Raça Bovina Ramo Grande

Caracterização Genética por Análise Demográfica

Maio 2018

Faculdade de Medicina Veterinária - Universidade de Lisboa

Avenida da Universidade Técnica
1300-477 Lisboa

Raça Bovina Ramo Grande

Caracterização Genética por Análise Demográfica



Este relatório foi elaborado por solicitação da DRA, ao abrigo da colaboração estabelecida com a FMV-UL, e visa dar cumprimento aos objectivos previstos no Programa de Conservação e Melhoramento da Raça Ramo Grande

Autoria

Prof. Luís Telo da Gama (FMV/UL)

Colaboração

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

Raça Bovina Ramo Grande – Sumário

Resultados médios globais

Demografia

- 2729 vacas, 603 touros e 8569 vitelos registados desde a implementação do RZ.
- Censo relativamente estável nos últimos anos
- Cerca de metade das vacas são presentemente utilizadas em cruzamento
- 646 explorações com animais registados, sobretudo em São Jorge
- Média de 13.6 vitelos puros registados/exploração desde o início do RZ
- Metade das explorações produz apenas um vitelo puro por ano
- Partos sobretudo em Março-Abril

Informação genealógica

- 12 vitelos registados/touro
- 2.9 vitelos registados/vaca
- Intervalo de gerações: 4.85 anos
- Animais nascidos em 2016-2018:
    - Média de 4.15 gerações completas conhecidas
    - Cerca de 2/3 dos animais têm 4 gerações conhecidas (trisavós)

Consanguinidade e parentesco

- 10% de acasalamentos altamente consanguíneos
- Taxa de consanguinidade: 0.38%/ano
- Parentesco médio intra-exploração: 23%
- Animais nascidos em 2016-18:
    - 70% são consanguíneos
    - Consanguinidade média: 6.7%

Estrutura racial

- Tamanho efectivo da população: 23
- Contribuições genéticas
    - Nº efectivo de ascendentes: 35
    - Nº efectivo de explorações: 12
- Exploração com contribuição genética mais destacada:
    - António Rodrigues Nunes – Angra do Heroísmo (26.1%)
- Animais de S. Jorge 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 e se adaptaram às condições específicas dos Açores. 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 8/3/2018.

Os dados iniciais consistiam em registos de nascimentos de 15912 animais filhos de vacas Ramo Grande. A informação correspondente a cada animal incluiu:

- animal
- pai
- mãe
- data de nascimento
- criador de origem
- grupo genético (puro ou cruzado)
- 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 2016-2018.

III. RESULTADOS

1. Número de animais registados

Quadro 1. Principais indicadores demográficos

Indicador	
Nº total de animais a base de dados (puros e cruzados)	15912
Nº vitelos puros registados	8569
Nº touros	603
Nº vacas	2729
Nº explorações	646

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

Ilha	*Explorações*	*Vitelos puros*	*Vitelos cruzados*
Faial	103	1238	781
Graciosa	6	149	81
Pico	85	791	1065
Sta. Maria	55	41	37
S. Jorge	445	4326	4145
S. Miguel	35	307	171
Terceira	183	1700	657
Continente	16	1	39

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

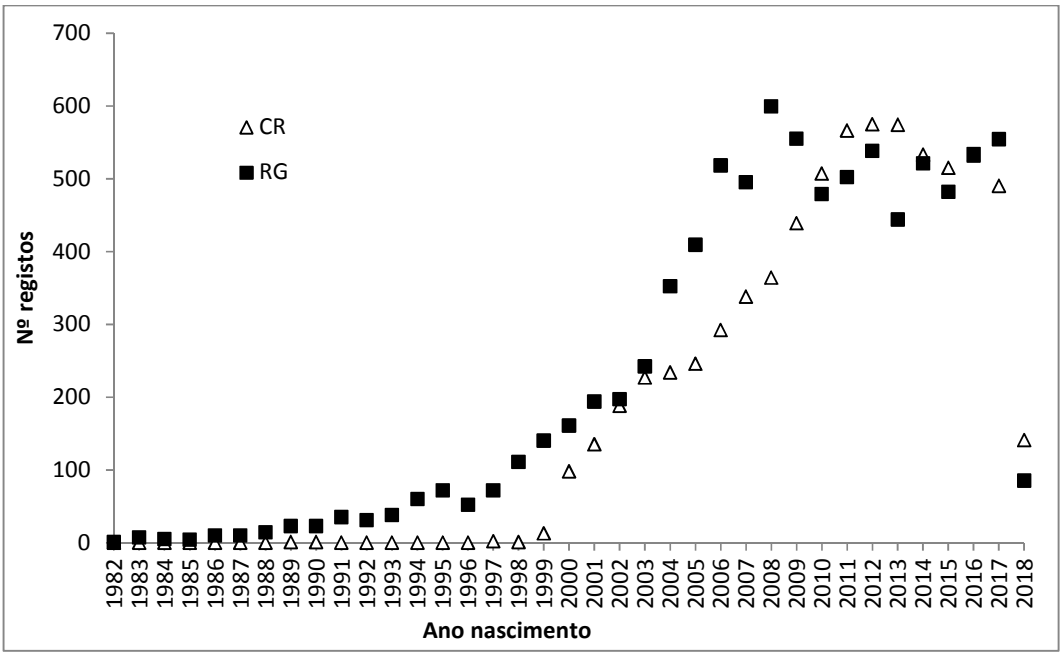


Figura 2. Evolução do número de registos de animais puros (RG) e cruzados (CR) nas diferentes ilhas.

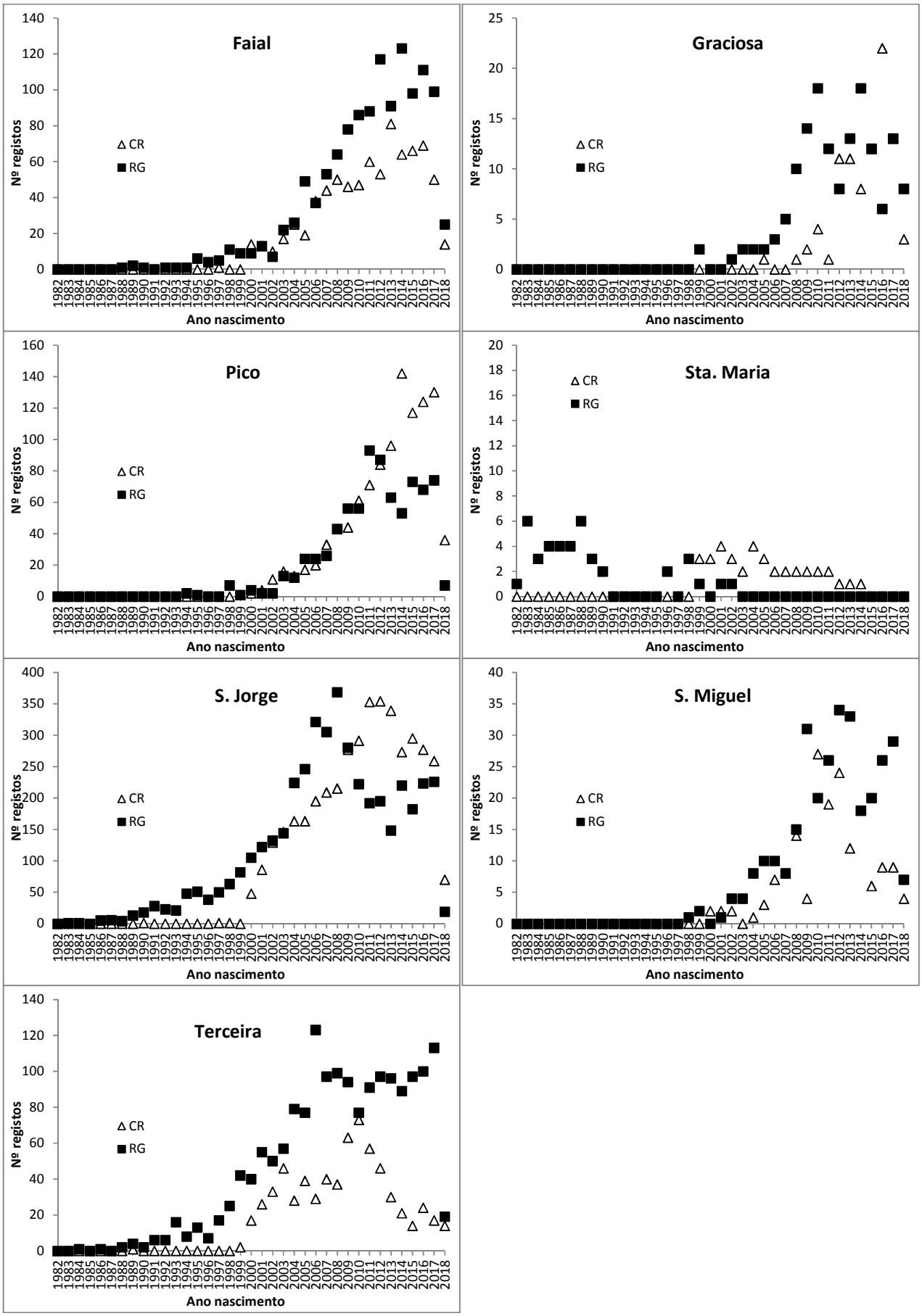
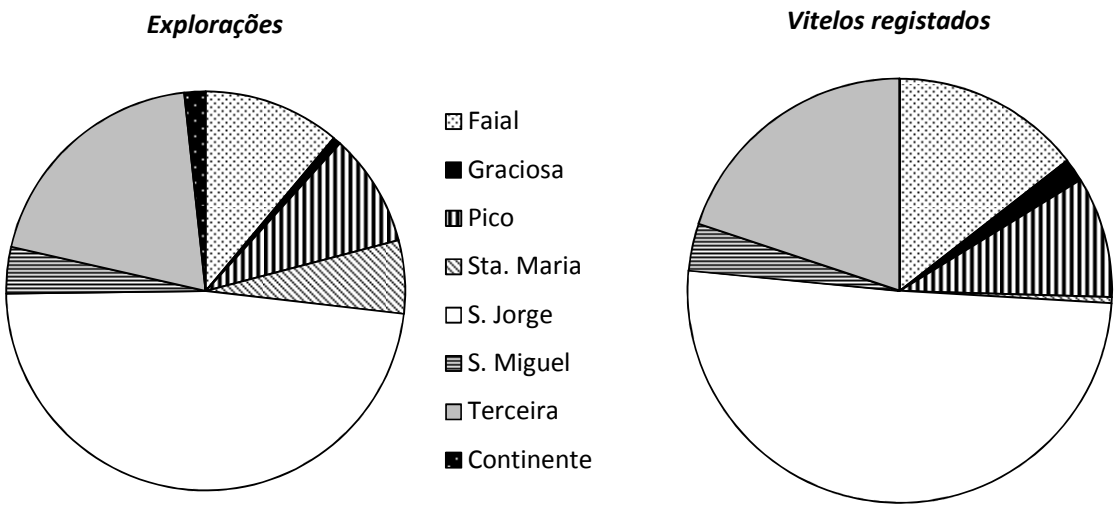


Figura 3. Distribuição do número de explorações e de vitelos registados por ilha



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

Nº vitelos nascidos por exploração-ano	Nº explorações-ano	% das explorações-ano
1	1330	47
2	552	20
3	254	9
4	175	6
5	119	4
6	99	4
7	58	2
8	44	2
9	24	1
10-14	77	3
15-19	37	1
=>20	34	1

Figura 4. Frequência de nascimentos de vitelos puros ao longo do ano

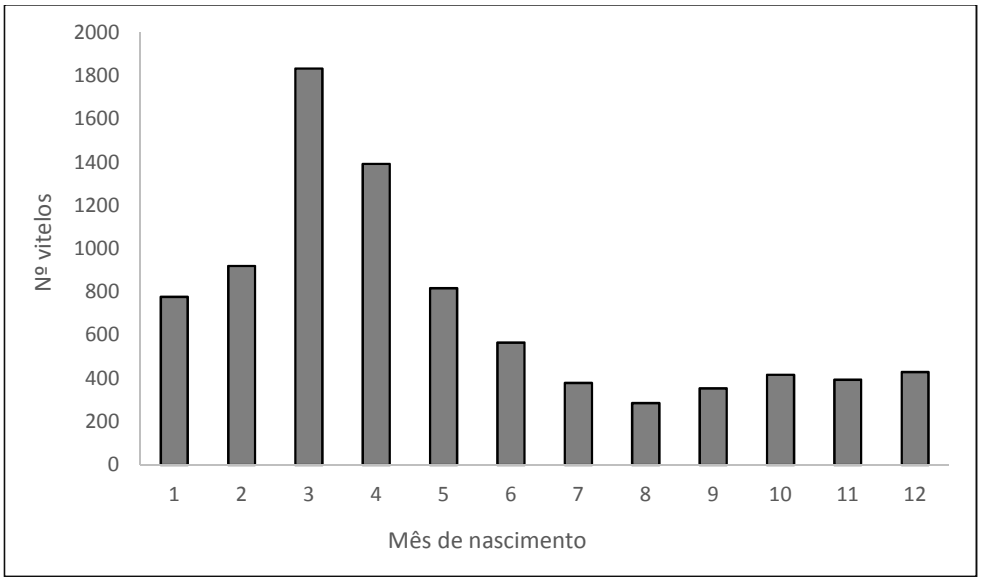


Figura 5. Nº vitelos puros registados por exploração

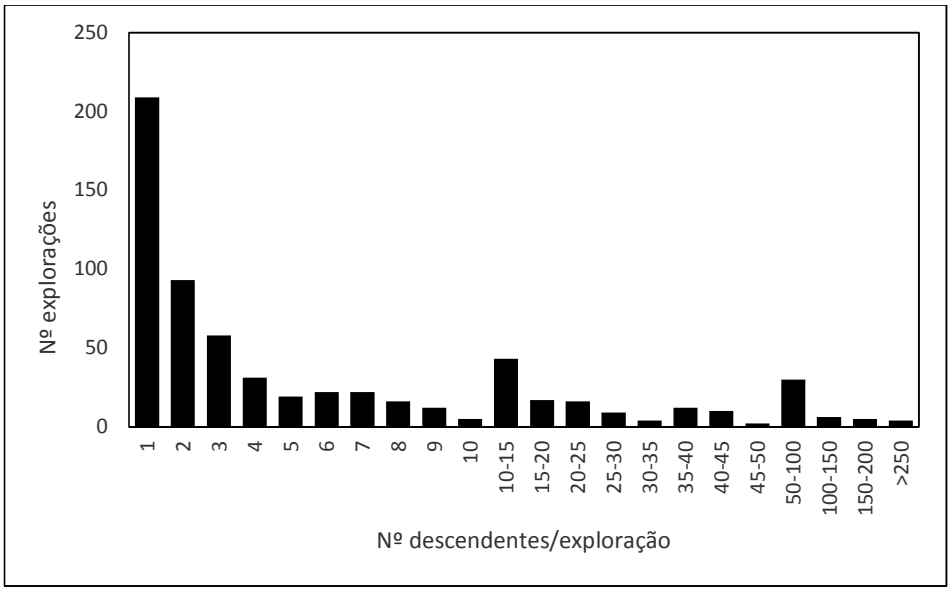


Figura 6. Nº descendentes registados por touro

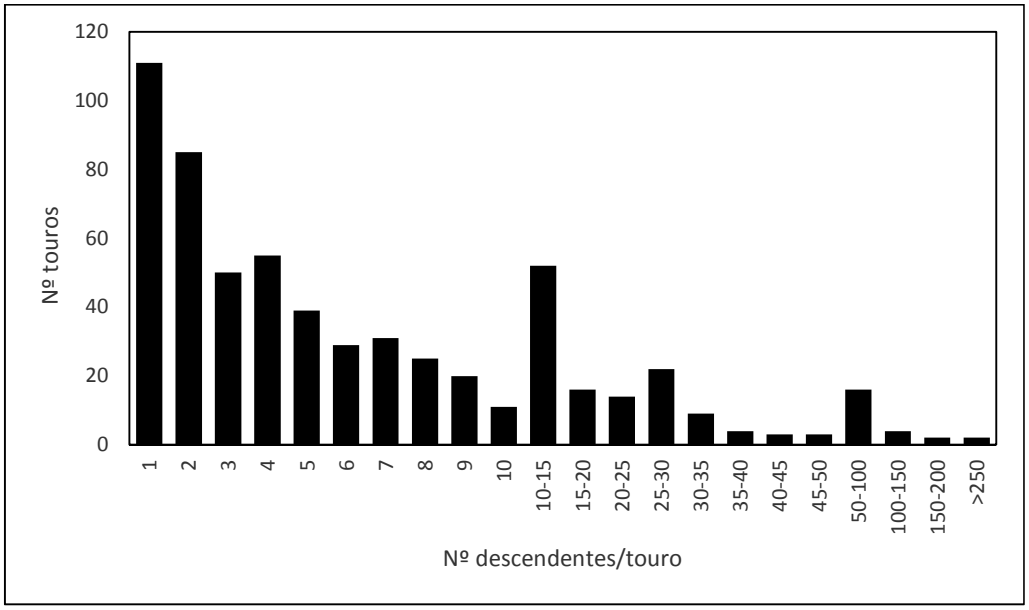


Figura 7. Nº descendentes registados por vaca

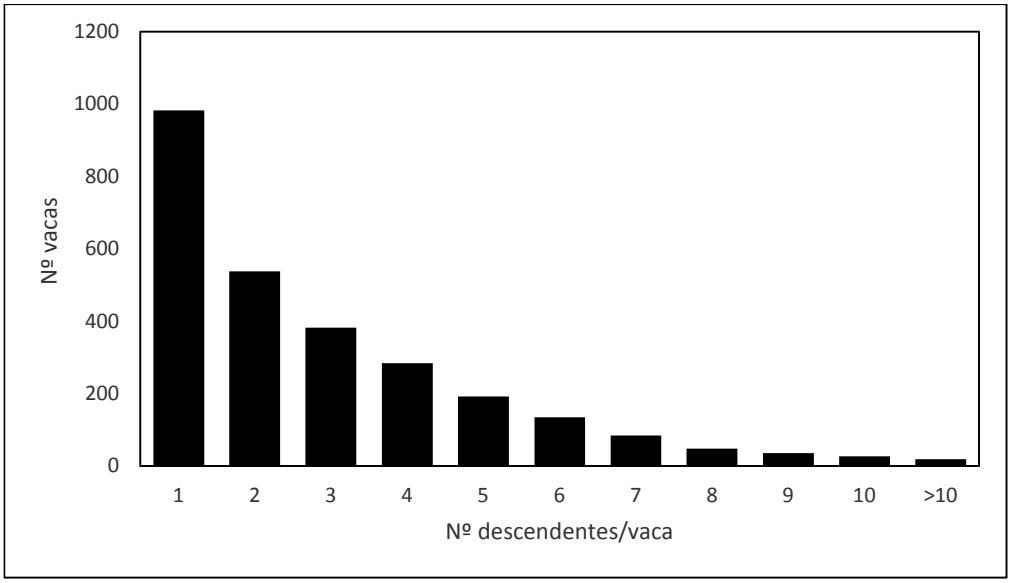
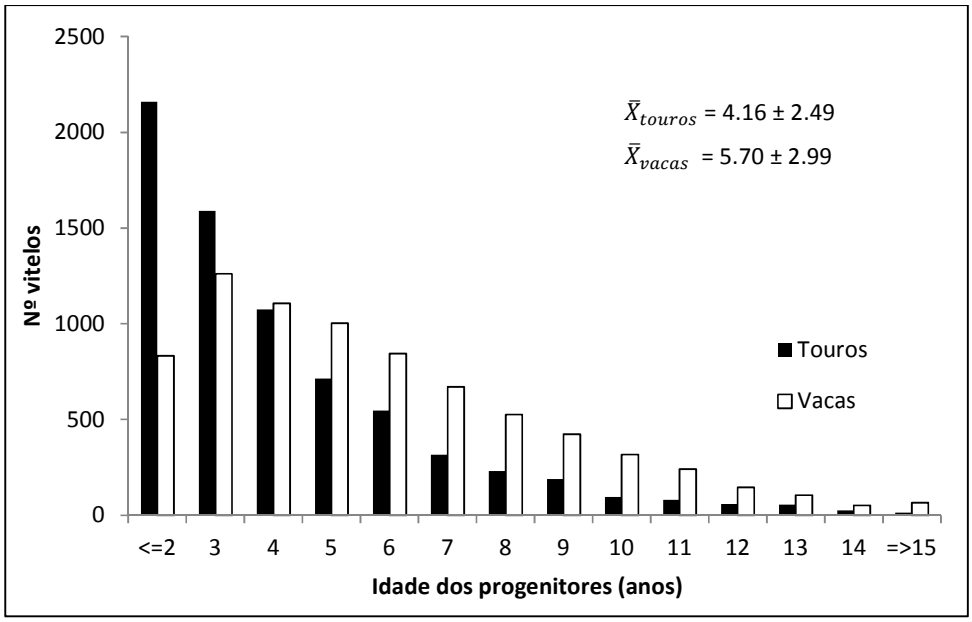


Figura 8. Distribuição etária dos progenitores



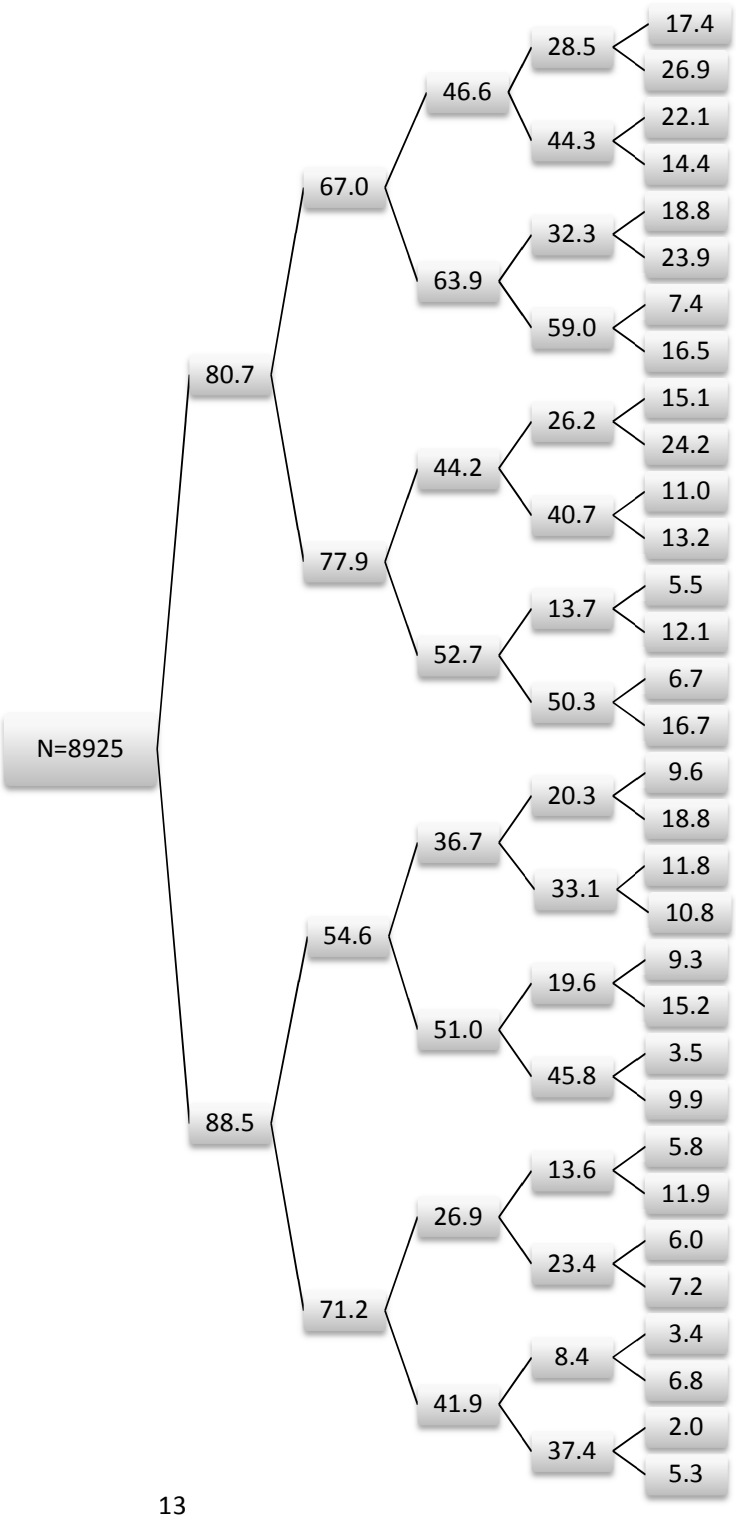
Quadro 4. Intervalo de gerações (população total)

Tipo	N	Média	d.p.
Pai-filho	461	4.28	2.74
Pai-filha	1685	3.99	2.39
Mãe-filho	532	5.66	2.85
Mãe-filha	1922	5.52	2.80
Média global	**4600**	**4.85**	**2.76**

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)

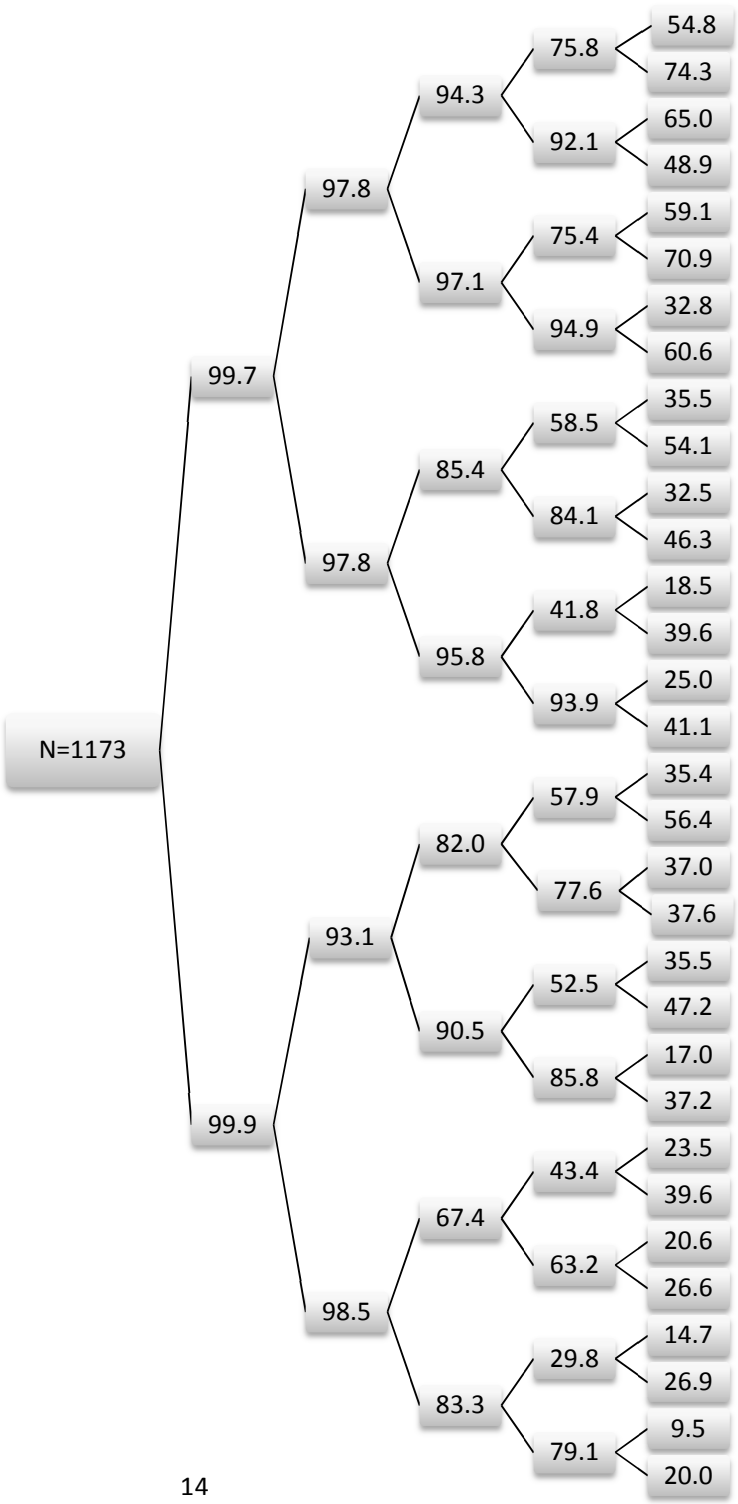


Figura 12. Percentagem de animais consoante o número de gerações conhecido (pop. referência).

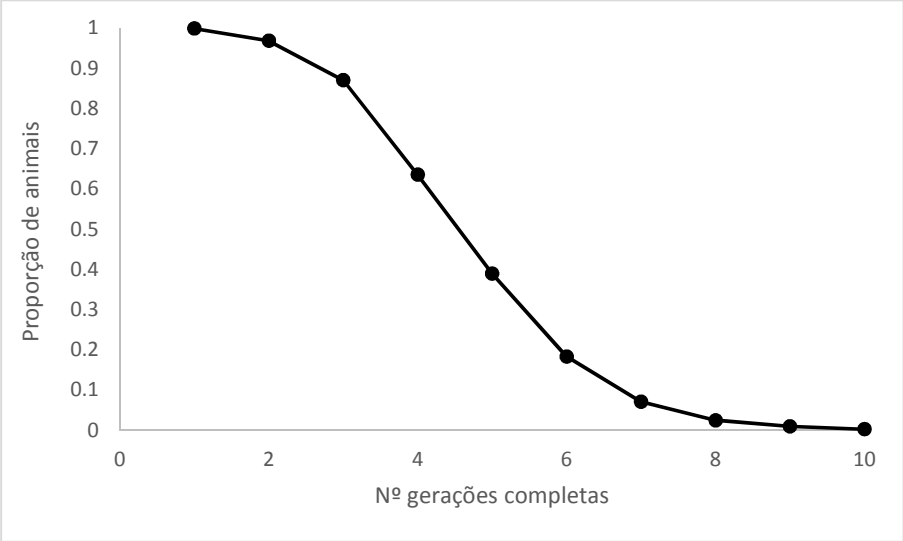
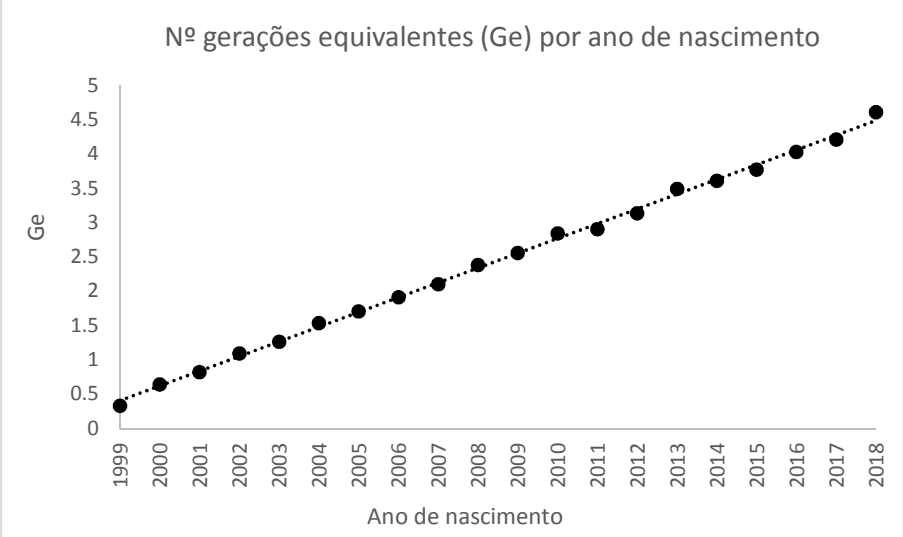


Figura 13. Número médio de gerações equivalentes por ano de nascimento



Quadro 5. Acasalamentos consanguíneos

Vitelos resultantes de acasalamento entre:	n	% total
Irmãos plenos	22	0.25
Meio-irmãos	560	6.27
Pai - filha	332	3.72
TOTAL	914	10.24

Quadro 6. Ramo Grande – Indicadores demográficos

POPULAÇÃO TOTAL

Indicador	
Nº total de animais (puros e cruzados)	15912
Nº vitelos registados	8925
Nº pais	603
Nº mães	2728
Nº explorações	645
Nº vitelos puros/touro	11.95 ± 30.12
Nº vitelos puros/vaca	2.89 ± 2.20
Nº vitelos puros/exploração	13.61 ± 32.67
Nº equivalente gerações completas	2.43 ± 1.44
Consanguinidade média (%)	3.21 ± 6.85
Animais consanguíneos (%)	32.04
Consanguinidade média dos animais consanguíneos (%)	10.40 ± 8.79
Valor máximo do coef. consanguinidade (%)	43.75
Parentesco médio (%)	1.95 ± 1.65
Taxa de consanguinidade anual (%)	0.384 ± 0.016
Taxa de consanguinidade por geração (%)	1. 862
Tamanho efectivo da população (Ne)	26.85
Número de fundadores	1794
Número de ascendentes	986
Número de explorações fundadoras	293
Número de fundadores explicando 50% da diversidade genética	85
Número de ascendentes explicando 50% da diversidade genética	31
Número de explorações explicando 50% da diversidade genética	7
Índice de conservação genética (GCI)	2.96 ± 1.43

Quadro 7. Ramo Grande – Indicadores demográficos

POPULAÇÃO DE REFERÊNCIA

Indicador	
Nº animais na população de referência[a]	1173
Nº equivalente gerações completas	4.15 ± 0.88
Consanguinidade média (%)	6.74 ± 8.57
Animais consanguíneos (%)	70.1
Consanguinidade média dos animais consanguíneos (%)	9.60 ± 8.79
Valor máximo do coef. consanguinidade (%)	42.8
Parentesco médio (%)	2.93 ± 1.42
Tamanho efectivo da população (Ne)[b]	22.8
Nº fundadores representados	637
Nº ascendentes representados	458
Nº explorações fundadoras representadas	187
Número de fundadores explicando 50% da diversidade genética	27
Número de ascendentes explicando 50% da diversidade genética	16
Número de explorações explicando 50% da diversidade genética	5
Nº efectivo de fundadores (f_e)	79
Nº efectivo de ascendentes (f_a)	35
Nº efectivo de explorações	11.6
Rácio f_e/f_a	2.26
Nº efectivo de genomas fundadores (f_g)	51.5
Rácio f_e/f_g	1.53
Índice conservação genética (GCI)	4.27 ± 1.34

[a] Vitelos puros nascidos no período 2016-2018

[b] Calculado a partir da taxa individual de consanguinidade

Consanguinidade e parentesco

Figura 14. Distribuição da consanguinidade individual (F%) nos animais consanguíneos na população total (n=2747)

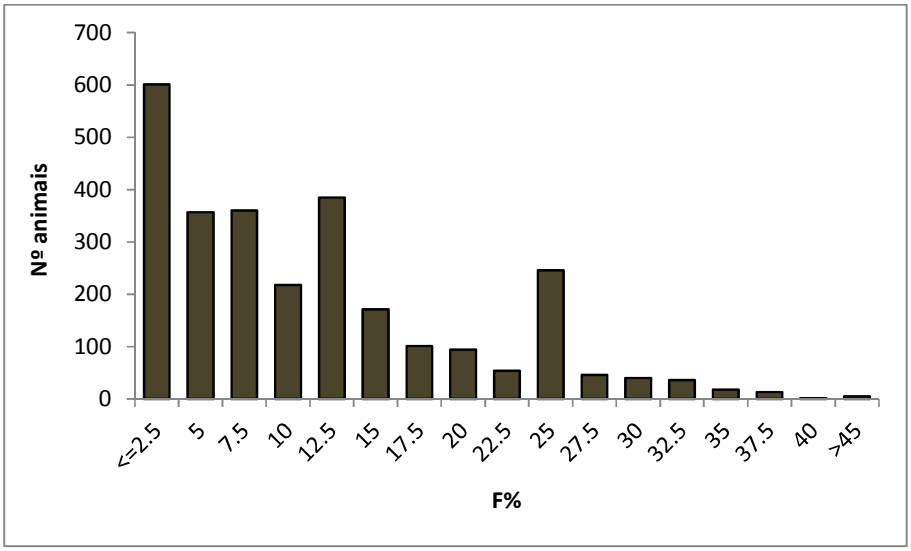


Figura 15. Distribuição da consanguinidade individual (F%) nos animais consanguíneos na população de referência (animais nascidos em 2016-2018, n=823)

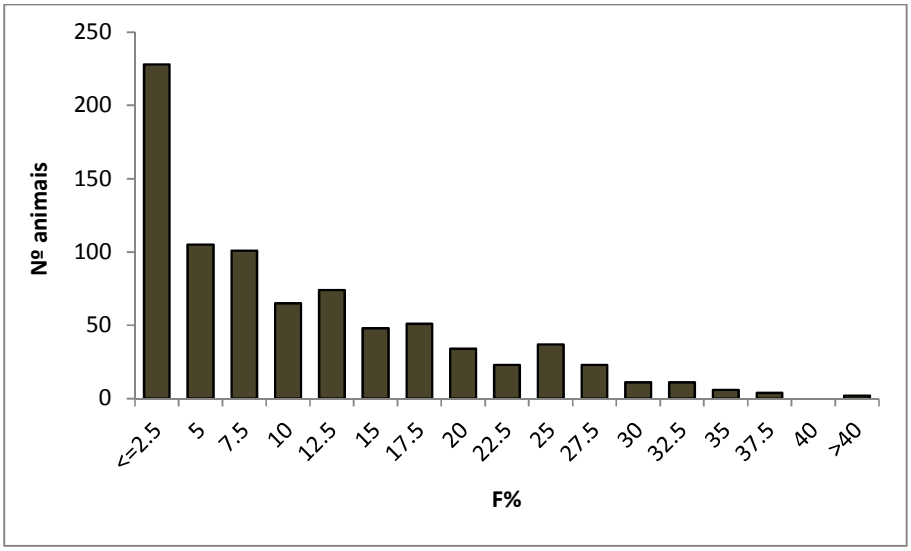
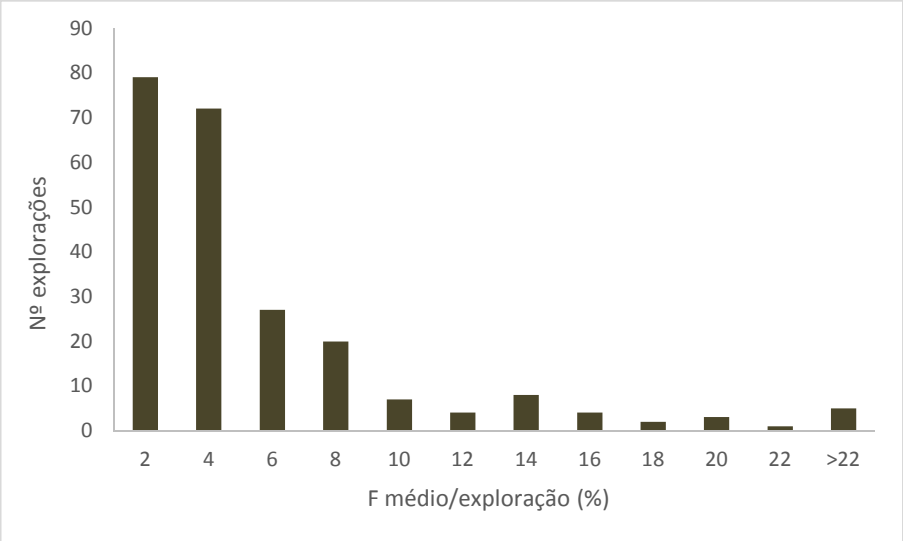


Figura 16. Distribuição da consanguinidade média por exploração



Parentesco global

Quadro 8. Parentesco entre e dentro de explorações

Tipo de Parentesco (a_{ij})	Parentesco médio (%)
Entre todas as explorações	1.68 ± 2.94
Animais de explorações diferentes	1.51 ± 2.09
Animais da mesma exploração	22.70 ± 10.25

Evolução no tempo

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

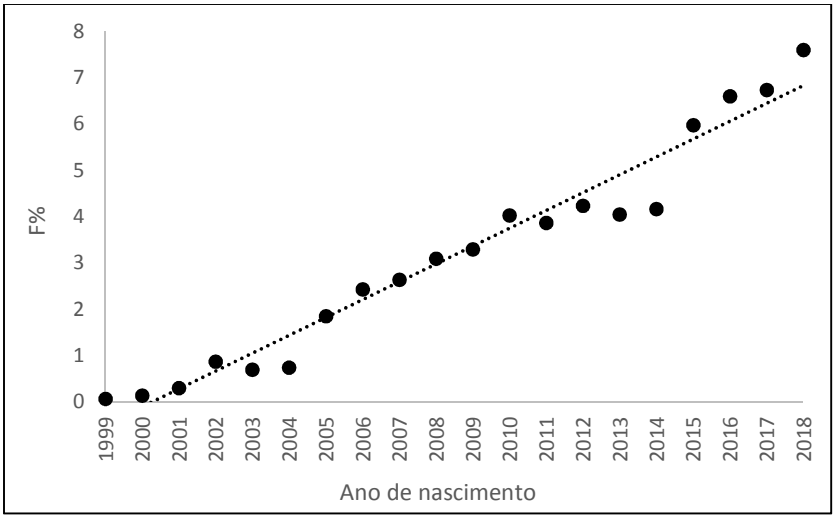


Figura 18. Percentagem de animais consanguíneos por ano de nascimento

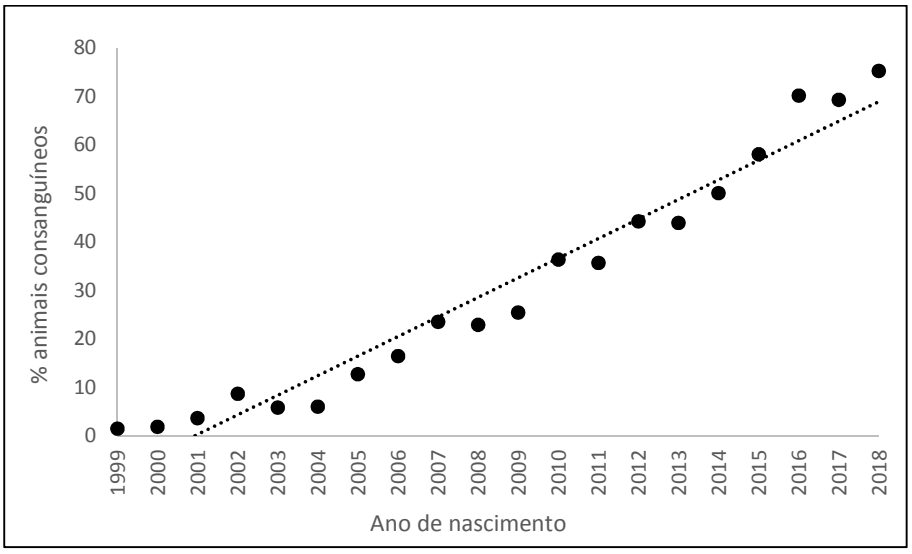
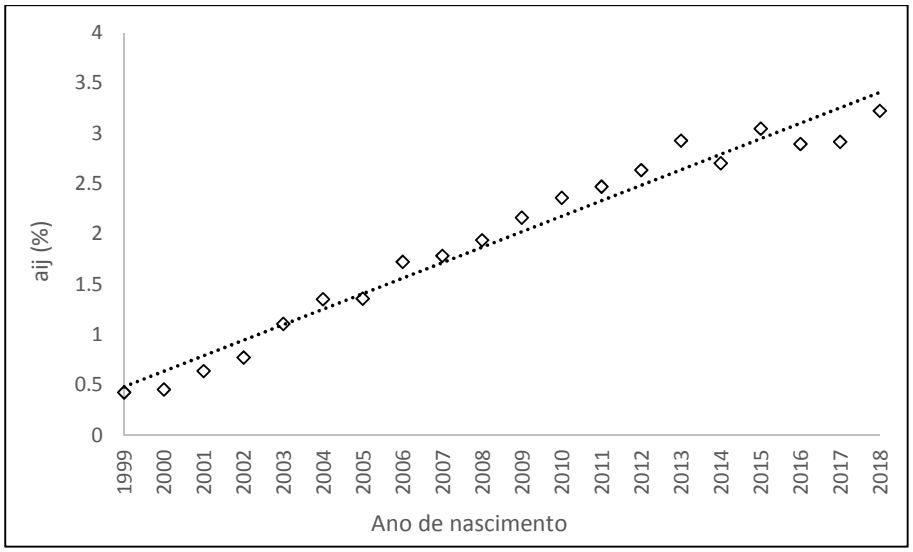
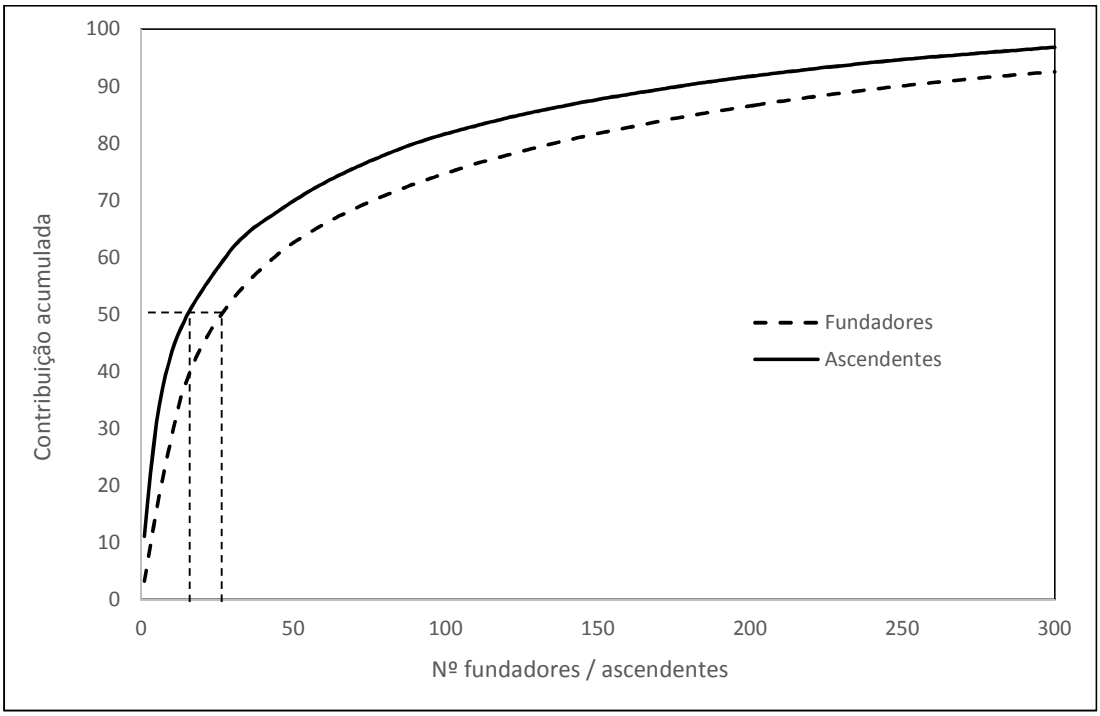


Figura 19. Parentesco médio global (aij%) por ano de nascimento



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 (15 ascendentes e 26 fundadores contribuem com 50% do património genético).

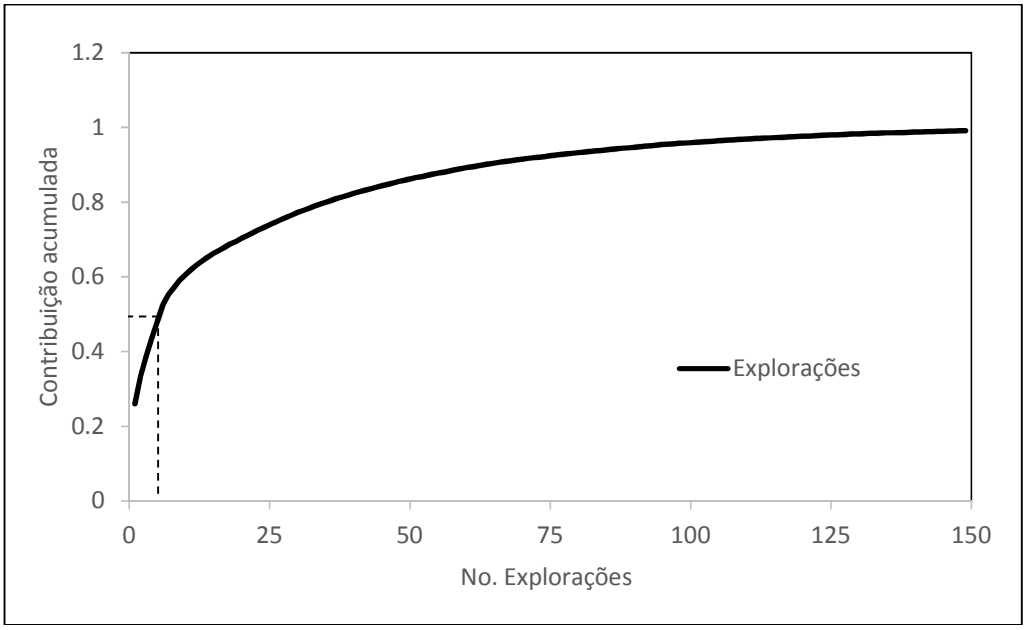


Quadro 9. Lista dos principais 10 ascendentes com maior contributo para o património genético da raça Ramo Grande (pop. referência)

SIA	Nome	Nome do Criador	Contributo (%)
PT093399932	CONTRATE 06	António Rodrigues Nunes	11.1
PTO224102	AMANTE II 01	José Valdemiro Rocha Ferreira	5.9
PT093297721	CHIBANTE 01	António Rodrigues Nunes	5.1
PT30095251	AMANTE TER 96	António Rodrigues Nunes	4.6
PTO221207	ATCHIM 01	José Isaac Mendes Ávila	4.4
PTO218582	CONTRATE II	António Rodrigues Nunes	3.1
PT114717101	10/0192	José Natalino Pereira da Cunha	2.9
PT270033302	LARANJA	Jorge Flores Salvador	2.3
PT515289711	AÇOR	Jorge Miguel Costa Nunes	2.1
PT095506925	AMADO SJ	Jorge Flores Salvador	2.0

Contributo de explorações fundadoras para a população actual

Figura 21. Contribuição genética acumulada para a população de referência de cada uma das principais explorações. (5 explorações contribuem com 50% do património genético)



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

Criador Nº	Nome	Ilha	Contributo (%)
27	António Rodrigues Nunes	Terceira	26.1
114	José Valdemiro Rocha Ferreira	Terceira	7.3
57	Jorge Flores Salvador	S. Jorge	5.2
325	Maria Teresa Goulart da Silva Garcia	Faial	5.0
116	José Isaac Mendes Ávila	Terceira	4.6
74	Hélio Manuel Brasil	Terceira	4.3
411	Jorge Miguel Costa Nunes	Terceira	2.8
161	Serafim Brasil	S. Jorge	2.0
239	Álvaro Bettencourt Amarante	S. Jorge	1.8
181	Ana Bettencourt Silveira	S. Jorge	1.5

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	87	65.9
Multiplicador	S	N	S	52	100
Produtor comercial	S	S	N	28	75.7
Produtor comercial	S	N	N	84	100

Consequências da insularidade



Quadro 13. Dispersão por ilha dos filhos dos 10 touros com maior número de descendentes registados

	Nº descendentes/ilha						
Touro	**FAI**	**GRA**	**PIC**	**SJO**	**SMI**	**TER**	**Total**
PT093399932	124	0	31	111	32	145	443
PT995506959	48	1	32	223	9	63	376
PTO221207	29	0	16	100	7	20	172
PT816192160	165	0	0	0	0	0	165
PT093297721	28	0	6	42	0	72	148
PT095536922	0	0	129	19	0	0	148
PTO224102	25	0	8	46	4	49	132
PT095506925	39	0	7	53	5	16	120
PT30095251	1	0	0	46	2	49	98
PT714715708	89	0	0	0	0	0	89

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
FAI	1254	3.2 (6.3)	2.6 (1.7)	2.7 (1.2)
GRA	149	6.5 (10.9)	2.9 (0.9)	3.4 (1.0)
PIC	794	4.1 (8.2)	2.3 (1.3)	2.9 (1.0)
SJO	4379	2.1 (5.6)	1.4 (1.3)	2.1 (1.4)
SMI	307	6.8 (9.9)	2.4 (1.4)	3.5 (1.2)
TER	1804	5.0 (7.7)	2.8 (1.9)	2.8 (1.6)

Quadro 15. Taxa de consanguinidade % anual por ilha

Ilha	ΔF/ano (%)
Faial	0.430 ± 0.042
Graciosa	-0.189 ± 0.227
Pico	0.334 ± 0.077
Sao_Jorge	0.328 ± 0.018
Sao_Miguel	0.217 ± 0.139
Terceira	0.504 ± 0.036

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

fij	TER	SJO	SMI	PIC	FAI	GRA
TER	0.026					
SJO	0.008	0.006				
SMI	0.017	0.008	0.042			
PIC	0.013	0.008	0.011	0.028		
FAI	0.016	0.008	0.016	0.014	0.028	
GRA	0.024	0.008	0.017	0.011	0.017	0.125

RESULTADOS

1. Distribuição e evolução dos registos

Na base de dados analisada, correspondente a registos de nascimentos ocorridos entre 1982 e 2018, existiam registos de genealogias de 8569 vitelos puros em 646 criadores. O número de reprodutores totais com descendência registada foi de 603 touros e 2729 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 tem-se mostrado estável (Figura 1). Presentemente, o número de vitelos cruzados filhos de vacas Ramo Grande representa cerca de metade do número total de vitelos (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.

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 13.6 ± 32.7, com cerca de metade dos efectivos produzindo apenas 1 ou 2 vitelos .

Os touros tiveram em média 11.95 ± 30.12 descendentes registados (Quadro 6), observando-se uma acentuada maioria de touros com apenas 1 e 2 descendentes, e apenas 8 touros têm mais de 100 descendentes (Figura 6). Para as vacas, o número médio de vitelos puros registados foi de 2.89±2.20, 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 5.7 anos.

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 4.85 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, 80.7 e 88.5% de pais e mães conhecidos e cerca de 40-50% dos bisavós conhecidos para o total de animais nascidos entre 1983 e 2018 (Figura 10). Para os animais nascidos mais recentemente (período 2016-2018) os pais são conhecidos para praticamente todos (~100% de pais e mães conhecidos) e cerca de 80-90% 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 4.5 para os nascidos em 2018 (Figura 13).

5. Formas de acasalamento

Cerca de 10% dos vitelos nascidos resultaram de acasalamentos entre indivíduos fortemente aparentados (Quadro 5), sendo de destacar a ocorrência de cerca de 4% de acasalamentos pai-filha (ou mãe-filho).

6. Consanguinidade e parentesco

A consanguinidade média na população total foi de 3.2%, havendo cerca de 32% de animais consanguíneos, em que a consanguinidade média era de 10.4% (Quadro 6). A distribuição da consanguinidade individual nos indivíduos consanguíneos (Figura 14) indica que ela resulta, em boa parte, 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 30%, o que é verdadeiramente preocupante. Na população de referência (vitelos nascidos em 2016-2018) 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 34% das explorações tinham uma consanguinidade média inferior a 2% (Figura 16), mas cerca de 1/3 tem uma consanguinidade igual ou superior a 6%, havendo mesmo 9 explorações com consanguinidade média 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 1.95% (Quadro 6), e na população de referência de 2.93% (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 de 1.5%, o parentesco médio entre animais da mesma exploração era de 23%. Quer isto dizer que, se os acasalamentos das explorações fossem aleatórios, a consanguinidade média dos vitelos seria de cerca de 11.5% !!! 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 0.38% (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 2016-2018 cerca de 70% 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 27 (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= 23), o que confirma o estrangulamento que existe nesta raça.

7. Contributo de fundadores e ascendentes para a população actual

A população Ramo Grande analisada (8569 animais nascidos entre 1982 e 2018) resulta da contribuição genética potencial de 1794 fundadores (indivíduos sem pais conhecidos) e 986 ascendentes (indivíduos fundadores ou não que têm contribuição genética para a população), como indicado no Quadro 6.

Na população de referência (1173 animais nascidos em 2016-2018), o número de fundadores e ascendentes representados é de apenas 637 e 458, respectivamente. Estes resultados indicam que os afunilamentos no pedigree levaram a que o contributo genético de cerca de 2/3 dos fundadores se tenha perdido desde 1982 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 27 fundadores e 16 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 11% 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 79 e 35, 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 645 explorações existentes na raça Ramo Grande, apenas 293 são explorações fundadoras (Quadro 6), e dessas há 187 explorações que contribuem para o património genético da população actual. Cerca de 50% do património genético da raça é justificado pelo contributo de 5 explorações fundadoras (Figura 21).

O criador 27 (António Rodrigues Nunes), 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 26% (Quadro 10). Seguem-se os criadores 114 da Terceira (7.3%), 57 de São Jorge (5.2%), 325 do Faial (5.0%) e 116 da Terceira (4.6%). 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, 11.6 explorações seriam suficientes para justificar a diversidade genética observada (Quadro 7).

Das 645 explorações existentes, apenas 8% e 4% 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 50% 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 80 descendentes registados, e o número de filhos que têm em cada ilha. Globalmente, algumas 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 praticamente não tem descendentes destes touros mais populares ;
- Faial, que tem dois touros deste grupo que só têm descendência nesta ilha;
- Pico e São Jorge, que têm um touro usado apenas nestas duas ilhas.

Há, por outro lado, um grupo de cerca de 7 touros que têm descendentes espalhados pelas diversas ilhas, e que promovem assim uma maior ligação genética entre elas, 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, deve ressaltar-se a elevada consanguinidade média dos animais da Graciosa e de São Miguel, seguidos dos da Terceira e Pico.

A evolução da consanguinidade por ilha (Quadro 15) tem sido semelhante nas diferentes ilhas, com taxas anuais entre 0.3 e 0.5%, à excepção da Graciosa, que tem tido alguma redução.

O grau de parentesco entre ilhas (Quadro 16) permitiu constatar um menor parentesco (e portanto um maior distanciamento) dos animais de S. Jorge em relação aos das restantes ilhas.

CONCLUSÕES

- Efectivo de dimensão adequada, mas muito disperso por pequenas explorações
- Cerca de metade do efectivo mantido em São Jorge
- Estabilização do número de vitelos puros registados nos últimos anos
- Grau de preenchimento das genealogias bastante bom
- 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 11% 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