



**UNIVERSIDADE DE ÉVORA**

**ESCOLA DE CIÊNCIAS E TECNOLOGIA**

DEPARTAMENTO DE ZOOTECNIA

**Caracterização Genética por Análise  
Demográfica da Raça Brava de Lide em  
Portugal**

**Filipe Esteves Salgueiro**

Orientação: Doutor Renato Nuno Pimentel Carolino

Doutor José António Lopes de Castro

**Mestrado em Zootecnia**

Dissertação

Évora, 2013





**UNIVERSIDADE DE ÉVORA**

**ESCOLA DE CIÊNCIAS E TECNOLOGIA**

DEPARTAMENTO DE ZOOTECNIA

**Caracterização Genética por Análise  
Demográfica da Raça Brava de Lide em  
Portugal**

**Filipe Esteves Salgueiro**

Orientação: Doutor Renato Nuno Pimentel Carolino

Doutor José António Lopes de Castro

**Mestrado em Zootecnia**

Dissertação

Évora, 2013

# Agradecimentos

Este espaço é dedicado a todos aqueles que de alguma forma contribuíram e permitiram que esta dissertação fosse realizada. A todos, o meu mais sincero agradecimento.

A toda a família, pela paciência em momentos mais “complicados”, pela disponibilidade nas mais variadas situações, pela ajuda, conselhos, companhia e claro, pela confiança e força depositadas em mim, OBRIGADO!

Ao André Cardoso, por toda a disponibilidade, paciência e ajuda no decorrer desta dissertação.

À Sofia Valada e André Aleixo pela ajuda em determinados pontos desta dissertação.

Ao meu orientador, Doutor Nuno Carolino, por me ter permitido realizar este trabalho e por todo o seu apoio, disponibilidade, simpatia e prontidão que sempre demonstrou ao longo deste tempo. Obrigado.

Ao Professor José Lopes de Castro, pelas suas aulas, pelos seus conselhos e incentivos e pela sua disponibilidade como Coorientador.

Ao Instituto Nacional de Investigação Agrária e Veterinária, I.P. por me ter recebido nas instalações da Fonte Boa e permitido realizar este trabalho.

À Associação Portuguesa de Criadores de Toiros de Lide que me cedeu todos os dados com que realizei este trabalho.

A todos os colegas e professores do mestrado pela aprendizagem e companheirismo, obrigado.

A todos os amigos pelo companheirismo, incentivo e força que deram quando mais precisava.

# Resumo

A raça Brava de Lide distingue-se de todas as demais raças bovinas por ser a única que começou a ser selecionada com base no carácter psicológico bravura, ao contrário de todas as restantes que foram sendo selecionadas com o objetivo de obter essencialmente carne ou leite.

Para qualquer raça que queira melhorar geneticamente algum carácter, prevenir a perda de variabilidade genética ou ainda a sua extinção, é importante estar incluída num Programa de Melhoramento Genético ou de Conservação. De entre as várias ações que se devem desenvolver no âmbito de um programa de seleção e/ou de conservação, a caracterização genética por análise demográfica é essencial.

Neste trabalho foram analisados vários parâmetros demográficos a partir da base de dados da Associação Portuguesa de Criadores de Toiros de Lide (APCTL) com um número total de 144292 animais. Destes parâmetros podemos destacar os valores obtidos para o intervalo de gerações (7,87 anos), a consanguinidade (6,6%), o tamanho efetivo da população (29), o número efetivo de fundadores conhecidos (296,02) e de ascendentes conhecidos (255,38).

Palavras-Chave: Raça Brava de Lide; Demografia; Seleção; Conservação.

# **Abstract**

## **Genetic Characterization by Demographic Analysis of the Breed Brava de Lide in Portugal**

The breed Brava de Lide is distinguished, from all other breeds, because it was the first that began to be selected based on the psychological character bravery on the opposite of all the others, which have been selected with the purpose of obtaining, essentially, meat or milk.

For any race that wants genetically improve any character, prevent a loss of the genetic variability or its extinction, it is important to be included in a Preservation or Genetic Improvement Programme. Between the various actions that must be developed, in the ambit of a selecting and/or preservation programme, the genetic characterization, by demographic analysis, is essential.

In this study, we analyzed several demographic parameters from the database of the Portuguese Association of Bullfighting Bull Breeders (APCTL) with a total number of 144292 animals. From all these parameters we can point out the values obtained for the generation interval (7,87 years), inbreeding (6,6 %), the effective size of the population (29), the effective number of the known founders (296,02) and the known ascendants (255,38).

**Key-Words:** Brava de Lide breed; Demography; Selection; Preservation.

# Índice

|  |            |
|--|------------|
| <b>Agradecimentos</b> .....  | <b>i</b>   |
| <b>Resumo</b> .....  | <b>ii</b>  |
| <b>Abstract</b> .....  | <b>iii</b> |
| Índice de figuras .....  | <b>v</b>   |
| Índice de tabelas .....  | <b>vi</b>  |
| <b>Introdução</b> .....  | <b>1</b>   |
| <b>1. Revisão Bibliográfica</b> .....  | <b>3</b>   |
| 1.1. Bovinos .....   | 3          |
| 1.1.1. Criação da raça Brava de Lide no mundo .....                                    | 3          |
| 1.2. Raça Brava de Lide .....  | 4          |
| 1.2.1. Origem, história e evolução .....   | 4          |
| 1.2.2. Características da Raça .....   | 5          |
| 1.2.3. Produção de bovinos em Portugal .....   | 12         |
| 1.2.4. Sistema de Produção .....   | 14         |
| 1.2.5. Características Produtivas .....  | 15         |
| 1.2.6. Livro Genealógico/Programa de Melhoramento .....                                | 16         |
| <b>2. Caracterização Genética</b> .....  | <b>19</b>  |
| 2.1. Caracterização Genética por Análise Demográfica .....                             | 21         |
| 2.2. Parâmetros/Indicadores Demográficos .....   | 22         |
| 2.3. Software Disponível .....   | 23         |
| 2.3.1. ENDOG (Gutierrez) .....   | 23         |
| 2.3.2. PEDIG (Boichard) .....  | 23         |
| 2.3.3. Software para a Gestão de Recursos Genéticos Animais Programa – Fonte Boa ..... | 25         |
| <b>3. Materiais e Métodos</b> .....  | <b>28</b>  |
| 3.1. Dados Disponíveis .....   | 28         |
| 3.2. Metodologia de Análise .....  | 28         |
| <b>4. Resultados e Discussão</b> .....   | <b>34</b>  |
| <b>5. Considerações Finais</b> .....   | <b>58</b>  |
| <b>6. Bibliografia</b> .....   | <b>60</b>  |
| <b>7. Anexos</b> .....   | <b>65</b>  |
| 7.1. Normas e Regulamentos .....   | 65         |

# Índice de figuras

|  |    |
|--|----|
| Figura 1 – Origem geográfica das castas fundadoras do toiro de Lide (séc. XVI – XVIII) (Jiménez, 2007) ..... | 6  |
| Figura 2 - Castas fundacionais do toiro de lide (Unión de Criadores de Toros de Lidia, 2011)...              | 7  |
| Figura 3 - Diversidade morfológica no toiro de lide (Garcia, 2008).....                                      | 9  |
| Figura 4 - Pelagens da raça brava de lide.....   | 12 |
| Figura 5 - Número de vitelos nascidos por ano.....   | 34 |
| Figura 6 - Número de vitelos nascidos por ano e por sexo .....   | 35 |
| Figura 7 - Número de fêmeas e machos nascidos (1980-2012) .....  | 35 |
| Figura 8 - Número de fêmeas e machos nascidos nos últimos 10 anos (2002-2012).....                           | 36 |
| Figura 9 - Número de explorações ativas por ano.....   | 36 |
| Figura 10 - Número de machos reprodutores presentes por ano .....  | 37 |
| Figura 11 - Número de fêmeas reprodutoras presentes por ano.....   | 38 |
| Figura 12 - Número de fêmeas reprodutoras por macho ao longo dos anos .....                                  | 38 |
| Figura 13 - Distribuição geográfica dos animais nascidos entre 1990 e 2012 .....                             | 39 |
| Figura 14 - Número médio de animais nascidos por exploração*ano segundo o concelho (1990-2012).....          | 40 |
| Figura 15 - Distribuição geográfica dos animais nascidos entre 2010 e 2012 .....                             | 41 |
| Figura 16 - Número médio de animais nascidos por exploração*ano segundo o concelho (2010-2012).....          | 42 |
| Figura 17 - Número de explorações e animais nascidos segundo a dimensão da exploração (1990-2012) .....      | 43 |
| Figura 18 - Número de explorações e animais nascidos segundo a dimensão da exploração (2010-2012) .....      | 43 |
| Figura 19 - Distribuição mensal dos partos por período .....   | 45 |
| Figura 20 - Distribuição mensal dos partos (1990-2012).....  | 45 |
| Figura 21 - Evolução do número médio de gerações conhecidas .....  | 46 |
| Figura 22 - Genealogias conhecidas por período .....   | 46 |
| Figura 23 - Distribuição da idade dos machos ao nascimento dos filhos (2010-2012).....                       | 47 |
| Figura 24 - Distribuição da idade das fêmeas ao parto (filhos puros).....                                    | 48 |
| Figura 25 - Distribuição da idade das fêmeas ao parto (filhos puros e cruzados).....                         | 48 |
| Figura 26 - Distribuição do número de fêmeas reprodutoras segundo o nº de descendentes.....                  | 49 |
| Figura 27 - Distribuição do número de machos reprodutores segundo o número de descendentes .....             | 50 |
| Figura 28 - Evolução da consanguinidade e do número de gerações conhecidas .....                             | 50 |
| Figura 29 - Evolução do número de animais nascidos consanguíneos .....                                       | 51 |



|  |    |
|--|----|
| Figura 30 - Evolução do parentesco médio ( $\bar{a}_r$ ) e da percentagem de animais consanguíneos...      | 52 |
| Figura 31 - Evolução e estimativa do acréscimo anual da consanguinidade .....                              | 53 |
| Figura 32 - Contribuição genética de fundadores e ascendentes para a população em estudo (2010-2012) ..... | 56 |
| Figura 33 - Evolução do índice de conservação genética.....  | 56 |

## Índice de tabelas

|   |    |
|---|----|
| Tabela 1 - Intervalo de gerações (L) para as 4 vias de seleção .....                            | 52 |
| Tabela 2 - Taxa de consanguinidade ( $\Delta F$ ) e tamanho efetivo da população ( $N_e$ )..... | 53 |
| Tabela 3 - Contribuição genética de fundadores para a população em estudo.....                  | 55 |
| Tabela 4 - Contribuição genética de ascendentes para a população em estudo .....                | 55 |

# Introdução

Desde os primórdios da existência do Homem que as plantas e os animais sempre foram utilizados como fonte de alimento.

A competição pelas mesmas zonas e recursos por parte das civilizações, levando a que os mesmos espaços tivessem de ser partilhados, conduziu à domesticação dos animais. O Crescente Fértil foi a primeira região de domesticação de animais. Após este processo de domesticação, começaram-se a aperfeiçoar determinadas técnicas que levaram ao desenvolvimento da agricultura. Todo este processo passou por várias etapas ao longo de uma época que se veio a denominar por Neolítico. Deste modo, o primeiro animal a ser domesticado foi a cabra, há cerca de 12000 anos, tendo-se seguido a ovelha e posteriormente a vaca, há cerca de 9000 anos. O porco foi dos últimos animais a ser domesticado, embora este processo tenha sido bastante simultâneo ao da vaca. Mais tarde, noutras regiões, começaram a ser domesticadas novas raças de bovinos – bovino africano (Nordeste de África) e o zebu – Vale do Indu (Beja-Pereira e Almeida, 2005).

No decorrer do processo de domesticação, o Homem selecionou durante milhares de anos os animais e plantas que mais o favoreciam, não só a nível alimentar (leite, carne, sementes...) mas também a nível de outros recursos como lã e peles. Esta atividade levou inevitavelmente a alterações significativas na genética de todos estes animais e plantas até aos dias de hoje (Beja-Pereira e Almeida, 2005; Gama, 2002).

Com o crescimento demográfico, técnicas de agricultura, genética e por sua vez de biotecnologia, surgiram com o intuito de acompanhar e corresponder às suas necessidades e exigências. No entanto, apesar destas técnicas poderem proporcionar algo de positivo, podem também prejudicar no caso de serem mal utilizadas, nomeadamente a nível do enorme património genético de cada raça, população ou variedade de animais e plantas, podendo causar a sua extinção.

Embora Portugal tenha uma área reduzida, as condições edafoclimáticas variam bastante de região para região, o que permitiu ao longo do tempo desenvolver e selecionar raças de animais que melhor se adequavam às condições da região onde habitavam. Esta pode ser a explicação para a enorme variedade de raças autóctones existentes atualmente. São reconhecidas em Portugal 15 raças autóctones de bovinos, 3 de equinos, 1 de asininos, 3 de suínos, 15 de ovinos, 6 de caprinos e 4 de galináceos. No entanto, muitas destas já têm

um reduzido número de exemplares, levando à perda de diversidade genética e por conseguinte, ao aumento do risco de extinção. Portugal tem grande parte do seu território direcionado para a produção animal, visto que aproximadamente 42% da área total é encarada como superfície agrícola útil. Deste modo, as raças autóctones portuguesas fazem indubitavelmente parte do património histórico e cultural do país, bem como do meio rural, onde são estas a causa da fixação de determinadas populações e manifestações de carácter gastronómico, social e cultural. A produção destas raças autóctones caracteriza-se essencialmente por sistemas extensivos. Torna-se assim de máxima importância o conhecimento do património genético de cada raça para que se possam estabelecer estratégias de conservação (Carolino *et al.*, 2008; Gama *et al.*, 2008)

A criação de bovinos de raça Brava de Lide originou uma grande diversidade de “linhas genéticas” (encastes) que divergem não só nos caracteres morfológicos, como também em caracteres de comportamento (Cañón *et al.*, 2005). Esta diversidade pode ser justificada pelos diferentes critérios de seleção que foram adotados até aos dias de hoje.

Os estudos genéticos que têm sido desenvolvidos em bovinos, têm contribuído para a investigação e compreensão das migrações da espécie que ocorreram no passado e a influência que o Homem teve na diversidade genética existente atualmente. Vários são os autores que têm investigado, entre outras, a variabilidade genética na raça Brava de Lide, assim como nos respetivos encastes, de modo a que se possam completar determinadas informações e essencialmente se possam definir medidas a tomar na conservação genética desta raça (Cañón *et al.*, 2001; Beja-Pereira *et al.*, 2006; Pellecchia *et al.*, 2007).

O principal objetivo deste trabalho, consiste em caracterizar geneticamente a raça Brava de Lide por análise demográfica, de forma a apoiar as decisões a tomar no âmbito do seu Programa de Conservação e Melhoramento Genético Animal, contribuindo para uma gestão mais eficaz da variabilidade genética da raça.

# 1. Revisão Bibliográfica

## 1.1. Bovinos

Os primeiros bovinos a serem domesticados, estima-se que há cerca de 9000 anos, descendiam do auroque (*Bos primigenius*) na região do Crescente Fértil e Vale do Indus (atualmente Paquistão) e originaram o *Bos taurus* (gado taurino) e *Bos indicus* (gado zebuino). Estes exemplares passaram por um processo de seleção ao longo dos séculos, o que originou não só novas características, como também o aparecimento de novas raças. Estes animais estendiam-se por uma vasta área a nível mundial, passando pela Europa, norte de África, Médio Oriente, Ásia Central e Índia (Beja-Pereira e Almeida, 2005).

Inicialmente os bovinos eram utilizados como fonte de alimento, no entanto com o desenvolver da civilização, estes passaram também a ser utilizados na agricultura, como força de tração, pelo que passaram a ser selecionados para a força e tamanho corporal, pois pretendiam-se animais mais fortes e maiores.

### 1.1.1. Criação da raça Brava de Lide no mundo

A criação da raça Brava de Lide no mundo é de particular interesse, pois esta é uma raça muito pouco explorada a nível mundial. Pode-se restringir as suas áreas de criação à Península Ibérica, sul de França, México, América Latina e Califórnia (Grave, 2000). Embora pouco explorada, nos países onde de facto é tradicional a sua exploração existe um elevado número de animais e está fora de risco de extinção. Por exemplo, Portugal conta com 8398 fêmeas e Espanha 120000 fêmeas (APCTL, 2013; Rodriguez *et al.*, 2009) e para que houvesse risco de extinção, o número de fêmeas teria de ser menor que 7000.

Na Península Ibérica, de onde é originária esta raça, a tradição da criação deste animal é antiga e bastante ampla. Em França, os registos da primeira introdução de bovinos da raça Brava de Lide dá-se em 1869, provenientes da Casta Navarra na ganadaria de Hubert Yonnet. Viria-se assim a formar uma das castas fundacionais, e por sua vez autóctone francesa, designada por Casta Camarguesa (região onde estava instalada esta ganadaria) (Cossio, 1988). Posteriormente houve introdução de outras castas como a de

Cabrera, Jijona, Vasqueña e Vistahermosa. Já no final de 1940, esta ganadaria recebe animais de Pinto Barreiros (López del Ramo, 2002).

No continente Americano, é na América Latina que se assiste a uma maior expressividade da raça Brava de Lide. Em 1923 foram introduzidos os primeiros exemplares na Colômbia, com sete sementais de Santa Coloma e três de Verágua. Após a sua evolução até aos dias de hoje, assiste-se à predominância do encaste Domecq. Ao contrário da Colômbia, no Equador predominam bovinos de Domecq, Atanasio, Nuñez, Baltasar Ibán e muito pouco de Santa Coloma. No Perú, embora com pouca expressão, os bovinos de Lide descendem de Santa Coloma, assim como na Venezuela, onde este encaste é o mais presente (Montesinhos, 1997). O México é o país que detém a ganadaria mais antiga do mundo, predominando animais dos encastes de Saltillo e Santa Coloma e onde há uma grande tradição tauromáquica (Montesinhos, 1997; Viard, 2010).

## **1.2. Raça Brava de Lide**

### **1.2.1. Origem, história e evolução**

Desde sempre que o toiro é alvo de uma grande admiração por parte do Homem. Basta observar todas as aplicações que este animal tem na cultura de determinadas civilizações, principalmente mediterrânicas. Os egípcios através do boi Ápis, simbolizando o Deus da fecundidade e abundância, os gregos com todo o simbolismo na imagem de Poseidon, a virilidade em Dionísio e ainda Zeus. Na Grécia antiga, o papel importante que este tinha em jogos, assim como na Roma imperial (Pucheu, 2001).

Tal como todos os bovinos, o toiro bravo tem origem no género *Bos*, mais concretamente no *Bos taurus primigenius*. Este destacou-se das restantes raças por ser o único que sofreu alterações com base num carácter psicológico de agressividade (bravura). Após cruzamentos entre o Uro da Ásia Central (*Bos taurus celticus*), o Uro do Egito e do norte de Africa (*Bos taurus africanus*) e de mutações, originou-se o *Bos taurus ibericus*. Qualquer bovino autóctone que registasse índices de agressividade consideráveis, era selecionado (Lucas, 2010).

A partir de meados do século XVIII, as castas de Navarra, Castela e Andaluzia começaram a fixar os seus caracteres, os quais se extinguíram ou evoluíram de acordo com

o que era exigido no toureio. Tal não aconteceu com a casta Portuguesa. Em Portugal era ainda muito vivido o combate entre cavalo e toiro e o divertimento com os cães de fila, o que promoveu um toiro corpulento, poderoso, com córnea muito desenvolvida e com tendência à mansidão. Adicionalmente, possíveis cruzamentos com a raça Galega e o facto da modalidade de “toureio” praticada na altura não exigir que fosse de outra forma, levaram a que estes caracteres se fixassem (Lucas, 2010).

É já no fim do século XIX que em Portugal se começa a assistir à mudança no toiro de Lide, passando este a apresentar níveis mais acentuados de bravura, nobreza e amplitude de investida. Embora a criação deste toiro bravio se concentrasse nos campos do Mondego, Golegã, Alentejo e Vila Franca de Xira, é neste último (em Pancas) que o processo seletivo e evolutivo começa. A presença de sangue espanhol na raça Brava de Lide em Portugal apenas tinha tido pequenas interferências, até que José Pereira Palha Blanco, em 1883, cruza um toiro de Concha Y Sierra e posteriormente três de Miura com 120 vacas portuguesas devidamente escolhidas. A partir daqui muitos outros ganadeiros cruzaram animais de casta Portuguesa com animais de casta espanhola, levando (à exceção de duas ganadarias<sup>1</sup> ainda existentes) à substituição desta pela casta Andaluza (ramo Vistahermosa) (Lucas, 2010).

## **1.2.2. Características da Raça**

### **1.2.2.1. Castas Fundacionais**

Os primeiros bovinos bravios estavam agrupados em diferentes regiões e repartidos pelos respetivos proprietários. Assim, as primeiras castas viriam a receber o nome destas regiões onde estes bovinos habitavam, nomeadamente Navarra, Castela, Mancha, Andaluzia, Ribatejo e Camarga. Situados em pleno século XV e XVI, estas são as primeiras referências históricas de ganadarias. Embora sem qualquer conhecimento de castas e métodos de seleção, assiste-se até ao século XVIII à organização das ganadarias bravas e fixação dos caracteres de bravura e nobreza. Os ganadeiros começaram a entender a seleção da bravura nas suas vacadas como um ponto de interesse, pois, para além da exploração comercial, estes obtinham nome e importância com os exemplares que eram

---

<sup>1</sup> Vaz Monteiro (fundada em 1840) e Irmãos Dias (adquirida em 1976 aos herdeiros de Norberto Pedroso)

lidados com êxito. Assim, é também nesta altura que se popularizam os festejos taurinos com obediência a determinadas regras e se assiste a uma mudança na criação do toiro bravo, transformando-o em toiro de Lide (exemplares de estampa harmoniosa, bravos e poderosos). A cada ganadaria é designado um ferro (marca da casa assinalada a fogo na pele de cada exemplar), uma divisa (faixas coloridas com a cor da casa) e um sinal de orelhas distintivas (cortes nas orelhas) (Cañón *et al* 2005; Lucas, 2010).

Assim nascem aquelas que foram consideradas as castas fundacionais, conforme se apresenta na **Figura 1**:



**Figura 1** – Origem geográfica das castas fundadoras do toiro de Lide (Séc. XVI – XVIII) (Jiménez, 2007)

Apresentam-se de seguida as castas fundacionais do toiro de Lide, também representadas na **Figura 2**:

- Casta Navarra – No ano de 1550, surgem as primeiras referências de ganadarias bravas.
- Casta Castelhana – Tem três sub-castas:
  - Colmeneraña (zona de Colmenar)
  - Jijona (região Manchega, desenvolvida por Miguel José Jijon)
  - Morucha (região de Salamanca)

- Casta Francesa – Apresenta duas sub-castas na região sul do país:
  - Landesa
  - Camarguesa
- Casta Andaluza – Tem quatro sub-castas na região de Andaluzia:
  - Cabrera, desenvolvida por Rafael José Cabrera com animais dos frades cartuxos e dominicanos (1740), Miura
  - Gallardo, desenvolvida por Francisco Gallardo, semelhante à de Cabrera, no entanto diferente a nível morfológico (Pablo Romero), Partido Resina
  - Vasqueña, desenvolvida por Vicente José Vazquez, Verágua
  - Vistahermosa, desenvolvida pelo Conde de Vistahermosa e de onde derivam a maioria dos encastes atuais.
- Casta Portuguesa – O gado bravo em Portugal assentava essencialmente em quatro zonas – campos do Mondego, Golegã, Vila Franca de Xira e Alentejo (Jiménez, *et al.*, 2007; Lucas, 2010).



Figura 2 - Castas fundacionais do toiro de Lide (Unión de Criadores de Toros de Lidia, 2011)



Das castas mencionadas, a única que se manteve até aos dias de hoje foi a andaluza (tronco Vistahermosa) que por substituição direta ou cruzamentos sucessivos absorveu as restantes. No entanto, é possível encontrar, em eventos específicos, a francesa e a portuguesa (Jiménez, *et al.*, 2007; Lucas, 2010).

Determinados grupos destes animais da raça Brava de Lide, com a mesma origem genética, características zootécnicas e comportamentais semelhantes, presentes numa ou em várias ganadarias distintas denominam-se por encastes. Grupos estes que se foram formando por seleção direta (a partir das castas fundacionais) ou por cruzamentos entre eles. Atualmente estes encastes derivam essencialmente de quatro sub-castas, todas elas descendentes da casta andaluza (Lucas, 2010):

- Sub-casta Cabrera (encaste Miura) – Caracterizada por animais de grande porte, longilíneos, pescoço largo, pelagem variada (predominando o negro) e córnea desenvolvida. Apesar do seu tamanho, do ponto de vista cárnico possui uma má conformação.
- Sub-casta Gallardo (encaste Pablo Romero → Partido Resina) – Representada por animais corpulentos, de bom trapio (apresentação), cabeça desenvolvida, geralmente com pelagens negras, castanhas, malhadas, córnea em forma de gancho e murrilho desenvolvido. Boa conformação cárnica, com grande desenvolvimento ósseo e de pele fina.
- Sub-casta Vasqueña (encaste Verágua em Prieto de la Cal, Concha y Sierra e Fernando Palha) – Caracterizada por um tamanho médio, extremidades curtas, córnea desenvolvida, bom trapio e com enorme variedade de pelagens. Morfologia adequada para a lide.
- Sub-casta Vistahermosa, encastes:

Murube-Urquijo – Caracterizado por animais grandes, de cabeça volumosa, com uma córnea desenvolvida e pelagem negra.

Contreras – Caracterizado por animais de tamanhos díspares (pequenos e grandes) com cabeça e córnea pouco desenvolvidas. Pelagens negra e castanha.

Saltillo – Caracterizado por animais brevilíneos e elipométricos de cabeça grande e córnea pouco desenvolvida. Tamanhos e pesos médios. Apresentando pelagens cárdena ou negra.

Santa Coloma – Caracterizado por animais pequenos (esqueleto e pele fina), cabeça pequena, córnea pouco desenvolvida e pelagens negra ou cárdena.

Albaserrada – Características muito próximas às de Saltillo, mas podem variar os perfis e deste modo aparecer animais com cabeças estreitas mas com córneas mais desenvolvidas e ofensivas.

Urcola – Tamanho e pesos médios, com córneas desenvolvidas, com maior desenvolvimento do terço anterior, extremidades curtas. Pelagens negras e castanhas.

Ibarra-Parladé – encaste que mais proliferou, originando novos encastes como, Domecq, Conde la Corte, Carlos Nuñez, Torrestrella, Atanazio, Pedrajas, Tamaron e Gamero Cívico (Jiménez, *et al.*, 2007; Lucas, 2010).

A **Figura 3** apresenta alguns dos encastes mencionados anteriormente, estando patente a diversidade morfológica do toiro de Lide.



**Figura 3 - Diversidade morfológica no toiro de Lide (García, 2008)**

### 1.2.2.2. Padrão da Raça

A raça Brava de Lide, tal como referido anteriormente, possui uma grande diversidade genética. De tal modo que, embora o principal critério de seleção seja a bravura, este animal apresente as mais variadas pelagens, tipos de córnea e andamentos, entre tantos outros aspetos. É no entanto possível definir o toiro bravo como um animal de acentuado dimorfismo sexual, elipométrico, acentuado desenvolvimento muscular e grande atividade dinamogénica (Lucas, 2010).

A sua idade pode definir várias fases da sua vida. Com meses este é considerado um bezerro e com um ano um Añejo, onde se verifica o desenvolvimento do aparelho digestivo ruminante e mudanças a níveis hormonais. Com dois anos, é definido como um Eral, começando a notar-se um comportamento em grupo e o crescimento dos cornos. Com três anos considera-se um Novilho ou Utrero e dá-se ocorrência de mudanças acentuadas, nomeadamente no desenvolvimento muscular, jogos sexuais e, associado a isto, pequenas lutas entre machos, notando-se também comportamentos pacíficos, caminhando calmamente pelos pastos e muitas horas a ruminar. Por fim, a partir dos quatro anos, um Toiro, animal adulto (cada vez mais solitário), alimentando-se bastante, dando origem a um grande desenvolvimento muscular e adiposo. É nesta idade que se notam hierarquias de grupos consolidadas e também lutas entre machos (Unión de criadores de toros de lidia, 2013c).

A nível geral o toiro pode ser definido pelos seguintes parâmetros:

- **Corpulência:** Animais volumosos, com esqueleto fino, harmonioso e equilibrado, ostentando pesos que rondam os 500 e 280 kg para machos e fêmeas, respetivamente.
- **Pele e Mucosas:** A pele, quando comparada com outras raças de regime extensivo, é pouco desenvolvida. As mucosas são escuras (existindo alguns exemplares com mucosas brancas).
- **Pelagem:** A variedade de pelagens existentes na raça Brava de Lide é imensa, no entanto há um claro predomínio da pelagem negra. Além da casta mais comum (caso da negra), detetam-se pelagens castanhas, salgadas, malhadas. Existem outras denominações de pelagens exclusivas desta raça, como ensabanado, jabonero, albahío... (**Figura 4**)
- **Andamentos:** Fáceis, enérgicos e corretos.

- Temperamento: Nervoso, agressivo e nobre.
- Adaptabilidade: Grande capacidade de adaptação.

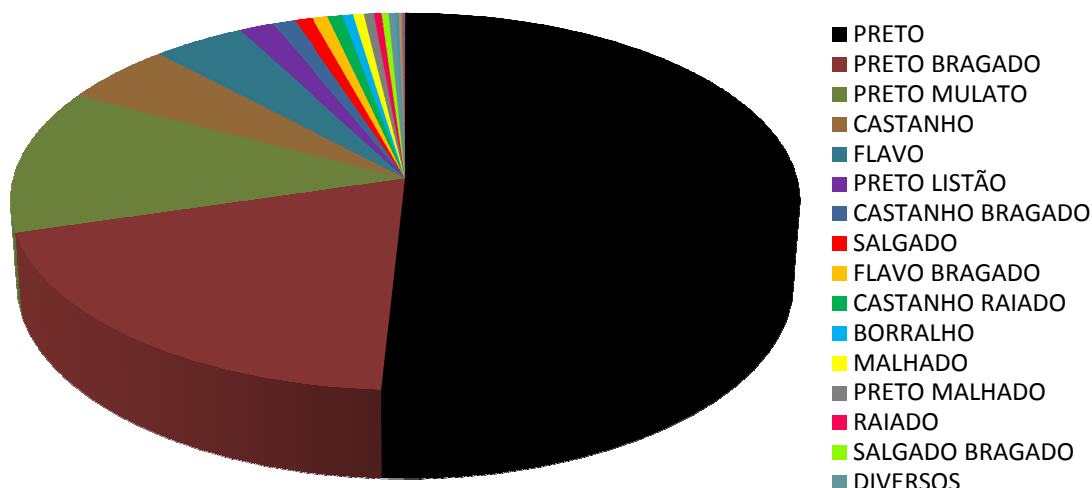
Se observarmos o animal adulto por região do corpo:

- Cabeça: Média e fronte larga, assumindo um perfil subconvexo ou reto, olhos oblíquos vivos cinzentos azulados, bem implantados, cornos finos de inserção horizontal e secção elítica, predominante em forma de gancho (mas muitas variantes) e orelhas pequenas e bem inseridas, de pelos compridos. Nas vacas a cabeça é maior e estreita com córnea igualmente alargada, fina e de direção diversa.
- Pescoço: Bem ligado, flexível, com barbela reduzida e mais musculado em machos do que em fêmeas.
- Cernelha: Pouco saliente e larga.
- Peito: Bem destacado, com o costado bem arqueado.
- Região dorso-lombar: Reta, horizontal, com boa ligação à garupa e bem musculada (machos).
- Ventre: Pouco volumoso.
- Garupa: Mais comprida que larga, com tendência para a horizontalidade.
- Nádega: Bem descida e convexa.
- Coxa: Forte e musculada.
- Cauda: Fina e de média inserção.
- Úbere: Bem implantado, coberto de pelos grandes e finos.
- Membros: Finos, bem proporcionados e aprumados, com articulações fortes, unhas lisas, rijas e bem unidas.

De modo geral, pode-se referir que o antepassado do toiro Bravo de Lide foi substituído por um animal de silhueta recortada, pele fina, com garupa e lombo desenvolvidos e de grande precocidade e rendimento de carcaça (Grave, 2000; Jiménez, *et al.*, 2007; Lucas, 2010).

Como já referido, a raça Brava de Lide possui uma característica que não se encontra noutras raças bovinas: a enorme variabilidade de pelagens, característica desta raça, embora a mais comum seja a Preta. Dependendo do encaste a que pertence e por sua vez dos seus progenitores, a pelagem pode assumir diferentes características. Na **Figura 4** é possível observar as diferentes pelagens e respetivas frequências. Apenas se apresentam

nesta figura as mais comuns, pois, devido à enorme variedade destas tornar-se-ia impossível demonstrar o seu total.



**Figura 4 - Pelagens da raça Brava de Lide**

Tal como já referido, a pelagem mais comum é a Preta (50,6%) seguida da pelagem Preto Bragado e Preto Mulato (19,5% e 12,3% respetivamente).

### **1.2.3. Produção de bovinos em Portugal**

Portugal sempre teve tradição na produção de bovinos e daí esta atividade ter um grande impacto económico, nomeadamente em zonas onde é a única fonte de rendimento do produtor/agricultor. A produção de bovinos estende-se essencialmente pelo Alentejo e Litoral Norte, mas também em regiões como Centro Litoral e Ribatejo e Oeste, através de regime intensivo ou extensivo. A produção das raças autóctones em Portugal e particularmente em sistemas extensivos tem a mais-valia de estas possuírem uma extraordinária capacidade de adaptação ao meio onde vivem e deste modo constituir uma forma eficiente de utilização de recursos naturais. A alimentação destes animais é essencialmente de pastagens e forragens, salvo raras exceções, onde se recorre a alimentos concentrados. A criação de gado em regime extensivo permite ainda, em certas regiões, a

fixação de população no meio rural, evitando a desertificação e com todo este cenário melhorar ainda a paisagem rural (Rodrigues, 1997).

A criação da Raça Brava de Lide em Portugal é caracterizada por um regime de produção extensivo principalmente no centro e sul do país (Ribatejo e Alentejo) verificando-se a presença de alguns efetivos nos Açores (Ilha Terceira) e na Beira Baixa. Esta atividade assume a sua importância a vários níveis.

- Económico:
  - Gera riqueza ao país através dos diferentes festejos taurinos (corridas de toiros, novilhadas, esperas e largadas de toiros, touradas à corda, capeia arraiana, entre muitos outros);
  - Gera sinergias que beneficiam outros setores dinamizando também a economia do meio rural (indústria alimentar animal, indústria farmacêutica, máquinas agrícolas, seguros, combustível, economia da região, etc.);
  - Cria emprego nas mais variadas áreas (ganadeiros, campinos, tratoristas, emboladores, equitadores, transportadores, veterinários e zootécnicos, jornalistas, fotógrafos, professores, cientistas, toureiros, cavaleiros, etc.) (Unión de criadores de toros de lidia, 2013a,b).
- Ecológico:
  - Riqueza genética: o toiro de Lide possui uma estrutura genética particular.
  - Raça bovina mais antiga do mundo: esta seleção foi iniciada antes do início da especialização dos bovinos de carne e posteriormente de leite. A documentação existente permite traçar a origem da raça Brava de Lide aos séculos XVI-XVIII (Unión de criadores de toros de lidia, 2013a,b).
  - Raça dentro de uma raça: o nível de diferenciação genética que se observa entre os encastes é tão elevado (superior até ao existente entre raças bovinas europeias) que se poderia considerar uma raça dentro de outra (Unión de criadores de toros de lidia, 2013a,b).
  - Toiro de Lide e Montado: esta raça é criada essencialmente em zonas/campos que se denominam de montados, considerado pela

União Europeia como um espaço agrário de alto valor natural, o que faz da criação deste animal um contributo para a preservação da biodiversidade e manutenção de um ecossistema único. A sua ocupação abrange 540.000 hectares de montado a nível ibérico.

- Importância dos ganadeiros: através da sua atividade baseada na tradição e aliado ao respeito pelo meio ambiente, estes favorecem a biodiversidade da fauna e da flora, limitam o acesso para construção do homem, são uma barreira a incêndios pela constante limpeza e vigilância das ganadarias, contribuem para a preservação de determinadas espécies que se encontram protegidas ou em vias de extinção e coabitam no mesmo ecossistema da raça Brava de Lide.
- Criação do toiro de Lide: fixa populações pela tradição, postos de trabalho e embeleza paisagens (Unión de criadores de toros de lidia, 2013a,b).
- Cultural: A tauromaquia é ainda fonte de inspiração nas mais variadas vertentes artísticas, como literatura, pintura, escultura, cinema, teatro, música, imprensa (jornais, revistas, sites, etc.) moda e ainda determinadas expressões taurinas que se utilizam no quotidiano (Unión de criadores de toros de lidia, 2013a,b).

Embora a criação da raça Brava de Lide tenha toda esta envolvência, é de salientar que a criação desta raça não é economicamente rentável, principalmente quando comparada com outras espécies pecuárias.

#### **1.2.4. Sistema de Produção**

A produção de gado bravo em Portugal, assim como em Espanha, segue o sistema tradicional extensivo. As ganadarias são herdades com pastagens naturais, geralmente de sequeiro, onde os animais habitam em liberdade e são divididos por grupos de acordo com o entendimento de ganadeiro. Geralmente, as vacas estão separadas dos restantes animais, para cobrição. A reprodução destes animais é por monta natural, geralmente entre 20-25 vacas para sementais novos e entre 30-40 para sementais já provados (com idades que oscilam entre 5 e 14 anos). Nota-se facilidade de parto e forte instinto maternal. O tempo

de gestação de uma vaca é de 9 meses e evita-se que as vacas tenham partos nos meses de maior calor, devido à escassez de pastos nestas épocas, que influenciam diretamente no crescimento e desenvolvimento do bezerro. Caso o animal esteja bem cuidado as vacas poderão voltar a cio fértil 45 dias após o parto (Domecq y Díez, 1986; Jiménez, *et al.* 2007; Lucas, 2010; Unión de criadores de toros de lidia, 2013c).

Após o nascimento dos bezerros, estes permanecem junto das mães até aos 8/10 meses, altura em que são separados das mães (desmame). Segue-se de imediato um processo de identificação do animal, a ferra. No entanto, qualquer animal tem que ser identificado através de uma marca auricular oficial num prazo não superior a 6 meses, de acordo com o SNIRA (IFAP, 2012). O animal, geralmente através da aposição a fogo, é marcado com o símbolo da ganadaria na coxa, com o número de ordem do animal no costado, com o algarismo do ano ganadero de nascimento (1 de Julho a 30 de Junho do ano seguinte) na espádua e por fim a letra **G** (marca da entidade registadora, Livro Genealógico português) na tábua do pescoço. Passados 2 a 3 meses da ferra, as fêmeas são separadas dos machos para que não ocorram gestações indesejadas. Estas só são escolhidas para futuras mães após serem submetidas a uma avaliação por parte do ganadero (Domecq y Díez, 1986; Jiménez *et al.*, 2007; Lucas, 2010).

A principal fonte de alimentação destes animais são os pastos dos campos da herdade onde habitam e por conseguinte o que estes oferecem. No entanto, o toiro é um animal com grande massa muscular e a sua alimentação é estruturada e equilibrada com rações, consoante as épocas do ano e a idade (diferentes necessidades nutritivas) e com especial atenção para as últimas etapas, pois é exigido um altíssimo rendimento físico nos espetáculos taurinos (Domecq y Díez, 1986; Jiménez *et al.*, 2007; Lucas, 2010; Unión de criadores de toros de lidia, 2013c).

### **1.2.5. Características Produtivas**

A exploração desta raça está essencialmente direcionada para a sua aptidão psicológica, a bravura, sendo esta a sua finalidade produtiva e razão do seu nome. No entanto, a sua boa conformação permite um elevado rendimento de carcaça e por isso torna-se numa importante componente para a produção de carne, sendo esta portanto uma fonte de interesse económico. Para além do mais é uma carne de enorme qualidade, visto que o toiro sofre uma engorda progressiva e não intensiva, esta última característica de



explorações vocacionadas para a produção de carne. Deste modo, fêmeas que sejam refugadas por não demonstrar bravura suficiente, podem ser cruzadas com raças típicas de aptidão de carne e reforçar o património pecuário nacional. No entanto, é de notar que a produção cárnica desta raça é inferior às restantes raças especializadas na produção de carne. Desde o peso com que nasce, ao peso que atinge ao desmame, estes animais apresentam valores sempre inferiores aos das raças especializadas em produção de carne (Jiménez, et al., 2007; Lucas, 2010).

### **1.2.6. Livro Genealógico/Programa de Melhoramento**

O Livro Genealógico é um registo de âmbito nacional (continente e ilhas) que teve início em 1986, onde todos os animais puros são, após confirmação da mesma, inscritos. Deste modo, o Livro Genealógico oferece de forma indubitável a identificação do animal.

A primeira identificação refere-se ao nº SIA (Serviço de Identificação Animal) colocado ao nascimento, bem como a respetiva declaração ao Sistema Nacional de Identificação e Registo de Bovinos (SNIRB). Posteriormente, estas declarações são confrontadas com os lotes de cobrição, validando (ou não) desta maneira a raça. Após a validação, o desmame e a ferra (processo já mencionado no capítulo 2.2.3.) o animal pode ser inscrito no Livro de Nascimentos. Para cada animal é ainda efetuado o respetivo resenho e mais tarde emitido o certificado genealógico que acompanhará o animal para a lide (Lucas, 2010).

As fêmeas, só são selecionadas para reprodutoras após um processo de controlo e avaliação denominado por tenta. Este processo é realizado pelo ganadeiro num impresso próprio, onde dá o seu parecer sobre o animal quanto ao tipo morfológico (satisfatório ou insatisfatório), capacidade física (positiva ou negativa), bravura e nobreza de investida (superior, bom, regular ou mau). Este impresso é necessário para a inscrição do animal no Livro de Adultos. No caso dos machos, estes ou passam por uma prova de Acosso e derrube onde são observadas as suas características de arranque, temperamento, ritmo e bravura, ou são lidados (Lucas, 2010).

Embora já se tenham mencionado anteriormente as aplicações do Livro Genealógico, não foi referida a importância que este tem para a implementação de um programa de melhoramento. Embora estes programas não sejam uma ciência exata, pois não se consegue prever o valor genético de um indivíduo ou o que pode surgir de

determinados acasalamentos, pode-se, com base na teoria das probabilidades, especular sobre o que pode acontecer se for tomada determinada atitude (Gama, 2002). Para tal, é necessário ter informação sobre a população na qual se quer desenvolver um programa de melhoramento, para que se consiga fazer um estudo adequado e posteriormente aplicar o programa. Assim sendo, informações como a genealogia do animal têm de ser tomadas em conta. No entanto, só aquela informação de que se tem dados deve ser contabilizada, isto é, se por alguma razão não existir informação sobre os pais do animal e o animal possua um bom património genético, não se deve admitir que os pais também o tivessem. É natural que para um programa mais eficaz a paternidade deva ser conhecida, no entanto não é uma condição necessária para que o programa resulte. Outro fator que deve ser tomado em conta, pois pode dificultar o desenvolvimento do programa, é a interação genótipo/ambiente. Um animal está sempre sujeito ao genótipo que adquire dos seus progenitores, bem como à influência do meio onde está inserido. No entanto, este não deve ser considerado um fator limitativo para os bons resultados do programa de melhoramento desde que seja contornado ao escolher animais em que as condições do meio sejam comuns e que os objetivos de melhoramento estejam devidamente definidos. Deste modo, um programa de melhoramento pode ser aplicado numa raça com elevado risco de extinção, e aqui a prioridade será a conservação “*in situ*” (controle da consanguinidade para manter a variabilidade genética) e “*ex situ*” (conservação de germoplasma) ou em raças em que o tamanho do efetivo o justifique (Gama, 2002; Lucas, 2010).

Em Portugal está atualmente a decorrer o Programa de Desenvolvimento Rural (PRODER), com uma medida específica sobre a Conservação e Melhoramento de Recursos Genéticos - Componente Animal, que tem os seguintes objetivos:

- Assegurar a continuidade da conservação e do melhoramento dos recursos genéticos animais, raças autóctones, exóticas e da raça bovina frísia, permitindo a seleção e disponibilização aos criadores dos melhores animais reprodutores;
- Promover o funcionamento regular dos Livros Genealógicos e Registos Zootécnicos;
- Assegurar os trabalhos de caracterização das raças abrangidas;
- Promover a avaliação genética como objetivo final dos programas de melhoramento.

Desta forma, no âmbito do PRODER todas as raças oficialmente reconhecidas em Portugal poderão candidatar-se à implantação e execução de um programa de conservação e/ou de melhoramento genético (Ministério da Agricultura, Mar, Ambiente e Ordenamento do Território; DGV, 2012).

No caso da raça Brava de Lide, o Programa de Melhoramento tem de passar por provas de avaliação morfológica e funcional. Provas estas que só são exigidas para estes bovinos e para os equinos, e que no caso da raça Brava de Lide, passam por:

- Uma prova individual, visando os seguintes caracteres:

- a) O tipo ou “trapio” do animal – apreciação em relação ao padrão morfológico da raça, seu encaste e sua aptidão para a lide;
- b) A capacidade física, em relação à idade do animal – apreciação relativamente ao desenvolvimento corporal adequado à idade;
- c) A bravura e nobreza da investida, denominadores inerentes à especificidade da raça – avaliação através da operação denominada “Tenta”, onde o animal reagirá satisfatoriamente aos parâmetros ditos de acometividade e de estilo de investida.

- Os animais a testar são considerados com idades compreendidas entre dois e três anos, inscritos no Livro Genealógico e provenientes de efetivos indemnes de doenças infetocontagiosas;

A prova envolve a realização das seguintes operações, avaliadas pelo Secretário Técnico do Livro em impresso próprio, o qual servirá como documento comprovativo dessa execução:

a) Apreciação do tipo, considerando-se satisfatório ou insatisfatório (S ou I) sob o padrão da raça ou encaste do animal;

b) Avaliação da capacidade física exibida antes e durante a prova, considerando-se positiva ou negativa (P ou N);

c) A bravura do animal, ou seja a sua capacidade de investir e a qualidade desta, mede-se na tenta, simulacro da lide em praça, onde o animal reage a um estímulo fixo, comprovando-se quantas vezes se arranca e em que direção o faz, crescendo ou fugindo ao engano, para depois atender a estímulo móvel, verificando-se se a investida é larga, humilhada, contínua e duradoura e, sobretudo, sem derrotas. Ambos os parâmetros da avaliação serão referidos com a classificação comportamental de superior, bom, regular ou mau (S, B, R ou M);

d) O resultado do conjunto destas operações é considerado, relativamente ao animal em teste, com aprovação ou reprovação do mesmo, visando a sua integração no efetivo reprodutor (A ou R) (Ministério da Agricultura, Mar, Ambiente e Ordenamento do Território; DGV, 2012).

Assim, como objetivos principais num programa de melhoramento podem ser destacados dois aspetos, a melhora de caracteres que afetam o comportamento durante a lide e conservar a variabilidade genética da raça Brava de Lide (Ministerio de Medio Ambiente y Medio Rural y Marino, 2011). Está também inserido neste programa (ponto 7) a caracterização genética por análise demográfica.

## **2. Caracterização Genética**

A transmissão de caracteres, de geração em geração, sujeitos à influência do meio, é a base da genética, sendo que é com base nesta que, com o devido estudo e análise, se torna possível escolher e selecionar os animais consoante as necessidades do Homem. Quando se está perante um processo de seleção de animais, pretende-se aumentar a frequência dos genes favoráveis à expressão do carácter de interesse, escolhendo esse animal para reprodutor, para que transmita à descendência o seu património genético (Gama, 2002).

A seleção natural pode ser descrita como um processo em que o Homem não tem qualquer influência e os animais que mais se adequam ao meio onde estão inseridos são os favorecidos. Na seleção artificial, é o Homem que seleciona os indivíduos que serão os futuros reprodutores e que melhor servem os seus interesses, pelo que nas gerações seguintes certos genótipos terão um maior número de descendentes, levando a alterações nas frequências génicas e genotípicas (Cañón, 2002; Falconer e Mackay, 1996; Gama, 2002). A utilização incorreta da seleção poderá provocar a diminuição da variabilidade genética de uma raça e problemas como a extinção ou o aumento de consanguinidade poderão verificar-se (Carolino e Gama, 2000). Atualmente e por ação do Homem, as ameaças são evidentes a nível dos recursos genéticos bovinos. Não só na raça Brava, como em todas as restantes raças de bovinos. O acasalamento indiscriminado de um reduzido grupo de machos reprodutores e o cruzamento indiscriminado entre raças, tem provocado desintegração, diminuição dos efetivos das raças autóctones, bem como o aumento do grau

de consanguinidade destas populações, ameaçando a diversidade genética. Geralmente, a escolha dos machos reprodutores na raça Brava de Lide é baseada nos caracteres relacionados com o comportamento. O facto de a escolha ser baseada neste carácter, implica que as ganadarias optem por um número reduzido de machos reprodutores, podendo aumentar a consanguinidade (FAO, 2007; Santa-Martina, 2001; Viard, 2010). Autores como Garcia (2008) afirmam que a procura de certas características nos toiros de Lide, levam a que certos encastes sejam menos procurados por não terem as características pretendidas, conduzindo à diminuição da diversidade genética e risco de extinção. No entanto, no "Relatório Nacional sobre a Situação dos Recursos Genéticos Animais em Portugal", apresentado em 2004 (Gama *et al.*, 2004), a raça Brava de Lide não está em risco de extinção segundo o regulamento CE nº445/2002. Porém, segundo Cañón *et al.* (2008) a avaliação de risco desta raça deveria realizar-se por encastes.

Diversas razões podem justificar a necessidade de conservar os Recursos Genéticos Animais (RGAn) em qualquer parte do Mundo. A necessidade em conservar os RGAn está intimamente relacionada com a importância destes quer para o Homem quer para o equilíbrio de toda a biodiversidade. Estas razões podem ser classificadas segundo diversos motivos ou questões de ordem económica, social, cultural, etc., que conduzem as mais diversas entidades a nível Nacional ou Internacional a promover a conservação dos RGAn (Carolino e Espadinha, 2008; Silva *et al.*, 2008).

É importante realçar que, para qualquer tipo de estratégia de conservação se tenha em consideração o impacto em dois tipos de variabilidade genética – inter-racial (diversidade entre raças) e a intra-racial (diversidade dentro de cada raça) – seja esta para a diversidade global de uma ou de diversas espécies. O estudo da variabilidade genética de uma população pode ser realizado através de marcadores moleculares, da estimativa de parâmetros genéticos, ou ainda através da análise de dados genealógicos (Carolino e Espadinha, 2008; Silva *et al.*, 2008). Os marcadores para estudos de diversidade genética sofreram uma grande evolução nos últimos anos com o desenvolver da biotecnologia e têm especial importância no estudo genético das populações. Podem ser classificados como:

- Marcadores morfológicos – A classificação das espécies é realizada, considerando como distintas, as espécies que apresentam caracteres morfológicos diferenciados.
- Marcadores moleculares – Fragmentos de ADN, caracterizados por uma localização cromossómica fixa e elevado polimorfismo, que permitem

determinar os indicadores de variabilidade pretendidos. É o meio mais utilizado para estudos filogenéticos, análises de variabilidade genética, estabelecimento de mapas genômicos e também para o diagnóstico de certas doenças hereditárias. Os microssatélites ou STRs (*Short Tandem Repeats*) são pequenos fragmentos de ADN (sequências de 2-6 nucleótidos repetidas em série) distribuídos pelo genoma eucariota. Por serem marcadores polimórficos (elevado número de alelos) de identificação fácil e econômica, tornaram-se os mais utilizados em estudos de caracterização genética de populações (FAO, 2007; Schlotterer, 2004; Silva *et al.*, 2008).

Por sua vez, a análise demográfica trata-se de uma metodologia que descreve a estrutura e dinâmica de uma população, e por conseguinte a sua variabilidade genética e evolução. Esta ainda possui uma mais-valia, pois, ao contrário dos marcadores moleculares, avalia a população desde o seu passado, desde que para isso existam dados suficientes que o permitam (Carolino e Espadinha, 2008; Carolino e Gama, 2011).

## **2.1. Caracterização Genética por Análise Demográfica**

Com o agravamento que se tem vindo a assistir na perda de determinadas raças ou espécies ou de diversidade genética, estratégias de conservação têm-se tornado indispensáveis para a sobrevivência ou reconstituição destas. Deste modo, os estudos da variabilidade genética, têm-se tornado também numa base fundamental, para que se possa ter o conhecimento mais pormenorizado das raças e daí o bom resultado do programa de melhoramento aplicado.

A caracterização genética por análise demográfica está prevista no Programa de Conservação e Melhoramento Genético Animal (PCMGA) e tem como objetivo o estudo genético da população em causa. Pretende-se que seja elaborado um relatório com o apoio de técnicos especializados em genética quantitativa e de populações, referente a raças que tenham informação suficiente, para que se possam tratar e analisar nomeadamente parâmetros produtivos, reprodutivos e genealógicos (Ministério da Agricultura, Mar, Ambiente e Ordenamento do Território; DGV, 2012).

Deste modo, a caracterização demográfica é uma metodologia fundamental que descreve a estrutura de uma população, considerando-a como um grupo de indivíduos em constante renovação, descrevendo por conseguinte a sua variabilidade genética e evolução ao longo das gerações.

## 2.2. Parâmetros/Indicadores Demográficos

Tal como já referido anteriormente, para o estudo e realização da caracterização genética por análise demográfica são necessários determinados parâmetros demográficos, que após a sua estimativa e análise, retribuem a informação necessária para o estudo da população. Deste modo os parâmetros são obtidos a partir da base de dados da associação (correspondente à população em estudo) e juntamente com programas informáticos direcionados para este tipo de estudo, são estimados, nomeadamente:

- Evolução dos registos no Livro Genealógico
- Dimensão dos efetivos
- Intervalo de gerações (L)
- Grau de preenchimento das genealogias
- Número de gerações conhecidas ( $n_i$ )
- Consanguinidade individual ( $F_i$ )
- Grau de parentesco ( $a_{ij}$ )
- Acréscimo de consanguinidade por ano ( $\Delta F/\text{ano}$ )
- Acréscimo de consanguinidade por geração ( $\Delta F/\text{geração}$ )
- Tamanho efetivo da população
- Contribuições genéticas de fundadores ( $q_k$ ) e ascendentes ( $p_k$ )
- Número efetivo de fundadores ( $f_e$ )
- Número efetivo de ascendentes ( $f_a$ )

Cada parâmetro é obtido, calculado e interpretado de maneira diferente e confere também diferente informação para a análise da população.

## **2.3. Software Disponível**

Para este tipo de estudo são necessárias ferramentas de análise onde se possam inserir dados e valores informativos da população em estudo, para que posteriormente seja feita uma análise e se possam apresentar e interpretar os respectivos resultados e conclusões do estudo. Esta ajuda passa assim por determinados *softwares* com algoritmos direcionados para a devida análise de parâmetros, como os já mencionados no capítulo anterior.

Deste modo, são vários os programas informáticos que apoiam este tipo de estudo.

### **2.3.1. ENDOG (Gutierrez)**

ENDOG é um programa de genética desenvolvido por Gutierrez e Goyache (2004), para computador que permite analisar variadas informações genéticas e demográficas. A linguagem utilizada no desenvolver do programa foi VisualBasic™ e é executado sob versões do Windows a partir de 95.

Este programa permite analisar parâmetros como endogamia individual, média de coeficientes de parentesco, tamanho efetivo da população, número efetivo de fundadores e ascendentes, estatísticas e distâncias genéticas, importância genética dos efetivos e intervalos de geração (Gutiérrez e Goyache, 2004).

### **2.3.2. PEDIG (Boichard)**

Didier Boichard é outro autor que desenvolveu um software específico para a análise de grandes populações. Este é constituído por um conjunto de aplicações/programas escritos em Fortran que permitem, além dos cálculos de parâmetros genéticos, caracterizar as informações de pedigree (Boichard, 2007).

*ngen.f* é o programa que calcula a média dos antepassados conhecidos, a percentagem dos antepassados conhecidos por geração e o número equivalente completo das gerações encontradas, sendo que estas informações são obtidas com dados de entrada como o sexo e o ano de nascimento e apenas para animais em que pelo menos seja conhecido o pai ou a mãe.



*intgen.f* é o programa que calcula os intervalos de geração através do sexo e do ano de nascimento.

*intged.f* é o programa que calcula os intervalos de geração em dias, através do sexo e do ano de nascimento.

Para o cálculo dos coeficientes de consanguinidade este autor criou dois programas diferentes, que se distinguem pelo método em que se baseiam.

*meuw.f* calcula o coeficiente de consanguinidade a partir do fator Cholesky da matriz de parentesco. Método rápido para pedigrees que não ultrapassam 15 gerações.

*vanrad.f* calcula também o coeficiente de consanguinidade, no entanto com base no método tabular. Embora este se torne mais lento que o anterior, pode ser mais flexível.

*grain.f* determina os ancestrais e a consanguinidade ancestral e parcial por simulação.

*prob\_orig.f* calcula a probabilidade da origem do gene para um população considerada como referência (grupo de indivíduos definidos de acordo com o sexo e período de nascimento). Deste modo, é possível determinar o número de fundadores, combinando em conjunto estas probabilidades. Permite ainda detetar os ascendentes com maior contribuição marginal. E fornece um registo de saída que pode ser usado como registo de entrada no *grain.f*.

*segreg.f* simula a segregação de alelos fundadores na população, estima as frequências dos genes fundadores e combina estas frequências para estimar o número efetivo de genomas remanescentes na população de referência.

*etr.f* permite conhecer a evolução das contribuições da raça original, desde que se tenha conhecimento da origem dos fundadores. Caso esta não seja conhecida, os valores padrão podem ser obtidos pelo sexo e ano de nascimento. Se mesmo assim, esta informação não for conhecida, assume-se que é o número um na origem da população.

*par3.f* e *parente.f* são programas que, embora o algoritmo de cada um seja diferente, ambos computam a matriz de parentesco completa de um ou dois grupos de indivíduos. No

entanto *part3.f* não apresenta qualquer limitação e daí estar recomendado para grandes aplicações.

*par2.f* calcula a relação média entre um conjunto de indivíduos por um lado, e um grupo de referência por outro.

*par.f* calcula o nível médio de relacionamento numa grande população (Boichard, 2007).

### **2.3.3. Software para a Gestão de Recursos Genéticos Animais Programa – Fonte Boa**

Foram desenvolvidas nos últimos anos aplicações informáticas no então Departamento de Genética e Melhoramento Animal da antiga Estação Zootécnica Nacional (Santarém – Portugal). Estas aplicações têm como principal objetivo o auxílio no estudo demográfico de populações ou simplesmente como complementos a outros tipos de software. O software, desenvolvido por Carolino e Gama (2002) para ser executado sem problemas em sistemas operativos Windows, utilizou como base Clipper/MS-DOS com recurso a ficheiros DBF. Estão disponíveis as seguintes aplicações:

#### *Renumerar*

Esta aplicação valida e codifica a identificação dos animais incluídos num ficheiro de pedigrees. Por vezes estes ficheiros contêm determinados erros que posteriormente, caso não sejam detetados, comprometem os cálculos e por sua vez a informação obtida. É neste sentido que esta aplicação vai atuar, na medida em que corrige ou identifica erros cometidos na construção destes ficheiros, sendo que os mais frequentes são, animais repetidos, animais que aparecem como pais e mães em diferentes registos, animais que aparecem como progenitores sem estarem como indivíduos, incompatibilidades entre datas de nascimento pai/filho ou mãe/filho.

#### *Consang*

Esta aplicação estima os coeficientes de consanguinidade dos indivíduos da população em estudo, através do método tabular (método eficaz em pedigrees complexos).

Este método ordena todos os indivíduos por data de nascimento de modo a que no processo de cálculo os filhos apareçam sempre depois dos pais. O que pode originar problemas, se por algum motivo não se tiver conhecimento de uma data de nascimento. O que no entanto pode ser contornado utilizando a aplicação RENUMERA.

### *Parent*

Esta aplicação estima os coeficientes de parentesco entre todos os indivíduos da população em estudo. Para isso, utiliza o ficheiro RENUMERA para a introdução dos dados e o método tabular para o cálculo dos coeficientes de parentesco. Torna-se no entanto numa aplicação mais exigente computacionalmente devido ao seu algoritmo.

### *Genefund*

Esta aplicação calcula o número efetivo de fundadores da população em estudo. Qualquer animal que tenha a data de nascimento desconhecida será excluído da população em estudo, bem como animais que não tenham os pais conhecidos. Após a análise da aplicação aparece no ecrã a informação detalhada da população:

- População em estudo
- Número de fundadores conhecidos
- Número de fundadores desconhecidos
- Número de animais da população em estudo
- Número de animais eliminados da população em estudo
- Número efetivo de fundadores

É também possível visualizar o valor da contribuição de cada fundador para a população em estudo.

### *Geneasce*

Esta aplicação calcula o número efetivo de ascendentes da população em estudo. À semelhança da aplicação GENEFUNFUND, também nesta, animais com datas de nascimento e pais desconhecidos são excluídos da população. De igual modo, também aparece a seguinte informação detalhada:

- População em estudo

- Número de ascendentes conhecidos
- Número de ascendentes desconhecidos
- Número de animais da população em estudo
- Número de animais eliminados da população em estudo
- Número efetivo de ascendentes

E é possível visualizar o valor da contribuição marginal de cada ascendente para a população.

### *Genealog*

Esta aplicação calcula o grau de preenchimento das genealogias (até aos bisavós) da população. Os resultados serão apresentados em valores numéricos e em percentagem de ascendentes conhecidos.

### *Geracao*

Esta aplicação permite calcular o número de gerações conhecidas por indivíduo. Se também se pretender, a partir de determinadas opções e juntamente com o ano de nascimento do indivíduo e número de gerações conhecidas, é possível construir um gráfico que revela a evolução ao longo dos anos do número de gerações conhecidas (Carolino e Gama, 2002).

## 3. Materiais e Métodos

### 3.1. Dados Disponíveis

Neste estudo foi feita uma análise demográfica à raça Brava de Lide através de todos os registos de animais disponíveis na Associação Portuguesa de Criadores de Toiros de Lide (APCTL) recolhidos entre 1964 e 2012.

O número total de registos foi de 157734 animais, dos quais 144292 são animais puros, provenientes de 432 ganadarias. Na totalidade destes animais, 75430 são fêmeas e 68862 são machos.

Os dados encontram-se numa plataforma informática da Associação Portuguesa de Criadores de Toiros de Lide, que tem por base o programa GENPRO. Esta aplicação funciona “online” e foi desenvolvida de raiz para a gestão de Livros Genealógicos e apoio aos programas de conservação e melhoramento, permitindo acessos quer pelos técnicos quer pelos criadores. Os dados provenientes desta aplicação podem ser exportados em diversos tipos de formato. Para este trabalho, os dados foram inicialmente convertidos em ficheiros ACCESS e, posteriormente, foram construídos ficheiros DBASE para serem submetidos a análise, quer pelo programa FONTE BOA, quer pelo programa ENDOG. No entanto, é necessário validar estes dados para que os resultados sejam fidedignos. Problemas de dados mal inseridos ou repetidos originariam resultados falsos. Deste modo, com as aplicações já mencionadas anteriormente (capítulo 2.3.) são feitas validações da idade ao parto, sexo do animal, e data de nascimento, etc.

Determinados parâmetros foram calculados para diferentes intervalos de tempo, para melhor se descrever a evolução da raça Brava de Lide e, desta forma, avaliar-se a sua situação no passado e em momentos mais recentes.

### 3.2. Metodologia de Análise

O número de gerações conhecidas ( $n_i$ ) é estimado pela seguinte expressão:

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

Onde,  $n_s$  e  $n_d$  representam o número de gerações conhecidas do pai e da mãe, respectivamente. Caso o pai ou a mãe do indivíduo seja desconhecido,  $n_s$  e  $n_d$  tomam o valor “-1”. Nos primeiros cálculos de gerações conhecidas, não são conhecidos os progenitores dos indivíduos e deste modo  $n_i=0$ .

O coeficiente de consanguinidade individual ( $F_i$ ) representa a probabilidade de dois alelos no mesmo *locus* serem iguais por descendência. Sendo (i e j) dois indivíduos, o grau de parentesco ( $a_{ij}$ ) é o dobro da probabilidade de um alelo retirado ao acaso de um determinado *locus* do indivíduo i e um alelo retirado ao acaso de um determinado *locus* do indivíduo j, serem iguais por descendência. Ambos estes parâmetros podem ser estimados pelo método tabular,

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

$$(3) a_{ij} = a_{ji}$$

$$(4) a_{ii} = 1 + F_i$$

$$(5) F_i = \frac{1}{2}a_{(Pai\ de\ i.Mãe\ de\ i)}$$

O acréscimo anual da consanguinidade ( $\Delta F/\text{ano}$ ) pode ser estimado por regressão do coeficiente de consanguinidade individual ( $F_i$ ) no ano de nascimento e utilizando, por exemplo, o programa SAS e o modelo linear  $F_{ij} = b_0 + b_1 \text{ano}_i + e_{ij}$ , onde:

$F_{ij}$  – Consanguinidade individual do indivíduo j nascido no ano i.

$b_0$  – a interceção.

$b_1$  – coeficiente de regressão linear da consanguinidade individual no ano de nascimento.

$e_{ij}$  – erro associado com a observação  $ij$ .

Associado ao acréscimo anual da consanguinidade é possível determinar o acréscimo da consanguinidade por geração ( $\Delta F$ /geração). Basta para isso multiplicar ( $\Delta F$ /ano)\*L, sendo que L representa o intervalo de gerações médio e corresponde à idade média dos pais quando nascem os filhos que os vão substituir.

$$(6) L = \frac{L_{PT} + L_{PV} + L_{MT}L_{MV}}{4}$$

Onde:

$L_{PT}$  – Intervalo de gerações de Pais de Touros

$L_{PV}$  – Intervalo de gerações de Pais de Vacas

$L_{MT}$  – Intervalo de gerações de Mães de Touros

$L_{MV}$  – Intervalo de gerações de Mães de Vacas.

O tamanho efetivo de uma população ( $N_e$ ), pode ser definido como o número de indivíduos de uma população com uma estrutura não ideal, que daria origem a uma determinada taxa de consanguinidade se a sua estrutura fosse ideal (ausência de seleção, igual número de machos e fêmeas, acasalamentos aleatórios, etc.), sendo calculado por:

$$(7) N_e = \frac{1}{2(\Delta F/geração)}$$

O número efetivo de fundadores ( $f_e$ ), ascendentes ( $f_a$ ), contribuições genéticas de fundadores ( $q_k$ ) e de ascendentes ( $p_k$ ) podem ser determinados através de metodologias, que assentam segundo um raciocínio, em que um alelo tem igual probabilidade (50%) de

ter origem no pai ou na mãe, tem de igual forma 25% de probabilidade de receber um alelo de cada um dos avós, 12,5% de probabilidade de cada um dos bisavós e assim sucessivamente. Portanto, é possível para qualquer animal, tendo por base os fundadores existentes na sua ascendência, calcular a probabilidade de origem dos seus genes, ou a contribuição genética que um indivíduo (ou grupo de indivíduos) recebeu de um fundador.

As contribuições dos animais fundadores para a população são sempre calculadas do indivíduo mais novo (não fundador) para o mais velho, em que um indivíduo que não tenha descendentes contribui com 1 para a população. Posteriormente é contabilizada a contribuição que os pais deixaram a este indivíduo ( $\frac{1}{2}$ ). Por sua vez, a contribuição que cada progenitor contribui para a população será a já acumulada até ao momento mais a metade da contribuição do indivíduo já processado: Clarificando:

Contribuição do Pai de  $i$  = contribuição acumulada do Pai de  $i$  (até ao momento) +  $\frac{1}{2}$  contribuição do indivíduo  $i$ .

Por fim, e aplicando estes cálculos a todos os indivíduos, divide-se a contribuição de cada fundador pelo número total de indivíduos da população. O somatório das contribuições de todos os fundadores evidencia o património genético total da população, sendo por sua vez igual a 1. Da mesma maneira, se cada fundador contribuir de igual forma para a população, o número efetivo de fundadores é igual ao número real de fundadores.

O número efetivo de fundadores ( $f_e$ ), pode assim ser interpretado como o número de fundadores que daria origem à diversidade genética na população caso todos os fundadores contribuíssem de igual modo, obtido através da equação 8.

$$(8) f_e = \frac{1}{\sum_{k=1}^f q_k^2}$$

Onde:

$q_k$  – contribuição proporcional de cada fundador  $k$  (sendo um fundador um animal que não se conhece o pai nem a mãe).



Com o mesmo raciocínio utilizado para a contribuição dos fundadores (um indivíduo tem igual probabilidade de receber um alelo da mãe ou do pai, tem 25% de receber da avó ou do avô e 12,5% de receber da bisavó ou bisavô), pode-se determinar um indicador necessário para a determinação de outros parâmetros – a contribuição marginal de cada ascendente para a população. Esta, para além do cálculo da contribuição de cada indivíduo (do mais novo para o mais velho), também é necessário o mesmo cálculo, mas do indivíduo mais velho para o mais novo, pois só assim é possível “separar” a contribuição genética do indivíduo da contribuição genéticas dos seus ascendentes, que já esteja contabilizada. Como nem todos os ascendentes são fundadores e para além do mais podem ainda ser aparentados entre si, para que a informação não seja falaciosa, é importante que se tenha em atenção a contribuição ainda não explicada por outros ascendentes já calculados.

O número efetivo de ascendentes ( $f_a$ ) é definido como o número de ascendentes que explicam a totalidade da variabilidade genética da população em estudo, se todos os tivessem igual contribuição de acordo com equação 9.

$$(9) f_a = \frac{1}{\sum_{k=1}^f p_k^2} \text{ sendo } p_k = q_k \left(1 - \sum_{i=1}^{n-1} a_{ij}\right)$$

Onde:

$p_k$  – contribuição ainda não explicada pelos seus ascendentes já calculados.

$q_k$  – proporção com que cada ascendente  $k$  contribui para a população em estudo, sendo deduzida a contribuição de todos os seus parentes com contribuições já determinadas.

$a_{ij}$  – parentesco entre  $k$  e cada um dos seus  $n-1$  ascendente.

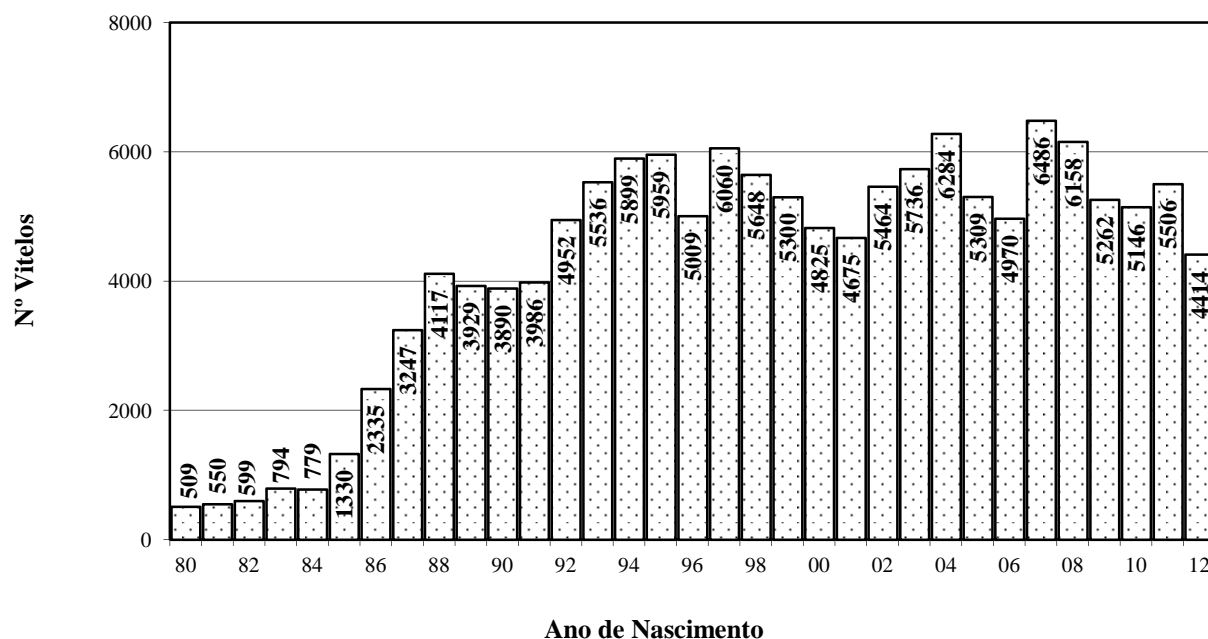
O coeficiente de parentesco médio (AR) de cada indivíduo representa o parentesco médio entre cada animal e todos os indivíduos da população. Pode ser interpretado como o dobro da probabilidade de dois alelos escolhidos ao acaso, um de um determinado indivíduo e outro da população total, serem idênticos por descendência. O seu cálculo corresponde à média dos coeficientes de parentesco que integram a linha do indivíduo em

causa, na matriz de parentesco da população total (Goyache *et al.*, 2003). As vantagens da utilização deste parâmetro recaem no facto do AR de um fundador indicar a percentagem que este fundador tem na origem da população; os coeficientes de AR podem também ser usados como um indicador de consanguinidade; o AR pode ser usado como um indicador para que a seleção tenha por base animais reprodutores com um valor de AR baixo; pode ser usado para calcular o tamanho efetivo da população fundadora, como o inverso da soma dos quadrados dos coeficientes de AR através dos animais fundadores (Gutiérrez e Goyache, 2004).

O índice de conservação genética (GCI) pode ser interpretado como a proporção de genes dos diferentes fundadores no pedigree do animal. Este parâmetro pode ser usado para maximizar a retenção da contribuição genética a partir de diferentes fundadores (valores maiores representam indivíduos com uma representação mais equilibrada de todos os fundadores) (Piccoli *et al.*, 2012).

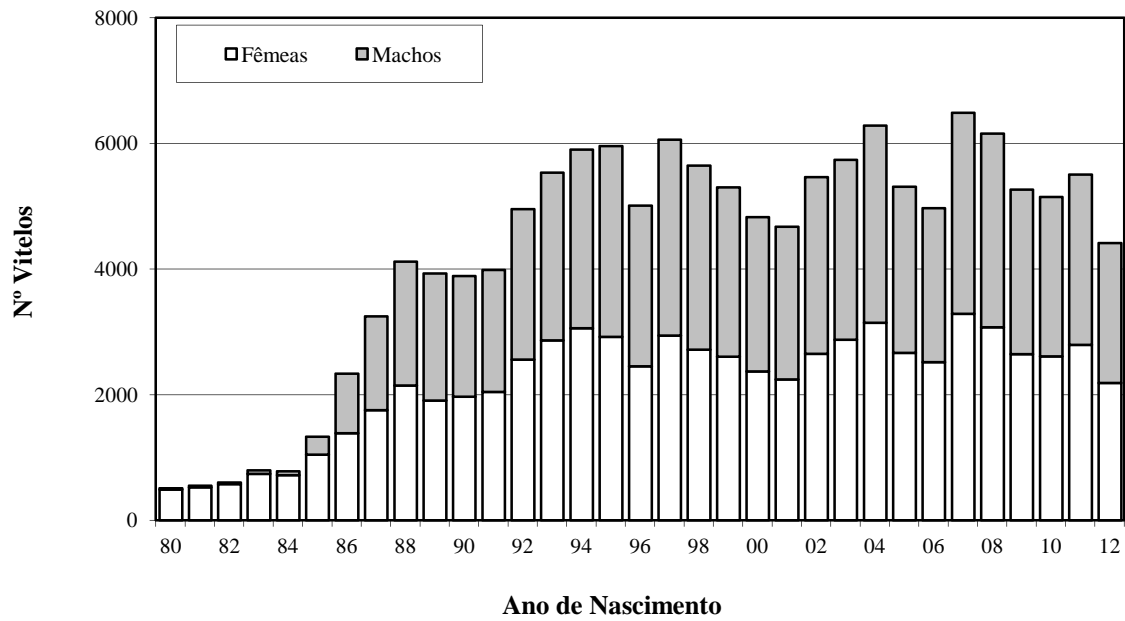
## 4. Resultados e Discussão

O Livro Genealógico, tal como já mencionado no capítulo 2.2.5., teve início no ano de 1986. A partir desta data, todos os animais puros começaram a ser registados. Tais registos, podem ser observados na **Figura 5** que apresenta o número de vitelos nascidos por ano.



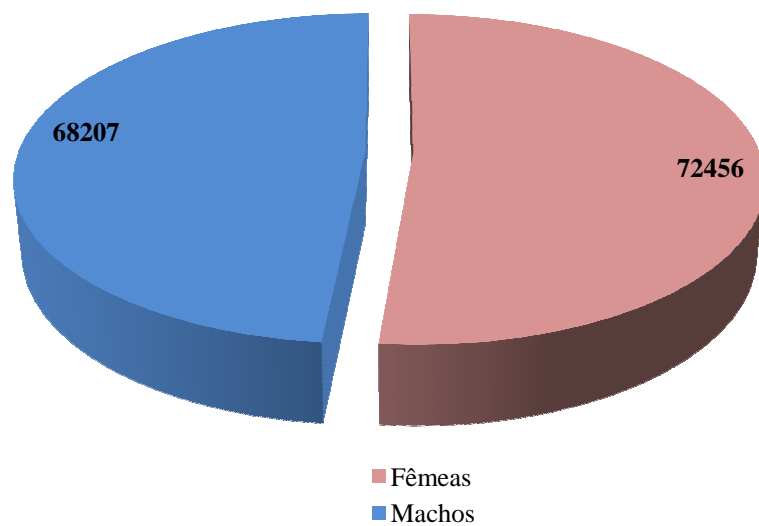
**Figura 5 - Número de vitelos nascidos por ano**

Ao observar a **Figura 5**, embora a partir de 1992 o número de nascimentos tenha sofrido um aumento considerável (após alguns anos de estabilidade), este tenha sido muito instável até à data, variando entre os 4000 e 6000 nascimentos por ano. É possível que só a partir de 1989/1990 é que tenha sido organizado devidamente o registo de animais puros, pois é a partir destes anos que se assiste a um equilíbrio no nascimento entre fêmeas e machos por ano (**Figura 6**).

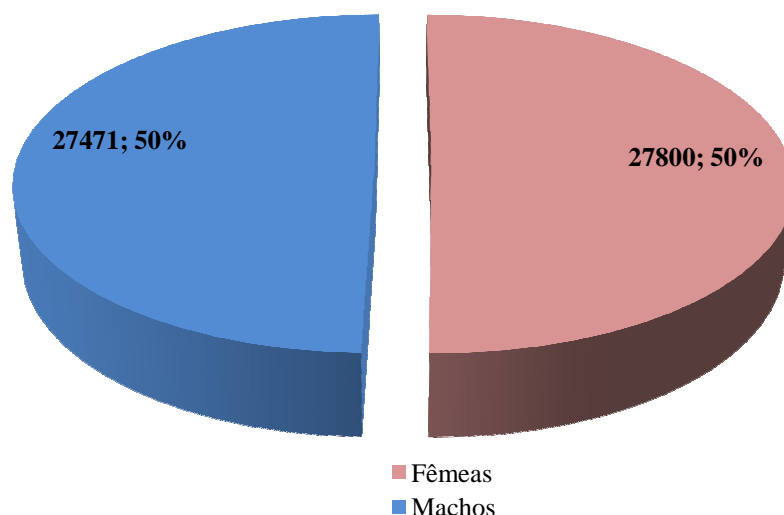


**Figura 6 - Número de vitelos nascidos por ano e por sexo**

Face ao número de vitelos nascidos por ano é possível constatar que este equilíbrio não só se manteve ao longo dos anos, como cada vez mais se equiparou no número de fêmeas e machos nascidos por ano (**Figuras 7 e 8**).

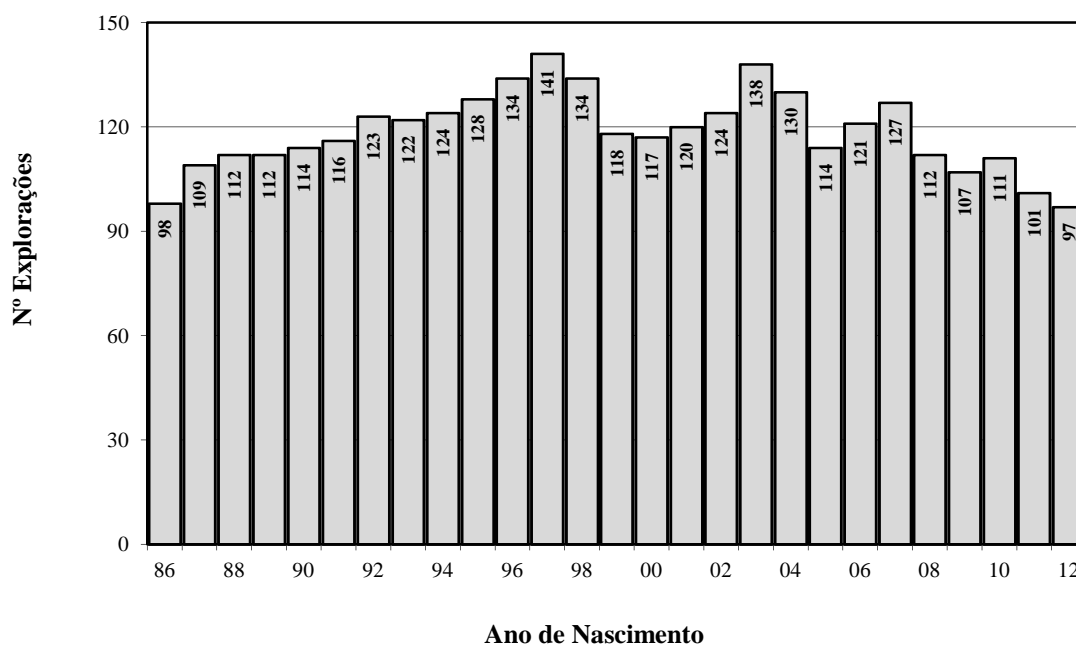


**Figura 7 - Número de fêmeas e machos nascidos (1980-2012)**



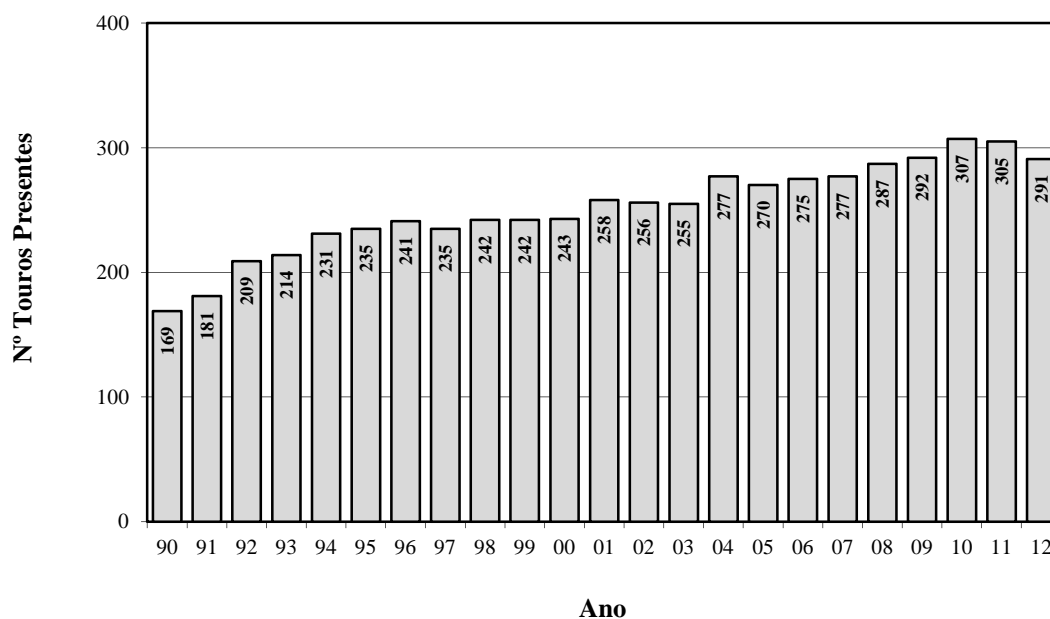
**Figura 8 - Número de fêmeas e machos nascidos nos últimos 10 anos (2002-2012)**

A **Figura 9** permite perceber a evolução do número de explorações a nível nacional ao longo dos anos e desta forma constatar que, embora tenham surgido e desaparecido algumas explorações no decorrer do tempo, nunca houve variações acentuadas. No entanto, tem-se vindo a assistir a uma diminuição de explorações de 2007 até à data.



**Figura 9 - Número de explorações ativas por ano**

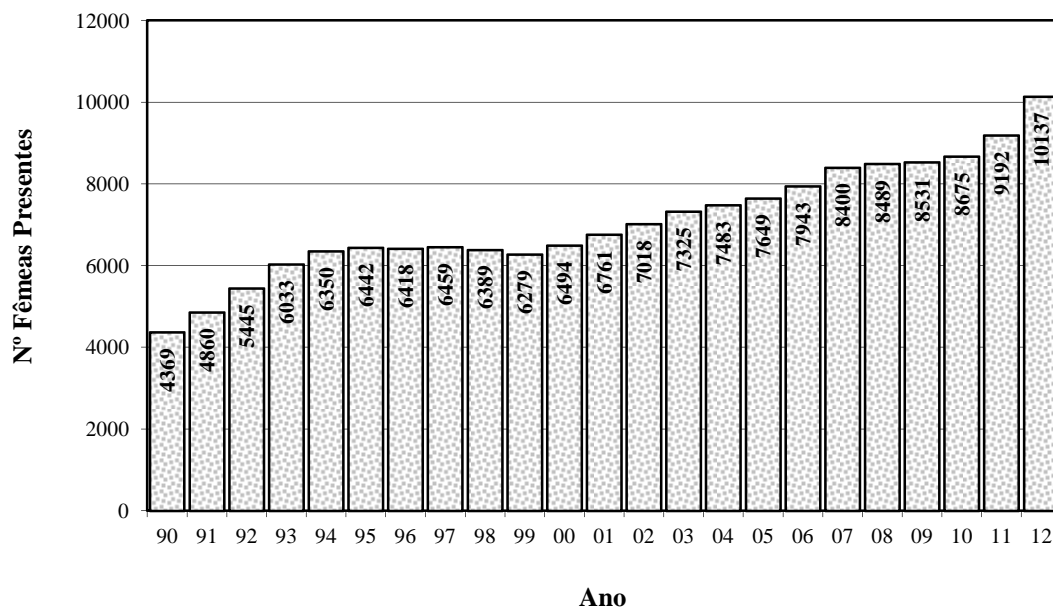
Desde que há registos na raça Brava de Lide, tem-se assistido a um aumento progressivo do número de machos utilizados como reprodutores (**Figura 10**).



**Figura 10 - Número de machos reprodutores presentes por ano**

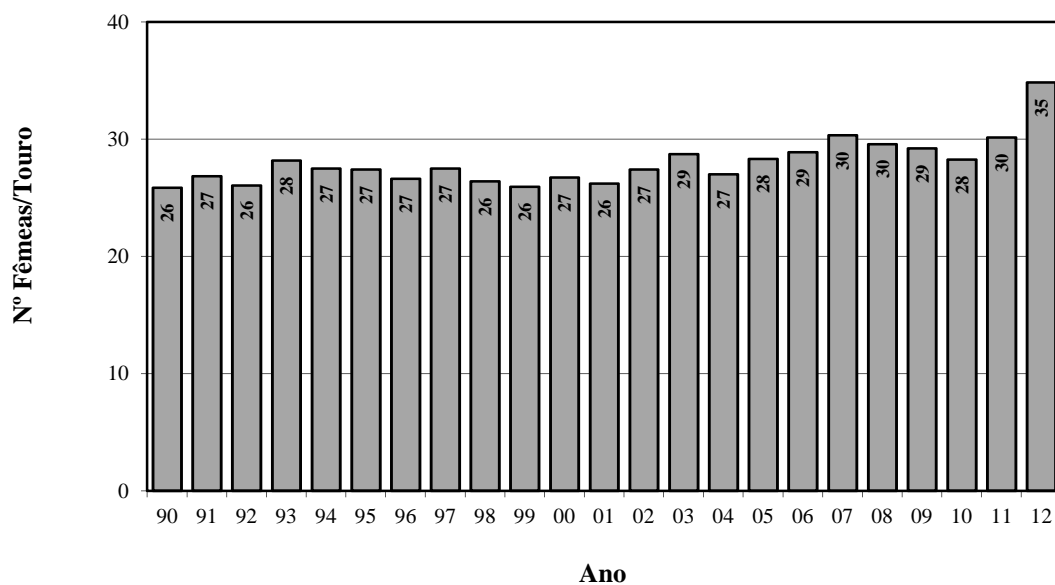
Como é possível observar, embora este aumento não tenha sido brusco, constata-se que ao comparar o ano de 1990 (169 touros) com os anos de 2010/2011/2012 ( $\approx 300$ ) este aumento tenha sido aproximadamente mais 130 touros, embora no ano de 2012 se tenha assistido a uma leve diminuição destes.

Relativamente às fêmeas e à semelhança dos touros, também nestas se assiste a um aumento progressivo de fêmeas reprodutoras ao longo dos anos (**Figura 11**). No entanto, num número muito mais elevado. Se em 1990 o número de fêmeas era de 4369, em 2011 este era mais do dobro (9192 fêmeas). O ano de 2012 apresenta um número de fêmeas mais elevado, que pode ser resultado da falta de atualização dos animais abatidos à data da realização deste trabalho.



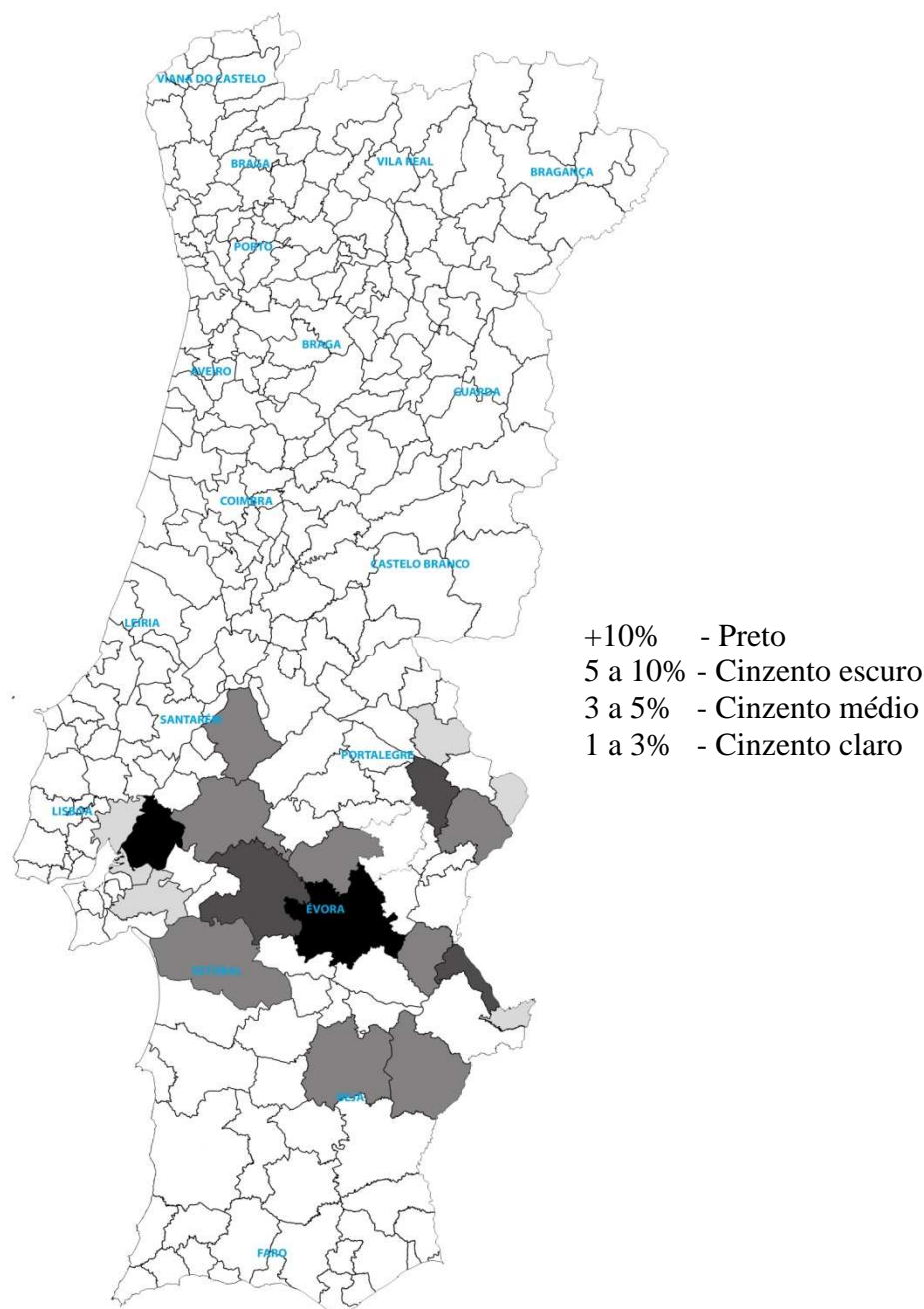
**Figura 11 - Número de fêmeas reprodutoras presentes por ano**

Verificámos nos gráficos anteriores (**Figura 10 e 11**) que tanto o número de machos como fêmeas aumentou progressivamente, justificando deste modo um número tão constante do número de fêmeas reprodutoras por macho ao longo dos anos, como é possível observar na **Figura 12**, variando este número entre 26 e 30 fêmeas. A exceção é 2012, que apresenta 35 fêmeas por macho, mas como já mencionado este valor pode estar alterado.



**Figura 12 - Número de fêmeas reprodutoras por macho ao longo dos anos**

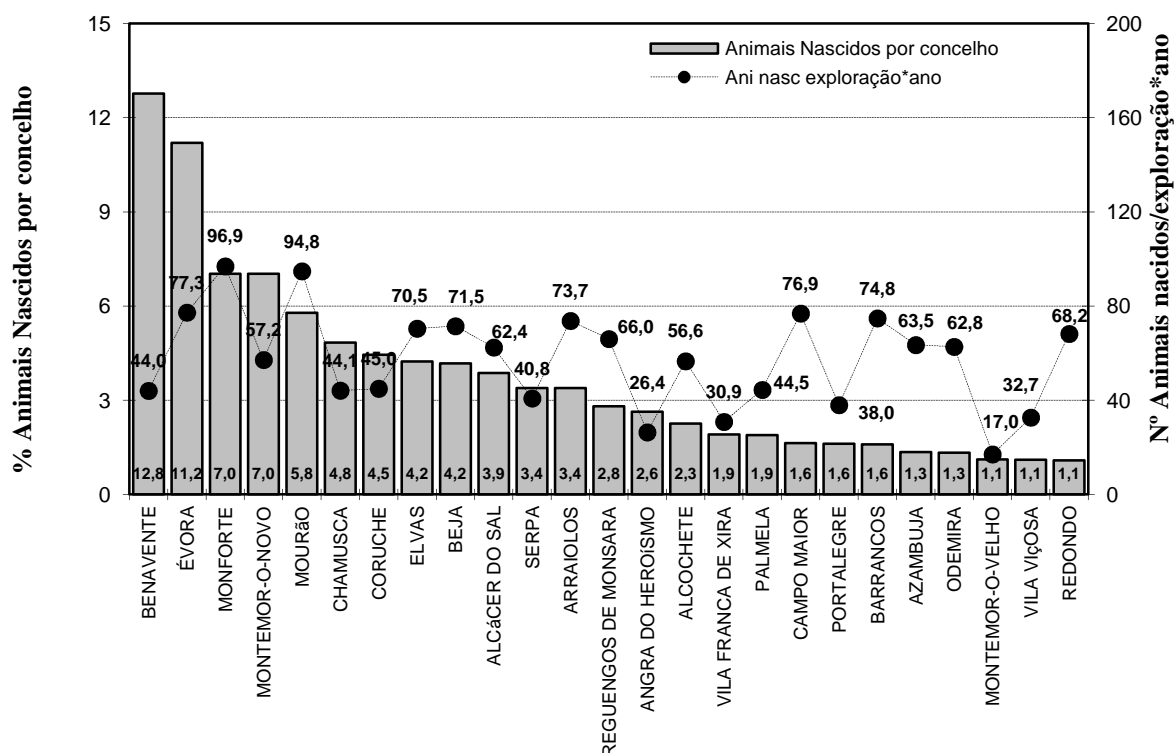
A produção de algumas raças autóctones está confinada a uma determinada região do país. No caso da raça Brava, a distribuição dos efetivos encontra-se essencialmente entre o Alentejo e o Ribatejo, região esta onde tiveram origem. Embora hajam outras zonas onde existem efetivos desta raça, estas têm muito menor representação. A **Figura 13** apresenta a distribuição geográfica dos animais nascidos, estando associado às cores mais escuras a maior percentagem de animais nascidos por concelho.



**Figura 13 - Distribuição geográfica dos animais nascidos entre 1990 e 2012**



Ao analisar as **Figuras 13 e 14** é notável que o maior número de animais nascidos predomina nos concelhos de Benavente e Évora (12,8 e 11,2%, respetivamente), seguindo-se os concelhos de Monforte (7,0%), Montemor-o-Novo (7,0%) e Mourão (5,8%).



**Figura 14 - Número médio de animais nascidos por exploração\*ano segundo o concelho (1990-2012)**

Quando o mesmo estudo é efetuado para um período de tempo diferente, assistem-se a determinadas variações. As **Figuras 15 e 16** demonstram o mesmo estudo mas para o intervalo de anos entre 2010 e 2012. Embora o solar de criação desta raça se mantenha essencialmente entre o Ribatejo e o Alentejo, as maiores diferenças observáveis é a descida de animais nascidos no concelho de Benavente e o aparecimento de concelhos que nestes últimos três anos passaram a ter uma maior expressão de animais nascidos, nomeadamente Fronteira (4,15%), Cuba (3,97%), Redondo (2,26%) e Montemor-o-Velho (2,22%). Este último destaca-se também por se afastar das regiões com mais ênfase na criação desta raça. Já Cuba destaca-se por ser o concelho que apresenta por ano um maior número de animais nascidos por exploração. No entanto, um dos concelhos que continua a ter o maior número de animais nascidos é Évora (11,2%), seguindo-se Benavente, Monforte, Mourão e Montemor-o-Novo (8,6, 6,6, 6,3 e 5,0% respetivamente) (**Figura 16**).

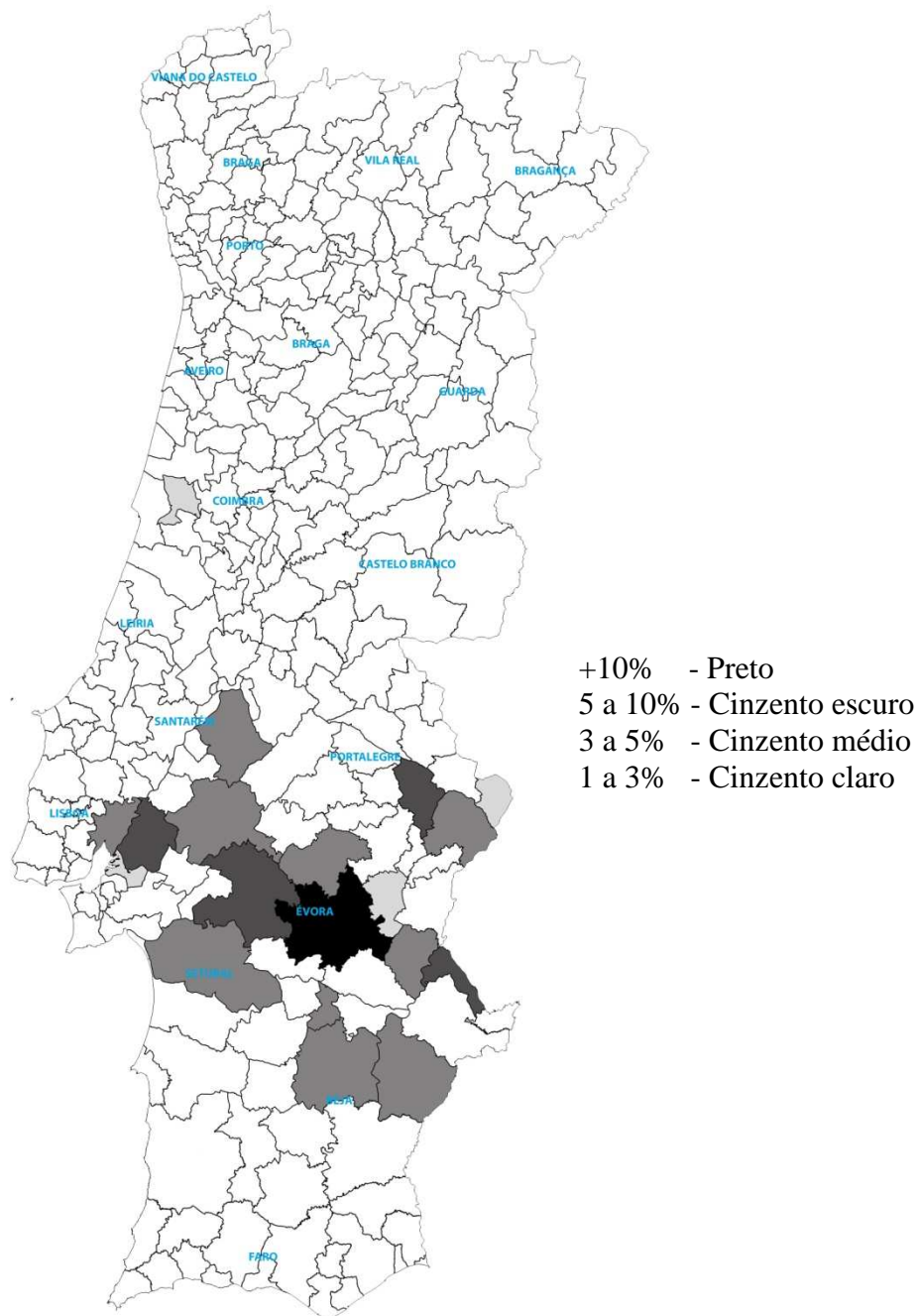


Figura 15 - Distribuição geográfica dos animais nascidos entre 2010 e 2012

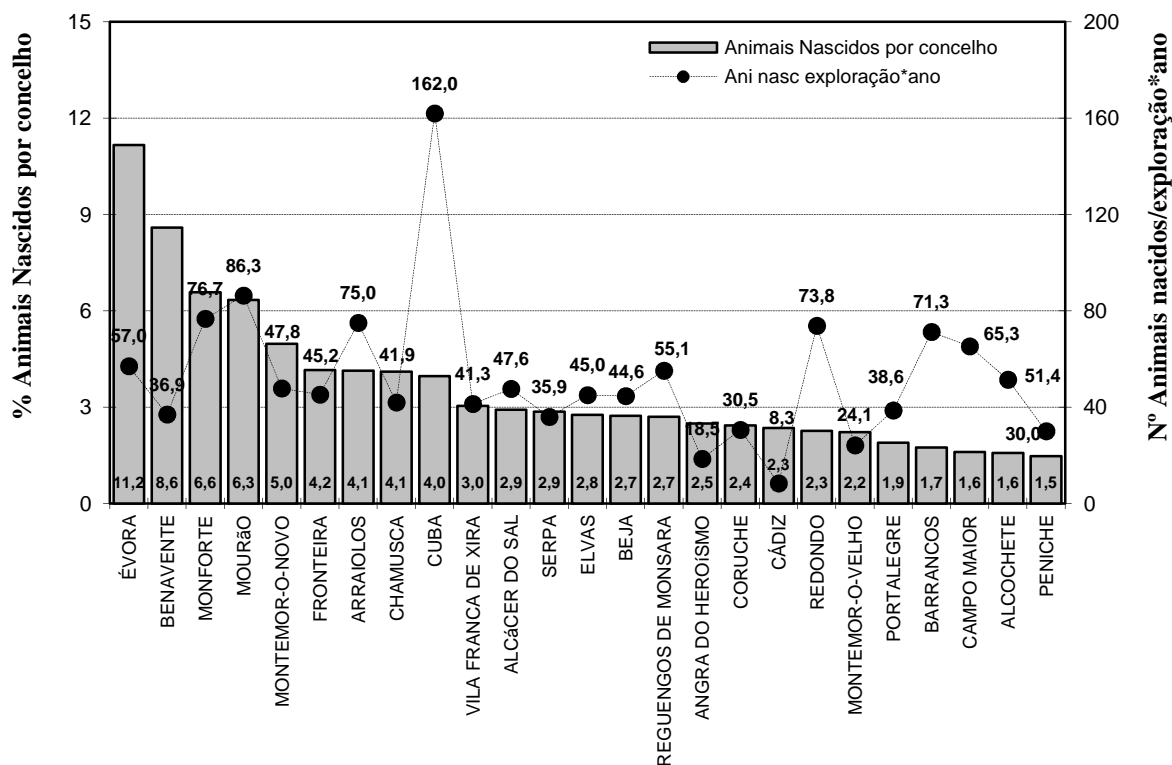
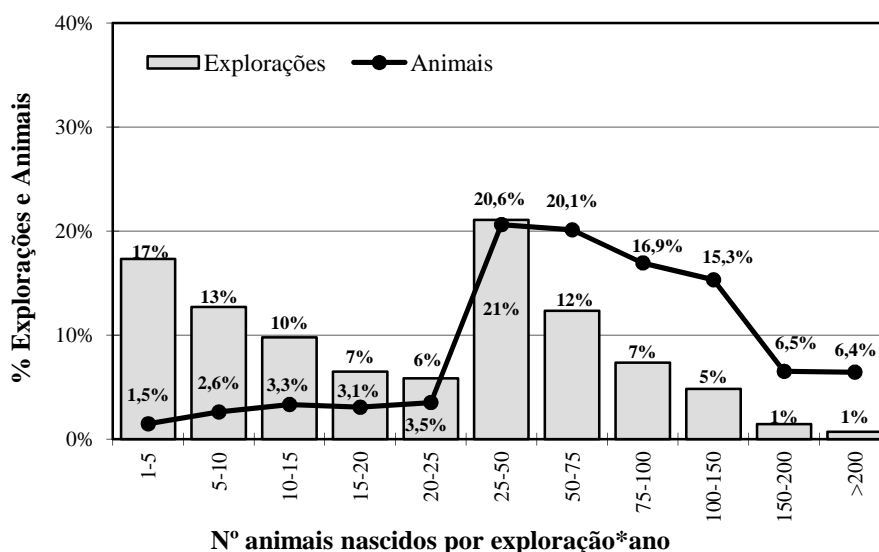


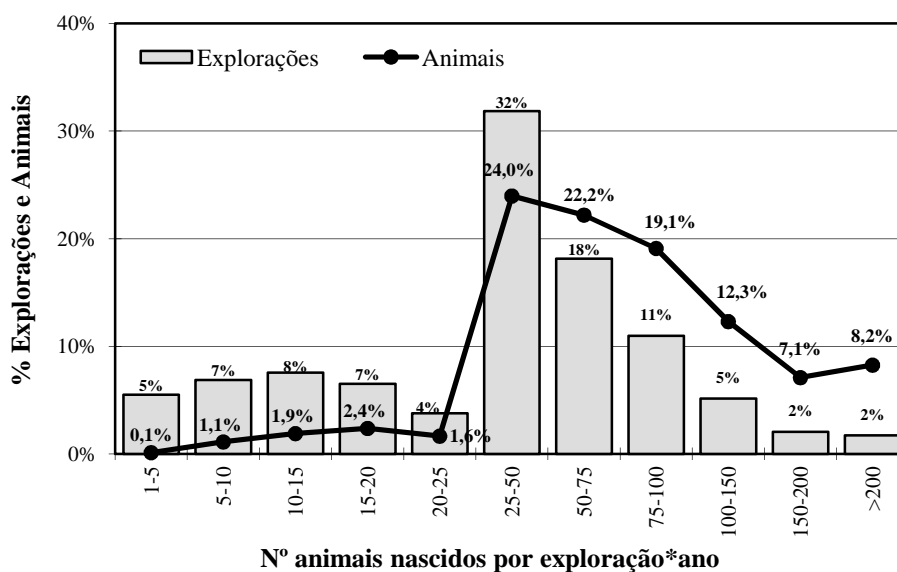
Figura 16 - Número médio de animais nascidos por exploração\*ano segundo o concelho (2010-2012)

Quando comparados estes diferentes períodos, é possível constatar que surgiram determinadas alterações nos concelhos, não só o aparecimento de concelhos que passaram a ter maior número de nascimentos, como também na maioria dos concelhos, que embora possam ser expressivos no nascimento de animais, esta expressão tenha diminuído. Tal facto pode ser justificado pela falta de apoios financeiros à raça Brava, que leva a que cada vez mais os ganadeiros cruzem os seus animais, para poder daí obter algum rendimento, ou inclusivamente diminuam o seu efetivo. Um agricultor que tenha por exemplo uma raça muito ameaçada recebe um apoio de 170€/ano por fêmea reprodutora ou macho reprodutor, o que o ajuda naturalmente na criação do seu efetivo. Se a raça tiver o estatuto de rara, o valor já sobe para 200€/ano, ou seja, este valor depende do grau de ameaça a que está sujeita a raça (Instituto de Financiamento de Agricultura e Pescas, I.P., 2012). Relativamente à raça Brava de Lide, visto que não há qualquer tipo de apoio, que o rendimento/lucro obtido destes animais é bastante reduzido e que este lucro só chega ao fim de aproximadamente 4 anos (altura em que um touro é corrido), os ganadeiros inevitavelmente reduzem os seus custos, diminuindo os seus efetivos, o que possivelmente justifica as alterações observáveis nos concelhos.

Torna-se importante perceber a evolução da raça através dos respetivos efetivos e nascimentos de animais por ano e exploração. Deste modo, as **Figuras 17 e 18** permitem-nos observar estes parâmetros.



**Figura 17 - Número de explorações e animais nascidos segundo a dimensão da exploração (1990-2012)**



**Figura 18 - Número de explorações e animais nascidos segundo a dimensão da exploração (2010-2012)**

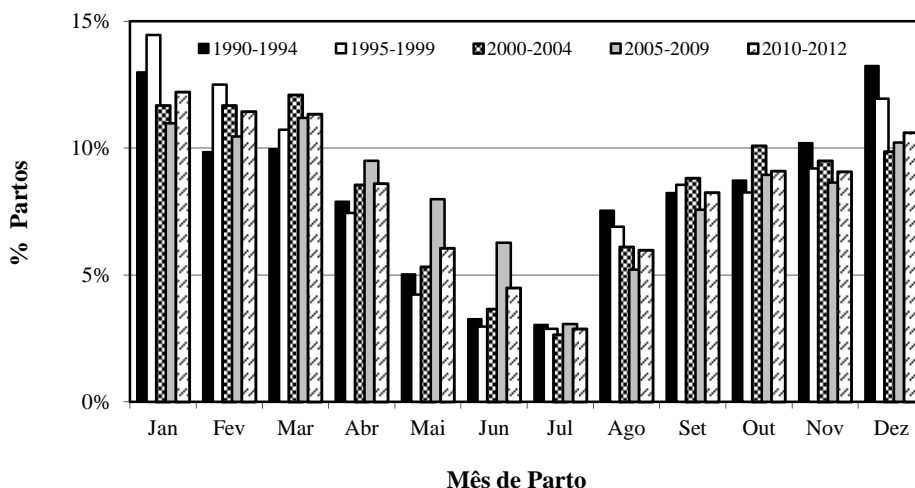
Quando estamos perante o estudo global da raça (**Figura 17**), é possível constatar que a maioria das explorações (justificado por 52%) registou até 25 animais nascidos por ano (17,3% das explorações entre 1 e 5 animais; 12,7% das explorações entre 5 e 10 animais; 9,7% das explorações entre 10 e 15 animais; 6,5% das explorações entre 15 e 20 animais e 5,8% das explorações entre 20 e 25 animais), maioria esta que corresponde

apenas a 14% dos nascimentos. Por sua vez, 40,7% dos nascimentos encontram-se em efetivos que apresentam entre 25 e 75 nascimentos por ano e representam 33% das explorações. Por fim, os efetivos em que se assiste a nascimentos de 75 ou mais animais por ano representam 14% das explorações e justificam 45,1% dos nascimentos.

Ao considerar apenas os últimos anos (2010-2012 – **Figura 18**) estes valores tornam-se totalmente diferentes quando comparados com o período de 1990 a 2012. Os efetivos que apresentam até 25 nascimentos por ano representam apenas 31% das explorações e 7,1% dos nascimentos. No entanto, há uma grande subida no intervalo de 25 a 50 nascimentos, que representa 32% das explorações e 24% dos nascimentos. A maior percentagem de nascimentos (68,9%) encontra-se a partir dos 50 para cima, representando 38% das explorações.

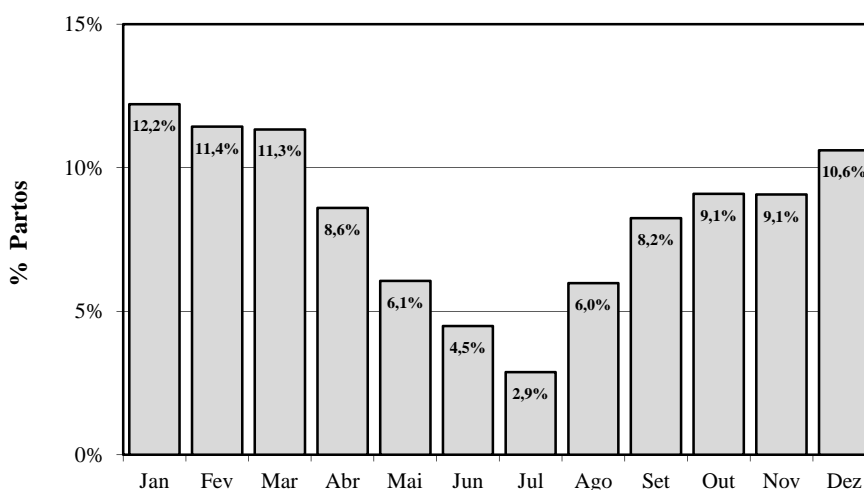
É de notar que houve uma diminuição de nascimentos nas explorações de menores dimensões e um ligeiro aumento em explorações médias. No entanto, as grandes explorações com 150 nascimentos ou mais por ano passaram a ser mais representativas, indicando estes valores que a raça Brava tem tido uma maior expressão em explorações de maiores dimensões.

Relativamente aos nascimentos, estes dão-se essencialmente entre os meses de Dezembro e Março. Embora se verifique a existência de vacas a parir noutros meses do ano, a maior percentagem de partos ocorre nestes meses, como é possível observar na **Figura 19**. Esta figura demonstra, para diferentes períodos, a respetiva percentagem de partos por mês. Verifica-se que os meses onde há a maior percentagem de partos são Janeiro (com um máximo no período de 1995-1999 com 14,4% dos partos) e Dezembro (com um máximo no período de 1990-1994 com 13,2% dos partos) atingindo o mínimo sempre no mês de Julho (com um mínimo no período de 2000-2004 com 2,6% dos partos). É importante referir que o ano gadeiro começa a 1 de Julho e termina a 30 de Junho. Após o mês de Julho, a percentagem de partos começa a subir, até atingir o seu máximo em Janeiro, que posteriormente começa novamente a descer até Julho, atingindo aqui o seu mínimo.



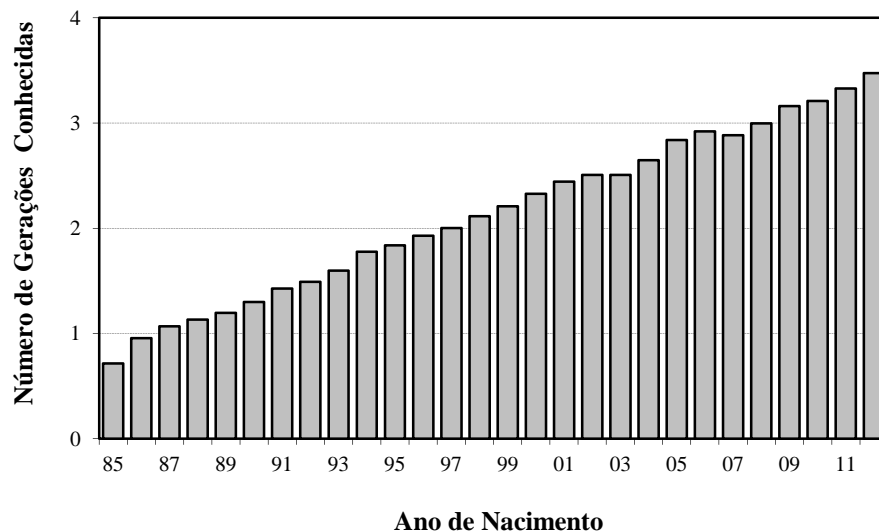
**Figura 19 - Distribuição mensal dos partos por período**

Quando observamos estes dados sem estarem distribuídos por período anual (**Figura 20**) constatamos também que os meses onde se assiste a maior percentagem de partos é indiscutivelmente o mês de Janeiro (12,2%) seguido de Fevereiro e Março (com 11,4 e 11,3% respetivamente).



**Figura 20 - Distribuição mensal dos partos (1990-2012)**

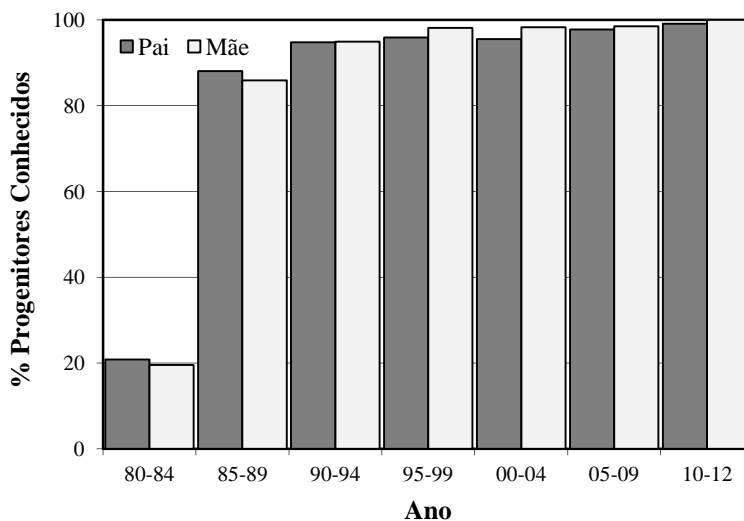
É no ano de 1986 que se institui o Livro Genealógico da raça Brava de Lide e desde então se tem recolhido e registado toda a informação genealógica. Tal facto é possível verificar no gráfico da **Figura 21** que nos apresenta o número de gerações conhecidas ao longo dos anos.



**Figura 21 - Evolução do número médio de gerações conhecidas**

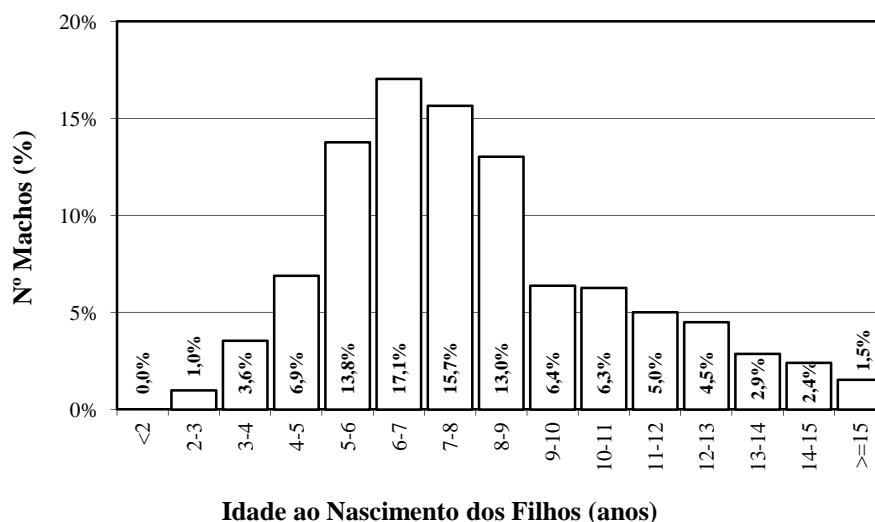
Embora seja notável o aumento de gerações conhecidas ao longo dos anos, em 2007 houve uma pequena descida, justificada por se terem inscrito animais dos quais não se conheciam as suas mães ou pais.

Não só é possível observar pela **Figura 21** que o número de gerações conhecidas aumentou ao longo dos anos, como também através da **Figura 22** que a percentagem de progenitores conhecidos teve um grande aumento a partir de 1985/1986 (ano este que data o início do Livro Genealógico). É de notar também que o registo de informação genealógica materna desde 1990 sempre foi superior (embora muito próxima) ao registo de informação genealógica paterna. Não obstante, é importante que todo este trabalho de controlo de genealogias continue a ser praticado.



**Figura 22 - Genealogias conhecidas por período**

Na raça Brava de Lide, os touros são selecionados para reprodução segundo aspetos como a sua aparência física (corpulência, córnea, pelagem, etc.) e segundo o seu desempenho em tentas ou após o touro ser lidado em praça e ter sido selecionado pelo ganadero a voltar para a ganadaria para cobrir por lhe ter agradado a sua prestação. Assim sendo, e partindo do princípio que um touro é lidado entre os 4 e 5 anos, é precisamente após esta idade e por conseguinte ter sido lidado que o touro volta à ganadaria para cobrir. A **Figura 23** mostra-nos a distribuição da idade dos machos ao nascimento dos filhos.

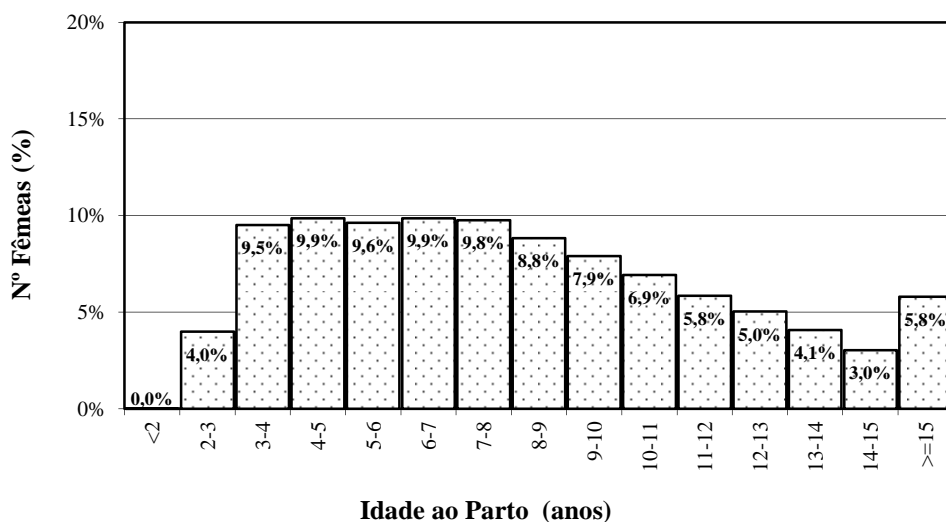


**Figura 23 - Distribuição da idade dos machos ao nascimento dos filhos (2010-2012)**

Naturalmente, nem todos os touros que são escolhidos para cobrir são lidados, da mesma maneira que nem todos os touros lidados são escolhidos para cobrir. Deste modo, os machos têm em média 8 anos de idade quando nascem os filhos ( $8 \pm 2,8$  anos). Também é possível observar uma longevidade elevada, em que 6,8% dos machos têm filhos com mais de 13 anos de idade. Ainda que noutras raças o recurso à inseminação artificial (IA) possa ser uma justificação para esta longevidade, na raça Brava de Lide tal não se verifica.

Relativamente às fêmeas, na raça Brava de Lide tem-se assistido, por vezes, ao cruzamento das fêmeas com machos de raças de carne, originando filhos cruzados. Nas **Figuras 24 e 25** apresentam-se dados sobre a idade das mães ao parto de filhos puros e a idade das mães ao parto de filhos puros e cruzados, respetivamente, podendo-se notar algumas diferenças.



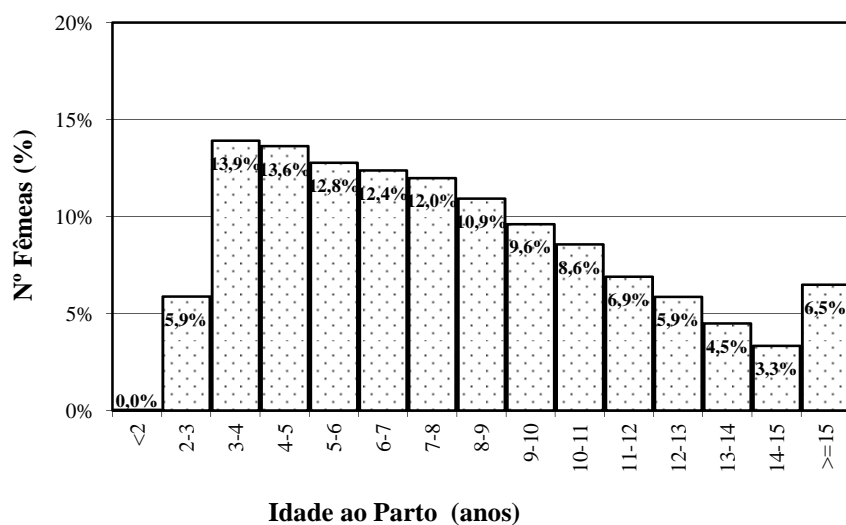


**Figura 24 - Distribuição da idade das fêmeas ao parto (filhos puros)**

Reprodutoras ativas entre 2010 e 2012

Para os filhos puros (**Figura 24**) as fêmeas apresentam uma idade média ao parto de 8,2 anos ( $8,2 \pm 3,8$ ), o que confirma que estas parem até idades avançadas, à semelhança de raças como a Barrosã (8,6 anos) e a Mirandesa (8,7 anos) (Carolino *et al.*, 2011; Gama e Carolino, 2000).

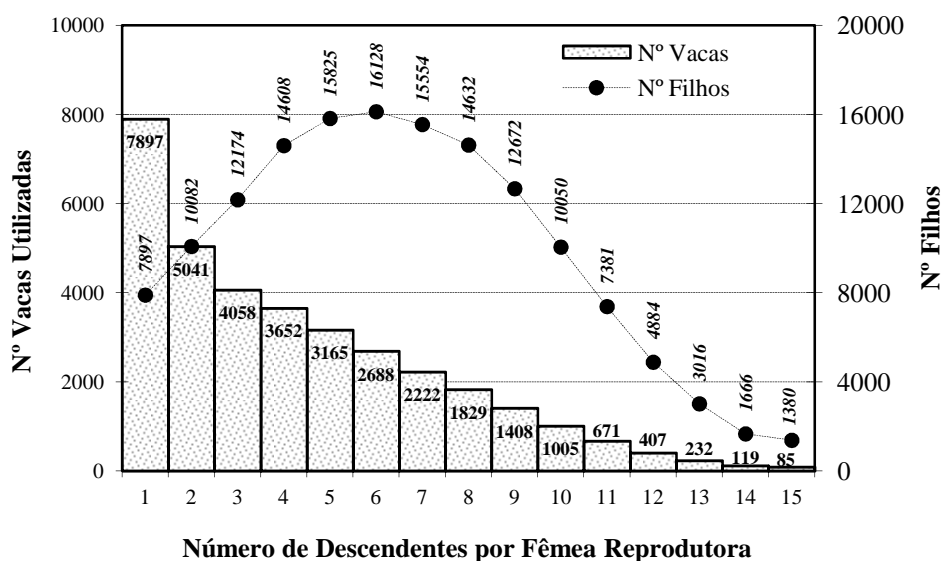
Já para os filhos puros e cruzados (**Figura 25**) as fêmeas apresentam uma idade média ao parto de 7,9 anos ( $7,9 \pm 3,7$ ), confirmando também a sua longevidade, com valores aproximados, por exemplo, aos da raça Cachena (7,5 anos) (Carolino *et al.*, 2011).



**Figura 25 - Distribuição da idade das fêmeas ao parto (filhos puros e cruzados)**

Reprodutoras ativas entre 2010 e 2012

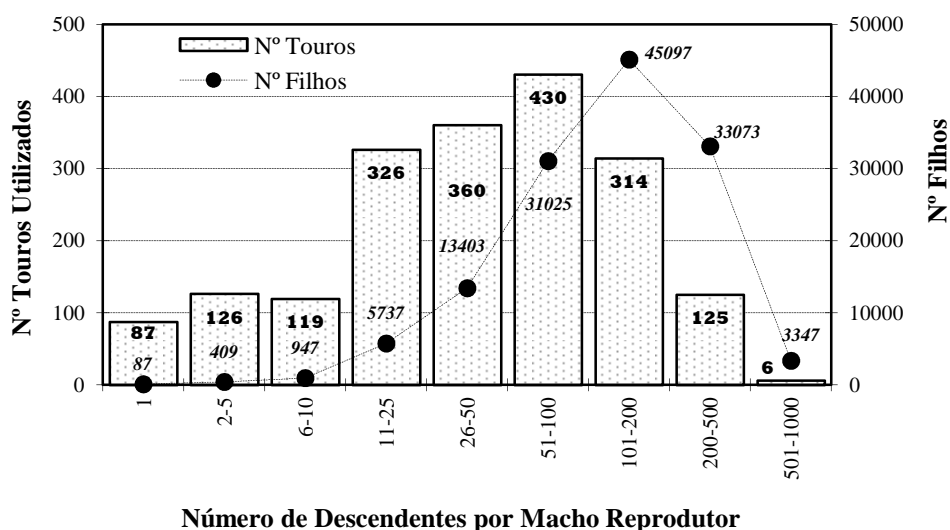
A **Figura 26** revela a distribuição do número de fêmeas segundo o número de descendentes que tiveram ao longo da vida.



**Figura 26 - Distribuição do número de fêmeas reprodutoras segundo o nº de descendentes**

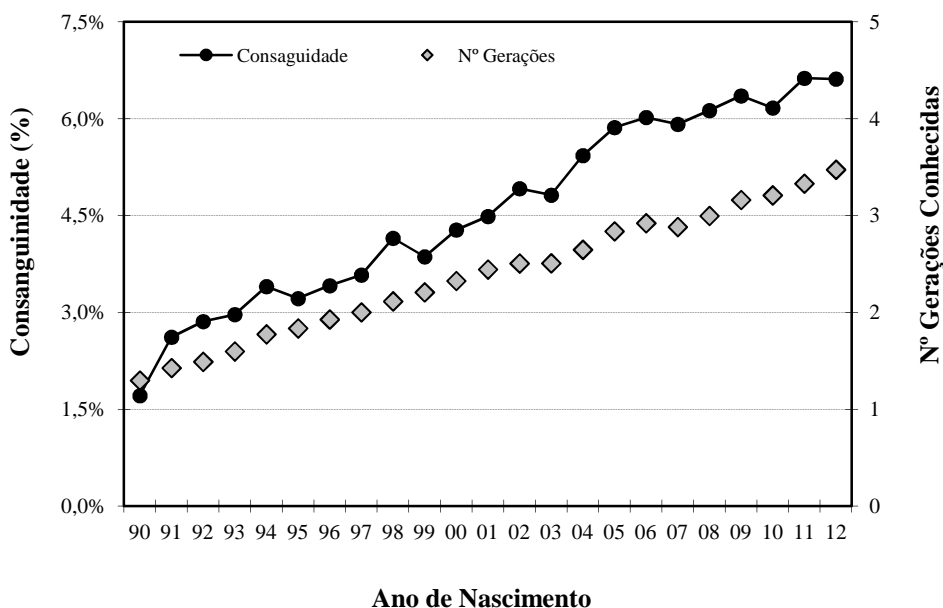
O número de fêmeas diminui à medida que aumenta o número de descendentes por fêmea ao longo da vida. É de frisar, que a classe que apresenta maior número de fêmeas é a que corresponde às fêmeas que tiveram apenas um filho ao longo da vida. No entanto a média é de 4,3 descendentes por fêmea reprodutora ( $4,3 \pm 3,1$ ). É também necessário constatar que estes dados incluem os filhos puros e cruzados.

Em relação aos machos, 17,2% dos touros com filhos (332 reprodutores) têm ao longo da sua vida até 10 filhos (**Figura 27**). Mas mais de metade dos reprodutores (74,3% - 1430 reprodutores) têm no decorrer da sua vida entre 11 e 200 filhos e por fim, 7% (131 reprodutores) têm 200 ou mais filhos. Por vezes, o ganadeiro escolhe sempre o mesmo touro para cobrir as vacas por gostar deste e da sua descendência, o que leva a que um touro na raça Brava de Lide possa ter tantos descendentes.



**Figura 27 - Distribuição do número de machos reprodutores segundo o número de descendentes**

A consanguinidade ao longo dos anos teve sempre tendência para aumentar como é possível observar na **Figura 28**, chegando a 6,6% no ano de 2012.

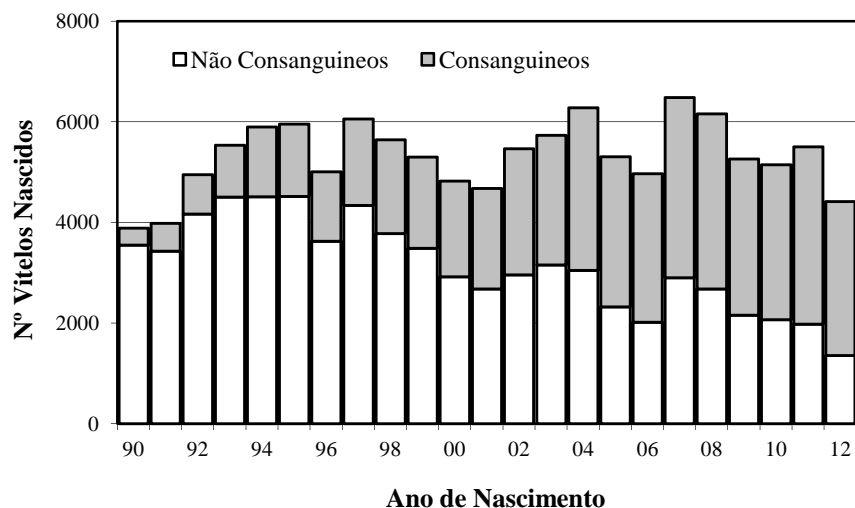


**Figura 28 - Evolução da consanguinidade e do número de gerações conhecidas**

Para que um indivíduo seja consanguíneo, o acasalamento entre os seus progenitores teve que ser aparentado, no entanto, para se saber que os progenitores são aparentados é necessário o conhecimento prévio dos seus avós, querendo com isto dizer que são necessárias ser conhecidas pelo menos duas gerações. Ora, ao observar o gráfico anterior, só a partir do ano 1998 é que se conhecem duas gerações para o maior número de animais. Tal pode indicar que até 1998 os valores da consanguinidade podem estar com

défice de informação. O aumento da consanguinidade pode ainda ser justificado, não só pelos acasalamentos cada vez mais aparentados, como também pelo aumento da qualidade e quantidade de informação genealógica ao longo dos anos, que leva a que os valores obtidos sejam cada vez mais precisos e corretos.

Através da **Figura 29** é possível perceber a evolução dos nascimentos consanguíneos e não consanguíneos ao longo dos anos.

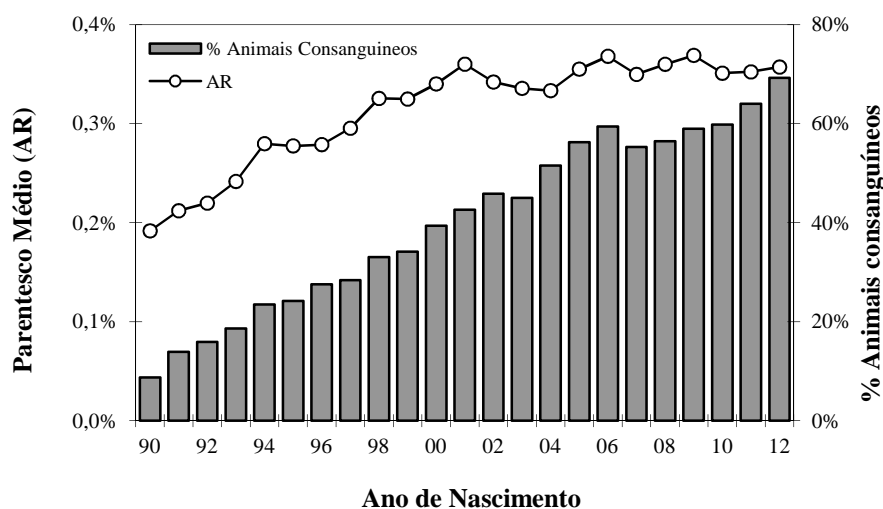


**Figura 29 - Evolução do número de animais nascidos consanguíneos**

É notável o elevado número de vitelos nascidos consanguíneos, nomeadamente a partir do ano de 2004, onde estes assumem mais de 50% dos nascimentos, chegando a atingir 69% em 2012. Evidenciando os acasalamentos com grau de parentesco entre os reprodutores.

Na **Figura 30** aparece novamente a evolução dos animais consanguíneos, mas neste caso em conjunto com outro parâmetro – parentesco médio (AR). Este parâmetro representa o grau de parentesco médio entre cada animal e todos os indivíduos da população. Pode ser interpretado como o dobro da probabilidade de dois alelos escolhidos ao acaso, um pertencente a um determinado indivíduo e outro da população total, serem idênticos por descendência. O seu cálculo corresponde à média dos coeficientes de parentesco que integram a linha do individuo em causa, na matriz de parentesco da população total (Goyache *et al.*, 2003). É possível, mais uma vez, notar nesta figura o aumento de animais consanguíneos ao longo dos anos, bem como a elevada percentagem destes, atingindo em 2012 aproximadamente 69% da população. Do mesmo modo,

constata-se o aumento do valor de parentesco médio entre os animais ao longo dos anos, embora este seja reduzido ( $\approx 0,35\%$ ).



**Figura 30 - Evolução do parentesco médio (AR) e da percentagem de animais consanguíneos**

Tendo como princípio a importância desta medida para a gestão da raça, foram determinados os intervalos de geração para dois períodos de tempo diferentes (1980-2012 e 1990-2012) e para as 4 vias de seleção (pais de touros, pais de vacas, mães de touros, mães de vacas). Embora se tivessem obtido valores semelhantes (**Tabela 1**), foi escolhido o intervalo de tempo 1990-2012 de que resultou um intervalo de gerações de 7,87 anos, aproximado ao obtido por Canón *et al.* (2008), com um intervalo médio de gerações de 7,5 anos.

**Tabela 1 - Intervalo de gerações (L) para as 4 vias de seleção**

|              | 1980-2012   | 1990-2012   |
|--------------|-------------|-------------|
| Pai de Touro | 7,79        | <b>7,74</b> |
| Mãe de Touro | 7,94        | <b>7,90</b> |
| Pai de Vaca  | 7,92        | <b>7,93</b> |
| Mãe de Vaca  | 7,85        | <b>7,90</b> |
| Pais         | 7,97        | <b>7,98</b> |
| Mães         | 8,03        | <b>8,05</b> |
| L (anos)     | <b>7,88</b> | <b>7,87</b> |

Como é possível observar, o intervalo de gerações obtido para as mães e para os pais são bastante semelhantes. Contudo, o intervalo de gerações obtido é superior a muitas

outras raças autóctones: Barrosã – 6,4 anos, Alentejana – 6,5 anos, Aubrac, Gasconne e Salers – entre 3,0 e 4,5 anos e ainda em raças espanholas como Alistana, Asturiana de la Montaña, Negra Ibérica, Bruna dels Prineus, Morucha Pirenaica e Sayaguesa em que os valores variam entre 3,7 e 5,5 anos (Carolino e Dunca, 2012).

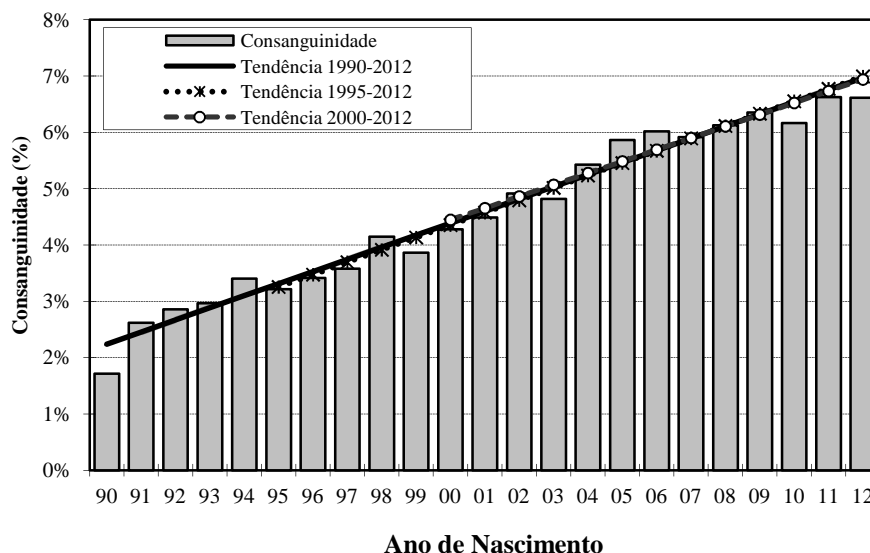
Associado ao intervalo de gerações (L) e ao acréscimo anual da consanguinidade ( $\Delta F/\text{ano}$ ) que foi estimado para animais nascidos entre três períodos diferentes:

1990-2012  $\rightarrow$  0,215%

1995-2012  $\rightarrow$  0,220%

2000-2012  $\rightarrow$  0,208%

Foi possível estimar os respetivos acréscimos da consanguinidade por geração ( $\Delta F/\text{geração}$ ) e tamanho efetivo da população ( $N_e$ ) (**Figura 31 e Tabela 2**).



**Figura 31 - Evolução e estimativa do acréscimo anual da consanguinidade**

**Tabela 2 - Taxa de Consanguinidade ( $\Delta F$ ) e Tamanho Efetivo da População ( $N_e$ )**

| Parâmetros Demográficos Estimados | Período Considerado |           |           |
|-----------------------------------|---------------------|-----------|-----------|
|                                   | 1990-2012           | 1995-2012 | 2000-2012 |
| $\Delta F/\text{ano}$             | 0,2150%             | 0,2200%   | 0,2078%   |
| Intervalo de Gerações (L)         | 7,87                | 7,87      | 7,87      |
| $\Delta F/\text{geração}$         | 1,6923%             | 1,7315%   | 1,6352%   |
| Tamanho Efetivo da População      | 29,5                | 28,9      | 30,6      |

O acréscimo da consanguinidade por geração ( $\Delta F$ /geração) obtido para a raça Brava de Lide é elevado (1,6923, 1,7315 e 1,6352% para os diferentes períodos estudados). O aumento de informação genealógica, o acasalamento entre animais aparentados e ainda a escolha de um reduzido número de machos para reprodutores, leva a que este valor seja elevado. No entanto, é inferior a algumas raças portuguesas e espanholas, como a raça Cachena com valores de acréscimo da consanguinidade por geração compreendidos entre 1,48 e 2,16% ou Morucha com 1,78%/geração, Retinta com 1,99%/geração e Sayaguesa com 2,20%/geração (Gutiérrez *et al.*, 2000).

Relativamente ao tamanho efetivo da população ( $N_e$ ), a FAO (1998) recomenda que uma população deverá ter um  $\Delta F$ /geração inferior a 1% ou um  $N_e$  superior a 50 para que não corra o risco de erosão genética. Ora, observando os valores obtidos para a raça Brava de Lide para os diferentes períodos, a  $\Delta F$ /geração é sempre superior a 1% e  $N_e$  sempre inferior a 50, o que nos indica que estamos perante uma raça que corre riscos de erosão genética. Os valores obtidos para os diferentes períodos são semelhantes ao referido em Canón *et al.* (2008), em que  $N_e=30$ , num estudo que envolveu 1683 indivíduos de 79 ganadarias diferentes.

Através de aplicações estruturadas para o devido efeito (baseadas em metodologias já mencionadas anteriormente no capítulo 4.2.), foram calculadas as contribuições genéticas de fundadores ( $q_k$ ) e ascendentes ( $p_k$ ) para a população nascida em quatro diferentes períodos de tempo (1995-1999, 2000-2004, 2005-2009 e 2010-2012). Estas contribuições podem ser analisadas nas seguintes tabelas (**Tabela 3 e 4**) e na **Figura 32**.

É assim visível que o número efetivo de fundadores tem vindo a diminuir gradualmente de 382,26 para 296,02, tal como o número de fundadores que justificam 50% da variabilidade genética da população em estudo. Ora, é assim possível assumir uma tendência em que cada vez é menor o número de animais que justificam a variabilidade genética da raça.

Quando observadas as contribuições genéticas de ascendentes para a população, tanto o número efetivo de ascendentes, como o número de ascendentes que justificam 25% e 50% da variabilidade genética da população são inferiores às contribuições genéticas de fundadores observadas, bem como os respetivos valores que cada vez são menores à medida que a população em estudo é mais recente.

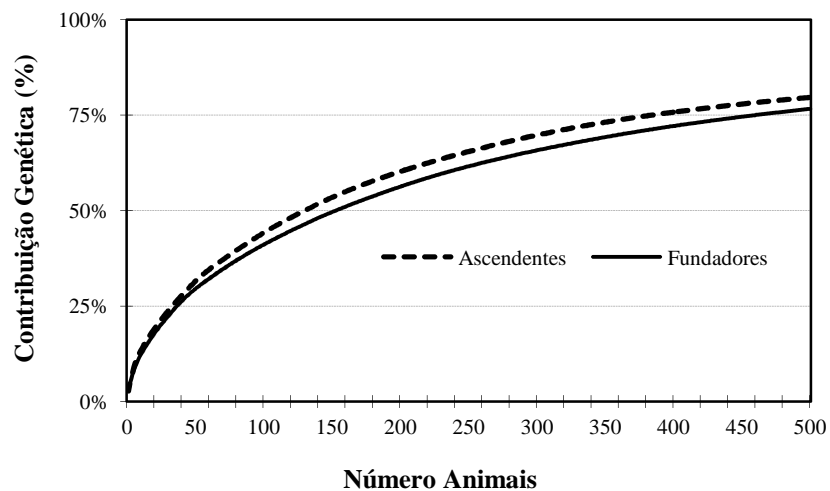
**Tabela 3 - Contribuição genética de Fundadores para a população em estudo**

| <b>Fundadores</b>          |                                 |  |                                 |  |  |
|----------------------------|---------------------------------|--|---------------------------------|--|--|
| <b>População em Estudo</b> | <b>Nº Fundadores Conhecidos</b> | <b>Nº Animais da População em Estudo</b> | <b>Nº Efetivo de Fundadores</b> | <b>Nº Fundadores que explicam +25% da Variabilidade Genética</b> | <b>Nº Fundadores que explicam +50% da Variabilidade Genética</b> |
| 01-01-1995 e 31-12-1999    | 7825                            | 27465                                    | 382.26                          | 44   | 175  |
| 01-01-2000 e 31-12-2004    | 8217                            | 26592                                    | 324.06                          | 42   | 171  |
| 01-01-2005 e 31-12-2009    | 8595                            | 27807                                    | 298.21                          | 40   | 158  |
| 01-01-2010 e 31-12-2012    | 8598                            | 15063                                    | 296.02                          | 37   | 153  |

**Tabela 4 - Contribuição genética de Ascendentes para a população em estudo**

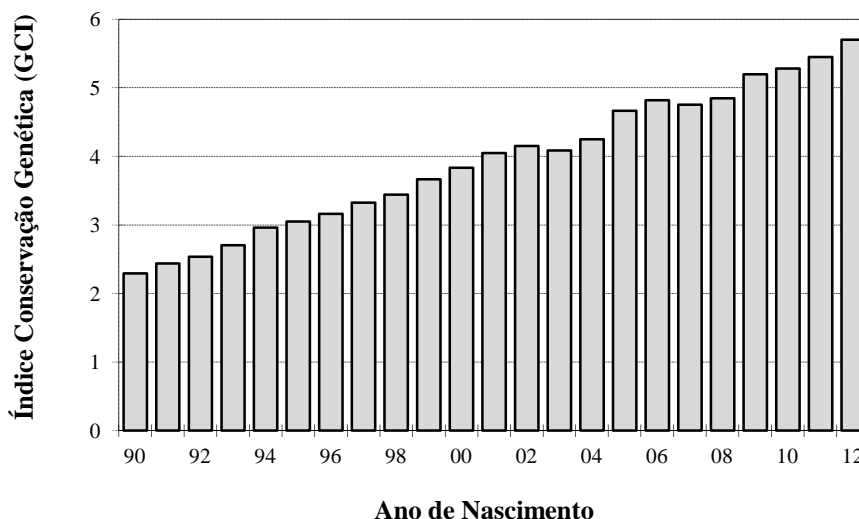
| <b>Ascendentes</b>         |                                  |  |                                  |   |   |
|----------------------------|----------------------------------|--|----------------------------------|---|---|
| <b>População em Estudo</b> | <b>Nº Ascendentes Conhecidos</b> | <b>Nº Animais da População em Estudo</b> | <b>Nº Efetivo de Ascendentes</b> | <b>Nº Ascendentes que explicam +25% da Variabilidade Genética</b> | <b>Nº Ascendentes que explicam +50% da Variabilidade Genética</b> |
| 01-01-1995 e 31-12-1999    | 14149                            | 27976                                    | 349.60                           | 39  | 160   |
| 01-01-2000 e 31-12-2004    | 15046                            | 26984                                    | 284.03                           | 37  | 148   |
| 01-01-2005 e 31-12-2009    | 18404                            | 28185                                    | 264.48                           | 34  | 139   |
| 01-01-2010 e 31-12-2012    | 17888                            | 15066                                    | 255.38                           | 33  | 130   |





**Figura 32 - Contribuição genética de Fundadores e Ascendentes para a população em estudo (2010-2012)**

Por fim, e um pouco a contradizer o que foi demonstrado anteriormente, em que é nítida a perda de variabilidade genética, a **Figura 33** demonstra um aumento do índice de conservação genética (GCI). O índice de conservação genética representa a proporção de genes dos diferentes fundadores no “pedigree” do animal e segundo alguns autores pode ser utilizado como um parâmetro alternativo face ao estudo da consanguinidade quando a informação genealógica é escassa (Carolino e Dunca, 2012).



**Figura 33 - Evolução do Índice de Conservação Genética**

O GCI pode ser um bom indicador do valor de conservação de cada animal ao longo das gerações, pois como já foi referido indica a proporção de genes de fundadores em cada animal e partindo do pressuposto que um programa de conservação tem como objetivo manter o máximo possível de alelos existentes na população fundadora, este torna-se num indicador eficaz. Na população total o valor médio de GCI obtido foi de 5,70. Em raças como a Shorthorn criada no Brasil o valor de GCI é 7,37 (Piccoli *et al.*, 2012).

## 5. Considerações Finais

A raça Brava de Lide continua a ser a única raça bovina selecionada com base num carácter comportamental – bravura. Embora a sua principal finalidade sejam os espetáculos taurinos, ainda que tenha menor rendimento de carcaça, também contribui para a produção de carne.

O solar desta raça encontra-se no Ribatejo e Alentejo, sendo que se destacam os distritos de Évora e Santarém. Existem efetivos nos Açores e nas Beiras.

Os parâmetros estudados neste trabalho sugerem que a raça Brava de Lide possa ser incluída num Programa de Conservação e Melhoramento Genético Animal, mantendo a variabilidade genética e evitando que se percam determinadas linhas, denominadas encastes. Deste modo, a raça Brava de Lide tem todas as condições para que os ganadeiros, através da Associação Portuguesa de Criadores de Toiros de Lide, possam desenvolver uma seleção e conservação eficaz, não esquecendo a tentativa de seleccionar o mais eficazmente a bravura do animal, mesmo sabendo as dificuldades que há em avaliar este tipo de carácter e as consequências que poderá ter na resposta esperada à seleção.

Os resultados obtidos com base na caracterização genética por análise demográfica da raça Brava de Lide, evidenciam o seguinte:

- Raça explorada sobretudo nos concelhos de Benavente, Évora, Monforte, Montemor-o-Novo, Mourão, Chamusca, Fronteira, Arraiolos, Cuba e Vila Franca de Xira.
- Variabilidade da dimensão das explorações entre concelhos.
- Efetivo reprodutor atualmente constituído por aproximadamente 10000 fêmeas e 300 machos. Relação Macho/Fêmea (1/30) constante ao longo dos anos.
- Aumento da informação genealógica disponível.
- Imprescindível que se mantenha o controlo de toda a informação genealógica de todos os animais.
- Parições ao longo de todo o ano, com maior incidência de partos entre os meses de Janeiro e Março.

- A distribuição do número de descendentes por macho reprodutor está desequilibrada e por isso deverá evitar-se que um mesmo reprodutor tenha demasiados descendentes.
- Os efetivos que apresentam até 25 nascimentos por ano representam apenas 31% das explorações e 7,1% dos nascimentos. De 25 a 50 nascimentos, 32% das explorações e 24% dos nascimentos. E a maior percentagem de nascimentos (68,9%) encontra-se a partir dos 50 nascimentos e representam 38% das explorações.
- A consanguinidade média individual tem vindo a aumentar anualmente (+0,21%/ano – 6,6% → 2012).
- Ao longo dos anos tem-se assistido à diminuição dos animais nascidos não consanguíneos.
- Intervalo entre gerações elevado ( $\approx 8$ )
- A raça Brava de Lide, tendo em consideração a estimativa do tamanho efetivo da população (29), corre o risco de erosão genética, apresentando valores abaixo do recomendado pela FAO (1998), que sugere um  $N_e > 50$  ou  $\Delta F/\text{geração}$  inferior a 1% para que a população não corra risco de erosão.
- A gestão da variabilidade genética da raça Brava de Lide deverá passar pela diminuição dos acasalamentos entre reprodutores aparentados.
- A raça Brava de Lide apresenta uma estrutura demográfica razoável – algumas precauções para evitar a erosão genética.

## 6. Bibliografia

- APCTL - Associação Portuguesa de Criadores de Toiros de Lide. (2006) *Ganadarias portuguesas*. Samora Correia.
- APCTL - Associação Portuguesa de Criadores de Toiros de Lide. (2013) *Ganadarias portuguesas*. Samora Correia.
- Beja-Pereira, A., Almeida, N. F. (2005) *Genética, biotecnologia e agricultura*. 5ª Edição, Porto, Sociedade Portuguesa de Inovação.
- Beja-Pereira, A., Caramelli, D., Lalueza-Fox, C., *et al.* (2006) The origin of european cattle: evidence from modern and ancient DNA. *Proceedings of National Academy of Sciences of the United States of America* , 103.
- Boichard, D. (2007) PEDIG: a fortran package for pedigree analysis suited for large populations. Jouy en Josas.
- Cañón, J., Alexandrino, P., Bessa, I., Carleos, C., Carretero, Y., Dunner, S., *et al.* (2001) Genetic diversity measures of local european beef cattle breeds for conservation purposes. *Genetics Selection and Evolution* , 33, 311-332.
- Cañón, J. (2002). *Mejora genética en el ganado de lidia*. Disponível em <http://www.ucm.es/info/genetvet> [Acedido a 8 de Março de 2013].
- Cañón, J., Fernández, J., Cortés, O., Garcia, D., Atance, M., e Dunner, S. (2005) *Estudio de los encastes y ganaderias utilizando marcadores de ADN*. VII Congreso mundial de ganaderos de toros de lidia.
- Cañón, J., Tupac-Yupanqui, I., Garcia-Atance, M. A., Garcia, D., Fernández, J., e Dunner, S. (2008) Genetic variation within the lidia bovine breed. *International Society for Animal Genetics* , 39, 439-445
- Carolino, N., Dunca, M. (2012) *Caracterização genética por análise demográfica da raça bovina Marinhoa*. Unidade Estratégica de Investigação e Serviços de Biotecnologia e Recursos Genéticos - Instituto Nacional de Investigação Agrária e Veterinária, I.P.

- Carolino, N., Espadinha, P. (2008) *Caracterização genética por análise demográfica da raça bovina alentejana*. Unidade de Investigação de Recursos Genéticos, Reprodução e Melhoramento Animal do L-INIA. Instituto Nacional de Investigação Agrária.
- Carolino, N., Gama, L. T., Vicente, A. (2008) Retrospectiva sobre estudos demográficos em raças autóctones portuguesas. In: IX Simpósio Iboamericano sobre Conservación y Utilización de Recursos Zoogenéticos. 523-526.
- Carolino, N., Gama, L. T. (2000) *Caracterização demográfica da raça bovina alentejana*. 1ª Reunião da Sociedade Portuguesa de Recursos Genéticos Animais - II Congresso Ibérico sobre Recursos Genéticos Animais.
- Carolino, N., Gama, L. T. (2002) Software para a gestão de recursos genéticos animais. *Manual de utilização, versão 1.1*. Vale de Santarém: Estação Zootécnica Nacional, Instituto Nacional de Investigaçã Agrária e Pescas.
- Carolino, N., Gama, L. T. (2011) *Caracterização genética por análise demográfica da raça bovina cachena*. Unidade de Investigação de Recursos Genéticos, Reprodução e Melhoramento Animal L-INIA, INRB, I.P.
- Carolino, N., Gama, L. T., Leite, J. V., Dantas, R. (2011) *Caracterização genética por análise demográfica da raça bovina Barrosã*. Instituto Nacional dos Recursos Biológicos.
- Cossio, J. M. (1988) *Los toros - tratado técnico e histórico*. X ed., Madrid, Espasa-Calpe S.A.
- Domecq y Díez, Á. (1986) *El toro bravo*. III ed., Madrid, Espasa-Calpe S.A.
- Falconer, D. S., Mackay, T. F. (1996) *Introduction to quantitative genetics*. Harlow, Longman House.
- FAO - Food and Agriculture Organization. (1998) *Secondary guidelines: management of small populations at risk*. Roma, FAO Editions.

- FAO - Food and Agriculture Organization. (2007) *The state of the world's animal genetic resources for food and agriculture*. Roma, FAO Editions.
- Gama, L. T. (2002) *Melhoramento genético animal*. Lisboa, Escolar Editora.
- Gama, T. L.; Carolino, N.; Costa, M. S.; Matos, C. P. (2004). *Recursos genéticos animais em Portugal*. Instituto Nacional de Investigação Agrária e das Pescas. 68
- Gama, L. T., Sousa, M. C. O., Silva, M. F. S., Bressan, M. C., Carolino, M. I., Carolino, N., Ginja, C., Vicente, A. (2008) *Estudos de diversidade genética em raças autóctones portuguesas*. IX Sinpósio Iberoamericano sobre Conservación y Utilización de Recursos Zoogenéticos, Univ. Nacional de Lomas de Zamora, Buenos Aires. 57-66
- Garcia, D. G. (2008) Diversidad genética y establecimiento de prioridades en esquemas de conservación: ejemplo de aplicación en la raza de lidia. p. 159.
- 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. *Journal Animal Breed Genetics* , 120, 95-103
- Grave, J. (2000) *Bravo!* Lisboa, Edições Oficina do Livro.
- Gutiérrez, J. P., Goyache, F. (2004) A note on ENDOG: a computer program for analysing pedigree information. *Journal of Animal Breeding and Genetics* , 122, 172-176
- Gutiérrez, J. P., Altarriba, J., Diaz, C., Quintanilla, R., Izquierdo, M., Cañón, J., *et al.* (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 IPL95/702 research project* , 75-79
- IFAP - Instituto de Financiamento de Agricultura e Pescas, I.P. (2012) Acção 2.2.2 - Protecção da Biodiversidade Doméstica 2007-2013. *IFAP*. Disponível em

[http://www.ifap.min-agricultura.pt/portal/page/portal/ifap\\_publico/GC\\_drural/GC\\_proder/GC\\_vmp\\_L/GC\\_pbd\\_R](http://www.ifap.min-agricultura.pt/portal/page/portal/ifap_publico/GC_drural/GC_proder/GC_vmp_L/GC_pbd_R), [Acedido a 3 de Setembro de 2013].

Jiménez, J. M., Criado, M., Molina, A. (2007) Las razas bovinas andaluzas de fomento: Retinta, Lidia. In: Andalucía, J. (ed.) *Las razas ganaderas de andalucía*. (Vol. II), Andalucía, Viceconsejería; servicio de publicaciones y divulgación, 26-52.

López del Ramo, J. (2002) *Las claves del toro*. Madrid, Espasa-Calpe.

Lucas, A. (2010) *O toiro de lide em Portugal: sua origem, dispersão e evolução; identificação, registos e contrastes*. Associação Portuguesa de Criadores de Toiros de Lide.

Ministério da Agricultura, Mar, Ambiente e Ordenamento do Território; DGV. (2012) *Programa de conservação e melhoramento genético animal (PCMGA); normas para aplicação/cumprimento do programa PRODER*. Lisboa.

Ministerio de Medio Ambiente y Medio Rural y Marino. (2011) *Programa de mejora de la raza bovina de lidia*. Madrid.

Montesinhos, A. (1997) Le toro de Santa Coloma. *Consejo general de colegios veterinarios de España*, 200-349pp.

Pellechia, M., Negrini, R., Colli, L., Patrini, M., Milanese, E., *et al.* (2007) The mystery of etruscan origins: novel clues from bos taurus mitochondrial DNA. *Proceedings of the Royal Society of London*, 274.

Piccoli, M. L., Neto, J. B., Pimentel, C. M. M., Cobuci, J. A., Barcellos, J. O. J., Gama, L.T. (2012) *Parâmetros populacionais da raça Shorthorn criada no Brasil*. IX Simpósio Brasileiro de Melhoramento Animal.

Pucheu, B. (2001) *Le taureau de combat: origine des races, élevage et sélection des caractères anatomiques et comportementaux*. Toulouse, Université Paul-Sabatier de Toulouse, tese de Douturamento.



- Rodrigues, A. M. (1997) *Sistemas de produção de bovinos de carne em Portugal*. Castelo Branco, Escola Superior Agrária - Instituto Politécnico de Castelo Branco, tese de Mestrado.
- Rodriguez, M. F., Fernández, M. G., Bermejo, J. V., Belmonte, S. A., Cabras, M. J., (2009) *Guía de campo de las razas autóctonas españolas*. Madrid, Ministerio de Medio Ambiente y Medio Rural y Marino, Secretaría General Técnica, Centro de Publicaciones.
- Santa-Martina, M. J. (2001) El toro de lidia: conservación de los recursos genéticos. *Arquivos Zootécnicos*, 50, 35-40
- Schlotterer, C. (2004) The evolution of molecular markers - just a matter of fashion? *Nature Reviews Genetics*, 5, 63-90
- Silva, M. M., Carolino, N., Sousa, M. O., Carolino, M. I., e Gama, L. T. (2008) *Caracterização genética da raça ovina churra galega mirandesa*. Relatório de atividades realizadas no âmbito do protocolo prevista no programa PRODER .
- Unión de criadores de toros de lidia. (2011) *Temporada 2011*. 467-482
- Unión de criadores de toros de lidia "(ed.)". (2013a) *Tauromaquia - dossier de prensa*. Disponível em <http://www.toroslidia.com/> [Acedido a 4 de Março de 2013].
- Unión de criadores de toros de lidia "(ed.)". (2013b) *Toro de lidia - dossier de prensa*. Disponível em <http://www.toroslidia.com/> [Acedido a 4 de Março de 2013].
- Unión de criadores de toros de lidia "(ed.)". (2013c) *El Mayoral o Maioral en las ganaderías de lidia de Extremadura y Portugal funciones e importancia*. Disponível em <http://www.toroslidia.com/> [Acedido a 4 de Março de 2013].
- Viard, A. (2010) Saltillo en busca del encaste perdido. *Revista Tierras Taurinas*, 2.

## 7. Anexos

### 7.1. Normas e Regulamentos<sup>2</sup>

De acordo com o Regulamento do Livro Genealógico Português dos Bovinos de Raça Brava de Lide:

Artigo 1º - ... é delegado na Associação Portuguesa de Criadores de Toiros de Lide a instituição, organização e orientação do Livro Genealógico Português dos Bovinos da Raça Brava de Lide, nos termos deste Regulamento.

Artigo 2º - O Livro Genealógico Português dos Bovinos da Raça Brava de Lide, com âmbito nacional, tem por fim assegurar a pureza da raça, concorrer para o seu progresso, organizar e manter atualizados os registos das ganadarias, e favorecer a criação e difusão de bons reprodutores.

Artigo 3º - Para atingir a sua finalidade o Livro Genealógico promove:

1. A inscrição dos animais, considerando para cada um deles:
  - a) Identificação individual
  - b) Ascendência e descendência
  - c) Elementos de ordem morfológica, funcional e outros que possam contribuir para a sua apreciação.
2. A inscrição de animais importados desde que comprovem a sua origem genética.
3. A convergência de esforços dos criadores interessados na expansão da raça e valorização dos seus efetivos.

A publicação de notícias, livros, folhetos e memórias, referentes não só à evolução da raça como à divulgação do mérito dos animais e das explorações que mais se tenham distinguido.

Artigo 7º - A marca do Livro será identificada pelo ferro G, a fogo, aposto na tábua direita do pescoço de cada animal inscrito.

---

<sup>2</sup> Baseado em (Associação Portuguesa de Criadores de Toiros de Lide, 2006).

Artigo 8º - Os criadores de Bovinos da Raça Brava de Lide que desejem aderir ao Livro Genealógico deverão apresentar o pedido à Direção do mesmo.

Artigo 9º - Nenhum poderá ser inscrito no Livro Genealógico antes corretamente identificado, segundo as prescrições deste Regulamento.

Artigo 10º - Dentro das primeiras 24h de vida, os animais serão identificados pelo Criador provisoriamente, por brinco reconhecido pela Direção do Livro.

Artigo 11º - Na presença do Secretário Técnico ou, quando da impossibilidade deste, na de um seu Delegado, será promovida a identificação definitiva que constará das seguintes marcas a fogo:

1. Número individual no costado direito e algarismo representativo do ano de nascimento no antebraço do mesmo lado.
2. Ferro do criador na anca ou coxa, preferentemente do lado direito

Artigo 12º - Qualquer remarcação que se torne necessária só poderá ser efetuada na presença do Secretário Técnico ou na do seu delegado.

Artigo 13º - O Livro Genealógico consta essencialmente de:

1. Livro de Nascimentos
2. Livro de Adultos

Artigo 14º - O Livro de Nascimento é destinado exclusivamente:

1. Aos animais descendentes de reprodutores inscritos no Livro de Adultos.
2. Aos animais importados com idade inferior a 24 meses, em relação aos quais se faça prova de estarem inscritos em Livros ou Registos considerados similares pela Direção Geral da Pecuária.

Artigo 15º - A inscrição no Livro de Nascimentos será solicitada pelos criadores e efetuada pela Secretaria do Livro Genealógico, após inteiro cumprimento do disposto no Art.º 11º, em fase das declarações de nascimento, que serão consideradas como pedidos de inscrição.

Artigo 16º - Os animais que apresentem taras ou defeitos somáticos, que constituam, por si só, impedimento de inscrição no Livro de Adultos, não serão considerados para o Livro de Nascimento.

Artigo 17º - No Livro de Adultos, a título definitivo ou inicial, são admitidos os animais que, após identificação e exame, segundo as normas deste Regulamento, satisfaçam as seguintes condições:

1. Idade mínima de 24 meses.
2. Identificarem-se com o padrão da raça.
3. Não apresentarem defeitos somáticos e taras, impeditivos da função, ou cuja transmissibilidade seja reconhecida ou de reear.
4. Pertencerem a efetivos sob vigilância sanitária oficial, nomeadamente tuberculose e brucelose, e onde não se evidenciam outras doenças contagiosas.

Artigo 18º - A inscrição a título definitivo será apenas considerado para os animais anteriormente inseridos em Livros ou Registos reconhecidos pela Direção Geral da Pecuária.

Artigo 19º - A inscrição a título considera-se facultativa até 31 de Dezembro de 1988.

Artigo 20º - O exame dos animais será efetuado pelo Secretário-Técnico, o qual poderá ser assessorado pelo Delegado Regional, quando seja nomeado, ou por qualquer representante dos criadores, sendo este credenciado pela Direção da Associação.

Artigo 21º - O exame dos animais terá em consideração, não só o “Padrão da Raça”, anexo a este Regulamento, mas também as limitações expressas no Art.º 17º.

Artigo 22º - Após o exame, o Secretário Técnico fará apor nos animais aprovados a marca do Livro, enviando aos proprietários, posteriormente, a nota do resultado com os respetivos números de inscrição.

Artigo 25º - Os criadores aderentes obrigam-se a:

1. Apresentar os animais nos locais, dias e horas indicados pelo Secretário do Livro;

2. A preencher corretamente os impressos fornecidos pelo Secretário do Livro;
3. A identificar provisoriamente a descendência dos animais inscritos, em conformidade com o disposto no Art.º 10º deste Regulamento e as instruções emanadas do Secretário do Livro;
4. Fornecer todos os elementos solicitados com exatidão e veracidade, acatando as determinações que visem o bom funcionamento do Livro;
5. Remeter ao Secretário do Livro:
  - a. Na devida altura, a comunicação da data do início e fim da época de cobrição, com indicação das fêmeas e do toiro mantidos em função nesse período;
  - b. Mensalmente, a declaração de cobrição das fêmeas beneficiadas, nas condições da alínea anterior;
  - c. Mensalmente (nos primeiros 10 dias do mês seguinte) a declaração de nascimentos, trate-se de cria normal, anormal ou nado-morto;
  - d. Remeter com regularidade as declarações de baixa do efetivo, particularizando as mortes, alienações para lide, reprodução ou outros fins, e devendo mencionar o nome do destinatário do produto;
  - e. Não utilizar sementais não inscritos no Livro.

Artigo 26º - Os criadores aderentes ao Livro poderão beneficiar:

1. Dos acordos estabelecidos pelo Livro no sentido da valorização e facilidade de comercialização dos animais inscritos.
2. Dos subsídios a que se referem a alínea a) do Art.º 10º do Decreto-Lei nº 37/75 de 31 de Janeiro.

Artigo 27º - as infrações ao preceituado neste Regulamento serão punidas, consoante a sua gravidade, com:

1. Advertência;
2. Advertência registada;
3. Suspensão temporária de todos os direitos como associado;
4. Irradiação.