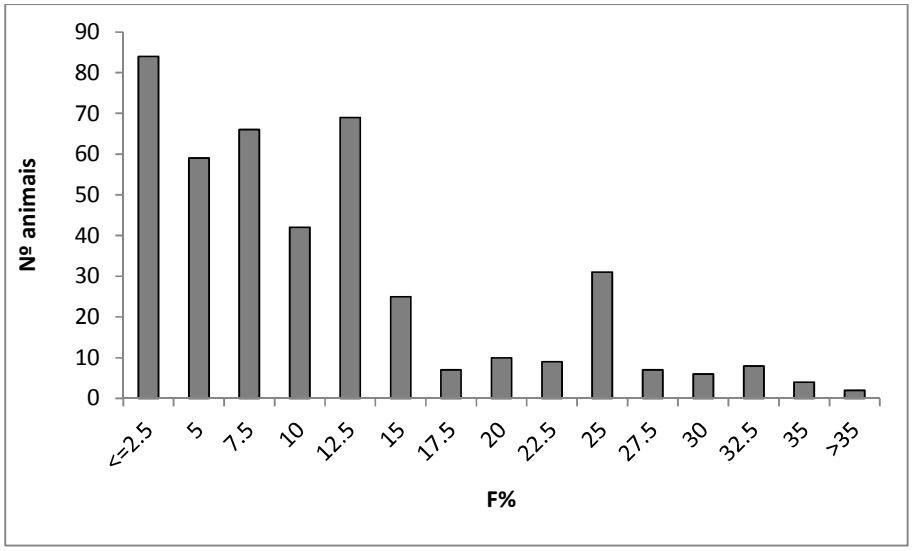
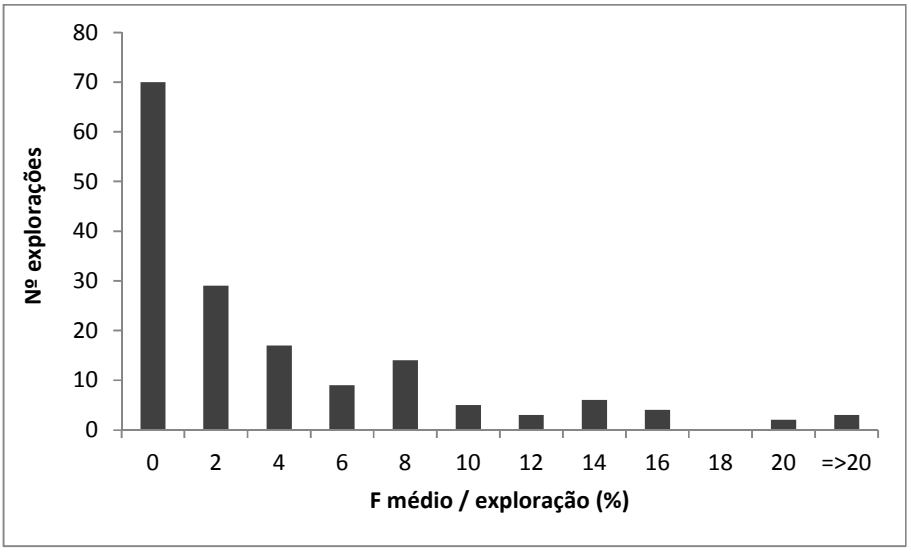


Figura 16. Distribuição da consanguinidade média por exploração



Parentesco global

Quadro 8. Parentesco entre e dentro de explorações

Tipo de Parentesco (a_{ij})	Parentesco médio (%)
Entre todas as explorações	0.91 ± 3.00
Animais de explorações diferentes	0.82 ± 2.26
Animais da mesma exploração	35.81 ± 19.41

Quadro 5

Evolução no tempo

Figura 17. Consanguinidade média (F%) por ano de nascimento

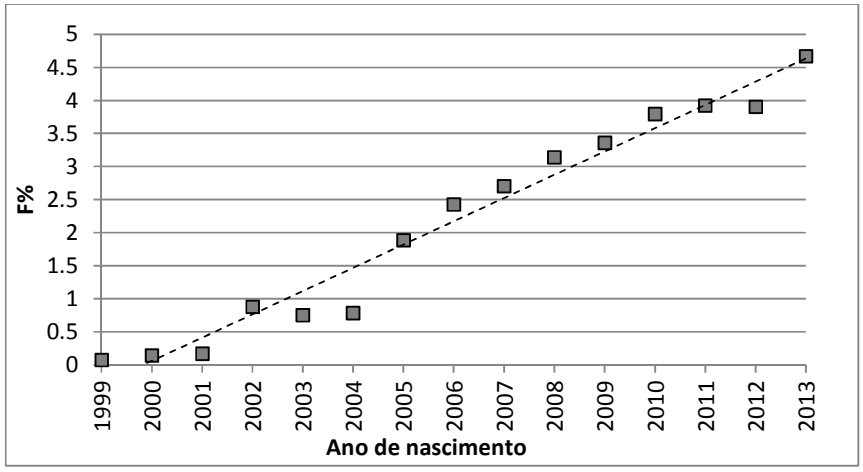


Figura 18. Percentagem de animais consanguíneos por ano de nascimento

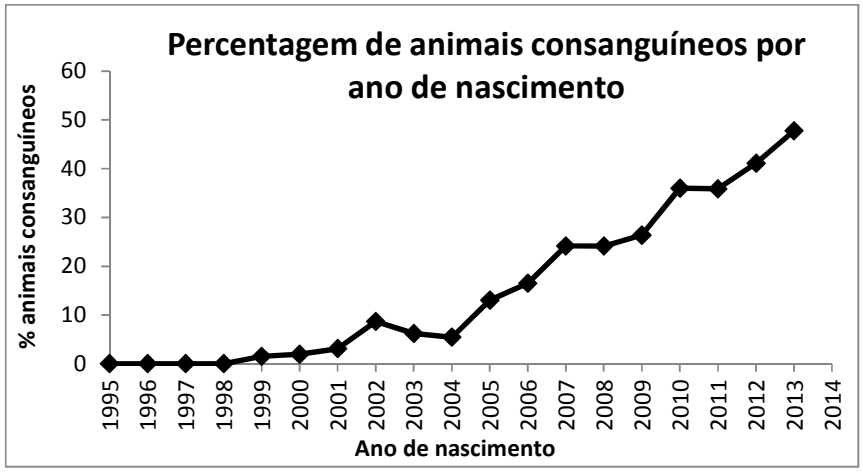
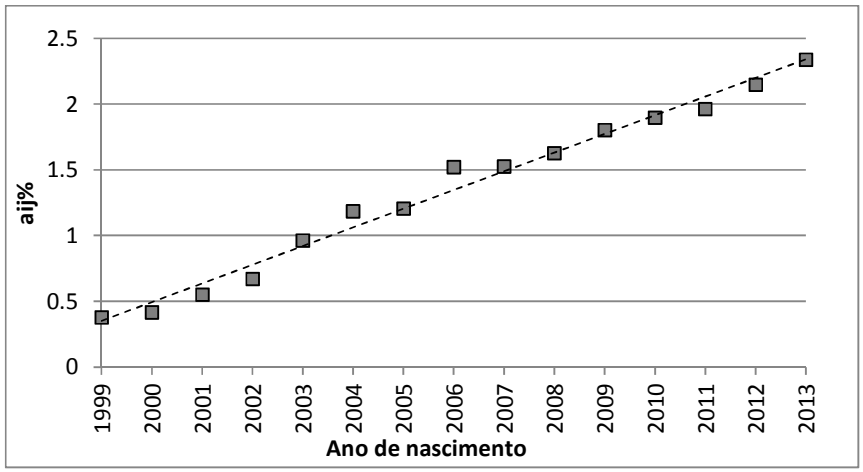
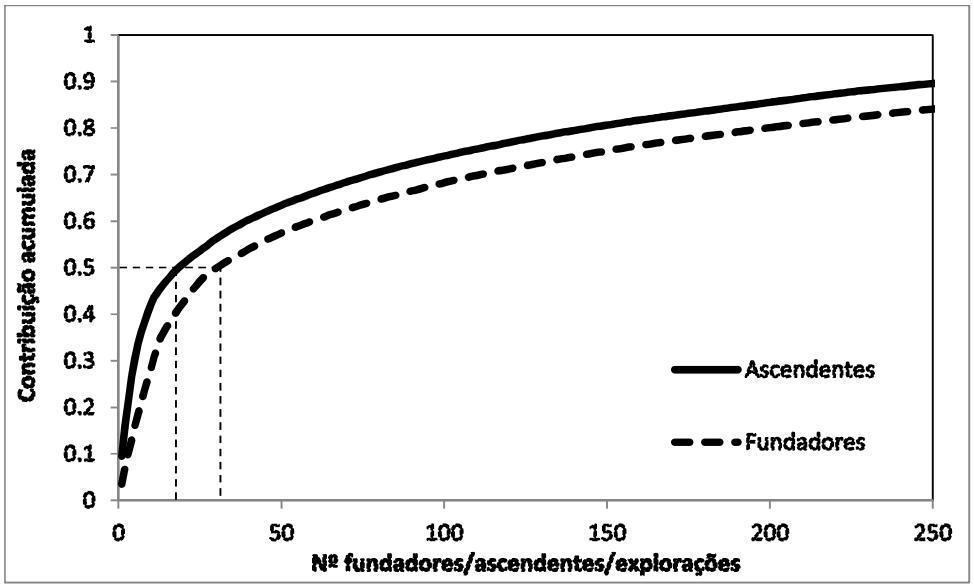


Figura 19. Parentesco médio global (aij%) por ano de nascimento



Contributo de fundadores e ascendentes para a população actual

Figura 20. Contribuição genética acumulada para a população de referência de cada um dos principais fundadores e ascendentes .

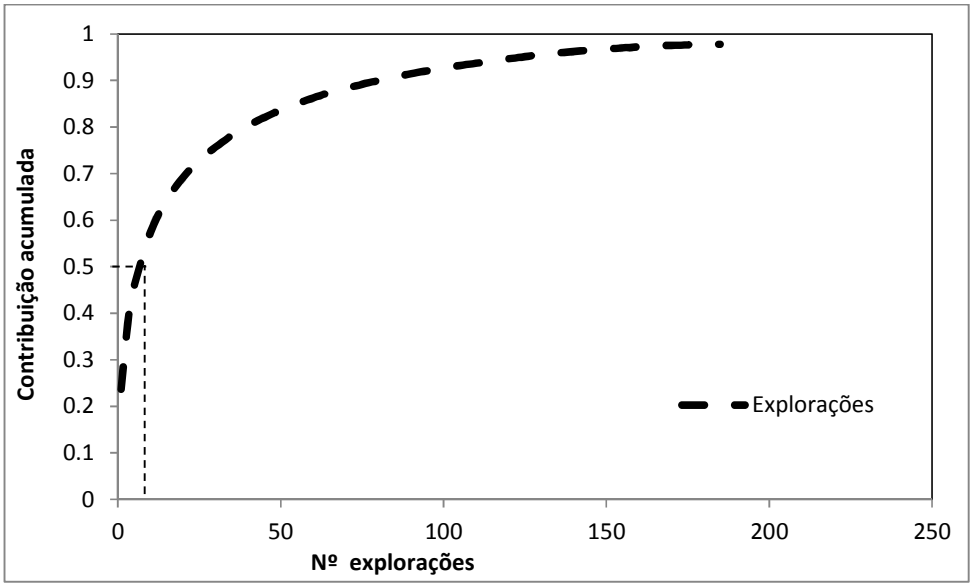


Quadro 9. Lista dos principais 10 ascendentes com maior contributo para o património genético da raça Ramo Grande (pop. Referência)

SIA	Nº LG	Criador	Nome do Criador	Contributo (%)
PT093297721	00/0097	27	António Rodrigues Nunes	9.52
PTO224102	99/0034	114	José Valdemiro Rocha Ferreira	6.61
PTO221207	97/0057	116	José Isaac Mendes Ávila	5.33
PTO218582	99/0013	27	António Rodrigues Nunes	5.11
PT30095251	93/0017	27	António Rodrigues Nunes	3.61
PT270033302	95/0031	57	Jorge Flores Salvador	3.51
PT714715708	07/0274	1410	José Orlando Mendonça da Silva	2.48
PTO208565	98/0089	27	António Rodrigues Nunes	2.13
PT095506925	03/0043	57	Jorge Flores Salvador	2.12
PT515289711	09/0022	411	Jorge Miguel Costa Nunes	1.90

Contributo de explorações fundadoras para a população actual

Figura 21. Contribuição genética acumulada para a população de referência de cada uma das principais explorações.



Quadro 10. Lista das principais 10 explorações fundadoras com maior contributo para o património genético da raça Ramo Grande

Exploração nº	Nome	Concelho	Contributo (%)
27	António Rodrigues Nunes	Angra do Heroísmo	23.63
114	José Valdemiro Rocha Ferreira	Angra do Heroísmo	7.55
57	Jorge Flores Salvador	Calheta	6.57
116	José Isaac Mendes Ávila	Angra do Heroísmo	5.43
74	Hélio Manuel Brasil	Calheta	2.57
325	Maria Teresa Goulart da Silva Garcia	Horta	2.53
161	Serafim Brasil	Calheta	2.50
1410	José Orlando Mendonça da Silva	Horta	2.48
411	Jorge Miguel Costa Nunes	Angra do Heroísmo	2.11
3	José Cuniberto Machado de Meneses	Praia da Vitória	2.03

Quadro 11. Nº explorações fornecedoras de reprodutores masculinos

Tipo de reprodutor	Nº explorações fornecedoras	Nº efectivo de explorações
Pais	149	19.57
Avôs	64	7.81
Bisavôs	33	4.06
Trisavôs	13	2.69
Tetravôs	5	1.67

Quadro 12. Troca de animais entre explorações

Classificação da exploração	Uso de machos do exterior	Uso de machos próprios	Venda de machos ao exterior	Nº de explorações	% de machos comprados
Seleccionador	N	S	S	0	0
Multiplicador	S	S	S	75	62.4
Multiplicador	S	N	S	35	100
Produtor comercial	S	S	N	20	78.6
Produtor comercial	S	N	N	87	100

Consequências da insularidade



Quadro 13. Dispersão por ilha dos filhos de touros com mais de 50 descendentes registados

	Nº descendentes por ilha							
Touro	Faial	Graciosa	Pico	Santa_Maria	Sao_Jorge	Sao_Miguel	Terceira	Total
PT093399932	84	0	18	0	69	21	106	298
PT995506959	28	0	24	0	169	7	45	273
PTO221207	29	0	16	0	99	7	21	172
PT093297721	26	0	6	0	41	0	74	147
PTO224102	24	0	8	0	43	3	48	126
PT095506925	36	0	6	0	31	5	37	115
PT30095251	1	0	0	0	45	2	47	95
PT714715708	87	0	0	0	0	0	0	87
PT593303408	0	0	0	0	0	0	73	73
PT695537971	0	0	1	0	70	0	0	71
PT515289711	0	0	0	0	0	0	68	68
PT095536922	0	0	49	0	18	0	0	67
PT493282459	0	0	0	0	0	0	56	56
PT895539998	0	0	0	0	6	0	45	51
PT793361780	0	50	0	0	0	0	0	50

Quadro 14. Valor médio e correspondente desvio padrão para a consanguinidade individual (F_i, %), grau de parentesco médio com a população total (a_{ij}, %) e número médio de gerações equivalentes (g_e), por ilha.

	Nº animais	F_i	a_{ij}	g_e
Faial	689	1.9 (5.3)	1.7 (1.4)	2.04 (1.06)
Graciosa	66	8.3 (1.2)	2.1 (0.8)	2.65 (0.92)
Pico	431	3.3 (7.9)	1.8 (1.1)	2.44 (0.92)
Santa Maria	88	0	0.1 (0.1)	0.06 (0.21)
São Jorge	3003	1.4 (4.8)	1.0 (1.0)	1.64 (1.11)
São Miguel	202	5.6 (9.9)	1.6 (1.0)	2.80 (1.01)
Terceira	1630	3.2 (6.2)	1.7 (1.4)	2.09 (1.30)

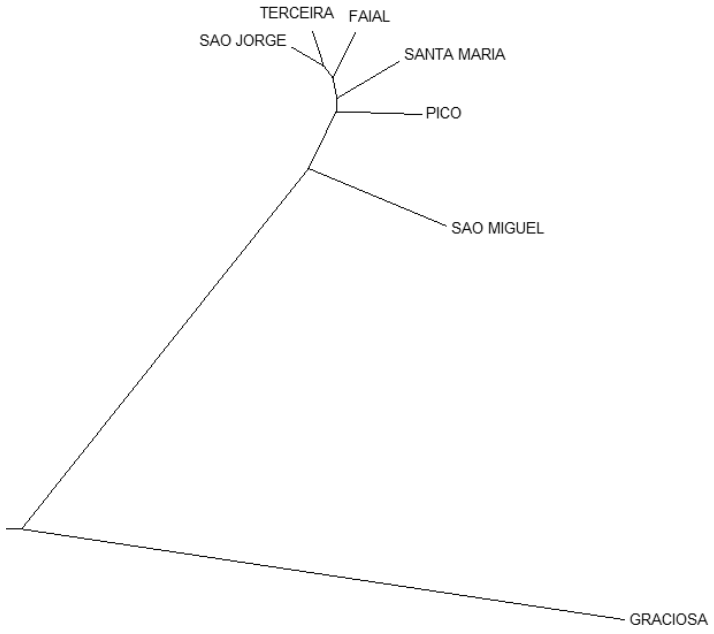
Quadro 15. Taxa de consanguinidade % anual por ilha

Ilha	ΔF/ano (%)
Faial	0.323 ± 0.074
Graciosa	1.538 ± 0.260
Pico	0.131 ± 0.102
Santa_Maria	0.000 ± 0
Sao_Jorge	0.282 ± 0.034
Sao_Miguel	0.187 ± 0.123
Terceira	0.470 ± 0.043

Quadro 16. Grau de parentesco (fij - coancestry) entre animais da mesma e de diferentes ilhas

	SAO_JORGE	TERCEIRA	FAIAL	SANTA_MARIA	PICO	GRACIOSA	SAO_MIGUEL
SAO_JORGE	0.004986						
TERCEIRA	0.005071	0.014836					
FAIAL	0.005491	0.009249	0.018470				
SANTA_MARIA	0.000002	0.000026	0	0.006295			
PICO	0.006639	0.009617	0.009992	0	0.024542		
GRACIOSA	0.005755	0.013287	0.014576	0	0.007402	0.160825	
SAO_MIGUEL	0.005201	0.009808	0.009755	0.000789	0.008006	0.013150	0.038862

Figura 22. Distância genética entre animais das diferentes ilhas, calculada com base na informação genealógica (Distância de Nei, UPGMA)



RESULTADOS

1. Distribuição e evolução dos registos

Na base de dados analisada, correspondente a registos de nascimentos ocorridos entre 1983 e 2013, existiam registos de genealogias de 6224 vitelo puros em 572 criadores. O número de reprodutores totais com descendência registada foi de 423 touros e 2020 vacas (Quadro 1). Estes valores apontam para um claro sobredimensionamento do censo de machos, que ultrapassa largamente as necessidades calculadas em função do número de fêmeas.

O número de vitelos puros registados aumentou progressivamente até 2008, e a partir desse ano apresentou uma quebra acentuada (Figura 1). Em contraste, o número de vitelos cruzados filhos de vacas Ramo Grande continuou a aumentar, superando actualmente o número de vitelos puros (Figura 1). Este padrão deve-se essencialmente a um uso mais pronunciado dos cruzamentos na ilha de São Jorge nos últimos anos (Figura 2), enquanto na Terceira tem sempre existido o predomínio da criação em raça pura. Contudo, há que salientar que se tem observado uma regressão extremamente preocupante do número de vitelos puros registados nos últimos 8 anos, sobretudo na Terceira e São Jorge, que poderão comprometer seriamente a renovação do efectivo a curto prazo.

A distribuição dos animais e explorações por ilha (Quadro 2, Figura 3) indica que cerca de metade dos vitelos são registados em São Jorge, ¼ na Terceira, estando os restantes ¼ dispersos pelo Pico, Faial e São Miguel, já que o número de vitelos registados em Santa Maria e Graciosa é negligenciável.

Anualmente nasce em cada exploração uma média de 2.60 ± 3.07 vitelos puros, havendo cerca de metade das explorações que produz apenas um vitelo puro por ano (Quadro 3).

2. Características reprodutivas

A distribuição dos partos ao longo do ano (Figura 4) mostra uma concentração clara nos meses de Março-Abril, e uma frequência mínima de partos nos meses de verão.

O número de vitelos registados por criador durante o período estudado (Figura 5) confirma a pequeníssima dimensão das explorações, com uma média global de vitelos registados por criador de 10.68±22.23, com cerca de metade dos efectivos produzindo apenas 1 ou 2 vitelos .

Os touros tiveram em média 10.85±26.15 descendentes registados (Quadro 5), observando-se uma acentuada maioria de touros com apenas 1 e 2 descendentes, e apenas 6 touros têm mais de 100 descendentes (Figura 6). Para as vacas, o número médio de vitelos puros registados foi de 2.59±1.93, com a maioria das vacas produzindo apenas um vitelo (Figura 7).

3. Idade dos reprodutores

A distribuição etária dos reprodutores (Figura 8) aponta para uma idade média mais baixa em cerca de 1.5 anos nos machos, sobretudo devido ao uso em maior escala de machos muito jovens (≤2 anos). Nas fêmeas a idade mais frequente foi de 3 anos, com uma redução ao longo do tempo mais gradual que nos machos, com uma idade média global das vacas de 5.5 anos.

A longevidade produtiva (Figura 9) corresponde à idade em que foi registado o último descendente, verificando-se uma longevidade média de cerca de 6 anos nas vacas e muito mais baixa nos touros.

Como resultado da estratégia de renovação do efectivo que foi seguida, o intervalo de gerações médio (idade média dos pais quando nasceram os filhos que viriam a substituí-los) foi de 4.7 anos (Quadro 4). Este intervalo foi mais curto nas vias correspondentes aos touros, o que traduz a sua utilização a uma idade mais jovem do que as vacas.

4. Informação genealógica

A percentagem de ascendentes conhecidos tem vindo a aumentar, com, respectivamente, 73.3 e 83.6% de pais e mães conhecidos e cerca de 1/3 dos bisavós conhecidos para o total de animais nascidos entre 1983 e 2013 (Figura 10). Para os animais nascidos mais recentemente (período 2011-2013) os pais são conhecidos para praticamente todos (97% de pais e 99% de mães conhecidos) e cerca de 273 dos bisavós são conhecidos (Figura 11).

Naturalmente, o grau de conhecimento das genealogias é progressivamente menor quanto mais distante o ascendente (Figura 12), mas o conhecimento de genealogias tem vindo a ser cada vez mais completo, com um número médio de gerações conhecidas de 0.6 para os animais nascidos em 2000 e 3.5 para os nascidos em 2013 (Figura 13).

5. Formas de acasalamento

Cerca de 8% dos vitelos nascidos resultaram de acasalamentos entre indivíduos fortemente aparentados (Quadro 5), sendo de destacar a ocorrência de cerca de 3% de acasalamentos pai-filha. (ou mãe-filho).

6. Consanguinidade e parentesco

A consanguinidade média na população total foi de 2.2%, havendo cerca de 19% de animais consanguíneos, em que a consanguinidade média era de 11.5% (Quadro 6). A distribuição da consanguinidade individual nos indivíduos consanguíneos (Figura 14) indica que ela resulta fundamentalmente de acasalamentos entre meio-irmãos e avô-neta (F=12.5%) ou entre irmãos plenos e pai-filha (F=25%). Existiram, contudo, alguns casos de consanguinidade individual superior a 40%, o que é verdadeiramente preocupante. Na população de referência (vitelos nascidos em 2011-2013) a ocorrência de níveis de consanguinidade muito elevados já não é tão comum (Figura 15), o que leva a crer que os casos de consanguinidade mais descontrolada terão ocorrido no passado.

Cerca de 40% das explorações tinham uma consanguinidade média inferior a 2% (Figura 16), mas 45% metade tem uma consanguinidade igual ou superior a 6%, havendo mesmo 5 explorações com F médio superior a 20%, o que parece absurdo!

O grau de parentesco entre um grupo de indivíduos permite conhecer a consanguinidade resultante do seu acasalamento, se o mesmo for aleatório, já que neste caso a consanguinidade média será metade do grau de parentesco médio. No caso da raça bovina Ramo Grande o parentesco médio global na população total foi de cerca de 1.85% (Quadro 6), e na população de referência de 2.12% (Quadro 7). Quando se considera o parentesco médio entre animais da mesma e de explorações diferentes o panorama é totalmente diferente (Quadro 8). Assim, enquanto o parentesco médio entre animais de explorações diferentes foi inferior a 1%, o parentesco médio entre animais da mesma exploração era de 36%. Quer isto dizer que, se os acasalamentos das explorações fossem aleatórios, a consanguinidade média dos vitelos seria de cerca de 18% !!! Há, claramente, que tomar medidas que promovam a troca de animais entre explorações para reduzir este elevadíssimo grau de parentesco.

A consanguinidade média tem vindo a aumentar ao longo dos anos (Figura 17), de tal forma que a taxa de consanguinidade anual foi de 0.36% (Quadro 6). Isto significa que em cada 3 anos a consanguinidade média na raça Ramo Grande está a aumentar cerca de 1% (Figura 17). Também a proporção de animais consanguíneos aumentou ao longo dos anos (Figura 18), de tal maneira que nos animais nascidos em 2011-2013 cerca de 41% são consanguíneos (Quadro 7). Igualmente o parentesco médio global na população tem vindo a aumentar, ainda que de forma mais moderada (Figura 19).

A partir da taxa de consanguinidade anual e do intervalo de gerações, é possível calcular a taxa de consanguinidade por geração e, a partir desta, o chamado "Tamanho efectivo da população" (Ne). Este Ne corresponde ao número de reprodutores que resultaria na perda de diversidade genética que está a ser observada, se esses reprodutores fossem utilizados de forma "ideal" (igual número de machos e fêmeas, uniformidade no tamanho das famílias, ausência de selecção, etc.). Em termos genéricos, a FAO recomenda um Ne mínimo de 50 em qualquer população de animais domésticos, para evitar perdas adicionais de diversidade genética.

No caso da raça Ramo Grande, o tamanho efectivo da população é de 30 (Quadro 6), o que corresponde a um pouco mais de metade do valor mínimo recomendado pela FAO e traduz um sério risco de perda de diversidade genética como resultado da consanguinidade acumulada.

A evolução da consanguinidade e o tamanho efectivo da população estimados de outra forma (Quadro 7) resultaram, ainda assim, numa estimativa de Ne que foi muito semelhante (Ne= 27), o que confirma o estrangulamento que existe nesta raça.

7. Contributo de fundadores e ascendentes para a população actual

A população Ramo Grande analisada (6224 animais nascidos entre 1993 e 2013) resulta da contribuição genética potencial de 1347 fundadores (indivíduos sem pais conhecidos) e 937 ascendentes (indivíduos fundadores ou não que têm contribuição genética para a população), como indicado no Quadro 6.

Na população de referência (1057 animais nascidos em 2011-2013), o número de fundadores e ascendentes representados é de apenas 534 e 517, respectivamente. Estes resultados indicam que os afunilamentos no pedigree levaram a que o contributo genético de cerca de 60% dos fundadores se tenha perdido no desde 1993 até ao presente.

O número total de fundadores e ascendentes contribuindo para a população poderá induzir em erro, já que o contributo de cada fundador ou ascendente pode ser muito diferente. Por exemplo, na população de referência, 50% do património genético é justificado pela contribuição de apenas 32 fundadores e 19 ascendentes (Figura 20). Este resultado indica que cerca de 2% dos fundadores e ascendentes contribuem com cerca de metade do património genético da raça Ramo Grande.

Concretamente, os 10 ascendentes com uma maior contribuição para a população de referência encontram-se listados no Quadro 9, e são animais oriundos de efectivos sobretudo da Ilha Terceira, mas também de São Jorge e do Faial. O animal com um contributo mais importante é um macho nascido em 2000 no criador 27, que por si só contribui com cerca de 10% do património genético da raça Ramo Grande (Quadro 9).

O número efectivo de fundadores (ou ascendentes) corresponde ao número de fundadores (ou ascendentes) que daria origem à diversidade genética observada se todos tivessem a mesma contribuição genética para a população. Neste caso, o número efectivo de fundadores e ascendentes contribuindo para a população de referência é de 84 e 40,

respectivamente (Quadro 7), o que representa valores que são aceitáveis do ponto de vista da conservação da diversidade genética.

8. Influência das principais explorações

Do total de 572 explorações existentes na raça Ramo Grande, apenas 253 são explorações fundadoras (Quadro 6), e dessas há 185 explorações que contribuem para o património genético da população actual. Cerca de 50% do património genético da raça é justificado pelo contributo de 7 explorações fundadoras (Figura 21).

O criador 27, de Angra do Heroísmo, foi de longe o efectivo com maior influência, com uma contribuição para o património genético da raça bovina Ramo Grande de quase 24% (Quadro 10). Seguem-se os criadores 114 da Terceira (7.6%), 57 de São Jorge (6.6%), 116 da Terceira (5.4%) e 74 de São Jorge. Estes números reflectem, naturalmente, não só a dimensão destes efectivos, mas também a importância que tiveram em difundir o património genético dos seus animais pela raça como um todo.

Na população de referência, se todas as explorações fundadoras tivessem igual contributo, 13 explorações seriam suficientes para justificar a diversidade genética observada (Quadro 7).

Das 572 explorações existentes, apenas 26% e 11% forneceram machos que têm, respectivamente, netos e bisnetos representados na população actual (Quadro 11). Este resultado reforça a ideia de que um reduzido número de explorações tem um impacto acentuado no património genético da raça Ramo Grande.

Do total de explorações existentes, cerca de metade produzem machos que são utilizados também por outras explorações, e há cerca de 40% de explorações que só usam machos do exterior.

9. Consequências da insularidade

O facto de o Ramo Grande ser criado em sete das nove ilhas dos Açores acarreta algumas particularidades na gestão da sua diversidade genética, sobretudo como consequência do relativo isolamento genético que pode esperar-se que ocorra entre ilhas. Nestas circunstâncias, é de crer que as relações de parentesco (e consequentemente a consanguinidade) sejam mais elevadas entre animais da mesma ilha, e reduzidas entre animais de diferentes ilhas. No entanto, estratégias como a inseminação artificial com touros comuns ou a troca de animais entre ilhas poderão ajudar a superar o distanciamento resultante das barreiras geográficas.

No Quadro 13 encontra-se a listagem de touros com mais de 50 descendentes registados, e o número de filhos que têm em cada ilha. Globalmente, duas ilhas destacam-se como mais diferenciadas das restantes:

- Santa Maria, que não tem registado qualquer filho dos touros usados mais intensamente, e que portanto se afasta das restantes ilhas.

- Graciosa, que tem apenas um touro com maior número de descendentes, mas que se encontram todos apenas nesta ilha, não havendo dispersão por qualquer das restantes ilhas. Também aqui o isolamento das restantes ilhas é claro.

Há, por outro lado, um grupo de cerca de 7 touros que têm descendentes espalhados pelas restantes 5 ilhas, e que promovem assim uma maior ligação genética entre ilhas, que se contrapõe ao processo dispersivo que ocorreria de outra forma.

Os valores médios por ilha para a consanguinidade individual, grau de parentesco médio com a população total e número médio de gerações equivalentes encontra-se no Quadro 13.

Desde logo, Santa Maria surge muito diferente, com um reduzido número de animais, que têm consanguinidade nula, estão muito pouco relacionados com a raça como um todo e têm informação genealógica muito reduzida. Nas restantes ilhas, deve ressaltar-se a elevada consanguinidade média dos animais da Graciosa e, em menor escala, de São Miguel.

A evolução da consanguinidade por ilha (Quadro 15), apresenta níveis verdadeiramente preocupantes nos animais da Graciosa, estando mais controlada nas outras ilhas.

O grau de parentesco entre ilhas (Quadro 16) permitiu estimar as distâncias genéticas entre animais de diferentes ilhas, estabelecidas com base na informação genealógica. Estas distâncias foram usadas para construir uma árvore de distâncias genéticas entre ilhas (distância de Nei, método UPGMA), que se apresenta na Figura 22. Claramente os animais da Graciosa distanciam-se dos das restantes ilhas, em boa parte devido à consanguinidade que apresentam. Em muito menor escala, o mesmo acontece com os animais de São Miguel, que têm também níveis de consanguinidade intermédia e se distanciam na árvore das restantes raças.

CONCLUSÕES

- Efectivo de dimensão adequada, mas muito disperso por pequenas explorações
- Cerca de metade do efectivo mantido em São Jorge
- Regressão do número de vitelos puros registados nos últimos 5 anos pode ameaçar a continuidade da raça
- Grau de preenchimento das genealogias aceitável
- Necessidade de fazer uma filtragem (ferramentas moleculares, apreciação visual, etc.) para excluir de futuras inscrições no RZ os animais que manifestem influência de raças exóticas
- Algum afunilamento nos pedigrees, com um único ascendente a contribuir com 10% do património genético da raça
- Influência muito destacada de uma única exploração fundadora
- Elevado parentesco médio entre animais da mesma exploração, e em alguns casos da mesma ilha (sobretudo Graciosa)
- Algumas explorações com níveis de consanguinidade elevadíssimos (>20%)
- Taxa de consanguinidade gera alguma preocupação, condicionada por:
    - Elevado parentesco intra-exploração
    - Nº elevado de acasalamentos entre animais com parentesco próximo
    - Situação só não é pior pelo elevado número de touros jovens utilizados
- Tamanho efectivo da população baixo (metade do recomendado pela FAO)
- Necessidade de minimizar a evolução da consanguinidade por:
    - Controle mais rigoroso dos acasalamentos
    - Rotação de animais entre explorações