

Estudo demográfico:

População dos Suínos de Raça Bísara

2016

Autores:

Prof.^a Ângela Martins

Prof. Mário Silvestre

Prof. Jorge Colaço

Vila Real, 21 de julho de 2017



Índice

1. Introdução.....	4
2. Grau de preenchimento da genealogia	4
3. Animais fundadores e ascendentes	7
4. Consanguinidade e tamanho efetivo da população	8
5. Evolução da consanguinidade	11
6. Referências.....	13

1. Introdução

A Associação Nacional dos Criadores de Suínos de Raça Bísara submeteu para análise à equipa de melhoramento animal do CECAV/UTAD o ficheiro com a genealogia da população dos suínos de raça Bísara até ao dia 31 de dezembro de 2016. A genealogia continha 204531 animais (86678 machos e 117853 fêmeas) que se distribuem por 425 explorações. Comparativamente ao ano 2015 houve um aumento significativo de explorações (mais 46 explorações).

A metodologia inerente aos cálculos apresentados pode ser consultada no manual do programa ENDOG versão 4.8 (seja a forma de cálculo da consanguinidade, dos tamanhos efetivos, intervalos entre gerações, entre outras):

http://www.ucm.es/info/prodanim/html/JP_Web_archivos/EN_Us_G_.pdf

2. Grau de preenchimento da genealogia

Na figura 1 está representado o grau de preenchimento desta genealogia, estando a via paterna situada na parte superior da tabela e a materna na parte inferior.

Verifica-se que 97,95% dos animais têm pai e mãe conhecida (200336 animais) o que reflete o esforço e o excelente trabalho que a Associação de Criadores da Raça Bísara faz no âmbito do registo dos animais.

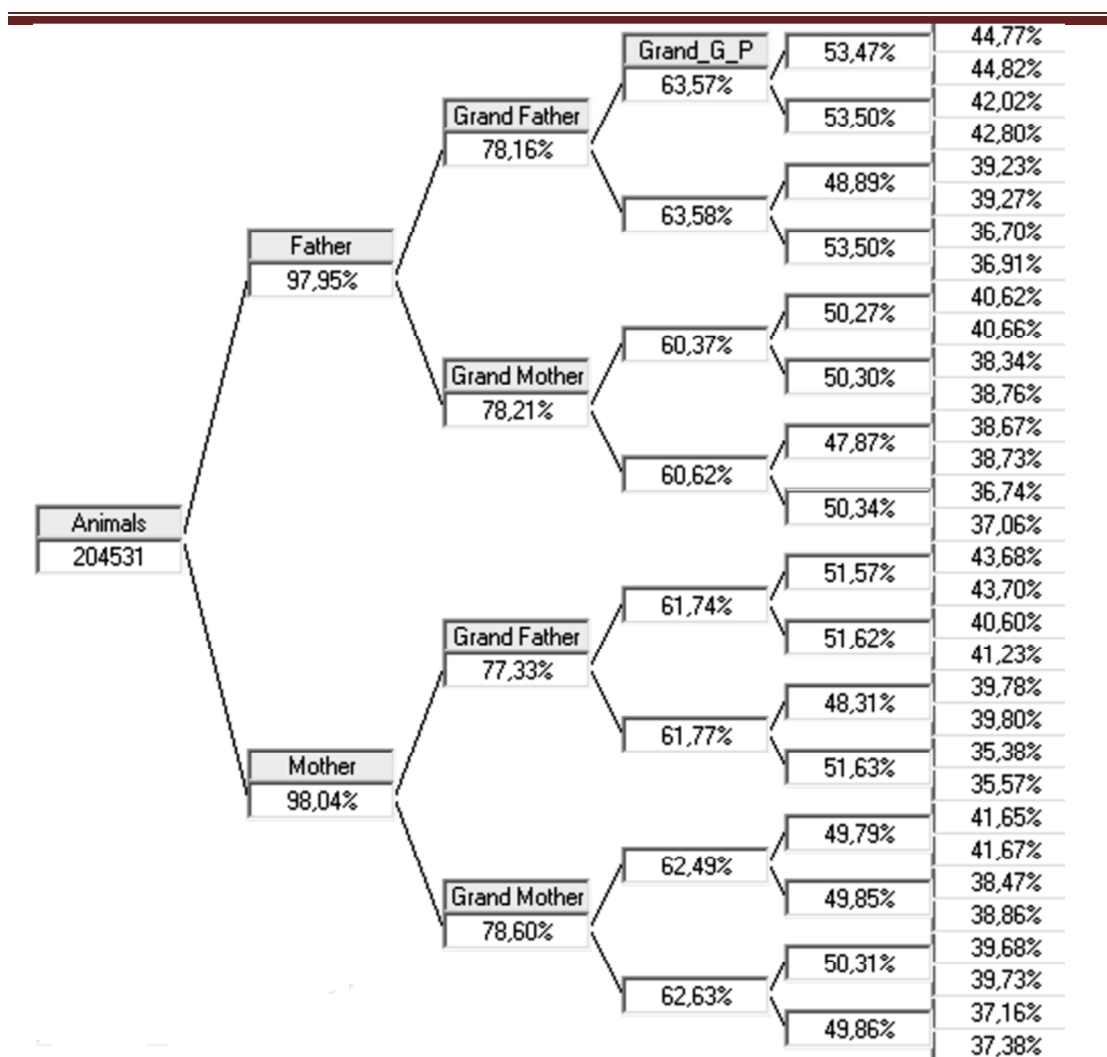


Figura 1. Detalhes da contribuição de cada tipo de ascendente para a genealogia dos suínos bísaros até à 5ª geração (P, *parent*: pais, GP, *grandparent*: avós, etc).

Existem na genealogia 3998 animais sem ambos progenitores conhecidos, 189 animais só com mãe conhecida e 8 animais só com pai conhecido. A tabela 1 apresenta o número de animais com pelo menos um ascendente desconhecido a partir do ano de nascimento 2010. É de realçar o aspeto positivo de haver cada vez menos animais com pelo menos um ascendente desconhecido nos dois últimos anos de nascimento (2015 e 2016). Isto talvez seja explicado pela entrada de novas explorações.

Tabela 1. Número de animais com pelo menos um ascendente desconhecido a partir do ano de nascimento 2010.

Ano de nascimento	Nº de animais
2010	92
2011	157
2012	404
2013	298
2014	683
2015	393
2016	207

3. Animais fundadores e ascendentes

Os animais “fundadores” são todos os animais presentes na genealogia e que não possuem ambos os progenitores conhecidos. Na genealogia estudada há 3998 animais fundadores e que se distribuem da forma referida no ponto anterior. O tamanho efetivo da população de fundadores é de 117,20 e a consanguinidade esperada pelo desequilíbrio da contribuição dos fundadores é de 0,43%.

Comparativamente ao estudo demográfico anterior (2015) verifica-se que houve um ligeiro acréscimo do número de fundadores total, que anteriormente era de 3176 animais.

O programa utilizado dá uma lista destes animais e o seu AR (parentesco médio), que indica a contribuição genética do animal para a população. Assim, na tabela 2 apenas estão representados os 8 animais fundadores com maior AR.

Tabela 2. Os 8 animais fundadores com maior contribuição para a genealogia.

Fundador LG_numero	Sexo	Data de nascimento	AR(%)
3015/43	M	08-06-2003	4,95
6068/186	F	17-02-2006	4,53
8169/186	M	25-03-2008	4,47
6062/186	F	17-02-2006	4,46
2039/43	M	19-07-2002	4,46
4135/186	M	04-07-2004	4,45
6069/186	F	17-02-2006	4,45
6063/186	F	17-02-2006	4,45

A população de referência é definida pelo número de animais que têm ambos os progenitores conhecidos. Estes animais são 200336 animais, sendo o número de ascendentes (ancestrais) desta população de referência 2324. Este número é

determinado segundo a metodologia de Boichard *et al.* (1997), e são animais ascendentes, fundadores ou não, que explicam a variabilidade genética da população de referência.

- Tamanho efetivo de Fundadores/ Ancestrais para a população de referência: 113/109

- Número de ancestrais que explicam 50% da variabilidade: 39

Também é possível obter o número de explorações “fundadoras”, isto é, a exploração de origem dos animais fundadores.

- Número de explorações “fundadoras” na população de referência: 224

- Tamanho efetivo de explorações “fundadoras” na população de referência: 16,5

4. Consanguinidade e tamanho efetivo da população

Os resultados obtidos para a consanguinidade individual (F) continuam a ser preocupantes, tal como no último estudo. A tabela 3 apresenta os 10 animais com maior consanguinidade nascidos no ano de 2016.

Tabela 3. Animais com maior consanguinidade (F) no ano de nascimento 2016

LG_numero	Sexo	Data nascimento	F(%)
16036/64	F	8-02-2016	84,578
16037/64	M	8-02-2016	84,578
16038/64	F	8-02-2016	84,578
16039/64	F	8-02-2016	84,578
16040/64	M	8-02-2016	84,578
16041/64	F	8-02-2016	84,578
16049/64	F	20-02-2016	84,578
16050/64	F	20-02-2016	84,578
16051/64	F	20-02-2016	84,578
16052/64	M	20-02-2016	84,578

A figura 2 mostra que a origem da consanguinidade do animal LG_numero 16036/64 (com o numero 109786233 e F=84,6%), uma fêmea nascida a 8-02-2016 deve-se ao facto de ter uma família em que os ascendentes são comuns na via paterna e materna.

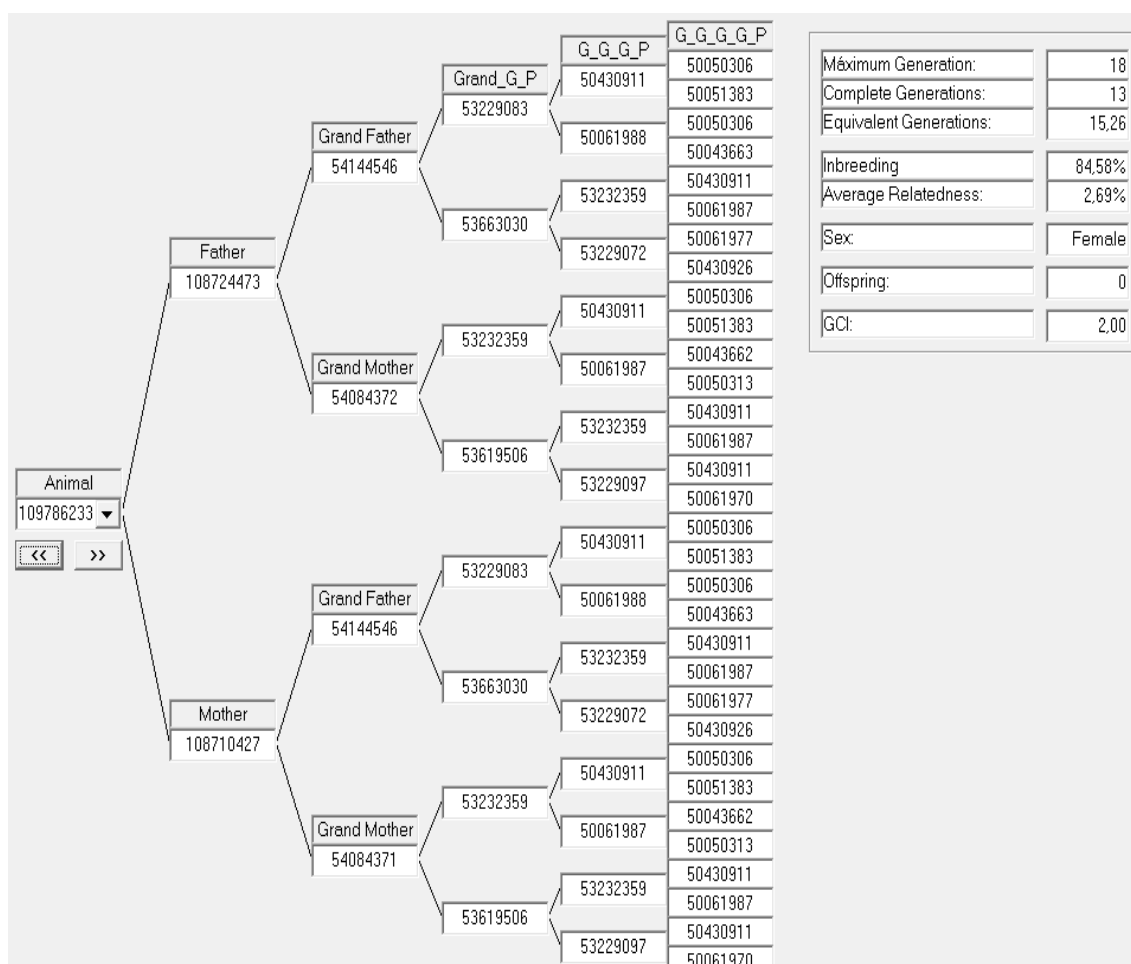


Figura 2. Ascendentes do animal LG_numero 16036/64.

Os resultados globais para a população, no que respeita à consanguinidade e tamanho efetivo (**Ne**) foram:

- Número de animais avaliados: **204531**
- Consanguinidade média total: **10,56%**
- Animais consanguíneos: **111285**

Consanguinidade média total para os animais consanguíneos: **19,42% (valor elevado!)**

- Incremento da consanguinidade (Geração máxima): **0,62%**, $N_e = 80,92$
- Incremento da consanguinidade (Geração completa): **6,74%**, $N_e = 7,42$

O N_e da população é determinado com base no incremento da consanguinidade, ou seja, $\Delta F = \frac{F_t - F_{t-1}}{1 - F_{t-1}}$; $N_e = 1/2\Delta F$. Só é possível calcular ΔF se $F_t > F_{t-1}$. A figura 3 apresenta a variação do tamanho efetivo dos suínos da raça Bísara, por ano de nascimento dos animais reprodutores. Verifica-se uma tendência para um aumento do tamanho efetivo a partir do ano de nascimento 2010.

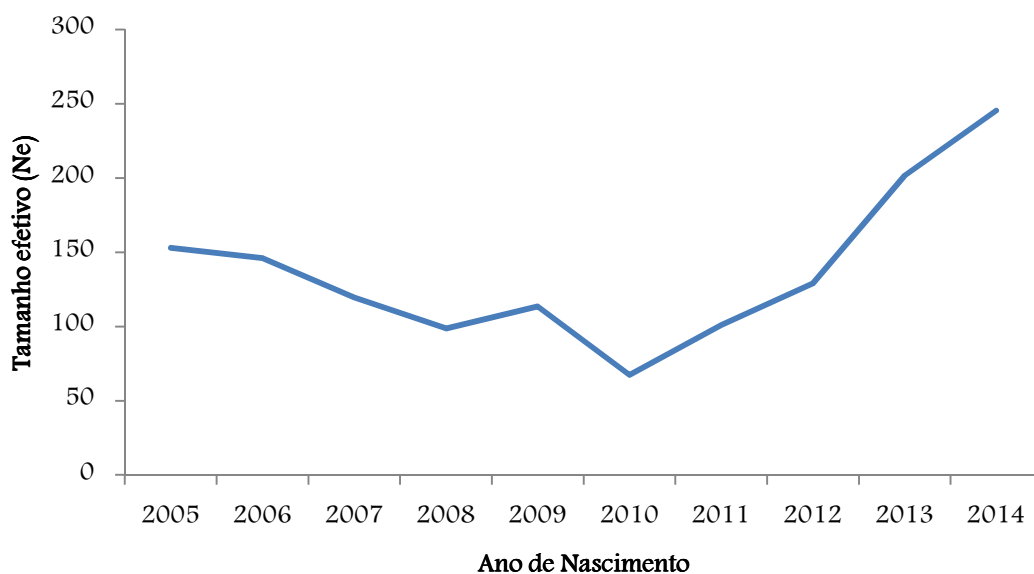


Figura 3. Variação do tamanho efetivo dos suínos da raça Bísara, por ano de nascimento dos animais reprodutores.

5. Evolução da consanguinidade

Em termos globais a consanguinidade média dos **204531** animais é de 10,56%. No entanto, os 54,2% de animais consanguíneos apresentam uma consanguinidade média de 19,97 % (tabela 4).

Tabela 4. Número de animais consanguíneos (F=0) e não consanguíneos (F>0) e respetiva consanguinidade média.

Consanguinidade	Nº animais	% animais	Cons. Média (%)
F=0	93246	45,59	---
F>0	111285	54,41	19,42
Total	204531	100	10,56

A tabela 4 apresenta o número total de animais, número de animais não consanguíneos (F=0) e número de animais consanguíneos (F>0), por ano nascimento. Verifica-se que o número de animais consanguíneos passou de 3897 em 2010 para 14620 em 2016. Verifica-se ainda que a consanguinidade média dos animais consanguíneos, por ano nascimento tem vindo a aumentar (tabela 5 e figura 5).

Tabela 5. Número total de animais, número de animais não consanguíneos (F=0), número de animais consanguíneos (F>0) e consanguinidade média dos animais consanguíneos, por ano nascimento.

Ano nascimento	Nº animais	N (F=0)	N (F>0)	% consanguíneos	Média (F)
2010	9136	5239	3897	42,66	17,88
2011	9497	5155	4342	45,72	18,61
2012	11310	5397	5913	52,28	17,29
2013	12320	5554	6766	54,92	15,73
2014	18612	8839	9773	52,51	15,20
2015	29609	14654	14955	50,51	16,46
2016	23957	9337	14620	61,03	17,36

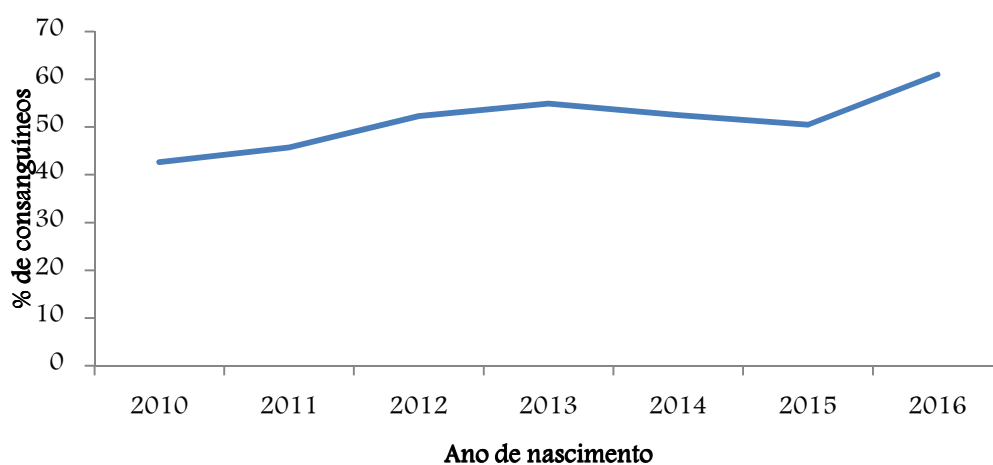


Figura 4. Evolução da percentagem de animais consanguíneos por ano nascimento a partir de 2010.

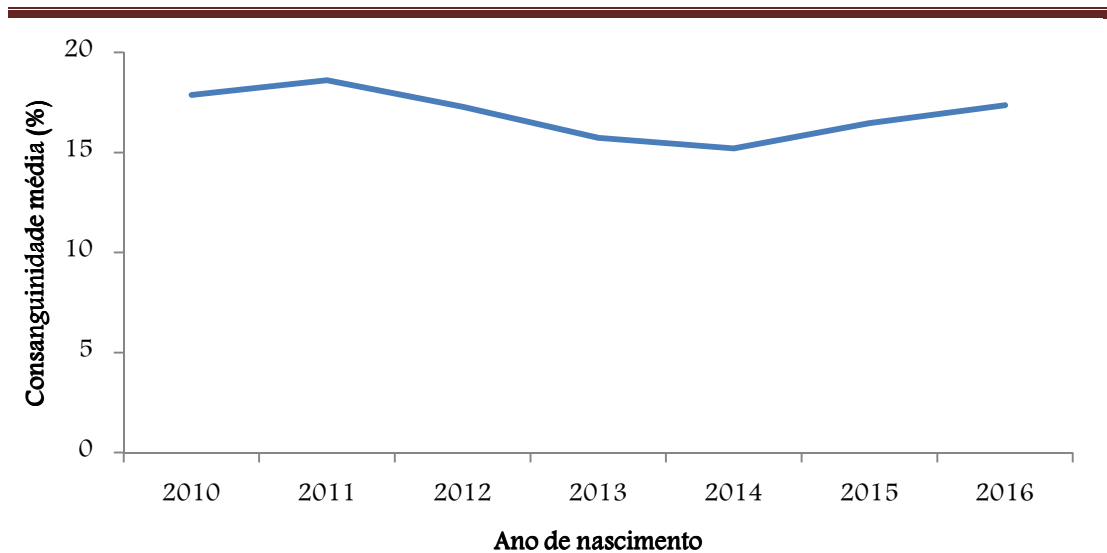


Figura 5. Consanguinidade média dos animais consanguíneos, por ano nascimento.

Emparelhamentos problemáticos ocorridos na população.

10704 (5,23%) acasalamentos entre irmãos completos

27045 (13,22%) acasalamentos entre meios-irmãos

8752 (4,28%) acasalamento entre progenitores-descendentes

6. Referências

Juan Pablo Gutiérrez and Félix Goyache (2005) A note on ENDOG: a computerprogram for analysing pedigree information. Journal of Animal Breeding and Genetics, 122: 172-176.