

PARÂMETROS DEMOGRÁFICOS E DIVERSIDADE GENÉTICA NA RAÇA SUÍNA PORTUGUESA MALHADO DE ALCOBAÇA

Data de submissão: 24/04/2024

Data de aceite: 01/07/2024

António Pedro Andrade Vicente

Escola Superior Agrária do Instituto Politécnico de Santarém, Portugal
CERNAS - Centro Recursos Naturais Ambiente e Sociedade, Coimbra, Portugal
CIEQV - Centro de Investigação em Qualidade de Vida, Santarém, Portugal
www.orcid.org/0000-0003-3869-5509

Ricardo António da Silva Faria

Escola Superior Agrária do Instituto Politécnico de Santarém, Portugal
CIEQV - Centro de Investigação em Qualidade de Vida, Santarém, Portugal
HT Equine - Unipessoal LDA, Marvão - Portugal
www.orcid.org/0000-0002-4717-0563

Telma Sofia Almeida Tavares

Escola Superior Agrária do Instituto Politécnico de Castelo Branco, Portugal
www.orcid.org/0009-0000-4843-4869

Helena Catarina Vaz Ferreira

Escola Superior Agrária do Instituto Politécnico de Castelo Branco, Portugal
<https://orcid.org/0009-0009-5840-6306>

José Pedro Pestana Fragoso Almeida

Escola Superior Agrária do Instituto Politécnico de Castelo Branco, Portugal
www.orcid.org/0000-0003-1256-2310

João Carlos de Oliveira Bastos

FPAS - Federação Portuguesa Associações de Suinicultores, Montijo, Portugal
<https://orcid.org/0009-0001-0630-7164>

Nuno Carolino

CIISA - Faculdade de Medicina Veterinária – Universidade de Lisboa, Portugal
INIAV - Instituto Nacional Investigação Agrária e Veterinária, Santarém, Portugal
EUVG - Escola Universitária Vasco da Gama, Coimbra, Portugal
www.orcid.org/0000-0001-9079-7380

RESUMO: O porco Malhado de Alcobaca (MA) é uma raça autóctone portuguesa, que se encontra predominantemente na região centro-oeste de Portugal. O objetivo deste estudo foi avaliar a demografia e a diversidade genética dos suínos MA através de registos de pedigree. As análises efetuadas incluíram um total de 7.872 animais nascidos entre 1985 e 2019. O grau de preenchimento de pedigrees é bastante elevado, onde 99,9% dos animais nascidos entre 2000 e 2017 possuem progenitores conhecidos. O intervalo de gerações estimado foi de 2,51 anos e o tamanho

efetivo da população foi de 50,94 animais. Animais nascidos em 2017 apresentaram uma consanguinidade média de 14,0%. O número efetivo de fundadores (fe) e de ascendentes (fa) foi de 13,70 e 12,64 animais, respetivamente, sendo que com apenas 5 ancestrais, pode-se explicar 50% da variabilidade genética da população atual. Os maiores riscos de perda de diversidade genética na raça MA resultam da utilização desequilibrada de um número reduzido de reprodutores e consequentemente de um aumento acentuado do coeficiente de consanguinidade ao longo dos anos. Apesar de alguma estabilidade observada nos últimos anos incluídos no estudo, a entidade gestora do livro genealógico necessita implementar algumas medidas, com o intuito de se aumentar o número de criadores, ampliar o efetivo de reprodutores e apoiar com planos de conversação genética, para, com isso, preservar a restrita diversidade genética existente no porco Malhado de Alcobaça.

PALAVRAS-CHAVE: Ancestrais, Fundadores, Intervalo de gerações, Consanguinidade, Suíno.

DEMOGRAPHIC PARAMETERS AND GENETIC DIVERSITY OF THE PORTUGUESE SWINE BREED MALHADO DE ALCOBAÇA

ABSTRACT: The Malhado de Alcobaça (MA) pig, from Alcobaça region, being an autochthonous Portuguese swine breed, is found predominantly in the central-western region of Portugal. The aim of the study was to evaluate the demographics and genetic diversity of the MA pig population using pedigree information. The analyzes included a total of 7,872 animals born between 1985 and 2019. The completeness of the pedigree is quite high, where 99.9% of animals born between 2000 and 2017 have known parents. The estimated generation interval was 2.51 years, and the effective population size was 50.94 animals. Animals born in 2017 showed an average inbreeding of 14.0%. The effective number of founders (fe) and ancestors (fa) was 13.70 and 12.64 animals, respectively, with just 5 ancestors explaining 50% of the genetic variability of the current population. The greatest risks of loss of genetic diversity in the MA breed result from a sharp increase in the inbreeding coefficient over the years and the use of a reduced number of more common sows and boars from the breeding stock. Despite some stability observed in recent years, the MA breed association needs to implement measures to increase the number of active breeders, increase the number of breeding stock and support the genetic preservation plans of the population, to preserve the existing scarce genetic diversity in the Malhado de Alcobaça pig breed.

KEYWORDS: Ancestors, Founders, Generation intervals, Inbreeding, Swine.

INTRODUÇÃO

Portugal, pela sua localização e características geográficas, possui uma diversidade extremamente rica de condições ambientais, que inclui uma grande diversidade de Recursos Genéticos Animais (RGAn) (GAMA et al., 2004). As raças autóctones portuguesas fazem parte da sua história, cultura e tradições locais. Além disso, estas raças são uma componente importante do ambiente rural, contribuindo para o equilíbrio ecológico.

Contrastando com um grande número de raças autóctones portuguesas de outras espécies pecuárias, a espécie suína conta apenas com 3 raças autóctones (Alentejano, Bísaro e Malhado de Alcobça), sendo um forte pilar da economia local. O porco Malhado de Alcobça apresenta-se como um caso particular, pois era a base da economia familiar de muito pequenos produtores da região litoral centro-oeste de Portugal num sistema de exploração de proximidade, *traspatiso*. Os pequenos produtores desenvolveram produtos locais tradicionais de alta qualidade, mas nos últimos anos, foram sendo substituídos por explorações de tipo comercial/industrial.

O Livro Genealógico da raça suína Malhado de Alcobça (LGMA) tem como objetivo principal garantir a “pureza étnica” da raça, contribuir para o seu melhoramento genético e favorecer a divulgação de reprodutores qualificados, possuindo regulamentação própria. Os animais ao serem classificados para o livro de adultos ou de reprodutores deverão possuir as características morfológicas descritas no padrão da raça. Elementos de interesse para o conhecimento dos animais são apontados na LGMA, a saber:

- Ancestralidade e descendência.
- Resultados dos testes morfofuncionais aos quais foram submetidos.
- Prémios obtidos em concursos oficiais pelo animal e seus ancestrais.
- Outros elementos de interesse para a sua caracterização qualitativa.

O padrão da raça MA inclui como características gerais um bom tipo, esqueleto forte, temperamento calmo e rústico. A pele coberta por pelos fortes, longos e grossos, brancos e pretos, formando malhas bem definidas, mas irregulares em tamanho e forma. A pele pode estar despigmentada ou não. Quando pigmentada, esta pigmentação tende a desaparecer com o envelhecimento do animal. A cabeça é grossa, de tamanho médio e de perfil côncavo, com ângulo frontonasal muito amplo. As orelhas são longas, largas e pendentes, cobrindo até o arco orbital. O corpo é longo, largo e bem musculoso, com espáduas bem desenvolvidas, linha lombar convexa, flancos ligeiramente cavados e relativamente largos, ventre roliço e musculoso. Garupa estreita, não muito longa e inclinada. Cauda grossa na base e inserção média, coxas musculosas e bem desenvolvidas. Os membros são eretos e bem musculosos, pés fortes e robustos, unhas sólidas e bem inseridas. Considerando os caracteres sexuais, os machos (Figura 1) apresentam testículos volumosos, bem salientes do períneo, ovais e bem definidos, com mamilos pouco desenvolvidos, mas regularmente distribuídos, cujo número é maior ou igual a seis pares. Nas porcas (Figura 2) os mamilos são bem desenvolvidos e distribuídos uniformemente, de cor rosa e número não inferior a doze, regularmente espaçados (FPAS, 2014).



Figura 1. Macho da raça Malhado de Alcobaça.



Figura 2. Fêmea da raça Malhado de Alcobaça.

Os principais parâmetros produtivos da população MA são: peso ao nascimento de $1,32 \pm 0,29$ kg; peso aos 30 dias de idade de $6,92 \pm 1,61$ kg e aos 90 dias de idade de $32,61 \pm 7,24$ kg (Carolino et al., 2021), com ganho médio diário de 0,600 kg e peso de carcaça de 75 a 90 kg com rendimento de carcaça de 70 a 75%. Em relação às características reprodutivas, os machos atingem a maturidade sexual aos 8 meses e as fêmeas entre os 6 e 7 meses de idade. O intervalo médio entre partos é de $169,2 \pm 31,6$ dias com duração de vida produtiva de 3 anos. A prolificidade média é de $9,49 \pm 3,06$ leitões, com média de leitões desmamados de $8,43 \pm 2,78$ animais (Carolino et al., 2021). As principais condições de exploração e sistema de produção são maioritariamente em regimes intensivos, mas também existem alguns produtores ao ar livre. As principais características biométricas da população MA são apresentadas na Tabela 1 (VICENTE, 2006).

Características	Machos	Fêmeas
Peso adulto (kg)	$248,10 \pm 24,63$	$212,02 \pm 23,87$
Altura à cernelha (cm)	$76,05 \pm 2,35$	$67,88 \pm 2,96$
Comprimento do corpo (cm)	$128,00 \pm 7,16$	$115,87 \pm 5,5$
Perímetro torácico (cm)	$147,20 \pm 5,96$	$139,93 \pm 6,31$
Perímetro da canela (cm)	$24,30 \pm 1,09$	$21,24 \pm 0,83$

Tabela 1. Principais características biométricas de machos e fêmeas da raça Malhado de Alcobaça (média \pm desvio padrão) (Adaptado de Vicente, 2006)

O MA está classificado com o mais elevado grau de ameaça de acordo com a legislação da UE (Regulamento da Comissão Europeia 445/2002) de “Manutenção de raças autóctones em risco” e “Conservação e melhoramento dos recursos genéticos animais”, definido com “particularmente rara”.

O manejo da diversidade genética é essencial para garantir a sua sobrevivência, bem como a capacidade de resposta da população às mudanças ambientais, a seleção e o melhoramento genético (CAROLINO, 2006; TORO et al., 2011). Atualmente, muitas das raças de animais domésticos apresentam populações muito pequenas, portanto, a avaliação da diversidade genética é essencial para evitar e prevenir as consequências

negativas, como o aumento da homozigotia, aparecimento de genes deletérios, como a presença do gene do Halotano na população MA referida por CAROLINO et al. (2007) ou aumento da consanguinidade e consequente depressão por consanguinidade (TORO et al., 2011), com perda de vigor e *fitness* da população.

A caracterização genética por análise de pedigrees permite definir a estrutura e a dinâmica de uma população ao longo do tempo, considerando-a como um grupo de indivíduos em permanente renovação e tendo em conta o seu património genético. A utilização da análise de genealogias para medir a diversidade genética é uma ótima metodologia para estudar populações, pois descreve a estrutura genética e sua evolução ao longo das gerações (CAROLINO et al., 2020).

Nesse sentido, o objetivo deste estudo foi avaliar a demografia e diversidade genética da raça suína MA por intermédio de informações do pedigree.

MATERIAL E MÉTODOS

As análises demográficas incluíram dados de pedigrees e de inscrições no Livro de Nascimentos do Livro Genealógico da raça Malhado de Alcobaça (LGMA), com 7.872 registos de animais nascidos entre 1985 e 2019. Estes registos foram utilizados a partir da plataforma Genpro Online (<https://genpro.ruralbit.com/>), gerida pela Federação Portuguesa das Associações de Suinicultores (FPAS).

O estudo foi realizado na Unidade Estratégica de Investigação e Serviços de Biotecnologia e Recursos Genéticos – Centro de Investigação de Fonte Boa do Instituto Nacional de Investigação Agrária e Veterinária, IP e foram calculados parâmetros demográficos e genéticos utilizando-se diversas aplicações construídos para esse fim (CAROLINO; GAMA, 2002) e pelo software ENDOG v4.8 (GUTIÉRREZ e GOYACHE, 2005).

O grau de preenchimento de genealogias foi avaliado a partir do número de ancestrais paternos e maternos conhecidos em cada geração. Para animais nascidos entre 2000 e 2017 ($n = 7.080$), o número de gerações conhecidas (n_i) foi calculado utilizando a seguinte expressão:

$$n_i = \frac{n_p + 1}{2} + \frac{n_m + 1}{2}$$

onde n_p e n_m representam o número de gerações conhecidas do pai e da mãe. Se o pai e a mãe forem desconhecidos, n_p ou n_m foi definido como -1.

O coeficiente de consanguinidade individual (F_i) é a probabilidade de dois alelos no mesmo locus serem iguais por descendência, ou seja, cópias do mesmo ancestral comum (WRIGHT, 1922; GAMA, 2002) e, foi calculado pelo método tabular descrito por Carolino e Gama (GAMA, 2002).

O aumento anual da consanguinidade ($\Delta F/\text{ano}$) foi obtido por meio de regressão linear, entre os valores dos coeficientes de consanguinidade individuais (F_{ij}) e o ano de nascimento utilizando o procedimento “General Linear Model” (GLM) do software SAS (SAS INSTITUTE INC., 2017), sendo calculado utilizando a seguinte expressão:

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

onde F_{ij} representa a consanguinidade individual do animal i nascido no ano j , b_0 a intercetação, b_1 o coeficiente de regressão linear da consanguinidade individual no ano de nascimento ($\Delta F/\text{ano}$) e e_{ij} o erro associado à observação ij .

O intervalo de gerações (L) expressa a idade média dos pais ao nascimento dos seus descendentes que, por sua vez, produzirão a próxima geração de reprodutores, tendo sido calculado para os pais e mães de todos os animais e para as quatro vias de seleção (média idade dos pais dos varrascos, pais das porcas, mães dos varrascos e mães das porcas). A média dessas 4 vias de seleção foi considerada como o intervalo médio de geração (L), conforme Vicente et al. (VICENTE; CAROLINO; GAMA, 2012).

O $\Delta F/\text{geração}$ foi calculado pela expressão ($\Delta F/\text{ano}$) \times L , onde L representa o intervalo médio de geração (CAROLINO; GAMA, 2008).

Segundo Falconer e Mackay (FALCONER; MACKAY, 1996), o tamanho efetivo da população (N_e) expressa o número de indivíduos numa população com estrutura não ideal, que daria origem a uma determinada taxa de consanguinidade, se a sua estrutura fosse ideal (número igual de machos e fêmeas, sem seleção, acasalamento aleatório, etc.). Este parâmetro demográfico foi calculado usando a seguinte expressão:

$$N_e = \frac{1}{2 \left(\frac{\Delta F}{\text{generation}} \right)}$$

onde $\Delta F/\text{geração}$ representa o aumento da consanguinidade por geração.

O número efetivo de fundadores (f_e) e ancestrais (f_a), as contribuições genéticas dos fundadores (q_k) e ancestrais (p_k) foram calculados de acordo com os métodos descritos por Boichard et al. (BOICHARD; MIGNEL; VERRIER, 1997), por meio de aplicações desenvolvidas especificamente para esse fim (CAROLINO; GAMA, 2002). Esta metodologia baseia-se no princípio de que um alelo escolhido aleatoriamente em qualquer locus de um determinado animal tem 50% de probabilidade de ser originário do pai e igual probabilidade de ser originário da mãe. Seguindo o mesmo raciocínio, um animal tem 25% de probabilidade de receber um alelo de cada um dos avós e 12,5% de cada um dos bisavós. Aplicando esta regra ao pedigree de qualquer animal, a probabilidade da origem de seus genes pode ser calculada a partir dos fundadores de sua ancestralidade (animais com pai e mãe desconhecidos) ou, caso contrário, a contribuição genética de um q_k para determinado indivíduo ou grupo de indivíduos (CAROLINO, 2006).

Sempre que são consideradas várias gerações nos pedigrees dos animais, é possível definir uma população de referência (ou seja, um grupo de animais nascidos num determinado período), e avaliar a proporção da contribuição dos animais fundadores. Porém, como alguns dos ancestrais podem não ser fundadores e podem estar relacionados entre si, não há redundância de informações (a soma das contribuições individuais q_k seria maior que 1), o conceito de contribuição marginal p_k de um pai é fundamental, ou seja, a contribuição ainda não explicada por outros ascendentes já calculados. A soma de todas as contribuições dos fundadores deve ser igual a 1, assim é calculada a contribuição de um indivíduo, após deduzida a contribuição dos seus ancestrais (CAROLINO; GAMA, 2008).

O número efetivo de fundadores (f_e) representa o número de fundadores (f) que daria origem à diversidade genética observada na população estudada (animais nascidos em cada período), se todos os fundadores tivessem contribuição igual, e foi calculado pela seguinte expressão (BOICHARD; MAIGNEL; VERRIER, 1997):

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

onde, q_k refere-se à contribuição proporcional de cada fundador k para a população de estudo, considerando assim, como fundador, um animal em que pai e mãe são desconhecidos, ou o progenitor desconhecido de um animal em que apenas um dos seus progenitores é conhecido. Dessa forma, sempre que um indivíduo possui apenas um dos progenitores conhecidos, o progenitor desconhecido é considerado como um “fundador fantasma” e também terá a sua contribuição para a população em estudo (CAROLINO; GAMA, 2002).

O número efetivo de ancestrais (f_a) representa o número de ancestrais (fundadores ou não) que explicam a variabilidade genética total da população em estudo, caso todos os ancestrais tivessem contribuição igual, tendo sido determinado através da seguinte expressão:

$$f_a = \frac{1}{\sum_k p_k^2} \text{ where } p_k (1 - \sum_{i=1}^{n-1} a_{ij})$$

onde p_k representa a contribuição marginal do ancestral na geração k , ou seja, a contribuição do ancestral que vai além do que já foi explicado pelos seus ancestrais na população de referência; q_k corresponde à proporção com que cada ascendente k contribui para a população em estudo, da qual se deduz a contribuição de todos os seus familiares cujas contribuições já foram determinadas; a_{ij} é a relação entre k e cada um de seus $n-1$ ancestrais (CAROLINO; GAMA, 2002).

O parentesco médio (AR) entre cada indivíduo é definido como a probabilidade de um alelo escolhido aleatoriamente na população total do pedigree pertencer a um determinado indivíduo (GUTIÉRREZ; GOYACHE, 2005) e foi obtido diretamente do programa ENDOG v4.8 (GUTIÉRREZ; GOYACHE, 2005). Em termos numéricos, corresponde ao dobro da probabilidade de dois alelos escolhidos aleatoriamente serem idênticos por descendência, podendo ser interpretado como a representação de um animal no total pedigree da população (SONESSON; MEUWISSEN, 2001).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

NASCIMENTOS, CRIADORES E REPRODUTORES

O número de animais da raça MA nascidos por ano e registados no livro de nascimentos do Livro Genealógico da raça MA (LGMA), tem vindo a crescer e atingiu o valor máximo de 1295 leitões (608 fêmeas e 686 machos) nascidos no ano de 2017. Este aumento positivo é o resultado de um alargamento no número de criadores e também um melhor monitoramento dos dados.

No período 2010 a 2014, a população do MA estava distribuída principalmente por três tipos de explorações dependendo da quantidade de produção por exploração: 8% em explorações pequenas (<50 animais nascidos por ano), 49,3% em explorações médias (250 a 500 animais nascidos por ano) e 43% em grandes explorações (> 1.000 animais nascidos por ano). Nos últimos 4 anos avaliados (2014 a 2019) o número de explorações aumentou e a distribuição dos MA mudou. Atualmente a população está mais distribuída: 44,0% em explorações com menos de 100 animais nascidos/ano; 26,6% em explorações com 100 a 250 nascimentos/ano e 33,1% em explorações com >500 nascimentos/ano. Os nascimentos distribuem-se ao longo de todo o ano como é habitual nos sistemas de produção intensiva em que o MA está inserido.

Depois de 2011, o número de criadores tem vindo a aumentar, com 9 explorações ativas em 2019 (Figura 3). De referir que esta raça apresenta características demográficas únicas quando comparada com as restantes raças autóctones, pois no início (década de 80 do século XX) a raça era mantida por apenas um criador (Selecpor SA) e de 2000 até 2008, apenas dois criadores estavam ativos.

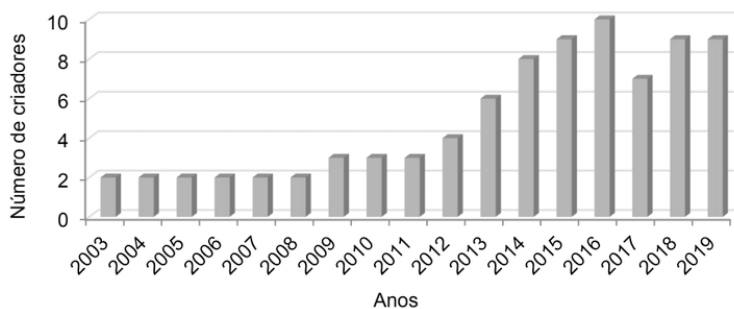


Figura 3. Número de criadores ativos por ano.

O número de varrascos reprodutores é evidentemente escasso, mesmo tenha vindo a aumentar nos últimos anos, com 18 machos reprodutores em 2019 (Figura 4).

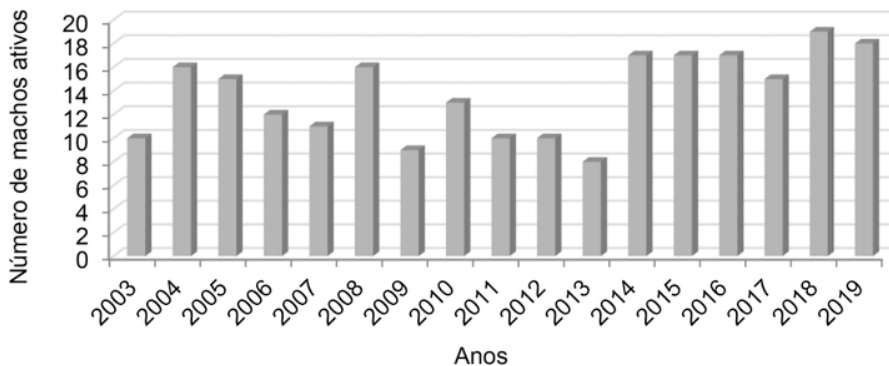


Figura 4. Número de varrascos ativos por ano de nascimento.

Considerando as fêmeas reprodutoras (Figura 5), o número de porcas ativas manteve-se estável até 2011 em cerca de 200 reprodutoras, com uma grande diminuição em 2013 para apenas 76 fêmeas, dada a grave crise económica no sector suíno em Portugal com preços e rendimentos muito baixos, tendo recuperado nos anos seguintes, atingindo 187 fêmeas em 2019.

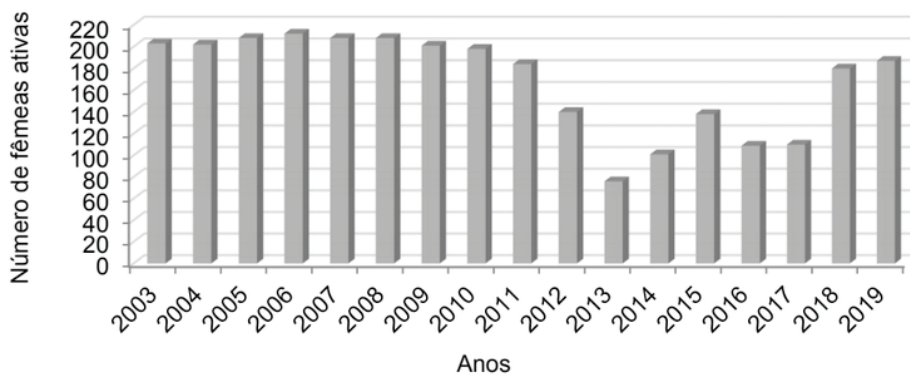


Figura 5. Número de fêmeas ativas por ano de nascimento.

A proporção de fêmeas ativas/macho tem flutuado nos últimos 10 anos, variando de 6 a 22 fêmeas por macho ativo. Esta variação é explicada pela elevada variação no número de fêmeas reprodutoras disponíveis.

GRAU DE PREENCHIMENTO DO PEDIGREE

O conhecimento do pedigree é a base operacional de qualquer livro genealógico. O controlo de filiação é essencial para a correta gestão da variabilidade genética de uma população, nomeadamente quando incluída num programa de conservação, e tem um papel importante na escolha dos emparelhamentos mais adequados. O índice de completude do pedigree da população MA, para os animais nascidos entre 2000 e 2017, até à 4ª geração parental, foi de 99,9% (Figura 6).

Em geral, a percentagem de ancestrais conhecidos é bastante elevada no período de estudo (2000-2017) com quase todos (99,9%) os pais e mães conhecidos, cerca de 99,8% dos avós conhecidos e 99,6% dos bisavós conhecidos. Comparativamente às outras raças suínas autóctones portuguesas, a MA apresenta o mais elevado nível de conhecimento de pedigree ao longo das gerações.

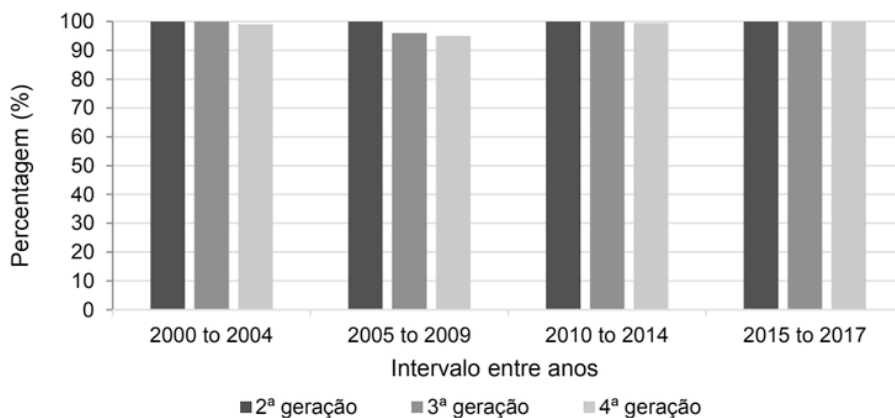


Figure 6. Índice de completude do pedigree (% ancestrais conhecidos) entre 2000-2017.

Com valores inferiores de conhecimento do pedigree, comparativamente ao MA, a raça suína Alentejana (total de animais nascidos entre 2003 e 2010), eram conhecidos 97,35% dos pais e 97,31% das mães e, inferior a 30% de bisavós e bisavós conhecidos (MENDES, 2013) e na raça Bísara, considerando a população nascida entre 1994 e 2016, cerca de 98,1% apresentavam pais conhecidos, 77,9% avós conhecidos e 61,8% bisavós conhecidos (PAIXÃO et al., 2018). Para a primeira geração da população de referência das raças exóticas Landrace, Duroc ou Hampshire, o grau de completude do pedigree é de 100%, mas diminui de forma relevante para a terceira geração, onde 81,7% , 84,7% e 67,8% são bisavós conhecidos, respetivamente (MELKA; SCHENKEL, 2010).

Para um programa de seleção eficaz, um alto índice de completude de pedigree torna-se relevante e conveniente (GAMA, 2002), o conhecimento do pedigree é essencial para monitorar as mudanças na estrutura genética da população ao longo do tempo (CAROLINO; GAMA, 2008).

CONSANGUINIDADE E PARENTESCO

Os valores médios do coeficiente individual de consanguinidade (F_i) da raça MA, apresentaram um aumento ao longo dos anos avaliados (Figura 7). Para os animais nascidos em 2000, o F_i foi de aproximadamente 6,0%, com “picos elevados” de aumento nos anos de 2003 e 2011, mantendo-se em torno de 14,0% nos anos seguintes.

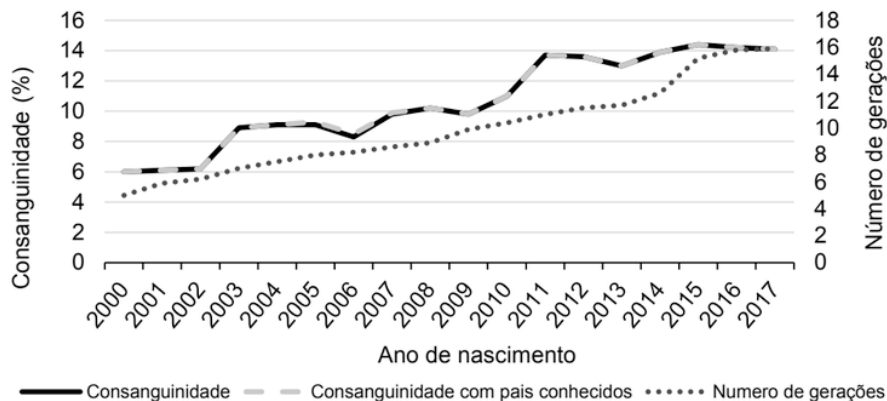


Figura 7. Evolução da consanguinidade e do número de gerações conhecidas por ano de nascimento.

Em comparação com outras raças suínas autóctones portuguesas, verificou-se que o MA apresentou as maiores médias de F_i . Na raça Alentejana, para os leitões nascidos em 2010 (referidos como “população de referência”), o valor foi de 3,41%, valor que, no entanto, pode não refletir a realidade, porque o conhecimento do pedigree é muito inferior (MENDES, 2013). Para a raça Bísara, em 2016, foi de 10,27% (PAIXÃO et al., 2018). Possivelmente os maiores valores da F_i estão relacionados com o nível mais elevado de conhecimento de pedigree no MA em comparação com as outras raças autóctones de suínos, Alentejana e Bísaro.

Na raça Mangalica, com animais nascidos entre 2009 e 201, o F_i foi menor (4,07 a 5,87%), sendo indicado pelos autores, que a possível razão de baixos valores é a baixa informação de pedigree (POSTA; SZABÓ; KOMLÓSI, 2016). Para a raça suína Gochu Asturcelta, a população de referência incluiu os indivíduos inscritos desde a sua fundação até agosto de 2014, indicou uma consanguinidade média de 0,289 (MENENDEZ et al., 2016). Para a raça suína Prestice Black-Pied, ameaçada de extinção, a taxa de consanguinidade atingiu 4,93% (KRUPA et al., 2015).

Ao considerar raças internacionais cosmopolitas espalhadas pelo mundo, como as populações Yorkshire/Large White, Landrace ou Duroc, os níveis de consanguinidade são muito mais baixos, variando entre cerca de 1,0% a 6,0% (WELSH et al., 2010; KRUPA; ŽÁKOVÁ; KRUPOVÁ, 2015; ZANELLA et al., 2016), ou cerca de 3,0% para a população de suínos Pietrain (WILMOT et al., 2020).

O aumento do Fi observado ao longo dos anos (Figura 7), pode ser explicada por dois fatos distintos: 1) o acasalamento de animais cada vez mais aparentados, devido ao aumento real do parentesco médio entre os reprodutores; e 2) o aumento das informações de pedigree que proporcionam uma estimativa mais precisa do valor real do coeficiente de parentesco. Segundo Gama (GAMA, 2022), em populações fechadas, a consanguinidade tende obrigatoriamente a aumentar, uma vez que, mais cedo ou mais tarde, os animais reprodutores possuem ancestrais comuns, sendo que, a consanguinidade pode influenciar negativamente os parâmetros económicos de produção. Por exemplo, poderá ocorrer a denominada “depressão por consanguinidade”, que representa a redução do desempenho médio da população induzida pelo aumento da consanguinidade.

BERESKIN et al. (1970), mostraram um efeito depressivo da consanguinidade no peso dos leitões ao nascer e, portanto, no peso da ninhada: para cada aumento de 10,0% na consanguinidade, a ninhada diminuiu 400 g de peso vivo. Igualmente indesejável é o nível de consanguinidade das porcas, que afeta negativamente não só o número total de leitões criados, o número de nados-vivos, o peso da ninhada à nascença e o peso vivo médio por leitão criado, mas também mais tarde a engorda destes leitões. O aumento de 10,0% na consanguinidade das porcas induziu uma diminuição no número de nascidos vivos em 0,19 a 0,29 leitões e, também, no número de leitões engordados em 0,16 a 0,21 leitões (KÖCK; FÜRST-WALTL; BAUMUNG, 2009). Ainda segundo VICENTE (2006), no MA, o aumento de 1,0% na consanguinidade das porcas levou a uma redução média de aproximadamente 0,03 leitões nascidos por parto e 0,02 leitões desmamados por ninhada.

Pela análise da figura 7, observa-se também um aumento constante do número de gerações conhecidas, de apenas 5 em 2000 para cerca de 10 em 2017, o que significa que o Livro Genealógico está a recolher cada vez mais informação, apresentado valores superiores ao encontrado nos porcos Mangalica com 5 a 6 gerações conhecidas (MELKA; SCHENKEL, 2010).

A percentagem e aumento ao longo dos anos de animais consanguíneos na raça MA é bastante evidente, atingindo todos os animais nascidos a partir de 2009 (Figura 8), ou seja, todos os animais nascidos nos últimos 9 anos avaliados, são consanguíneos. Considerando outras raças autóctones de Portugal e da Hungria, os valores são inferiores e de 54,06% e 53,85% para as raças Alentejana e Bísaro, respetivamente (MENDES, 2013; PAIXÃO et al., 2018) ou de 80,83% para a raça húngara Mangalica (POSTA; SZABÓ; KOMLÓSI, 2016).

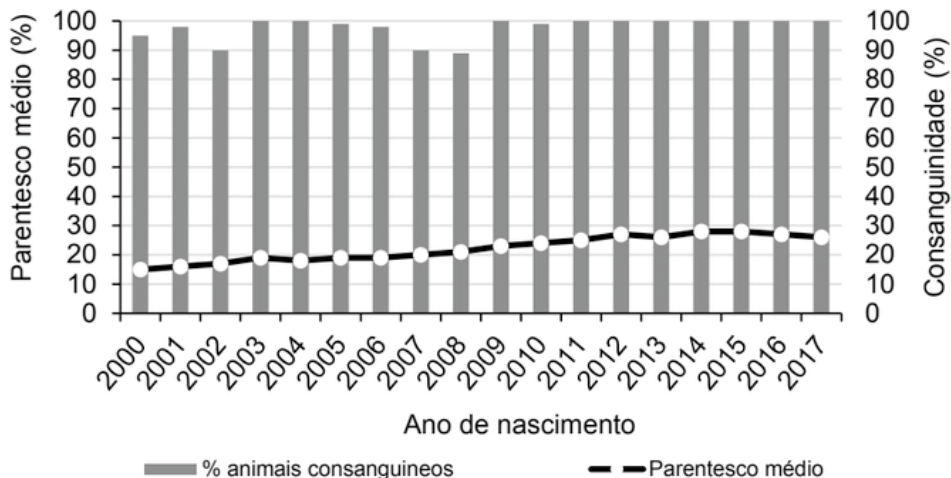


Figura 8. Evolução do índice de animais consanguíneos (%) e parentesco médio (AR) por ano de nascimento.

Os valores do parentesco médio (AR) têm vindo a aumentar ao longo dos anos, atingindo cerca de 27,0% em 2017 (Figura 8), sendo um valor elevado quando comparado com as raças portuguesa Alentejana e Bísara, com valores de 0,25% e 1,59%, respetivamente (MENDES, 2013; PAIXÃO et al., 2018). Os valores do AR podem ser utilizados como um indicador eficaz para os planos de acasalamento dirigidos, para minimizar os riscos de perda de variabilidade genética, como alternativa ou complemento aos resultados obtidos através do cálculo do F_i e para prever a tendência de longo prazo da evolução da consanguinidade (GUTIÉRREZ; GOYACHE, 2005).

INTERVALO DE GERAÇÕES e PARÂMETROS GENEALÓGICOS

O intervalo de gerações (L) é a idade média dos pais ao nascimento dos filhos que os vão substituir e apresenta-se como um parâmetro importante para o progresso genético de uma raça, pois determina a velocidade com que este ocorre (PACHECO, 2015), ou seja, quanto maior o intervalo de gerações, mais demorada será a resposta de seleção.

Apartir do L do MA, foram posteriormente calculados o coeficiente de consanguinidade por geração (ΔF /geração) e o tamanho efetivo da população (N_e). Todos estes parâmetros foram calculados para três períodos distintos, para permitir a análise da sua evolução ao longo do tempo: 2003 a 2017, 2008 a 2017 e 2013 a 2017 (Tabela 2).

Parâmetros	Períodos		
	2003-2017	2008-2017	2013-2017
Intervalo de Gerações (L)	2,39 anos	2,42 anos	2,51 anos
ΔF /ano	0,411%	0,302%	0,189%
ΔF /gerações	0,981%	0,730%	0,475%
Tamanho efetivo da população (N_e)	50,94	68,51	105,27

Tabela 2. Evolução do intervalo de gerações (L), da taxa de consanguinidade (ΔF) por ano e por geração e do tamanho efetivo da população (N_e) nos diferentes períodos considerados.

O valor do L tem aumentado lentamente ao longo dos três períodos considerados (Tabela 2), independentemente da via de seleção seguida (dados não apresentados). O valor de 2,51 anos para o período 2013 – 2017, é muito superior ao sugerido por Gama (GAMA, 2002), ou seja, 1,5 anos, com mínimo de 1 ano. No caso específico deste estudo, os valores obtidos podem ser explicados por: 1) a criação é realizada com suínos da própria exploração, 2) não existem reprodutores disponíveis em grande número para renovação do efetivo, 3) o que exige manter os reprodutores até uma idade mais avançada, levando ao aumento do valor do L.

Ao comparar o valor do L da raça MA com os valores das raças Alentejana e Bísara, o MA apresenta os maiores valores (Tabela 2), seguido da Alentejana com 2,17 anos (MENDES, 2013) e depois do Bísaro com 1,92 anos (PAIXÃO et al., 2018). No caso do Bísaro, existe um sistema de produção aparentemente mais intensivo que os demais (PAIXÃO et al., 2018), o que resultará num L mais curto, em relação ao MA e Alentejano.

As mesmas diferenças foram encontradas quando se compara este parâmetro demográfico em raças intensamente exploradas, como é o caso de Landrace e Duroc com 1,65 anos e 1,60 anos (MELKA; SCHENKEL, 2010) ou outras populações comerciais de suínos criadas na República Checa com L entre 1,6 e 1,9 anos (KRUPA; ŽÁKOVÁ; KRUPOVÁ, 2015). As raças exploradas intensivamente, conseguiram atingir maior produtividade, requerem maiores taxas de substituição o que, conseqüentemente implica um menor intervalo entre gerações para maximizar o progresso genético. Na literatura, valores de L próximos aos animais MA do presente estudo, foram observados em outras raças de suínos com pequenas populações em todo o mundo, com valores semelhantes de 2,46, 2,55 e 2,49 anos para as raças suínas italiana Nero di Parma (MARIANI et al., 2020), Piau do Brasil (VERONEZE et al., 2014) e Mangalica da Hungria (POSTA; SZABÓ; KOMLÓSI, 2016), respetivamente.

O tamanho efetivo da população (N_e) está relacionado com a variação da consanguinidade e do Intervalo de gerações e a recomendação da FAO (1998) é que este parâmetro seja maior que 50 ($N_e \geq 50$), para que o risco de erosão genética não seja muito elevado. Ao considerar todos os animais nascidos entre 2003 e 2017, o ΔF /geração foi de 0,981% e o N_e foi de 50,94 (Tabela 2), que é o valor limite da recomendação da FAO.

Este valor reduzido de N_e deve-se principalmente ao elevado aumento da consanguinidade por ano (0,411%). No entanto, no período 2008-2017 e, mais recentemente, no período 2013-2017, o ΔF /geração diminuiu consistentemente, correspondendo a aumentos de N_e . Ressalta-se que no último período o N_e atinge o dobro do valor limite da FAO (Tabela 2). A diminuição no aumento da consanguinidade por ano e, conseqüentemente, o aumento do N_e , deveu-se essencialmente a planos de acasalamento e organização do Livro Genealógico mais eficientes, com a dispersão de mais produtores, minimizando o AR e também provavelmente devido a um ligeiro aumento de L, com criadores preservando os ciclos mais produtivos dos reprodutores dado o reduzido número de opções disponíveis.

Considerando o ΔF /geração e os resultados obtidos no último período analisado (Tabela 2), foram observados valores superiores por WELSH et al. (2010) nas raças suínas internacionais Berkshire e Landrace, com 0,647% e 0,674%, respectivamente, e valores idênticos para Duroc, Hampshire e Yorkshire, com 0,442%, 0,458% e 0,443%, respectivamente.

Os valores estimados de N_e para raça Alentejana, com base nos nascimentos registados entre 2003 e 2010, foram estimados entre 25-28 animais, dependendo de como foi obtida a taxa de consanguinidade (MENDES, 2013). Por sua vez, PAIXÃO et al. (2018) para a raça Bísara estimou que, para animais nascidos entre 1994 e 2017, o N_e para toda a população calculado pelo aumento da consanguinidade de duas gerações sucessivas e pelo método de regressão logarítmica, foi de 15,42 e 68,54, respectivamente.

Para raças suínas raras e ameaçadas de extinção, como o San Pedreño, o valor estimado de N_e foi menor, chegando a 25,31 para uma população de referência de animais nascidos entre 2015 e 2017 (OCAMPO-GALLEGO, 2019). Para a raça suína Nero Lucano o N_e estimado foi ainda menor com um valor estimado de 11,5 e 7,2 nas primeira e segunda gerações, respectivamente, considerando uma população de referência nascida entre 2006 e 2014 (VALLUZZI et al., 2021). Em ambas as raças o baixo valor de N_e está associado a uma elevada taxa de consanguinidade. Para raças suínas comerciais internacionais, o N_e obtido é muito maior, variando de 74 no Landrace (WELSH et al., 2010) a 223 para Pietrain (WILMOT et al., 2020) dado o tamanho da população e a distribuição mundial.

FUNDADORES E ASCENDENTES

As contribuições genéticas dos fundadores (q_k) e ascendentes (p_k) da raça MA, apresentaram valores de 84 fundadores e 559 ancestrais (Tabela 3), sendo que, com apenas 5 fundadores e 5 ascendentes é possível explicar 50,0% da diversidade e variabilidade genética da raça MA, revelando a utilização excessiva de apenas alguns reprodutores, cuja contribuição genética persiste por várias gerações.

Parâmetros	Valores
Fundadores	
Número de fundadores explicando 25% de diversidade genética (Nf25)	2
Número de fundadores explicando 50% de diversidade genética (Nf50)	5
Número total de fundadores explicando 100% da diversidade genética (q_k)	84
Ascendentes	
Número de ascendentes explicando 25% de variabilidade genética (Na25)	2
Número de ascendentes explicando 50% de variabilidade genética (Na50)	5
Número de ascendentes explicando 100% de variabilidade genética (p_k)	559
Número efetivo de fundadores (f_e)	13,7
Número efetivo de ascendentes (f_a)	12,6
Proporção f_e / f_a	1,08

Tabela 3. Principais parâmetros de fundadores e ascendentes da população suína Malhado de Alcobaça.

Nas raças portuguesas Alentejano e Bísaro, o número de fundadores a explicar 50% da diversidade genética foram superiores e, respetivamente, de 10 e 41 animais (MENDES, 2013; PAIXÃO et al., 2018).

O número de fundadores de uma população é importante, pois reflete as informações sobre o conhecimento do pedigree desde a fundação da raça e a contribuição desses animais para a população atual. A preservação da diversidade genética dos fundadores para a população atual pode ser estimada avaliando as suas contribuições, que por sua vez podem ser medidas pelo f_e . Embora útil, este parâmetro ignora estrangulamentos na população, por isso, o f_a foi também obtido (BOICHARD; MIGNEL; VERRIER, 1997).

Foram observados valores de f_e iguais a 13,70 fundadores e f_a de 12,64 ascendentes, estes números são muito inferiores ao número total de fundadores e ascendentes (Tabela 3) que contribuem para a população MA, apresentando possível *bottleneck* genético devido ao uso desigual de reprodutores, em parte dado o reduzido número total de reprodutores existentes (Figuras 4 e 5) que contribuem com um número elevado de descendentes e, por outro lado, nem todos tem oportunidade de ser reprodutores.

Foram observados valores superiores de f_e noutras raças autóctones portuguesas, como o porco Bísaro, indicando 79 fundadores efetivos (FERNANDES et al., 2010), e valores de 111 e 151 fundadores efetivos (PAIXÃO et al., 2018), na raça Alentejana, os valores indicados foram superiores a 200 fundadores efetivos (MENDES, 2013), indicando que a raça MA, apresenta uma base de fundadores menor que as demais raças suínas portuguesas. O valor obtido para f_a no MA (Tabela 3) é novamente inferior ao apresentado para as raças Alentejana e Bísara, com valores de 723 e 113 ascendentes efetivos, respetivamente (MENDES, 2013; PAIXÃO et al., 2018), revelando que a população de porcos MA é a mais ameaçada de Portugal, necessitando de uma extensa gestão genética para a sua sustentabilidade a longo prazo.

A relação f_e/f_a foi de 1,08 (Tabela 3), o que sugere o início do “efeito de gargalo” (*bottleneck*) na população, considerando o valor limite de 1 (BOICHARD; MAIGNEL; VERRIER, 1997). Quanto maior o valor de f_e em relação ao f_a (ou seja, maiores relações f_e/f_a), maior a existência de estrangulamentos ao longo do pedigree. Segundo AMARAL (2012), o efeito de gargalo na população ocorre quando o número de reprodutores diminui e, conseqüentemente, leva à perda de alelos nesta população, existindo a necessidade de introduzir na população MA, mais e novos reprodutores, com origens genéticas diversas em relação aos animais ativos em reprodução atualmente.

CONCLUSÕES

A realização deste tipo de estudos é de grande importância para se conhecer a estrutura demográfica e genética de uma população ameaçada de extinção e como tem sido a sua evolução, no sentido de se poder tomar medidas no âmbito das atividades de conservação em que está envolvida.

O aparecimento de novos criadores e o aumento do efetivo reprodutor revela-se essencial para a preservação e gestão da diversidade genética e, conseqüentemente, para a melhoria dos parâmetros genéticos e demográficos mais desfavoráveis, como são a consanguinidade, o tamanho efetivo da população e o número efetivo de fundadores e de ascendentes.

O aumento do efetivo, a correta disseminação dos reprodutores para novos núcleos, a sua utilização criteriosa, tendo em atenção o tempo de utilização destes reprodutores e o desenho de acasalamentos dirigidos, tendo em consideração a minimização do grau de parentesco entre animais a acasalar, serão decisivos para o futuro desta raça. Para este efeito, todas as estratégias que visem a promoção, divulgação e crescimento da raça Malhado de Alcobaça e dos produtos associados serão certamente benéficas.

AUTORIZAÇÕES/RECONHECIMENTO

Ao submeter o trabalho, os autores tornam-se responsáveis por todo o conteúdo da obra.

REFERÊNCIAS

- Amaral, R. dos S. **Estrutura populacional, tendência genética e depressão por endogamia em nelore mocho do nordeste do brasil**. 2012. Universidade estadual do sudoeste da bahia - uesb - campus de itapetinga., [s. L.], 2012.
- Bereskin, B.; Shelby, C. E.; Rowe, K. E.; Rempel, W. E.; Dettmers, A. E.; Norton, H. W. Inbreeding and swine productivity in minnesota experimental herds. **Journal of animal science**, [s. L.], v. 31, p. 278–288, 1970.
- Boichard, D.; Maignel, I.; Verrier, É. The value of using probabilities of gene origin to measure genetic variability in a population. **Genetics, selection, evolution : gse**, [s. L.], v. 29, n. 1, p. 5–23, 1997.
- Carolino, I., Vicente, A., Sousa, C.O. Gama, L. Snapshot based genotyping of the ryr1 mutation in portuguese breeds of pigs. **Livestock science**, [s. L.], v. 111, p. 264–269, 2007.
- Carolino, N. **Estratégias de seleção da raça bovina alentejana**. 2006. Tese de Doutorado. Universidade técnica de lisboa, [s. L.], 2006.
- Carolino, N.; gama, L T. **Software para a gestão de recursos genéticos animais**. [s.l: s.n.].
- Carolino, N.; Gama, L. T. Indicators of genetic erosion in an endangered population: the Alentejana cattle breed in Portugal. **Journal of Animal Science**, [s. L.], v. 86, p. 47–56, 2008.
- Carolino, N.; Sousa, C.; Silva, F.; Carolino, I. Consanguinidade e depressão consanguínea nas espécies pecuárias. **Revista Vida Rural**, [s. L.], p. 26–27, 2017.
- Carolino, N.; Vitorino, A.; Carolino, I.; Pais, J.; Henriques, N.; Silveira, M.; Vicente, A. Genetic diversity in the portuguese Mertolenga cattle breed assessed by pedigree analysis. **Animals**, [s. L.], v. 10, n. 11, p. 1990, 2020.
- Carolino, N; Carolino, M.I.; Bastos, J.; Silveira, M.; Vicente, A. **Raça suína Malhado de Alcobça – Avaliação Genética 2021**. Instituto Nacional de Investigação Agrária e Veterinária, Estação Zootécnica Nacional - Fonte Boa, Portugal.
- Falconer, D. S.; Mackay, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4th. Ed. London: longman group ltd, 1996.
- FAO. Secondary guidelines for development of national farm animal genetic resources management plans: management of small populations at risk. **Food and agriculture organization of the united nations**, [s. L.], 1998.
- Fernandes, S.D., Malovrh, S., Kovac, M. and Cadavez, V. Study of genetic diversity of Bísaro pigs breed by pedigree analysis. **Universitatea de stiinte agricole si medicina veterinara iasi. Lucrari stiintifice**, [s. L.], v. 53, n. Seria Zootehnie, p. 326–330, [s.d.], 2010.
- FPAS – Federação Portuguesa das Associações de Suicultores. **Regulamento do Livro Genealógico dos suínos da raça Malhado de Alcobça**. 2014. Aprovado pela DGAV.
- Gama, L. T. **Melhoramento genético animal**. Lisboa: escolar editora, 2002.
- Gama, L. T.; Carolino, N.; Costa, M.; Matos, C. **Recursos genéticos animais em portugal**, 2004.

- Gutiérrez, J. P.; Goyache, F. A note on endog: a computer program for analysing pedigree information. **Journal of animal breeding and genetics**, [s. L.], 2005.
- Köck, A.; Fürst-waltl, B.; Baumung, R. Effects of inbreeding on number of piglets born total, born alive and weaned in austrian Large White and Landrace pigs. **Archiv tierzucht**, [s. L.], v. 52, n. 1, p. 51–64, 2009.
- Krupa, E.; Krupová, Z.; Žáková, R.; Kasarda, R.; Svitáková, A. Population analysis of the local endangered Přeštice black-pied pig breed. **Poljoprivreda**, [s. L.], v. 21, n. 1, p. 155–158, 2015.
- Krupa, E.; Žáková, E.; Krupová, Z. Evaluation of inbreeding and genetic variability of five pig breeds in Czech Republic. **Asian-australasian journal of Animal Sciences**, [s. L.], v. 28, n. 1, p. 25–36, 2015.
- Mariani, E.; Summer, A.; Ablondi, M.; Sabbioni, A. Genetic variability and management in Nero di Parma swine breed to preserve local diversity. **Animals**, [s. L.], v. 10, n. 3, 2020.
- Melka, M. G.; Schenkel, F. Analysis of genetic diversity in four canadian swine breeds using pedigree data. **Canadian journal of animal science**, [s. L.], v. 1, n. November, 2010.
- Mendes, M. **Caracterização demográfica da raça suína Alentejana**. Dissertação de mestrado em engenharia zootécnica/produção animal - universidade de lisboa, [s. L.], 2013.
- Menendez, J.; Alvarez, I.; Fernandez, I.; Goyache, F. Genealogical analysis of the Gochu Asturcelta pig breed: insights for conservation. **Czech journal of animal science**, [s. L.], 2016.
- Meuwissen, T. H. E.; Sonesson, A. K. Maximizing the response of selection with a predefined rate of inbreeding: overlapping generations. **Journal of Animal Science**, [s. L.], v. 76, n. 10, p. 2575–2583, 1998.
- Ocampo-gallego, R. J. Análisis de diversidad genética en cerdo criollo San Pedroño utilizando datos de pedigri. **Ecosistemas y recursos agropecuarios**, [s. L.], v. 6, n. 17, p. 333, 2019.
- Oliveira, R. R.; Brasil, L. H. A.; Delgado, J. V.; Peguezuelos, J.; León, J. M.; Guedes, D. G. P.; Arandas, J. K. G.; Ribeiro, M. N. Genetic diversity and population structure of the spanish Murciano–Granadina goat breed according to pedigree data. **Small ruminant research**, [s. L.], v. 144, p. 170–175, 2016.
- Pacheco, A. **Caracterização demográfica, avaliação genética e efeitos da depressão consanguínea em características produtivas de bovinos de raça Maronesa**. 2015. Dissertação de mestrado em engenharia zootécnica. Universidade de Trás-os-Montes e Alto Douro, [s. L.], 2015.
- Paixão, G.; Esteves, A.; Payan-Carreira, R.; Carolino, N. Demographic structure and genetic diversity of the endangered Bísaro pig: evolution and current status. **Czech journal of Animal Science**, [s. L.], v. 63, n. No. 11, p. 452–461, 2018.
- Pinheiro, M.; Kjöllérström, H. J.; Oom, M. M. Genetic diversity and demographic structure of the endangered Sorraia horse breed assessed through pedigree analysis. **Livestock science**, [s. L.], v. 152, n. 1, p. 1–10, 2013.
- Posta, J.; Szabó, P.; Komlósi, I. Pedigree analysis of Mangalica pig breeds. **Annals of animal science**, [s. L.], v. 16, n. 3, p. 701–709, 2016.

SAS institute inc. **Sas 9.3 intelligence platform: system administration guide**. Second edi ed. [s.l.] : cary, nc: sas institute inc., 2017.

Sonesson, A. K.; Meuwissen, T. H. E. Minimization of rate of inbreeding for small populations with overlapping generations. **Genetical research**, [s. L.], v. 77, n. 3, p. 285–292, 2001.

Toro, M. A.; Meuwissen, T. H. E.; Fernández, J.; Shaat, I.; Mäki-tanila, A. Assessing the genetic diversity in small farm animal populations. **Animal**, [s. L.], v. 5, n. 11, p. 1669–1683, 2011.

Valluzzi, C.; Rando, A.; Macciotta, N. P. P.; Gaspa, G.; Di Gregorio, P. The Nero Lucano pig breed: recovery and variability. **Animals**, [s. L.], v. 11, n. 5, p. 1–10, 2021.

Veroneze, R.; Lopes, P. S.; Guimarães, S. E. F.; Guimarães, J. D.; Costa, E. V.; Faria, V. R.; Costa, K. A. Using pedigree analysis to monitor the local Piau pig breed conservation program. **Archivos de zootecnia**, [s. L.], v. 63, n. 241, p. 45–54, 2014.

Vicente, A.. **Caracterização do porco malhado de alcobaça**. 2006. Dissertação de mestrado em produção animal.Universidade Técnica de Lisboa., [s. L.], 2006.

Vicente, A.; Carolino, N.; Gama, L. T. Genetic diversity in the Lusitano horse breed assessed by pedigree analysis. **Livestock science**, [s. L.], p. 1–10, 2012.

Welsh, C. S.; Stewart, T. S.; Schwab, C.; Blackburn, H. D. Pedigree analysis of 5 swine breeds in the United States and the implications for genetic conservation. **Journal of Animal Science**, [s. L.], v. 88, n. 5, p. 1610–1618, 2010.

Wilmot, H.; Mota, R. R.; Vanderick, S.; Gengler, N. Pedigree relatedness and pseudo-phenotypes as a first approach to assess and maintain genetic diversity of the Walloon Piétrain pig population. **Livestock science**, [s. L.], v. 233, p. 103950, 2020.

Wright, S. Coefficients of inbreeding and relationship. **The American Naturalist**, [s. L.], p. 330–338, 1922.

Zanella, R.; Peixoto, J. O.; Cardoso, F. F.; Cardoso, L. L.; Biegelmeyer, P.; Cantão, M. E.; Otaviano, A.; Freitas, M. S.; Caetano, A. R.; Ledur, M. C. Genetic diversity analysis of two commercial breeds of pigs using genomic and pedigree data. **Genetics selection evolution**, [s. L.], v. 48, n. 1, p. 24, 2016.