



**UNIVERSIDADE DOS AÇORES**  
**DEPARTAMENTO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS**

# **Posicionamento Genético do Gado Bravo da Ilha**

## **Terceira em Relação à Raça Brava de Lide**

Pedro Bettencourt Cardoso Correia

**Tese de Mestrado em Engenharia Zootécnica**

**ANGRA DO HEROÍSMO**  
**2012**



**UNIVERSIDADE DOS AÇORES  
DEPARTAMENTO DE CIÊNCIAS  
AGRÁRIAS**



**DIRECÇÃO REGIONAL DO  
DESENVOLVIMENTO AGRÁRIO**

# **Posicionamento Genético do Gado Bravo da Ilha Terceira em Relação à Raça Brava de Lide**

Pedro Bettencourt Cardoso Correia

**Tese de Mestrado em Engenharia Zootécnica**

**Orientadores:**

Professor Doutor Javier Cañón Ferreras – Universidade Complutense de Madrid

Professor Doutor Joaquim Fernando Moreira da Silva – Universidade dos Açores

**ANGRA DO HEROÍSMO**

**2012**

## Agradecimentos

A todo o apoio facultado pela Direcção Regional do Desenvolvimento Agrário, que financiou e criou todas as condições possíveis para a execução desta investigação.

Aos ganadeiros das ganadarias, Irmãos Dias, Rego Botelho, Casa Agrícola José Albino Fernandes, Eliseu Gomes e Nelson Toste por disporem do seu tempo e dos seus animais para o estudo.

Aos orientadores, professor Doutor Javier Cañón Ferreras da Universidade Complutense de Madrid e ao professor Doutor Joaquim Fernando Moreira da Silva, da Universidade dos Açores, pelos ensinamentos, material facultado, disponibilidade, pela revisão e cooperação no trabalho nas suas diferentes fases de desenvolvimento.

Ao incentivo da professora Virgínia Crespo da Escola Superior Agrária de Santarém, desde a fase embrionária do projecto, e à Doutora Erica Baron da Universidade dos Açores, pela colaboração na revisão do trabalho e partilha de conhecimentos.

Às brigadas de sanidade dos Serviços do Desenvolvimento Agrário da Ilha Terceira e Serviços A.D.S. Baixo Tejo, que colaboraram de forma exemplar nas colheitas de sangue.

Ao chefe de investigação da *Unión de Criadores de Toros de Lúdia*, Doutor Júlio Fernández, pela disponibilidade de material e de tempo, no esclarecimento de dúvidas.

Ao Dr. Vasco Lucas da Associação Portuguesa de Criadores de Toiros de Lide pela e ao Sr. Manuel Isidoro de Oliveira, pelo seu interesse e colaboração.

Ao Sr. Jorge Parreira, pela forma como disponibilizou o livro genealógico da antiga ganadaria Castro Parreira.

Aos meus pais, irmãos e namorada, pela paciência, espírito, esforço pelo facto de estarem sempre presentes e por tudo o que me proporcionaram.

## Resumo

A raça Brava de Lide apresenta uma estrutura, muito particular, dividida em várias estirpes, designadas por encastes. Na ilha Terceira, as condições do meio e a selecção pelos ganadeiros, associadas à cultura taurina da tourada à corda, promoveram o desenvolvimento de uma população bovina designada por Brava dos Açores. Este estudo teve por objectivo conhecer os encastes do toiro de lide que podem ter influenciado a formação da estirpe Brava dos Açores, através da análise de marcadores microssatélites autossómicos.

Para isso, foram seleccionadas três ganadarias da estirpe Brava dos Açores, nomeadamente a ganadaria Rego Botelho, José Albino Fernandes e Eliseu Gomes, num total de 90 animais (30 por ganadaria); uma ganadaria do continente Português, ganadaria Irmão Dias num total de 30 animais e 42 ganadarias inscritas na *Unión de Criadores de Toros de Lidia*, oriundas dos mais diversos encastes espanhóis, à excepção da Casta Navarra, num total de 1191 animais. A todos os animais seleccionados, foi-lhes retirada uma amostra de sangue periférico, o qual foi directamente enviado para análise no Laboratório de Genética da FMV da Universidade Complutense de Madrid.

Os resultados obtidos das amplificações desses marcadores moleculares foram analisados no programa STRUCTURE para vários números de populações ancestrais (valores de K).

Para K=2 os animais da população Brava dos Açores partilharam semelhanças com um grupo ancestral constituído por ganadarias de origem portuguesa e espanhola (Casta Portuguesa, Cabrera, Gallardo, Vistahermosa – Picavea de Lesaca e cruzamentos com Casta Vasquenha) (75,9% ± 20,1%). No entanto, em K=3, as ganadarias oriundas da Casta Vistahermosa – Picavea de Lesaca, constituíram um novo grupo ancestral.

O aumento dos valores de K para 8 fez com que a maioria dos indivíduos das ganadarias da população Brava dos Açores partilhasse semelhanças elevadas com a ganadaria espanhola de Concha y Sierra, originária a partir da Casta Vasquenha (84,5%  $\pm$  14,3%). Alguns animais das ganadarias açorianas mostraram semelhanças com encastes provenientes das castas Portuguesa, Cabrera, Vasquenha e Vistahermosa que variaram entre 11,6% e 42,5%.

O aumento de K para 12 mostrou resultados semelhantes aos obtidos com oito populações ancestrais, mas isolou as ganadarias açorianas das restantes, tendo a ganadaria Irmãos Dias continuado agrupada à ganadaria espanhola Miura, separando-se desta em K=25.

Para 40 populações ancestrais consideradas, a ganadaria açoriana Rego Botelho formou um grupo separado das ganadarias José Albino Fernandes e Eliseu Gomes, possivelmente pela maior diversidade de origens que aporta. Contudo, as ganadarias açorianas voltaram a ter resultados semelhantes aos de K=8, 12 e 25. A maioria dos animais destas populações partilhou mais semelhanças, formando um grupo diferenciado e alguns animais compartilharam porções do genoma semelhantes aos animais de ganadarias oriundas das castas Vasquenha (encastes Concha y Sierra e Veragua), Cabrera (ganadaria Guillermo Acosta Otero) e Vistahermosa (encaste Gamero Cívico, Atanasio Fernández, Murube, Saltillo e Domecq) com valores entre os 11,2% e os 35%.

Este trabalho permite claramente concluir que os animais das ganadarias de população Brava dos Açores têm influência das castas Portuguesa, Vasquenha, Cabrera e Vistahermosa.

**Palavras-chave:** Brava dos Açores, Brava de Lide, Casta, Encaste, Marcadores microssatélites autossômicos, programa STRUCTURE.

## Abstract

Lidia cattle present a very particular structure divided in several families or lineages, designated by *encastes*. In Terceira Island, the environment and selection by the bull's breeders to the typical street bullfighting named by natives as “*tourada à corda*”, promoted a development of a new population, *Brava dos Açores*. The present study aimed to describe the Lidia cattle's lineages that could have influenced the actual formation of the *Brava dos Açores*' population, through autosomal microsatellite markers.

The results from these molecular markers were analyzed in the STRUCTURE program, where several numbers of ancestral clusters (K values) were observed. It was included animals from three herds of the *Brava dos Açores*' population, one herd of *Casta Portuguesa* and forty-two herds from the *Unión de Criadores de Toros de Lidia*, from almost all lineages, with the exception of *Casta Navarra*.

For K=2 the animals from *Brava dos Açores*' population share 75,9% ( $\pm 20,1\%$ ) of resemblances with a ancestral cluster constituted by herd's from *Portuguese and Spanish lineages (Casta Portuguesa, Cabrera, Gallardo, Vistahermosa – Picavea de Lesaca and crossbreed's with Casta Vasquenha)*. Nevertheless, in K=3 values, the herd's of *Casta Vistahermosa (Picavea de Lesaca)* formed a new ancestral cluster.

Increasing the K values to 8 ancestral clusters, allowed assign high similarities between most of the animals, from *Brava dos Açores* and the Spanish herd *Concha y Sierra*, originated in *Casta Vasquenha* (84,5%  $\pm 14,3\%$ ).

Some animals from the azorean herds showed similarities with *encastes* from *Casta Portuguesa, Cabrera, Gallardo, Vasquenha and Vistahermosa*, which ranged between 11,6% and 42,5%.

The increase of K value to 12 showed similar results with the 8 ancestral populations, but the Azorean herds remained isolated from the rest. The *Irmãos Dias*' herd, in the K=12 analysis, is still in the same group of the Miura's herd, but at 25 ancestral clusters they become apart, forming different groups.

When K=40, the Azorean herd of Rego Botelho became a unique single group separated from the herds of José Albino Fernandes and Eliseu Gomes. This result could have occurred due to a major diversity of origins. However, the Azorean herds have showed similar results when K=8, 12 and 25. Most of the animals from these populations shared more similarities with a differentiate group and some of them presented resembled genomic portions assigned to the herds originated from *Casta Vasquenha* (encastes *Concha y Sierra* and *Veragua*), *Cabrera* (*Guillermo Costa Otero* farm) and *Vistahermosa* (encaste *Gamero Cívico*, *Atanasio Fernández*, *Murube*, *Saltillo e Domecq*) with values between 11,2% and 35%.

With this research we can conclude that population of *Brava dos Açores* have influences of *Casta Portuguesa*, *Vasquenha*, *Cabrera* and *Vistahermosa*.

**Keywords:** Brava dos Açores, Lidia Cattle, *Casta*, *Encaste*, autosomal microsatellite markers, STRUCTURE software.

# Índice

Agradecimentos .....	iii
Resumo .....	iv
Abstract .....	vi
Índice.....	viii
I. Introdução.....	1
II. Revisão Bibliográfica .....	4
2.1. Origem e Expansão dos Bovinos.....	4
2.1.1. Bovino na Península Ibérica.....	5
2.1.2. Exportação dos Bovinos a partir da Península Ibérica.....	6
2.2. Caracterização da Raça Brava de Lide .....	9
2.2.1. Origem da Raça .....	9
2.2.2. Estrutura da Raça.....	14
2.2.3. Expansão/ Globalização da Raça.....	16
2.2.3.1. Portugal .....	17
2.2.3.1.1. Açores .....	21
2.2.3.2. França.....	25
2.2.3.3. América .....	26
2.3. Diversidade Genética.....	28
2.3.1. Marcadores de Diversidade Genética .....	29
2.3.1.1. Microssatélites .....	30
2.3.2. Mecanismos Evolutivos que actuam sobre as populações.....	33
2.3.2.1. Processos Sistemáticos.....	33
2.3.2.1.1. Migração ou Fluxo Genético .....	33
2.3.2.1.2. Mutação.....	34



2.3.2.1.3.	Seleccção.....	35
2.3.2.2.	Processos Dispersivos – Deriva Genética .....	35
2.3.3.	Análise da Estrutura das Populações .....	36
2.3.4.	Utilidade da Genética Molecular no Toiro de Lide .....	37
2.3.4.1.	Manutenção da Diversidade Genética no Toiro de Lide.....	38
2.3.4.1.1.	Conservação Genética.....	40
2.3.4.1.2.	Melhoramento Genético.....	41
III.	Materiais e Métodos .....	44
3.1.	Colheita de Amostras.....	44
3.2.	Metodologia Laboratorial.....	46
3.3.	Análise dos Dados Obtidos .....	49
IV.	Resultados.....	51
4.1.	Análise de Populações Ancestrais .....	51
V.	Discussão .....	60
5.1.	Análise de Populações Ancestrais .....	60
5.1.1.	Contributo para o Conhecimento da Formação da Casta Portuguesa.....	61
5.1.2.	Posicionamento Genético do Gado Bravo dos Açores em relação ao Toiro de Lide de Casta Portuguesa e Encastes Espanhóis .....	63
5.1.3.	Manutenção da Diversidade Ancestral .....	67
VI.	Conclusões e Perspectivas Futuras.....	69
VII.	Referencias Bibliográficas.....	71

## I. Introdução

Durante os últimos 250 anos a criação de bovinos de raça brava promoveu um grande avanço genético que deu origem a uma diversidade de famílias e linhas ou encastes, claramente divergentes não só em caracteres morfológicos mas também em caracteres de comportamento (Cañón *et al.*, 2005). Segundo Lima (2005) o conhecimento dos encastes, ou estirpes do toiro de lide tem especial importância para a compreensão do comportamento dos animais no momento mais crucial da sua vida, a lide. O facto de os encastes serem bastante divergentes, tem especial importância para a compreensão das diferenças dos caracteres morfológicos e/ou de comportamento que definem o toiro de lide, entre animais de uma ganadaria, entre ganadarias e entre encastes.

A origem destes encastes pode estar associada a uma diversidade de factores, entre eles, os critérios de selecção que foram adoptados ao longo dos anos e que estão registados em informações históricas e genealógicas hoje existentes (López del Ramo, 1991; Neves, 1992; Montesinos, 1997; López del Ramo, 2002; Lucas 2006; Viard, 2010a; *Unión de Criadores de Toros de Lidia* (U.C.T.L.), 2001). Contudo, Lima (2005) e Viard (2010b) alertam para possíveis falhas existentes na “história oficial” da evolução do toiro de lide do ponto de vista ganadeiro e das suas estirpes. Bruges (1915), Merelim (1986) e Lima (2005) questionam as informações existentes devido às divergências sobre o modo como o toiro de lide foi introduzido na ilha Terceira.

Os estudos genéticos em bovinos de modo geral, tem contribuído para a compreensão das migrações da espécie que ocorreram no passado e a influência que o Homem teve nesses processos a partir da sua domesticação (Cymbron *et al.*, 1999; Cañón *et al.*, 2001; Cymbron *et al.*, 2005; Beja-Pereira *et al.*, 2006; Edwards *et al.*, 2007; Pellicchia *et al.*, 2007 e Ginja *et al.*, 2010a). Por sua vez, Cañón *et al.* (2005); Cañón *et al.* (2007a); Cortés,

(2008); Cortés *et al.* (2008); García (2008) e Cortés *et al.* (2011) têm investigado aspectos como a variabilidade genética no toiro de lide em Espanha, bem como a estratificação das várias subpopulações existentes dentro da raça, isto é, animais agrupados em linhas ou encastes com o intuito de clarificar as lacunas existentes nas informações hoje existentes. Esta informação genética é de grande utilidade para a classificação das ganadarias nos denominados encastes, definir unidades de conservação genética e compreender, identificar ou corroborar processos que possam ter dado origem à variabilidade que actualmente podemos observar na raça de lide.

Em Portugal continental predominam ganadarias com gado bravo de proveniência espanhola, no entanto, Cossío (1988); Neves (1992); Direcção Regional do Desenvolvimento Agrário (D.R.D.A) (2002); Lucas (2006) e Ferreira (2007), referem a existências do toiro de Casta Portuguesa e o toiro da corda na Ilha Terceira e que estas populações permanecem em poucas ganadarias. Contudo, o pouco que se conhece ao nível genético das ganadarias portuguesas, foi desenvolvido por Cañón *et al.* (2005), através de estudos promovidos pela U.C.T.L.

Segundo, D.R.D.A (2002); Larrea *et al.* (2005); Ferreira (2007); Capucha (2011) e *Ministerio de Medio Ambiente y Medio Rural y Marino* (M.M.A.M.R.M.) (2011), a valorização dos caracteres funcionais no toiro de lide pode variar de acordo com as diversas formas de festejos taurinos da actualidade, permitindo a conservação de encastes que tiveram a sua procura pelos toureiros diminuída ao longo dos anos e que actualmente tem maior utilização em manifestações taurinas populares.

Na Ilha Terceira, o gado de raça brava tem um papel económico e sociocultural de grande importância, nomeadamente na tradição da Tourada à Corda. Segundo Ferreira (2007), o toiro da corda na ilha Terceira apenas sobrevive na actualidade devido à tourada à corda, pois torna-se fundamental para a qualidade deste tipo de espectáculo. Sendo assim,

compreender os processos de formação da população de bovinos Brava dos Açores, tem grande relevância. As particularidades únicas da tourada à corda associada a forças genéticas como a deriva genética a variedade de critérios de selecção desenvolvidos e utilizados pelos vários ganadeiros em função dos seus gosto, bem como, o isolamento reprodutivo e o impacto do meio, são factores cruciais na origem de um toiro com características morfológicas e comportamentais distintas. Aproveitando as investigações desenvolvidas sobre a raça brava de lide em Espanha, foi objectivo deste estudo identificar os encastes ancestrais e suas proporções, presentes na população de bovinos Brava dos Açores, destinados à tourada à corda. Este estudo também teve por objectivo aumentar o conhecimento genético da população Brava dos Açores, contribuindo para sua conservação e para o direccionamento reproductivo pelos ganadeiros, de modo a garantir a sustentabilidade aos seus efectivos.

## II. Revisão Bibliográfica

### 2.1. Origem e Expansão dos Bovinos

A domesticação dos bovinos remonta à data da revolução agrícola do Neolítico e sucedeu há aproximadamente 8.000-10.000 anos atrás, primariamente na região do Crescente Fértil (gado taurino) e Vale do Indus (gado zebuino) (FAO/ UNEP, 2000 e Chen *et al.*, 2010). O processo de domesticação da espécie, bem como o dos restantes animais ocorreu de forma gradual e com elevada complexidade, tendo sido compreendido de melhor forma pelas investigações mais recentes (Zeder, 2008).

O ancestral selvagem dos bovinos domésticos é o auroque (*Bos primigenius*), cujo último exemplar desapareceu na Polónia em 1627 (Neves, 1992). Estes animais ocupavam uma vasta área do globo, abrangida desde as Ilhas Britânicas, passando por uma grande parte do território Europeu, o norte de África, o Médio Oriente, a Ásia Central e a Índia, dando origem à maioria das populações de bovinos domésticos hoje existentes na Europa continental (Troy *et al.*, 2001 e Geigl, 2008). Segundo Cymbron *et al.* (2005) a disseminação das populações de bovinos domésticos a partir do Médio Oriente pode-se ter orientado em duas rotas principais, Danúbio e Mediterrâneo. Os bovinos do Mediterrâneo e da Península Ibérica têm origem em animais que se expandiram desde o Médio Oriente por uma via continental, mas também em animais introduzidos por mar, particularmente a partir do Norte de África (Cymbron *et al.*, 2005, Beja-Pereira *et al.*, 2006; Ginja *et al.*, 2009; Ginja *et al.*, 2010a e Ginja *et al.*, 2010b), deste modo, a contribuição do auroque para a composição genética de raças bovinas modernas é hoje muito debatida (Beja-Pereira *et al.*, 2006 e Edwards *et al.*, 2007).

A informação obtida a partir de aDNA (DNA ancestral) da Europa do Norte e Central demonstra a complexidade da expansão da espécie (Edwards *et al.*, 2007). Edwards *et al.*

(2007b); Geigl (2008) parecem indicar que os bovinos domésticos dessas regiões constituem uma reminiscência dos seus ancestrais selvagens, e representam apenas uma variabilidade genética inicialmente existente nos auroques reduzida. Também apontam para que a hibridação entre fêmeas selvagens e touros já domesticados tenha ocorrido raramente. Ao nível das análises de marcadores moleculares específicos do cromossoma Y, Gotherstrom *et al.*, (2005) apontou para uma contribuição de touros selvagens para as populações bovinas actualmente existentes na Europa. Através dos estudos de amostras de aDNA procedentes do Sul da Europa confirmaram a presença de material genético de fêmeas auroques em bovinos domésticos modernos, podendo indicar, que pelo menos em alguns locais, ocorressem processos de hibridação entre populações de animais selvagens e domésticos, no entanto também pode ter ocorrido diferenciação nas formas de criação de animais domésticos entre o Norte e Sul da Europa (Anderung *et al.*, 2005; Beja-Pereira *et al.*, 2006 e Achilli *et al.*, 2008).

### **2.1.1. Bovino na Península Ibérica**

Segundo Bishko (1952) na época Medieval os bovinos domésticos da Península Ibérica frequentavam as zonas húmidas do Norte, desde a região centro de Portugal, atravessando a Galiza em direcção à Cantábria e ao vale dos Pirenéus, até à Catalunha. Os sistemas de produção destes animais caracterizavam-se por serem efectivos pequenos, para trabalho e produção de carne e leite, e eram oriundos das raças autóctones Ibéricas que persistiram nestas regiões até à actualidade (Galega/Minhota, Barrosã, Arouquesa, Mirandesa, Asturiana e Pirenaica) (Bishko 1952). Nas regiões mais áridas do Sul da Península Ibérica e à medida que foi-se conquistando território aos Mouros, estabeleceu-se a exploração de bovinos em regime de pastoreio extensivo, onde permaneciam animais extremamente heterogéneos, de pelagem castanha escura, vermelha ou preta, supostamente resultantes de

cruzamentos entre as raças das zonas húmidas e de bovinos “selvagens” da Península Ibérica (Bishko 1952). Segundo Beja-Pereira *et al.* (2003) estes sistemas de produção podem ter contribuído para uma diferenciação genética nas raças ibéricas.

Estes animais eram famosos pela sua corpulência e bravura, eram mantidos num estado semi-selvagem, contribuindo de modo significativo na origem do *gado bravo* (Bishko 1952). Mais recentemente Cortés (2008) observou a influência de bovinos africanos na raça bovina de lide por via materna e Ginja *et al.* (2010b) em indivíduos com ascendência em bovinos da raça Algarvia. Também existem dados relativos à introdução de bovinos provenientes do Norte de África durante a ocupação Árabe, provavelmente ancestrais das raças que hoje existem em Marrocos, e que eram substancialmente diferentes do gado Ibérico (Bishko, 1952 e Rouse, 1977). Segundo Anderung *et al.* (2005) e Edwards *et al.* (2007) também podem ter ocorrido introduções de bovinos na Península Ibérica pelo estreito de Gibraltar durante a época do Neolítico.

### **2.1.2. Exportação dos Bovinos a partir da Península Ibérica**

Durante o período dos descobrimentos podem assinalar-se processos de colonização ao nível das actuais regiões autónomas Açores e Madeira, e Brasil por parte dos portugueses, e ao nível do resto da América por parte de Espanha.

Primo (2004), refere que a primeira introdução de animais para a colonização da América ocorreu no ano de 1493, na segunda expedição efectuada por Cristóvão Colombo ao serviço do reino de Castela (Espanha). Segundo Rouse (1977), a exportação de animais foi reduzida nas primeiras duas décadas, sendo estes concentrados nas Ilhas Caraíbas. Refere o mesmo autor que a informação sobre o tipo e o aspecto dos animais transportados desde a Península Ibérica para as Américas é escassa, e supõe-se que os bovinos existentes em Espanha e Portugal na época dos Descobrimentos eram idênticos.

Segundo Primo (1992) e Rodero *et al.*, (1992) apontam para uma maior influência dos bovinos do Sul da Ibéria na América, no entanto, também há registos de bovinos transportados desde o Norte de Portugal e da Galiza.

Ocorrem semelhanças ao nível do processo de colonização dos Açores em relação ao da América no que concerne à introdução de animais domésticos. Segundo Bruges (1915), até à descoberta da Ilha Terceira não existia um único mamífero, sendo os primeiros povoadores que introduziram os animais domésticos.

Como o sucedido na América, pouco se sabe acerca das raças primitivas introduzidas nas ilhas, e quais as espécies que vieram em primeiro lugar. O mais provável é que fosse do Algarve ou Sagres onde residia o Infante Dom Henrique e donde partiram as primeiras naus para as descobertas. Seguindo este juízo, refere Bruges (1915), que relativamente aos bovídeos, crê que foram do Algarve os primeiros introduzidos; no entanto quase ao mesmo ter chegado à ilha algum gado Mirandês, pois entre os primeiros colonos havia muita gente do Norte de Portugal. Bruges (1915), caracteriza o gado dos lados da Serra de Sam Tiago e freguesias próximas com semelhanças aos caracteres da raça Mirandesa. Martín-Burriel *et al.* (2011) refere uma proximidade genética entre a raça do Ramo Grande e a raça Minhota. Relativamente ao gado selvagem do interior, este assemelha-se ao gado do Algarve, embora já muito abastardado. Segundo Parreira (1971), nas notas de tenta de gado da terra da antiga ganadaria de Castro Parreira, é abundante o gado de pelagem vermelha, fazendo lembrar o gado do sul de Portugal. Bruges (1915) refere que o gado no Corvo apresenta mais semelhanças morfológicas ao gado do Algarve. Ginja *et al.* (2009) e Ginja *et al.* (2010a) através da análise de microssatélites do cromossoma Y e ADN mitocondrial (mtADN) observou uma influência paterna na raça de Ramo Grande relativa à espécie *Bos Taurus* e ao nível materno influência africana no gado de Ramo Grande, aspecto mais comum nos bovinos do sul da Península Ibérica.



A primeira raça exótica introduzida foi a holandesa, seguindo-se depois as Durham, Shorthorn leiteira, Schwitz, Normanda e Jersey. Os cruzamentos de gado indígena deram origem aos tipos que no início do século XX predominavam na ilha (Bruges, 1915).

Havia uma febre de importar raças novas que não deixava predominar um tipo para que se pudesse concluir realmente quais das raças conviria adoptar. No entanto, havia a tendência de melhorar o gado através da importação de animais americanos da raça Holstein (Bruges, 1915).

Segundo Bruges (1915), no início do século XX os grandes criadores possuíam animais com aptidões múltiplas (leite e trabalho). As pastagens naturais e matos eram muito abundantes na ilha e nelas eram criados o gado manso e bravo que na época já se questionava a origem deste último. Nota importante, a de Bruges (1915), em referir que foi a selecção do gado selvagem primitivo que permitiu a sua subsistência, pois nunca, antes de 1910 se tinha introduzido na ilha nenhum toiro ou vaca de raça brava. Contudo, um aspecto curioso é o facto de supostamente o gado das outras ilhas possuírem a mesma origem do da Terceira e em nenhuma delas haver gado bravo, nem os seus habitantes terem a *aficion* que caracteriza o bom terceirense. No entanto, Manuel Machado Costa, citado por Merelim (1986), refere que este factor pode estar associado ao facto de na ilha Terceira estar presente a grande aristocracia dos Açores e ter este tipo de publico um gosto especial pelos festejos taurinos. A influência espanhola na Ilha Terceira também é questionada por Lima (2005), sobre o gosto pela festa brava na sociedade da ilha.

## **2.2.Caracterização da Raça Brava de Lide**

### **2.2.1. Origem da Raça**

Desde os tempos passados até aos dias de hoje o toiro tem provocado uma admiração fascinante no Homem. Todas as civilizações mediterrânicas reconhecem este animal como a representação de um verdadeiro mito, os Egípcios através do boi Ápis, os Gregos com os simbolismos da violência e a explosão na imagem de Poseidon, virilidade em Dionísio, deus representado com a fronte armada de cornos e Zeus que escolheu a forma do toiro para seduzir e raptar Europa) (Pucheu, 2001).

Segundo Pucheu (2001), nas cerimónias sacrificiais, o toiro tem um papel importante dentro de jogos organizados durante a Grécia antiga, nomeadamente, em exercícios e gímnicos. Na Roma imperial havia uma forte apreciação dos jogos ou intervenção do toiro, contudo longe de toda a descoberta estética impressa na corrida de toiros. Embora os antepassados da corrida de toiros estejam interligados a toda a cultura mediterrânica taurina, a sua origem é um resultado único de um desenvolvimento lento do povo e dos governadores de Espanha.

Graças à concorrência de interesse de uma cultura popular com profunda tradição taurina, as praticas equestres dos nobres e cavaleiros da idade média, a destreza para o jogo com tiros do pessoal encarregado do seu maneo nas *dehesas* (montados) e nos matadores, assim como a inteligente arte de criar e seleccionar dos ganadeiros, origina-se este belo animal, uma das maiores jóias zootécnicas mundial.

Ao nível zootécnico, Bensusan (1989); *Unión de Criadores de Toros de Lidia* (U.C.T.L.) (2011), referem que a origem do toiro de lide espanhol vai buscar naturalmente na própria origem as raças bovinas espanholas. Cortés *et al.*, (2008) discute o facto da grande diversidade haplotípica materna encontrada na raça brava dever-se a origens

múltiplas. Refere o *Ministerio de Medio Ambiente y Medio Rural y Marino* M.M.A.M.R.M. (2011); U.C.T.L. (2011), que a actual raça de lide procede de sete castas fundacionais oriundas de vacadas autóctones espanholas, já agrupadas entre os séculos XVI e XVIII, que contavam com importantes diferenças morfológicas e de comportamento entre elas e procediam de distintos pontos da geografia peninsular, na sua maioria de zonas húmidas ou locais de difícil acesso que poderiam servir de refugio aos últimos bovinos selvagens peninsulares. Cid (2001); Montesinos (2002) demonstram a grande variedade de caracteres comportamentais em função das estirpes do toiro de lide, bem como caracteres morfológicos (**Figura 1**). O mesmo é avaliado na forte variabilidade genética aportada pelos bovinos da Península ao nível mitocondrial e do cromossoma Y (Edwards *et al.*, 2011; Martín-Burriel *et al.*, 2011), bem como na diversidade genética do toiro de lide (Cañón *et al.*, 2007a; Cortés *et al.*, 2007; Cañón *et al.*, 2008 e Cortés, 2008). Estes factores podem apoiar a hipótese de uma origem do toiro de lide nas diversas raças autóctones de bovinos ibéricos.



**Figura 1:** Diversidade morfológicas existentes no toiro de lide (García, 2008).

Podemos afirmar que o toiro de lide surge com o festejo taurino, do qual o primeiro espectáculo aparece no ano de 815 no reino de León (Cañón *et al.*, 2005).

Larrea *et al.* (2005) referencia a existência de uma ganadaria de reses bravas no século XIV. Sagredo (1998), refere que em 1388 o envio de dois toiros a Pamplona para as festas em honra do Duque de Borbón, por mandado do rei Carlos II “*el Malo*”. Segundo Justino Pollos, citado por Cañón *et al.* (2005) durante a reconquista, as grandes fronteiras de território que separavam mouros e cristãos foram terras desabitadas. Este feito favoreceu o toiro silvestre para saltar a Idade Média e chegar aos nossos dias incluindo as grandes posses e herdades dos nobres e senhores cristianos do recém-nascido reino de Espanha. Em grande medida eram toiros selvagens cujas populações estavam submetidas a um certo controlo do Homem, como é o caso dos cavalos selvagens galegos, asturções e potxokas vascos (Cañón *et al.*, 2005).

O toiro cerril e feroz, era abundante nas grandes extensões das *dehesas* de Castela, Navarra, Aragão e Andaluzia, donde pastavam numerosas manadas. (Cañón *et al.*, 2005).

Nos séculos XV e XVI os toiros para a lide eram animais que produziam indistintamente carne, trabalho ou lide e tomavam-se de quem os tinha mais ferozes e indomáveis. Os carneiros adquiriam animais para a lide a partir de outros carneiros e animais da sua propriedade. Observavam o comportamento dos animais que iam para o sacrifício e perdoavam a vida aos toiros ou bois mais ferozes e rebeldes, que se resistiam a formas de maneio que eles praticavam. Estes animais eram destinados à lide em celebrações e festas de Reis e nobres (Cañón *et al.*, 2005 e M.M.A.M.R.M., 2011).

Segundo Sánchez e Vázquez, (1889), citado por Cañón *et al.*, (2005) as vacadas de reses bravas não eram organizadas até ao início do século XVII, pois até à data os ganadeiros primitivos não tinham esperança de lucro, os melhores toiros eram oferecidos para a contribuição de fins religiosos ou caritativos das lides do passado.

A ganadaria de reses bravas entendida como a indústria pecuária dedicada exclusivamente à cria e selecção do toiro para a lide, teve os seus começos a princípios do século XVII. A tradição assegura que a ganadaria de “Raso Portillo”, era a mais antiga, posto que os toiros de dita vacada já se corriam em Castela durante os séculos XV e XVI. A dita ganadaria gozou do privilégio de romper praça nas funções reais (Cañón *et al.*, 2005).

No século XVIII popularizam-se as corridas de toiros, feito que em parte coincide com a construção das primeiras praças de toiros nas principais cidades espanholas e por outra parte com a criação das primeiras tauromaquias deste espectáculo que fixam a técnica e as normas e definem a arte de tourear. Neste século nascem as primeiras ganadarias que seleccionam e criam o toiro com um único objectivo de produção: a lide, e uma produção secundaria, a carne dos animais lidados (M.M.A.M.R.M., 2011).

Alguns ganadeiros perceberam que a selecção da bravura das suas vacadas, podia construir um objecto de interesse, posto que aparte da exploração comercial, obtinham um grande renome, os criadores que lidavam com êxito as suas reses, pelo que a partir deste momento dedicam maior esforço ao fomento e à selecção das particularidades que mais sobressaem das suas reses, dando origem ao toiro de lide, muito diferente em conformação e bravura às anteriores variedades (Cañón *et al.*, 2005).

Os criadores iniciam a selecção, utilizando um método empírico, de caracteres relacionados com a bravura inata do toiro e os seus caracteres externos (tenta), produzindo-se no espectáculo taurino uma transformação mediante a melhora do elemento básico; o toiro. O interesse dos ganadeiros reduz-se a produzir exemplares de estampa harmoniosa, bravos e poderosos. A cada uma das ganadarias junta-se um ferro (marca assinalada a fogo na pele de cada rês), uma divisa (faixas coloridas) e um sinal de orelhas distintivas (cortes nas orelhas) (Cañón *et al.*, 2005).

Nesta época produz-se a formação e melhora ganadarias especializadas na produção de reses para a lide, que ficaram famosas e cujas vacadas foram classificadas posteriormente em castas fundacionais em função das suas diferenças de origem geográfico, morfológicas e de comportamento (**Figura 2**).



**Figura 2:** Castas fundacionais do toiro de lide (UCTL, 2011).

A partir destas castas já é possível estabelecer um seguimento de sucessão de ferros e vacadas, se bem que, nas ganadarias actuais da U.C.T.L à excepção das castas Vistahermosa e Vázquez, foram desaparecendo ganadarias puras descendentes do resto das castas (Cañón *et al.*, 2005).

As ganadarias actuais são portanto, o resultado da acção de diversas forças genéticas actuando sobre um material que tem diferentes origens. Ou seja, em função destas origens e da actuação dessas forças genéticas é possível pensar que as ganadarias actuais podem ser agrupadas em função de um semelhante genético no que se denominam encastes (Cañón *et al.*, 2005).

### **2.2.2. Estrutura da Raça**

A raça de lide recebe o nome da finalidade produtiva que a caracteriza e para a que se requer de uma alta especialização. É uma das raças bovinas mais antigas do mundo, já que conta com uma origem perfeitamente traçada e extremamente documentada que abarca cerca de três séculos de história, durante os quais os ganadeiros de lide seleccionaram caracteres de comportamento em sentido oposto ao buscado no resto do bovino, que começa a ser seleccionado para a produção de carne, ou leite com posterioridade (Cañón *et al.*, 2005; M.M.A.M.R.M., 2011).

Nesta raça produz-se um importante isolamento reprodutivo entre as populações que a constituem de acordo com o interesse dos criadores, permitindo originar um património genético próprio que se mantém durante várias gerações no seio familiar (Martín-Burriel *et al.*, 2007; M.M.A.M.R.M., 2011).

O ganadeiro que adquire ou herda uma ganadaria sente a necessidade de conservar e melhorar esse património genético e de os transmitir aos seus herdeiros. Isto faz com que se mantenham populações isoladas e originam-se novas estirpes, denominadas por encastes, alguns dos quais estão em serio perigo de extinção. Este comportamento, que pode-se considerar de alguma forma conservacionista, pode ser contrário ao de obter uma maior rentabilidade económica, e é a origem da grande variabilidade que se observa na actualidade entre os encastes da raça de lide (Cañón *et al.*, 2001; Jordana *et al.*, 2003; Cañón *et al.*, 2007a; Cortés, 2008; Cañón *et al.*, 2008).

De acordo com o seu protótipo racial, a raça bovina de lide caracteriza-se por uma enorme diversidade genética e morfológica distribuída entre ganadarias e encastes formados estes últimos através da selecção realizada a partir das castas fundacionais de procedência, ou a partir de diversos cruzamentos entre castas ou encastes do mesmo tronco, fazendo-se extinguir na actualidade muitos deles. Destes encastes e dos seus

cruzamentos procedem a maioria das ganadarias que vão chegando aos nossos dias, se bem que estão em contínua evolução e portanto sujeitos a mudanças na sua morfologia (M.M.A.M.R.M., 2011).

Cañón *et al.*, (2005) sugere que na actualidade as diferenças genéticas na raça de lide teriam duas causas

- a) O azar ou deriva genética que faria afastar os encastes e as ganadarias entre si em função do isolamento reprodutivo (genético) e do tamanho efectivo destes encastes, e os genes afectados por este processo seriam aqueles sobre os que a pressão de selecção, natural ou artificial, fora escassa ou não existiria em absoluto.
- b) A selecção artificial, exercida tanto sobre caracteres morfológicos, como de comportamento que, pela sua elevada heredabilidade, são facilmente modificáveis mediante técnicas empíricas de selecção.

Actualmente a raça de lide é dotada de uma estrutura complexa com uma grande percentagem de variabilidade genética é portadora pelos encastes (M.M.A.M.R.M., 2011).

Dada a sua principal aptidão produtiva e a diferença de outras raças bovinas, esta raça tem sido seleccionada durante séculos dando prioridade a caracteres de comportamento relacionados com a lide. Apresenta grande variedade de tipos de córneas e de pelagens, com oscilações extremas de perfil fronto-nasal, proporções, tamanho, peso, etc (Cid, 2001; M.M.A.M.R.M., 2011). Apesar das grandes diferenças morfológicas e embora ambas as estirpes apresentem a característica da acometividade, o comportamento também difere, devido à múltipla origem fundacional da raça e devido ao importante isolamento reprodutivo e diferentes critérios pessoais de selecção dos criadores (M.M.A.M.R.M., 2011).



Segundo o M.M.A.M.R.M. (2011), a estrutura singular que apresenta a raça bovina de lide, dividida em subpopulações com um elevado nível de isolamento reprodutivo entre elas, e com objectivos ou critérios de selecção, enriquecem a festa de toiros através de uma variada oferta por parte dos ganadeiros para os distintos espectáculos taurinos.

### **2.2.3. Expansão/ Globalização da Raça**

A raça de lide é também uma das raças bovinas mais antigas do mundo, pioneira na implantação de um programa de selecção relativamente complexo. Existem registos genealógicos, com registo dos caracteres que determinam a funcionalidade da raça desde a origem da mesma (Cáñon *et al.*, 2005).

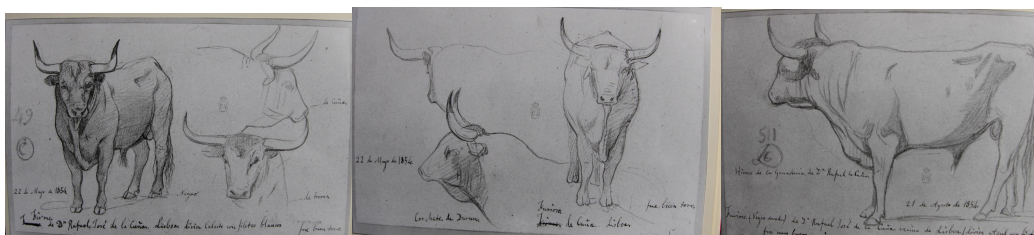
O toiro de lide é a raça ibérica com maior expressão a nível global, tendo por isso uma grande expansão e globalização. A partir do início da selecção do toiro de lide a expansão inicial pode ser explicada devido a vários factores, como sugere López, (1998):

- Surgimento do toureio a pé a partir do século XVIII e ocorre uma institucionalização das temporadas taurinas nas principais cidades espanholas;
- Elevada e regular procura do toiro de lide, aumentando também o seu preço;
- Redução da cotização das reses mansas de engorda, e ou de trabalho;
- Aproveitamento de terrenos marginais;
- Segundo Crisis, (1888), citado por López, (1998) era realizado o cruzamento de reses bravas com mansas na busca de mais nervo, galhardia e boa conformação tanto ao gado de engorda, como ao de trabalho.

A raça depois estendeu-se essencialmente a praticamente totalidade da Península Ibérica, França e países da América.

### 2.2.3.1. Portugal

Segundo Cossío (1988); Neves (1992) e Lucas (2006), existe durante o século XIX uma variedade de toiro bravo originário de Portugal. Neves (1992), afirma que o toiro de lide em Portugal, não apresenta bibliografia abundante nem está estudado com suficiente profundidade. Cossío (1988), refere a existência de poucas ganadarias puramente autóctones portuguesas, como por exemplo a de Rafael José da Cunha (**Figura. 3**),



**Figura 3:** Desenhos de exemplares da ganadaria Rafael José da Cunha datados de 21 de Maio de 1854 em Madrid (Fernández, 2011).

À semelhança dos festejos taurinos da nobreza que ocorriam em Espanha, o mesmo sucedia em Portugal. É com o gado morucho das Reais Manadas, propriedade da Casa Real Portuguesa, desde os tempos do rei D. João IV, pastoreando nas terras do Infantado, que englobavam, entre muitas outras, as do Senhorio de Pancas, de Samora Correia a Alcochete, que nasce a vontade de criar toiros com condições de lide (Neves, 1992). Segundo o mesmo autor, até a este período não definem os bovinos como especificamente criados para a lide. Tal importância começa a ter substancial interesse a partir do momento em que as ganadarias portuguesas foram cruzadas com toiros espanhóis. Este procedimento tem inícios através da importação de gado proveniente da Casta Vasquenha (50 vacas e 2 sementais), pertença na época ao Rei de Espanha D. Fernando VII, pela rainha D. Carlota Joaquina, mãe de D. Miguel I. Embora Neves, (1992) refira que os animais adquiridos eram puros vasquinhos, Bensusan (1989), refere a introdução de animais de Casta Jijona

na ganadaria real espanhola. No entanto, Cortés, (2008), não é esclarecedor quanto à aproximação do encaste de Bragança (encaste espanhol derivado das ganadarias reais portuguesas) a ganadarias de Casta Vasquenha e de Jijona, facto este que pode estar associado aos aportes que teve ao longo dos anos através de animais provenientes de Ibarra e Conde de la Corte (López del Ramo, 2002).

Segundo Neves (1992) os animais provenientes de Espanha são acomodados separadamente das Reais Manadas, em Salvaterra de Magos, no ano de 1830, contudo após as guerras entre liberais e absolutistas, D. Pedro distribui a ganadaria de casta de D. Miguel pelos seus apaniguados, Marquês de Belas e Comendador Dâmaso Xavier dos Santos, o qual seguidamente alienou vacas da mesma casta ao Marquês de Ponte de Lima e a Francisco de Paula Leite, à Casa Cadaval e ao Dr. Rafael José da Cunha, que por sua vez vende, logo, umas vacas ao Barão da Junqueira.

Segundo Almeida *et al.* (1953a) e Neves (1992), houve um aporte indiscriminado de produtos cruzados entre a Casta Vasquenha e gado da terra, entre Manuel da Silveira Brito (Marquês de Ponte de Lima) e diversos criadores, entre os quais o Conde de Sobral, Barão de Salvaterra de Magos, e Estêvão Augusto Oliveira, tendo este adquirido à Casa Real a Herdade de Pancas, do património do Infantado, ao Marquês de Vagos, a Máximo da Silva Falcão, a João Veloso Horta, sendo porem certo que esta dispersão do sangue “vasquenho”, veio purificar-se em algumas vacas claramente moruchas. Define Neves (1992) que é o toiro de lide criado em Portugal após o fim das Guerras Liberais (1834) cruzamento entre a casta do gado confiscado a D. Miguel de Bragança e o toiro da terra, o qual definiu um tipo de toiro com caracteres fenotípicos bem marcados que pensamos ser licito de qualificar de “toiro português” (Casta Portuguesa), pois já se apresenta qualidades de bravura bastante acentuadas, o que não acontecia com o antigo toiro da terra cruzado com os moruchos da Galiza e norte do País.

José Pereira Palha Blanco, célebre ganadeiro de Vila Franca de Xira é quem introduz no ano de 1871 os modelos de selecção do toiro de lide em Portugal, importando também animais de casta vasquenha (ganadaria Concha y Sierra) e o responsável pela entrada de sangue Cabrera em Portugal, através da aquisição de sementais de Miura (Morais, 1992; Neves 1992 e Lucas 2006). Segundo Morais (1992) e Lucas (2006) podem ter ocorrido fluxos de sementais de Miura pertencentes à ganadaria Palha para outras ganadarias, tais como Emílio Infante da Câmara, Casa Cadaval e David Ribeiro Telles.

Almeida *et al.* (1953a); Almeida *et al.* (1953b) e Neves (1992); também referem a introdução de animais de casta portuguesa pelo Sr. António José Pereira Palha, na ganadaria Palha Blanco, através de vacas adquiridas ao Marquês de Belas, Estêvão Augusto Oliveira Jr., Sousa Falcão e Veloso Horta. Refere Lucas, (2006), que a maioria dos animais provenientes destas ultimas ganadarias portuguesas eram na sua maioria vasquenhas, procedentes da Real Vacada do Rei D. Miguel.

A importação de ganadarias completas para Portugal vai sendo maior e a designada casta portuguesa vai sendo eliminada (Neves, 1992).

Em paralelo à evolução do toureio a pé em Espanha vai ocorrendo uma evolução nas ganadarias bravas em Portugal e os criadores lusos iniciam a importação de gado que não de origem dos frades da Andaluzia (Dominicanos - Vasquez e Cartujos - Cabrera), através de ganadarias provenientes da casta andaluza de Vistahermosa, a titulo de exemplo os sementais da ganadaria Eduardo Ybarra na Casa Bragança (Morais, 1992 e Lopez del Ramo, 2002), mudança da ganadaria Palha para linhas Ibarra – Parladé – Gamero Cívico e essencialmente o aporte deste ultimo encaste em Portugal através da ganadaria de Pinto Barreiros e também Oliveira Irmãos (López del Ramo, 1991; Morais, 1992; López del Ramo, 2002 e Lucas, 2006). López del Ramo (2002) também refere uma cruzada entre vacas

portuguesas e um semental de Saltillo na ganadaria de Emílio Infante da Câmara, bem como a introdução de animais de Alves do Rio (encaste Tamarón) e Conde de la Corte.

Segundo Lucas (2006) também verifica-se a entrada do encaste Núñez em Portugal na ganadaria de Murteira Grave e actualmente há várias ganadarias a adquirir os encastes mais utilizados na actualidade, sendo os de Domecq e Torrestrella que deriva em grande parte do anterior.

Montesinos (1997) e Lucas (2006), definem a ganadaria de Vinhas (procedência Buendia) como a mais representativa do encaste Santa Coloma em Portugal. Referem os mesmos autores que também ocorre a presença de exemplares cruzados de Guardiola (Gamero Cívico) com Santa Coloma (Félix Suarez – Duque de Tovar, ganadarias Veiga Teixeira e linha antiga que possuía a de Ortigão Costa). Segundo Lucas (2006), houve uma introdução de animais de Félix Suarez na ganadaria primitiva de Pinto Barreiros.

Na rama de Arias Saavedra, em Portugal no encaste Murube destacam-se ganadarias como a de Passanha, Francisco Romão Tenório e Maria Guiomar Cortes Moura (Lucas, 2006).

Segundo Filiberto Mira citado por Bensusan (1989); a linha pertencente à Casta Jijona Condessa de Salvaterra – Marquês de la Conquista – Filiberto Mira – Viúva de Soler, vai recair sobre a ganadaria portuguesa de Cabral Ascensão, embora já seja um efectivo resultado de cruzamento de vários encastes (Lucas, 2006) sendo hoje a ganadaria portuguesa que possa ter maior influência de Casta Jijona. Esta casta fundacional do toiro de lide também pode ter entrado em Portugal através da linha Félix Gómez – “Campos Varela” em ganadarias como a de Condessa Sobral e Infante da Câmara (Lucas, 2006).

Segundo Lucas, (2006) hoje em dia apenas reside em Portugal um pequeno núcleo de animais de Casta Portuguesa, nomeadamente nas ganadarias de Vaz Monteiro e Irmãos Dias, residindo algo na de Vale do Sorraia. No entanto o autor refere vários encastes

derivados da casta portuguesa, nomeadamente o de Vaz Monteiro (ganadaria Vaz Monteiro), Norberto Pedroso (ganadaria Irmãos Dias), encaste de Lafões, J. Fagundes, Castro Parreira e Dinis Fernandes, sendo estes dois últimos representados por núcleos de animais presentes em ganadarias açorianas.

Quanto ao sangue vasquenho, apenas se verifica uma recuperação da casta em Portugal por parte do ganadeiro Fernando Palha, e o sangue Cabrera está extinto (López del Ramo, 1991 e Lucas, 2006).

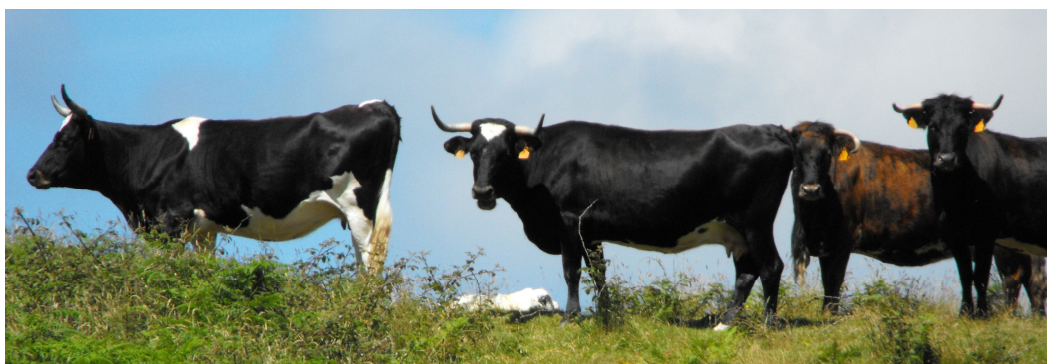
Martín-Burriel *et al.* (2011) através de uma análise no programa STRUCTURE, observou que populações de bovinos de lide de Portugal e Espanha partilharam um grupo ancestral comum, por possuírem origens comuns ou terem ocorrido cruzamentos recentes entre ambas, que são descritos por Lucas (2006).

### **2.2.3.1.1. Açores**

Cita Merelim (1986) o primeiro registo de uma tourada à corda no ano de 1622. Segundo Bruges (1915); Bruges (1997) e Costa (1999), que o primeiro toiro chegou à ilha Terceira no ano de 1910, trazido pelo criador João Coelho de Sousa Pacheco. No entanto, nos princípios do século passado havia na Terceira bastantes lavradores possuidores de toiros ariscos por sua condição de cria, bravios pelo isolamento, escolhidos pelo seu mau génio usados, os de melhores características físicas como progenitores de bons bois de trabalho (Bruges, 1915 e Costa, 2000). Segundo Bruges (2000), Antes de 1910, ia-se às toiradas de bordão com o qual se defendiam dos toiros e os picavam, quando não arremetiam.

Não há informações fiáveis acerca da origem do gado, no entanto, Bruges (2000), refere que, o existente nos meados do século XX, era uma manada incaracterística pelos livres cruzamentos que se fizeram ao longo dos anos, resultantes nomeadamente da introdução de

novos tipos, como o Turino, o holandês e outras espécies de menor influência como o Shorthorn, o Normando e o Jersey (**Figura 4**).



**Figura 4:** Bovinos nativos da ilha (gado *Catrina*) pertencentes ao núcleo do Sr. João Ângelo na Ilha Terceira, onde se observam animais com caracteres semelhantes ao gado holandês (dois exemplares da esquerda) e gado ibérico (dois exemplares da direita).

Segundo José Dinis Fernandes citado por Silva (2011), haviam vários animais reprodutores puros de *Catrina* e cruzados entre o mesmo gado e o bravo. Bruges (2000), refere o aparecimento de alguns toiros locais cruzados, que se evidenciaram nas touradas à corda. Porém, alguns dos mais famosos toiros de corda até vieram do continente, como o “Mulato”, o “Estrelo”, o “Lisboa velho” entre outros.

A introdução de sementais e vacas vindos do continente, é de extrema importância, pois os ganadeiros faziam-no com o intuito de melhorar os seus produtos (Parreira, 1971; Costa, 1999 e Silva, 2011). Morais (1992), Costa (1999) e Lucas (2006) referem a introdução de animais de casta portuguesa nos Açores, provenientes de vários ganadeiros portugueses, tais como Irmãos Robertos, Francisco Alfaite, Emílio Infante da Câmara, entre outros, bem como de animais provenientes de encaste Tamarón, também da ganadaria de Infante da Câmara. Refere José Dinis Fernandes citado por Silva (2011) a introdução na ilha terceira de toiros de Oliveira Irmãos. Segundo Silva (2011), este último ganadeiro adquiria diversos toiros no continente para a sua ganadaria e para vender a outros criadores da ilha.

Contudo também adquiria gado a criadores da ilha. Parreira (1971) e Mendonça (2011) referem a introdução de um semental Palha na ganadaria de Castro Parreira de origem Pinto Barreiros na década de 1960.

Segundo Parreira (1971), abunda a pelagem cárdena no livro genealógico da ganadaria Castro Parreira, característica semelhante aos animais de Norberto Pedroso que descendiam na sua maioria da antiga ganadaria de Emílio Infante da Câmara (**Figura 5**).



**Figura 5:** Exemplos de pelagem cárdena com antecedentes históricos oriundos da ganadaria de Emílio Infante da Câmara. **a:** Irmãos Dias (encaste Norberto Pedroso) (Cordero, 2010) **b:** Eliseu Gomes **c:** Rego Botelho **d:** José Albino Fernandes.

Pouco depois de se iniciar o aporte de Casta Vistahermosa em Portugal, nos Açores surgem fortemente os animais de Casta Portuguesa (Costa, 1999 e Silva, 2011). Tendo em conta o referido por Parreira (1971); A.R.C.T.T.C. (2006); Silva (2011), o maior aporte de animais provenientes da Casta Vistahermosa nos Açores inicia-se essencialmente após a



década de 1950, dez anos após se iniciar o maior aporte desta casta em Portugal (López del Ramo, 1991). Este aporte já executado por ganadarias como as de Castro Parreira e José Dinis Fernandes (Parreira, 1971; Costa, 1999 e Silva 2011), é bem evidenciado por ganadarias como as de Rego Botelho, Casa Agrícola José Albino Fernandes, entre outras, que introduziram em grande quantidade nas suas vacadas animais provenientes de encaste Pinto Barreiros (maioritariamente Gamero Cívico, tendo também Santa Coloma – Albasserrada e Conde de la Corte) e podendo também ter influência de Murube e Cabral Ascensão (Bruges, 1997; DRDA, 2002; ARCTTC, 2006 e Correia, 2009) (**Figura 6**).



**Figura 6:** Exemplar do núcleo dos toiros da corda, da ganadaria Casa Agrícola José Albino Fernandes, com morfologia mais semelhante ao da Casta Vistahermosa.

Refere José Dinis Fernandes (1960) citado por Silva (2011), “Temos os quatro ganadeiros de tomar muito cuidado com os cruzamentos, porque não podemos ter muito bons toiros para a praça, porque os toiros que temos para padrear, são toiros que deram muitas cordas, muito mal intencionados e alguns são verdadeiros assassinos, mas são padreadores que aguentaram a dar cordas 6 ou 7 anos e alguns com 48 cordas. Os que são muito nobres nas Praças, quando vão para a corda não tem qualidade e não aguentam a dar muitas cordas, apagam-se. Portanto os filhos destes toiros têm de sair como os pais e é o que serve na nossa Terra. As cordas eles dão muitas e praças só dão uma na vida. Toiros padreação que tenham sangue espanhol não interessam cá para a Terceira.” A citação anterior acentua o facto de já na época deste ganadeiro haver nos Açores gado oriundo de

Espanha, no entanto parece dar preferência a animais com sentido e bruscos, carácter mais ao tipo dos animais de casta portuguesa (Neves, 1992).

Refere a D.R.D.A. (2002), o toiro da corda como um animal áspero, com índices de ferocidade elevados, codicioso, com mobilidade, em que “humilhar” não é um carácter de substancial importância, de certo modo fixo, pronto e que denote astúcia, ou seja desenvolva sentido rapidamente. Estas características de certo modo interligadas com a sua morfologia, conferem a estes animais elevada agilidade. Analisando as características das estirpes do toiro de lide (Montesinos, 2002), verificamos semelhanças com o descrito por D.R.D.A. (2002) em algumas estirpes espanholas, especialmente representadas actualmente por ganadarias designadas *duras*, que influenciaram as ganadarias que originaram o toiro da corda.

Hoje em dia as ganadarias de maior dimensão apresentam na sua constituição rebanhos distintos em função do espectáculo taurino a que se destinam (D.R.D.A., 2002 e Correia, 2009). Interessante o facto de já a ganadaria Castro Parreira, possuir registos genealógicos distintos para o gado adquirido no continente e o proveniente da ilha (Parreira, 1971), sistema muito em voga nas maiores ganadarias actuais na Ilha Terceira (Correia, 2009).

De acordo com a realidade ganadeira portuguesa da importação de animais de encaste Domecq, o mesmo verifica-se nos Açores essencialmente através das ganadarias Rego Botelho e José Albino Fernandes (DRDA, 2002; Lucas, 2006; A.R.C.T.T.C., 2006 e Silva, 2011).

### **2.2.3.2. França**

Segundo Cossío (1988), a ganadaria brava apresenta uma estirpe, considerada como raça autóctone francesa, designada por Camarguesa. Estes animais com algumas semelhanças morfológicas com os animais de Casta Portuguesa (Neves, 1992), são hoje

utilizados em festejos taurinos típicos (*Corrida Cocarda*) da região que confere o nome à raça.

López del Ramo (2002), refere a primeira introdução de animais provenientes de castas espanholas (Casta Navarra) no ano de 1869, através da ganadaria ainda existente de Hubert Yonnet. Há referências de cruzamentos entre os animais de Navarra e da Camarga, bem como introdução à posteriori de outras castas como a de Cabrera (encaste Miura), Jijona, Vasquenha (encaste Veragua), Vistahermsa (Encaste Gamero-Cívico via Samuel Flores), entre outros encastes (Montesinos, 1997 e López del Ramo, 2002).

Nos finais da década de 1940 a ganadaria Hubert Yonnet, adquire gado de procedência Pinto Barreiros (López del Ramo, 2002) e para outra ganadaria francesa seguem animais de Infante da Câmara (Montesinos, 1997)

### **2.2.3.3. América**

Poderá ser enunciado que o toiro de lide está em praticamente todo o continente americano. Embora já haja referência da raça nos Estados Unidos e Canadá, é nos países da América latina que a raça tem maior expressividade.

Na Colômbia as primeiras ganadarias remontam aos séculos XVI e XVII com gado crioulo, enviado para a América através dos colonos espanhóis. Os primeiros animais de lide introduzidos neste país foi no ano de 1923 com sete sementais de Santa Coloma e três de Veragua. Durante os anos sessenta, setenta e oitenta, houve um grande aporte de encaste de Santa Coloma na Colômbia, até então permaneciam os produtos cruzados entre este encaste e os criolos colombianos. Hoje em dia há para este país uma forte introdução de animais de encaste Domecq (Montesinos, 1997).

No Equador predominam encastes derivados de Parladé, nomeadamente as linhas Domecq, Atanasio Fernández, Núñez, uma forte presença de Baltasar Ibán e diminuta aporte de Santa Coloma (Montesinos, 1997).

Segundo Montesinos (1997), a ganadaria brava no Peru tem menor expressão sendo composta por uma parte de Santa Coloma, enquanto que na Venezuela este encaste impera na maioria dos criadores.

López del Ramo (1991) e López del Ramo (2002) refere a introdução de animais Pinto Barreiros nos países americanos anteriormente referidos.

O México é de todos os países americanos o mais fiel às linhas oriundas de Picavea de Lesaca, predominando os encastes Saltillo e Santa Coloma, no entanto já teve a presença de animais de outras castas nas primeiras importações de gado bravo (Montesinos, 1997 e Viard, 2010a).

Segundo Viard (2010a) a ganadaria mais antiga do mundo, é de Atenco, no Mexico, os primeiros criadores a criarem gado bovino pela sua agressividade a partir de animais criolos.

Ao contrário dos espanhóis, os Saltillos mexicanos são conhecidos no por uma investida suave (Viard, 2010b), o mesmo sucede nos animais de Santa Coloma neste país. Os ganadeiros mexicanos conseguiram fornecer aos seus animais um dos pilares da essência da criação do encaste Santa Coloma (a mescla duas ganadarias de preferência por figuras do toureio espanholas na época do ganadeiro Conde de Santa Coloma, tais como a de Saltillo e Ybarra, buscando a dureza dos primeiros e a bondade dos animais de Ybarra.). para além disso refere Domecq (2010), que a característica do toiro levar a cara humilhada é um carácter que os ganadeiros mexicanos foram os primeiros a examinar com grande intensidade, aspecto que pode estar relacionado com a classe de investida que apresentam estes animais.

Actualmente verifica-se um forte aporte de encaste Santa Coloma, essencialmente proveniência Buendía, no México, através da inseminação artificial, ocorrendo o mesmo processo em menor proporção para exemplares de encastes de Parladé (Montesinos, 1997)

## **2.3.Diversidade Genética**

Ao longo dos tempos, consoante as necessidades das civilizações humanas os animais domésticos têm sido seleccionados, com diferentes objectivos e adaptados a ambientes específicos, originando as inúmeras populações (subespécies, raças) que hoje existem, aproximadamente 800 raças de bovinos (Clutton-Brock, 1999 e FAO, 2007).

Existem ameaças evidentes ao nível dos recursos genéticos bovinos. As raças comerciais de bovinos, altamente produtivas são constituídas por grupos de reprodutores reduzidos e tem vindo a substituir gradualmente as inúmeras raças locais, resultado de vários anos de evolução. O cruzamento indiscriminado de bovinos comerciais com raças locais, com a finalidade de maximizar a produção, tem provocado a erosão e conseqüente desintegração das raças autóctones. As raças comerciais, como a Holstein-Frisian também tendem a ter níveis de consanguinidade elevados, devido ao pequeno número de machos em programas de reprodução e catálogos de compra de sémen (< 50), apesar do número total de animais ser elevado, pelo que a sua diversidade genética está também ameaçada (FAO, 2007 e Taberlet *et al.*, 2008).

Segundo Santa-Martina (2001) e Cañón *et al.* (2005), por norma há uma grande preocupação em fixar caracteres relacionados com o comportamento no toiro de lide. Por sua vez Viard (2010a) refere que a fixação de caracteres é muitas vezes utilizada nas ganadarias bravas por um número reduzido machos reprodutores, o que explica a existência de problemas devido à consanguinidade.

Atendendo à peculiar estrutura que existe na raça Brava de Lide (divisão em subpopulações – encastes), Cañón *et al.* (2008), observou uma elevada diferença genética entre encastes, sendo por vezes superior às diferenças entre raças determinadas em estudos anteriores (Cañón *et al.*, (2001) e Jordana *et al.* (2003)). Ainda segundo o mesmo estudo, a raça de lide deveria ser denominada como uma *Metaraza*, isto é, um conjunto de raças. Contudo, a fragmentação das estruturas dentro da raça de lide e o isolamento reprodutivo, que contribuem para uma grande diferenciação genética entre os encastes, fazem com que a variabilidade genética dentro das ganadarias seja reduzida, o que põe em causa a sustentabilidade da raça.

Segundo García (2008) as formas de toureio contemporâneo provocam uma diminuição da procura de alguns encastes, ocorrendo assim uma erosão dos efectivos e aumento do risco de extinção dos mesmos, bem como a perda de diversidade genética da raça.

Embora Gama *et al.* (2004), refira que em Portugal os tamanhos dos efectivos da raça Brava de Lide não estejam em perigo de extinção, Cañón *et al.* (2008) realça que a avaliação de risco de extinção desta raça deve ser realizada por encastes.

### **2.3.1. Marcadores de Diversidade Genética**

Os marcadores de diversidade genética têm especial importância no estudo da origem, estrutura e diversidade genética das populações. Estes podem ser classificados em diferentes categorias, como: marcadores morfológicos, bioquímicos ou genéticos, sendo que os mais utilizados para estudos de diversidade genética são:

- Marcadores morfológicos – classificam as espécies, considerando espécies distintas as que apresentam caracteres morfológicos diferenciados. Tem especial interesse no toiro de lide devido ao crescimento das hastes, aspecto valorizado na raça, mas que

é um aspecto depreciativo na maioria das restantes raças, e também devido à grande variabilidade de colorações de pelagens aceites no seu protótipo racial, factor restringido noutras raças (Cid, 2001 e Cortés, 2008).

- Marcadores Moleculares – São fragmentos de ADN cuja transmissão é herdada de uma geração a outra (Griffiths *et al.*, 2007). Caracteriza-se por ter uma localização cromossómica fixa e poder ostentar diferentes variantes ou alelos, o que determina o seu elevado polimorfismo, e são de identificação fácil e económica. Estes marcadores converteram-se na forma mais utilizada para estudos filogenéticos, análises de variabilidade genética em populações, estabelecimento de mapas genómicos, assim como para o diagnóstico de determinadas doenças hereditárias (William Klug, 2005). Actualmente nos estudos populacionais os marcadores mais utilizados são os microssatélites, pelas suas características acima descritas. Também podem ser usados nestes estudos marcadores haplóides, tais como o de cromossoma Y e mtDNA; e os marcadores de polimorfismos de um só nucleótido (Single Nucleotide Polymorphism ou SNPs) (Vignal *et al.*, 2002).

### **2.3.1.1. Microssatélites**

Refere Schlotterer (2004), que os microssatélites ou STRs (*short tandem repeats*) são sequências de 2-6 nucleótidos repetidas em série, distribuídos por todo o genoma eucariota, sendo herdados de forma codominante.

Estes marcadores são altamente polimórficos (hipervariáveis) quando comparados com os minissatélites ou RFLPs (random fragment length polymorphism), pois durante o processamento de transmissão da informação genética o número de repetições em série altera-se por mutação ou inserção de bases, gerando a sua variabilidade genética. Este processo de mutação foi designado de *DNA slippage* e consiste no desalinhamento das

cadeias de DNA durante a replicação, com a consequente alteração no número de pares de bases (bp) repetidas em série, sendo a taxa de mutação destes marcadores extremamente elevada ( $10^{-6} - 10^{-2}$  por geração), apesar de existirem mecanismos de “correção” (*mismatch repair*) destas alterações (Schlotterer, 2000).

Os STRs tornaram-se nos marcadores mais utilizados em estudos de caracterização da diversidade genética intra e inter-populacional, na identificação de indivíduos/populações cruzados, bem como na classificação de indivíduos em grupos populacionais geneticamente próximos, devido à sua elevada variabilidade, podendo ser encontradas mais de vinte formas diferentes numa única população (Bruford *et al.* 2003; Beja-Pereira & Almeida, 2005). Estes marcadores também são utilizados em testes de parentesco, estudos de diferenciação genética de populações, e estimativas de distâncias genéticas (FAO 2007).

O facto de serem herdados de forma Mendeliana (para cada *locus* um indivíduo possui dois alelos, provenientes de cada um dos progenitores), e de ser possível diferenciar indivíduos homocigóticos (duas cópias do mesmo alelo num *locus*) de heterocigóticos (dois alelos distintos num *locus*) permite utilizar estes marcadores em análises de discriminação, estrutura genética, grau de relacionamento e classificação ao nível do indivíduo e das populações (Wan *et al.*, 2004). Por outro lado, a variabilidade genética inerente aos STRs resulta essencialmente dos processos de deriva genética e mutação, já que a maioria dos STRs são considerados neutros face à selecção (Charlesworth *et al.*, 1994).

A verificação de homoplasia, em que as diferenças nos tamanhos dos alelos podem não estar associadas a divergências evolutivas, dificulta a determinação se dois alelos são semelhantes porque foram herdados de um ancestral comum (*identical by descent*) ou se ocorreu uma modificação análoga do número de repetições (*identical by state*) (Zhang &



Hewitt 2003 e Wan *et al.*, 2004). Este problema pode conduzir a interpretações incorrectas em análises de diferenciação e estrutura genética de populações.

Podem aparecer alelos nulos devido a associações a mutações ao nível das zonas de emparelhamento dos oligonucleótidos iniciadores (*primers*), utilizados na amplificação pela PCR, e que resultam num aumento do número de indivíduos homozigóticos. O principal efeito da presença de alelos nulos é a redução da variabilidade genética intra-populacional e o aumento artificial do grau de diferenciação entre populações (Chapuis & Estoup, 2007).

A identificação de desvios à situação de Equilíbrio de *Hardy-Weinberg* poderá indiciar a presença de alelos nulos, e não resultar forçosamente de alterações na estrutura genética da população. A falta de neutralidade, ou seja a evidência de que alguns STRs poderão estar submetidos a pressões de selecção por estar associados a regiões codificantes, pode dificultar a explicação dos resultados da análise destes *loci* em ensaios de genética de populações (Zhang & Hewitt 2003 e Wan *et al.*, 2004). Neste caso, estes marcadores podem espelhar os resultados da selecção (adaptação) em vez de processos de deriva genética.

A utilização de STRs polimórficos e de métodos estatísticos adequados para diagnosticar alguns destes problemas em estudos de diversidade e estrutura genética das populações permite tornear algumas das limitações destes marcadores, mas é necessário ter consciência de que as inferências evolutivas elaboradas com base em dados de microssatélites podem, por vezes, ser ambíguas.

A FAO produziu uma série de recomendações relativamente à utilização de STRs em estudos de genética de populações de animais domésticos, das quais se destacam o uso de um painel de marcadores recomendado e de amostras *standard* para ajuste dos tamanhos dos alelos, de forma a possibilitar estudos comparativos futuros (FAO 2004 e Childers *et*

*al.*, 2011). A uniformização dos resultados de investigações que recorrem à utilização de STRs está relacionada com a necessidade de estabelecer estudos a escalas geográficas amplas, que permitam obter uma perspectiva global sobre a diversidade das espécies domésticas, para implementação de medidas de conservação.

### **2.3.2. Mecanismos Evolutivos que actuam sobre as populações**

O estudo de um conjunto de marcadores moleculares permite-nos, a partir do cálculo das frequências alélicas, caracterizar geneticamente uma população, estudar a sua diversidade genética e a sua semelhança com outras populações. Estas características, podem variar com o tempo pela acção de diferentes processos, como migrações, mutações, selecção e deriva genética, que podem actuar de forma sistemática permitindo a mudança das frequências alélicas em direcção e quantidade ou de forma aleatória previsíveis em quantidade mas não em direcção.

#### **2.3.2.1. Processos Sistemáticos**

##### **2.3.2.1.1. Migração ou Fluxo Genético**

A migração consiste no movimento de indivíduos de uma população para outra distinta provocando uma alteração das frequências alélicas que tendem a homogeneizar as populações afectadas (Eding & Laval, 1999). O grau de variação dependerá da proporção de migrantes na população receptora e das diferenças das frequências alélicas entre ambas as populações.

### **2.3.2.1.2. Mutação**

As mutações definem-se como mudanças no material genético. De uma forma geral podemos definir dois tipos de mutação (Griffiths *et al.*, 2007).

1. Cromossómicas: afectam o número de cromossomas, a sua estrutura ou configuração.
2. Génicas: consiste na alteração de nucleótidos de uma determinada sequência genica. Podem ser de diversos tipos como substituições, deleções, inserções e translocações.

As mutações tem maior probabilidade de serem prejudiciais que benéficas para os organismos envolvidos. Isto deve-se a serem eventos aleatórios com respeito à adaptação, isto é, onde ocorre ou não uma mutação particular é independente das consequências que possam ter nos seus portadores.

O Efeito da mutação sobre as propriedades genéticas de uma população difere em função de que o evento mutacional ser único ou recorrente. No primeiro caso a probabilidade de permanência da mutação numa população grande é muito baixa e portanto não produzirá uma alteração permanente nas frequências alélicas da população. No segundo caso o fenómeno causante da mutação é repetitivo (mutação recorrente) e portanto as mudanças produzidas não desaparecerão modificando as frequências génicas (Falconer & Mackay, 1996), assim sendo a mutação pode constituir uma força causante de diferenciação genica entre populações (Eding & Laval, 1999). A taxa normal de mutação nos microssatélites e a região de controlo de ADN mitocondrial encontra-se entre  $10^{-2}$  e  $10^{-5}$  pelo que o efeito das mutações é apenas apreciável depois grandes períodos de tempo (Falconer & Mackay, 1996).

### **2.3.2.1.3. Seleccção**

Sobre as populações podem actuar dois tipos de selecção. A natural que ocorre sem intervenção do Homem e favorece os indivíduos mais adaptados ao meio e a artificial em que o Homem selecciona os indivíduos que serão os futuros reprodutores em função de uma característica económica ou desejável (Falconer & Mackay, 1996). Em qualquer das duas situações nem todos os indivíduos vão deixar à geração seguinte e dos que o fazem nem todos deixam na mesma proporção, já que existem diferenças na viabilidade e fertilidade dos indivíduos. A selecção provoca uma alteração nas frequências alélicas que dependerá da intensidade de selecção e da frequência génica inicial das populações.

### **2.3.2.2. Processos Dispersivos – Deriva Génica**

As populações estruturadas em subpopulações, donde não actuam processos sistemáticos são pequenas mas afectadas pelas mudanças das frequências génicas que flutuam de geração em geração, num processo denominado deriva génica (Falconer & Mackay, 1996). Este processo dentro das populações após largos períodos de tempo provoca um aumento da endogamia, de tal forma que os indivíduos de uma mesma raça ou subpopulação cada vez se parecem mais geneticamente, devido ao aumento dos homozigotos e diminuição dos heterozigotos. Este aumento de homozigotos em detrimento dos heterozigotos, também provoca uma homogeneidade da variação génica de uma população

Considerando o mesmo número de machos e fêmeas na população o aumento da endogamia dependerá do tamanho da população e do número de gerações (Edding & Laval, 1996). Com o aumento da endogamia a frequência dos alelos deletérios é cada vez

maior provocando uma menor adaptação ao meio dos seus portadores e uma diminuição da fertilidade e viabilidade, próprios do “inbreeding”.

Nas populações o número de machos e fêmeas não é sempre igual e nem todos contribuem da mesma forma à seguinte geração. Nesta situação em vez de utilizar o termo de tamanho de uma população, que não tem em conta dita diferença, utiliza-se o tamanho efectivo de uma população que depende do número de machos, fêmeas e dos descendentes que deixam à geração seguinte (Kimura & Crow, 1964 e Wright, 1969).

Wright em 1965 desenvolveu/ apresentou a teoria dos índices de fixação, que mediante o cálculo de três parâmetros  $F_{IS}$ ,  $F_{IT}$  e  $F_{ST}$  mede a perda de heterozigose como consequência da estrutura da população em subpopulações e por tanto é uma medida da diversidade genética entre subpopulações (Wright, 1965 e Wright, 1969).

### **2.3.3. Análise da Estrutura das Populações**

A análise da diversidade genética de um conjunto de animais, geralmente parte de uma estrutura predefinida formada por uma ou várias populações integradas, ou integradas por um conjunto de indivíduos. A estima das frequências alélicas de uma amostra da população e com as ferramentas adequadas, aparentar indivíduos de origem desconhecidos a uma ou outra população. Os resultados obtidos dependem da estrutura das populações inicialmente definidas, o que em certas ocasiões pode originar certas dificuldades, já que um indivíduo inclui-se numa ou outra população baseando-se em critérios geográficos, morfológicos, que não tem porque coincidir com critérios genéticos, podendo separar em populações distintas indivíduos que em termos genéticos incluíam-se numa mesma população ou vice versa. Utilizando a informação molecular (microsatélites, RFLP's ou SNP's) Pritchard *et al.* (2000) desenvolveram um método em que as populações ancestrais não são definidas inicialmente e que estima o número de origens genéticas diferentes que maior

verossimilhança daria aos resultados obtidos. Também permite calcular que percentagem do genoma dos indivíduos que provém de cada uma das origens genéticas, o que permite agrupar os animais em função de uma origem comum. Os resultados obtidos podem-se representar graficamente, de forma que cada animal corresponde a uma barra vertical na percentagem de genoma que tem cada grupo ancestral aparece com uma cor distinta. Ao representar todos os indivíduos da população que se pode observar, quantos grupos ancestrais influíram na formação da população e em que proporção (Pritchard *et al.*, 2000). A percentagem de genoma que cada população tem dos grupos ancestrais é possível transformá-lo em distâncias que podem ser representadas graficamente.

Esta metodologia tem sido amplamente utilizada tanto para a análise de mistura de populações, para a análise de diversidade genética das populações, como na aproximação de indivíduos às populações (Cañón *et al.*, 2006; Handley *et al.*, 2007 e Peter *et al.*, 2007).

#### **2.3.4. Utilidade da Genética Molecular no Toiro de Lide**

A evolução da genética molecular permite a execução de análises que fornece conhecimentos de grande interesse como o número de grupos de animais (encastes) que podem ser discriminados com a informação disponível no estudo, ou o número de populações diferentes que se apreciam num determinado encaste definido previamente.

Este progresso também permite observar processos de migração ou intercâmbios de reprodutores que se possam ter produzido num tempo imediato ou mais remoto. Se as migrações ou intercâmbios foram baseadas em toiros ou vacas são aspectos que podem resultar de especial interesse para a supervisão da informação actualmente existente. Analisar a possibilidade de que uma ganadaria ou um conjunto de ganadarias com um historial genético comum, possa ter sofrido recentemente um efeito de “gargalo de garrafa” (redução drástica do número de reprodutores) (Cañón, *et al.* 2005).

Conhecer a variabilidade genética da raça, isto é, quanta variabilidade aportam os encastes definidos, as diferentes ganadarias de um encaste determinado e quanta variabilidade permanece distribuída entre os animais que pertencem a uma mesma ganadaria, são dados de grande interesse para planeamentos de conservação genética. Este tipo de informação é possível devido à evolução genética molecular. (Cañón, *et al.* 2005; Cañón, *et al.* 2007a; Cortés, 2008 e M.M.A.M.R.M., 2011).

Mateus *et al.* (2004) e Martín-Burriel *et al.* (2007) apontam para uma heterozigose reduzida na raça brava, eventualmente produzida pelo elevado isolamento reprodutivo, efeitos como gargalos de garrafa e selecção de caracteres para a lide, contribuindo assim para a perda de diversidade genética dentro dos encastes (Santa-Martina, 2001; Cañón *et al.*, 2005; Viveros *et al.*, 2004; Martín-Burriel *et al.*, 2007 e Cortés, 2008). No entanto, Quintero *et al.*, (2010) alerta para o facto dos efeitos negativos que a consanguinidade tem nas reses de lide ao nível da característica da força, enquanto Carolino & Gama (2008) abordam efeitos negativos da depressão endogâmica em aspectos produtivos de bovinos de raça Alentejana, como por exemplo diminuição do peso vivo ao nascimento, aumento do intervalo entre partos e idade ao primeiro parto.

O feito de dispor informação de genética molecular permite ter benefícios secundários como são os de possibilitar a eleição de melhores reprodutores, subconjunto de marcadores para realizar controlos genealógicos ou o conhecimento das fracções de genoma provenientes de encastes ancestrais, de cada animal de uma ganadaria cruzada (Cañón, *et al.*, 2005).

#### **2.3.4.1. Manutenção da Diversidade Genética no Toiro de Lide**

O montado da Península Ibérica é um ecossistema mediterrânico de valor singular que aporta uma diversidade biológica e cultural em zonas rurais desfavorecidas, cuja

sustentabilidade participam varias raças autóctones, entre as que se destaca tradicionalmente a raça bovina de lide. Aliando-se este factor a um modelo de criação de gado sustentável e protector do meio ambiente, faz esta raça contribuir de forma especial para a revalorização ambiental do montado, e caracteriza-se por um reduzido intercâmbio ecológico (ecological exchangeability) e genético (M.M.A.M.R.M., 2011).

Segundo Cañón *et al.* (2005), o conhecimento da existência de estruturas nas populações, isto é de animais agrupados em encastes, pode ser de grande utilidade para classificar as ganadarias ou aos denominados encastes, definir unidades de conservação genética e entender, identificar ou corroborar processos que possam ter dado lugar à variabilidade que actualmente podemos observar na raça de lide. A união destas características fazem da raça bovina de lide uma unidade evolutiva prioritária para a sua conservação.

Segundo Edwards *et al.* (2011); Martín-Burriel *et al.*, (2011), a Península Ibérica é uma zona com grande diversidade genética na espécie bovina. A raça de lide tem uma grande difusão em países com culturas taurinas, que continuam a utilizar este recurso genético como referência para a sua renovação. A união destes factores é de primordial importância para atender às especiais características do sistema de produção vinculado a esta raça, que aconselham uma série de actuações adicionais para garantir a sua utilização sustentável.

Cortés (2008), aponta aspectos peculiares ao nível da diversidade genética no toiro de lide. Na avaliação de informação de microssatélites autossómicos, verificou que os encastes possuem entre si maior diversidade genética, do que entre outras raças de bovinos e tornam-se fundamentais no incremento de diversidade genética na raça. Quando analisada a informação mtDNA, o mesmo autor identificou em vários encastes da raça de lide os haplotipos T, T1, T1\*, T2 e T3, havendo uma forte porção deste ultimo que indica a origem materna africana, que no encaste Miura ronda os 50%. Verificou também que o



encaste Concha y Sierra apresentava a maior diversidade haplotípica (T1, T1\*, T2 e T3) e era o único encaste com T1\*, haplótipo muito frequente em raças crioulas. Observou ainda seis novos haplótipos na raça brava. Ao nível do cromossoma Y os níveis de diversidade haplotípica foram inferiores.

Cañón *et al.* (2005); Cañón *et al.* (2008) e Cortés (2008), sedimentam que a riqueza genética da raça de lide baseia-se na divisão em subpopulações (encastes). Este feito é a causa de risco de perda de variabilidade, dentro dos ditos encastes. Um objectivo prioritário nesta raça é a da manutenção da diversidade genética devida às suas estirpes, e para isso é necessário uma actuação de conservação em todos aqueles que pelos seus censos efectivos estão numa situação mais precária.

#### **2.3.4.1.1. Conservação Genética**

Refere García (2008), que na raça de lide a manutenção da diversidade genética torna-se fundamental, devido às constantes evoluções do toureio (necessidades da população). No entanto, tem-se assistido a um crescente predomínio das ganadarias de encaste Domecq, (Montesinos, 1997; Lucas, 2006; Correia, 2009; Barquerito, 2010 e M.M.A.M.R.M., 2011). Segundo M.M.A.M.R.M., (2011), embora hajam alguns encastes representados por numerosas ganadarias, noutros casos apenas uma ou um número muito reduzido de ganadarias representam um encaste, como Miura e Concha y Sierra.

Em alguns encastes, existem tamanhos efectivos muito reduzidos (<40). Neste sentido a acção prioritária seria propor emparelhamentos de mínimo parentesco para posteriormente, tentar outras medidas de intercâmbio de material, quando for viável, com o objectivo de incrementar o censo efectivo das linhas. A perda de algum, ou alguns encastes tem previsivelmente um grande impacto na perda global de diversidade genética (M.M.A.M.R.M., 2011).

No caso de animais pertencentes a linhas ou encastes reconhecidos que podem ser classificados como em perigo de extinção, e receber o tratamento como qualquer outra raça com este status. A acção genética principal nestas populações iria orientada a evitar o seu desaparecimento, isto é, programas de conservação genética (M.M.A.M.R.M., 2011).

Neste sentido os dados obtidos na avaliação genética também conseguem facilitar a cada ganadeiro para que possam ser utilizados como ferramenta na gestão de emparelhamentos e na eleição de animais para reposição do efectivo. Isto através de desenho de emparelhamentos tendo em conta os cálculos de consanguinidade (manter um incremento em endogamia por geração inferior a 1%, objectivo do *Ministério de Médio Ambiente y Médio Rural y Marino*), tratando de minimizar o parentesco médio e os incrementos de endogamia da seguinte geração (Cortés *et al.*, 2011).

As tarefas de conservação de animais pertencentes a encastes ou linhas em perigo de extinção também podem ser realizadas nas explorações e no seu meio natural (conservação *in situ*), mediante a conservação de material genético por criopreservação (sémen, óvulos, embriões, células somáticas, ADN) em centros de reprodução ou de armazenamento e bancos de germoplasma (conservação *ex situ*) ou mantimento dos animais vivos fora do seu habitat (conservação *ex situ in vivo*) (M.M.A.M.R.M., 2011).

#### **2.3.4.1.2. Melhoramento Genético**

Refere Domecq (2010), que a ganadaria Juan Pedro Domecq apresenta hoje em dia controlos de consanguinidade que permite níveis de endogamia reduzidos, devido à utilização de planos de selecção, recolha, registo e organização de dados bem elaborados. Apoia Silva *et al.* (2002), que a estimativa de parâmetros genéticos como as heredabilidades e correlações genéticas requerem objectivos fenotípicos e informação de pedigree entre animais testados. A base de dados da ganadaria de Juan Pedro Domecq

permite verificar que a agressividade tem uma base e resposta genética que pode ser esperada com uma selecção apropriada. As heredabilidades médias a elevadas, observadas no toiro de lide, mediante o registo de informação fenotípica estandardizada, incluindo a pontuação de um conjunto de caracteres de comportamento relacionados com a lide demonstram que estes caracteres podem ser utilizados convenientemente para programas de melhoramento genético da raça (Silva *et al.*, 2006 e M.M.A.M.R.M., 2011).

Visando a melhora genética, o M.M.A.M.R.M. (2011) distinguiu três actividades principais desenvolvidas até agora pelas distintas associações de criadores espanholas oficialmente reconhecidas pela gestão do Livro Genealógico da Raça Bovina de Lide, organização das ganadarias ao redor dos actuais encastes, planificação de emparelhamentos para minimizar o incremento de endogamia e estimação do mérito genético de toiros e vacas para um conjunto de caracteres de comportamento relacionados com a lide.

Segundo, Martín (2011), citado por Fernández (2011), embora refira o débil conhecimento do estado e da União Europeia pela criação do toiro de lide, reconhece que a colaboração entre *Union de Criadores de Toros de Lidia* e governo espanhol, no desenvolvimento planos de melhoramento genético com programas de emparelhamentos para reduzir a endogamia, é uma mais valia para os ganadeiros de bravo, em particular para os que tem encastes com censos reduzidos.

Mediante o cenário de parceria que ocorre entre as associações de criadores de toiros de lide espanholas e estado espanhol no plano de melhoramento da raça é necessário ter em conta que o processo de selecção é integrado por animais pertencentes a linhas ou encastes reconhecidos, que pelo seu censo e possibilidades de intercâmbio genético, permite a gestão de um programa de melhoramento baseado na selecção por mérito genético (M.M.A.M.R.M., 2011).

Segundo o M.M.A.M.R.M. (2011), estas ferramentas permitem a cada ganadeiro avançar na selecção do tipo de comportamento que persegue, e aos ganadeiros que adquirem animais valorizados geneticamente, dispor de uma melhor informação de qualidade que lhes ajude a melhorar as suas ganadarias no sentido desejado.

Esta raça tem dificuldades de determinar um único valor económico associado a cada um dos caracteres que recolhem os ganadeiros, posto que convivem diferentes nichos de mercado, o tipo de espectáculo taurino ao que podem ir destinados os produtos é muito diverso, e em cada tipo, os caracteres funcionais tem valorizações muito diferentes. Em qualquer caso, o uso destas ferramentas científicas ajuda os ganadeiros a alcançar antes dos seus objectivos de selecção, e o seu uso terá um valor associado que repercutirá positivamente nas ganadarias e na qualidade dos espectáculos taurinos

## **III. Materiais e Métodos**

### **3.1. Colheita de Amostras**

Para a realização deste trabalho foram seleccionadas um total de quarenta e seis ganadarias distribuídas da seguinte forma: três situadas nos Açores, quatro situadas em Portugal continental e trinta e nove ganadarias espanholas inscritas na *Unión de Criadores de Toros de Lidia* (U.C.T.L.). Para as ganadarias dos Açores e de Portugal continental, forma seleccionados um total de 30 animais por Ganadaria, tendo sido seleccionados um total de 1179 animais das ganadarias inscritas na U.C.T.L.

A escolha das ganadarias e dos animais foi efectuada tendo em conta os seguintes critérios:

#### **1: Ganadarias dos Açores:**

- a) – Genealogia dos animais de inícios e meados do século XX.
- b) - Estar inscrita no livro genealógico da Associação Regional de Criadores de Toiros da Tourada à Corda. (A.R.C.T.T.C).
- c) - Divisão de encastes e, ou estirpes na ganadaria, para a obtenção de toiros para lide em praça e de toiros para a tourada à corda.

Desta forma foram escolhidas as ganadarias Rego Botelho (RB); Casa Agrícola José Albino Fernandes (JAF); Eliseu Gomes (EG), possuindo todas elas a população Brava dos Açores.

#### **2: Ganadaria de Casta Portuguesa (oriunda de Portugal continental):**

- Foi escolhida baseada no facto dos seus animais possuírem a menor influência genealógica possível de ganadarias originárias em encastes procedentes de Casta Vistahermosa, e maior relação com as ganadarias de

Casta Portuguesa introduzidas nos Açores, bem como estar inscrita no livro genealógico da Associação Portuguesa de Criadores de Toiros de Lide (A.C.P.T.L.). Desta forma foi seleccionada a Ganadaria Irmãos Dias (ID), a qual possui um encaste Norberto Pedroso. Foi tido ainda em atenção o facto de haver mais que um encaste nesta ganadaria, bem como haver isolamento reprodutivo entre as diferentes linhas.

### **3: Ganadarias unicamente com origem em castas espanholas:**

- As ganadarias pertencentes a este grupo foram escolhidas tendo em conta a maior diversidade possível de encastes; sendo elas oriundas de Portugal continental e Espanha.

Sempre que disponível analisaram-se os dados de registos genealógicos, com o auxílio dos técnicos da Direcção Regional do Desenvolvimento Agrário (D.R.D.A.) e A.C.P.T.L., para reduzir a influência de cruzamentos entre linhas, das explorações. Relativamente à idade dos animais, deu-se preferência aos indivíduos mais velhos e procurou-se alcançar a maior diversidade de ascendentes possível.

Foi retirado sangue periférico, dos animais seleccionados de gado bravo das ganadarias açorianas e de Casta Portuguesa, utilizando-se tubos de vácuo de 2,2ml (Venosafe® VF-054GENV) com anti-coagulante desenvolvido por Dunner & Cañón (2006), os quais foram armazenados à temperatura ambiente até ao seu processamento para extracção de ADN e reacção em cadeia da polimerase (polimerase chain reaction – PCR) de marcadores microssatélites.

## 3.2. Metodologia Laboratorial

A extracção de ADN dos animais seleccionados foi feita pelo seguinte método (Cortés, 2008):

- a. Recuperação das células nucleadas:
  1. Num microtubo de 2,0mL juntar 1ml de sangue e 1mL de TE (Tris-HCL pH= 7,5 10mM; EDTA 10mM);
  2. Centrifugar 5 minutos a 10.000g e descartar o sobrenadante.
  3. Realizar nova lavagem com TE, repetindo os passos 1 e 2;
  4. Adicionar 1ml de superTE (Tris-HCl pH= 7,5 10mM; EDTA 1mM) e agitar até dissolver o sedimento;
  5. Centrifugar 5 minutos a 10.000g e descartar o sobrenadante.
  
- b. Lise celular com utilização de protease K:
  1. Adicionar ao sedimento, 250µl de NDB (NaCl 3M; EDTA 0,1M). Agitar até dissolver este sedimento;
  2. Adicionar em seguida 12,5µl de SDS (dodecil sulfóxido) a 10% e 10µl de protease K (10 mg/ml);
  3. Misturar suavemente por inversão e incubar a 37°C durante toda a noite.
  
- c. Precipitação dos ácidos nucleicos: Extracção orgânica:
  1. Adicionar ao microtubo após incubação, 250µl de fenol e 250µl de clorofórmio-álcool isoamílico (24:1);
  2. Agitar 30 segundos e centrifugar a 10000g durante 5 minutos;
  3. Transferir a fase aquosa para novo tubo;

4. Repetir a lavagem com fenol-clorofórmio/álcool isoamílico realizando novamente os passos 1 e 2;
5. Recuperar a fase aquosa para novo tubo;
6. Adicionar à solução 40µl de NaCl 3M. (pH= 5,2);
7. Em seguida, adicionar 2 volumes (recuperado+40uL) de etanol 100% (-20°C);
8. Agitar suavemente por inversão;
9. Incubar a -20°C durante 1 hora;
10. Recuperar o ADN em suspensão com uma pipeta e lavar o precipitado com 1 volume de etanol a 70%;
11. Após centrifugação a 10000g por 5 minutos, descartar o sobrenadante e adicionar ao precipitado 500µl de super TE (Tris-HCl pH= 7,5 10mM; EDTA 1mM).

A escolha dos microssatélites a serem utilizados realizou-se segundo a sua localização cromossômica, polimorfismo, e de acordo com os pré-existentes nos laboratórios de genética da Faculdade de Medicina Veterinária da Universidade Complutense de Madrid (**Tabela 1**).



**Tabela 1:** Microsatélites utilizados.

<b>Locus</b>	<b>Cromossoma</b>	<b>Referencia</b>
BM1824	1	Bishop <i>et al.</i> , 1994
BM2113	2	Beever <i>et al.</i> , 1994
INRA23	3	Vaiman <i>et al.</i> , 1994
RM188	4	Barendese <i>et al.</i> , 1994
ETH10	5	Solinas <i>et al.</i> , 1993
BM143	6	Bishop <i>et al.</i> , 1994
ILSTS006	7	Bishop <i>et al.</i> , 1994
HEL9	8	Bishop <i>et al.</i> , 1994
ETH225	9	Sttefen <i>et al.</i> , 1993
INRA37	10	Vaiman <i>et al.</i> , 1994
BMS2057	12	Stone <i>et al.</i> , 1997
AGLA32	13	Georges <i>et al.</i> , 1993
CSSM066	14	Barendese <i>et al.</i> , 1994
HEL1	15	Bishop <i>et al.</i> , 1994
INRA35	16	Vaiman <i>et al.</i> , 1994
TGLA53	16	Georges <i>et al.</i> , 1993
ETH185	17	Barendese <i>et al.</i> , 1994
TGLA227	18	Georges <i>et al.</i> , 1993
ETH3	19	Solinas <i>et al.</i> , 1993
TGLA126	20	Georges <i>et al.</i> , 1993
HEL5	21	Barendese <i>et al.</i> , 1994
TGLA122	21	Barendese <i>et al.</i> , 1994
HAUT24	22	Barendese <i>et al.</i> , 1994
DRB	23	Andersson <i>et al.</i> , 1988

No total seleccionaram-se 24 microsatélites de modo a estarem distribuídos pelos diferentes cromossomas. Nos casos em que, no mesmo cromossoma haviam 2 ou mais marcadores, escolheu-se aqueles que fossem o mais afastado possível e com maior número de alelos.

A amplificação por reacção em cadeia da polimerase (PCR) dos marcadores microsatélites realizou-se por grupo de marcadores, ou seja, os marcadores foram combinados para serem amplificados numa única reacção. Os 24 microsatélites foram agrupados em 7 *multiplex*.

Uma vez finalizadas as PCR's realizou-se uma electroforese capilar em sequenciador automático *ABI Prism® 3100 Genetic Analyzer* (Applied Biosystem Estados Unidos). Foi utilizado um par de iniciadores marcados com fluorocromos, para cada marcador microsatélite. Em função do tamanho do fragmento a amplificar e da combinação de cores

dos fluorocromos, esses pares de iniciadores foram agrupados, tendo sido suficientes duas corridas por indivíduo para visualizar os 24 microssatélites.

Foram utilizados 2,0µl de cada produto de PCR diluídos em 20µl de formamida duplamente desionizada (Hi-Di) e 0,4µl de peso molecular *GeneScan™-Liz500™ Size Standard* (Applied Biosystem Estados Unidos). As amostras preparadas foram desnaturadas a 94°C durante 5 minutos. A electroforese realizou-se num capilar de 36cm a 15kV durante 20 minutos. O polímero utilizado foi o *Performance Optimized Polymer 4* (POP-4) (Applied Biosystem Estados Unidos) composto por dimetilacrilamida, ureia 8M, 2-pirrolidiona a 5% e EDTA 1mM, tendo a electroforese sido realizada a 60°C. A identificação dos alelos para os diferentes microssatélites realizou-se mediante o uso dos softwares *GeneSan® Software V3,7* e *Genotyper Software V3.7* (Applied Biosystem Estados Unidos).

### **3.3. Análise dos Dados Obtidos**

Através do programa STRUCTURE (Pritchard *et al.*, 2000) realizou-se a análise da estrutura subjacente à população analisada a partir da informação molecular dos microssatélites autossómicos dos indivíduos das ganadarias de Irmãos Dias, e das ganadarias açorianas de Rego Botelho, José Albino Fernandes e Eliseu Gomes. Foi introduzida, no conjunto de dados a analisar, a informação existente no banco genealógico dos laboratórios de genética da Faculdade de Medicina Veterinária da Universidade de Complutense, de 42 ganadarias inscritas na *Unión de Criadores de Toros de Lidia* (U.C.T.L), derivadas de todas as castas fundacionais do toiro de lide espanhol, à excepção da Casta Navarra.

Através do uso de informação molecular dos indivíduos das populações acima descritas, foi usado o modelo de Pritchard *et al.* (2000), assumindo equilíbrio de Hardy-Weinberg para as frequências dos alelos. A probabilidade de cada indivíduo ter uma percentagem do seu genoma pertencendo a uma determinada população ancestral foi calculada pela aplicação de uma aproximação Bayesiana através da utilização de técnicas de Monte Carlo Markow Chain (MCMC).

Foram estimados valores de K, para 2, 3, 8, 12, 25, e 40 populações ancestrais, sendo estes os valores onde observou-se significativa variação no comportamento das populações a nível de estratificação. Os demais valores de K analisados, não mostram subdivisões para as ganadarias açorianas, observando-se igual descendência de linhas, não sendo assim resultados significativos para o objectivo deste estudo.

Para garantir a exactidão dos parâmetros estimados, assim como a significância dos resultados em relação à convergência dos dados, realizaram-se entre 150.000 (K=2) e 260.000 (K=40) simulações, variando entre 200.000 e 300.000 repetições, respectivamente.

Para gerar as imagens dos resultados obtidos pelo programa Structure, utilizou-se o programa Distruct.exe, no entanto, a impossibilidade deste programa gerar imagens para valores de K superiores a 30 fez com que a identificação das populações ancestrais de referência, para K=40 fosse efectuada manualmente através da observação directa das matrizes de resultados produzidas pelo programa Structure.

A nomenclatura referente à classificação das ganadarias com efectivos de raça Brava de Lide oriundas nas diversas castas fundacionais da raça, foi baseada em Cañón *et al.* (2005), para as ganadarias com origem espanhola e Lucas (2006) para a ganadaria de Casta Portuguesa.

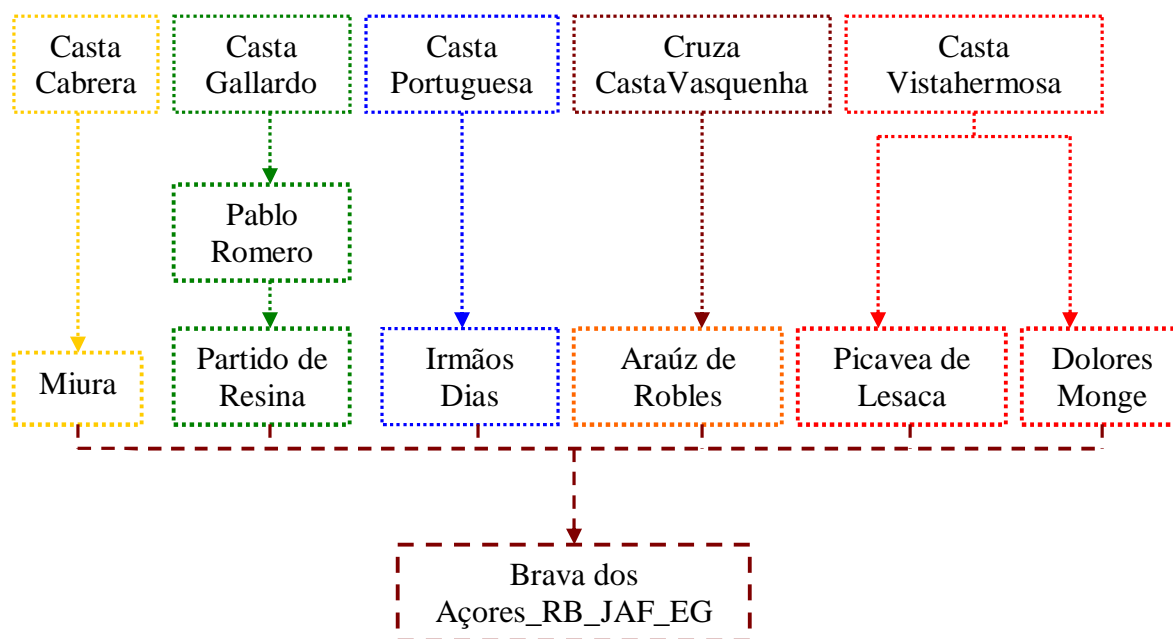
## **IV. Resultados**

### **4.1. Análise de Populações Ancestrais**

No presente trabalho foram estudadas as origens da população de bovinos Brava dos Açores, tendo em conta a comparação genética entre explorações com origens espanholas e com origens na Casta Portuguesa. Ao serem consideradas apenas duas populações ancestrais ( $K=2$ ), observou-se que as ganadarias da população de bovinos Brava dos Açores se associam às ganadarias oriundas da casta Vistahermosa da linha Picavea de Lesaca, bem como à Casta Cabrera (Miura), à Casta Gallardo (Partido de Resina) e à Casta Portuguesa (Irmãos Dias). Os valores de afinidade entre os animais da população Bovina dos Açores e estas castas foi em média de 75,9% ( $\pm 20,1\%$ )

Contudo, quando se considerou  $K=3$ , ou seja, assumindo que são 3 as populações ancestrais, verificou-se que as ganadarias açorianas se estratificaram mais, revelando uma origem mais diversa. No entanto, partilharam, na sua maioria maiores semelhanças, de 89,6% ( $\pm 11,9\%$ ), com a ganadaria portuguesa de ID bem como com as ganadarias originárias das Castas Cabrera e Gallardo (Espanha), apresentando valores médios de semelhança 93,5% ( $\pm 5,5\%$ ) para a ganadaria da JAF, 91,3% ( $\pm 8,8\%$ ) para a Ganadaria EG e de 83,9% ( $\pm 16,4\%$ ) para a Ganadaria RB. Apesar de todas as ganadarias açorianas apresentarem semelhanças com os restantes grupos, começaram a observar-se diferenças entre as origens dos animais destas três ganadarias em estudo. Verificaram-se semelhanças de dezanove animais das ganadarias açorianas com o grupo de ganadarias derivadas das castas Vistahermosa (Dolores Monge) e Vasquenha JAF, nomeadamente três animais de JAF 12,9% ( $\pm 1,5\%$ ), quatro animais de EG 26,8% ( $\pm 5,6\%$ ) e doze indivíduos de RB 28,9% ( $\pm 15,2\%$ ).

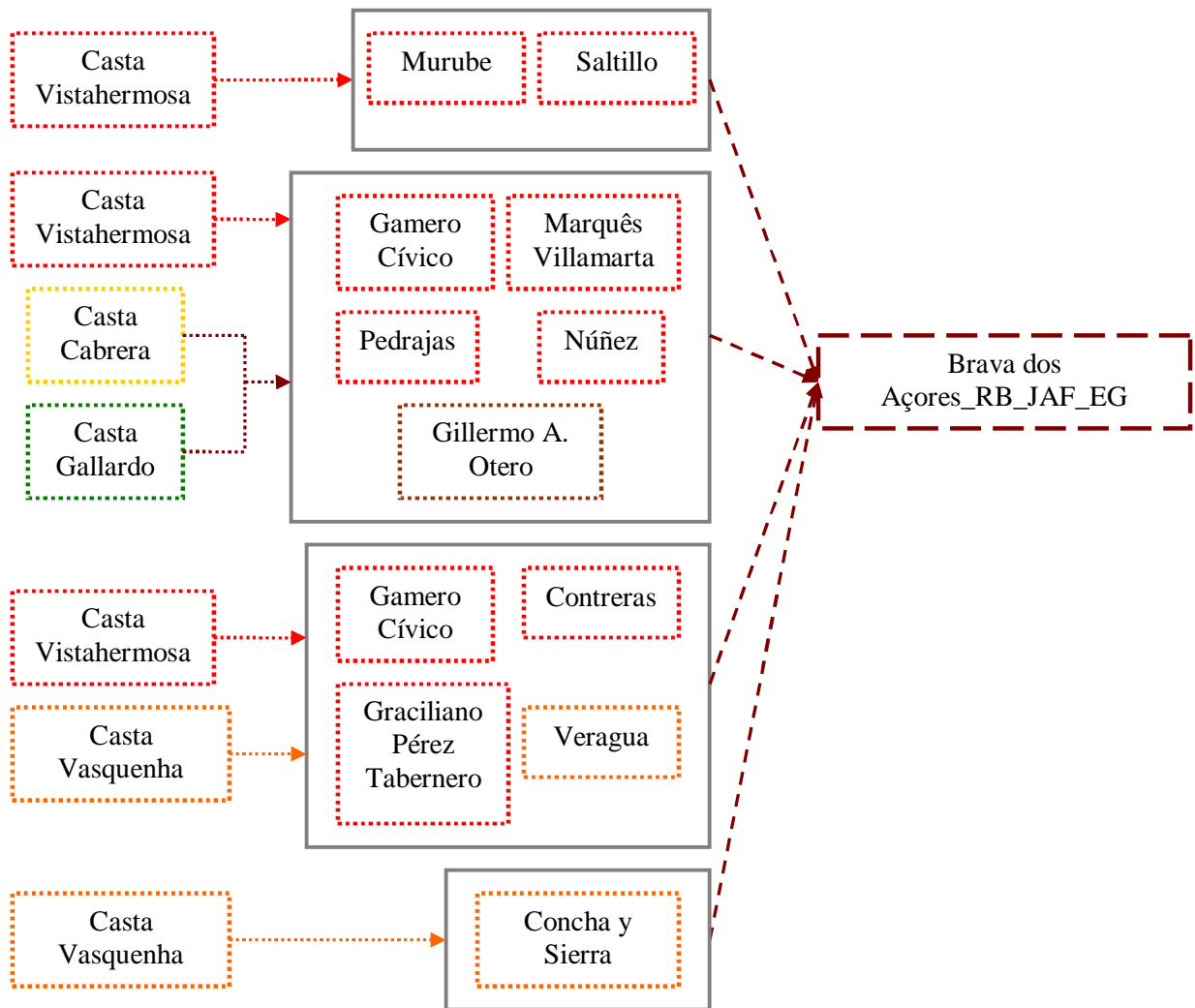
Para este valor de  $K=3$ , as semelhanças com o grupo composto pelas ganadarias espanholas oriundas de Picavea de Lesaca foram inferiores, onde apenas quatro animais das ganadarias açorianas apresentaram semelhanças genéticas com valores acima de 10%; com um animal de JAF (20,1%), EG com um indivíduo (11,9%) e RB teve dois animais a partilhar valores de 14,8% ( $\pm 4,8\%$ ) (**Figura 7**).



**Figura 7:** Fluxograma referente aos resultados para valores de  $K=2$  e  $K=3$ , em relação às ganadarias açorianas RB, JAF e EG.

Para valores de  $K=8$ , observou-se que a ganadaria portuguesa ID e as espanholas, Miura e Partido de Resina aparecem associadas num grupo. Já as ganadarias açorianas em estudo constituíram um segundo grupo isolado com a ganadaria de Concha y Sierra, em que os indivíduos das explorações açorianas partilharam semelhanças médias de 84,5% ( $\pm 14,3\%$ ).

Nos resultados obtidos para 8 populações ancestrais ( $K=8$ ) também começaram-se a definir de modo mais claro, semelhanças das ganadarias açorianas com o encaste Veragua (Casta Vasquenha) e encastes derivados da Casta Vistahermosa (**Figura 8**).



**Figura 8:** Fluxograma referente aos resultados obtidos para K=8 comuns a todas as ganadarias açorianas (RB, JAF e EG).

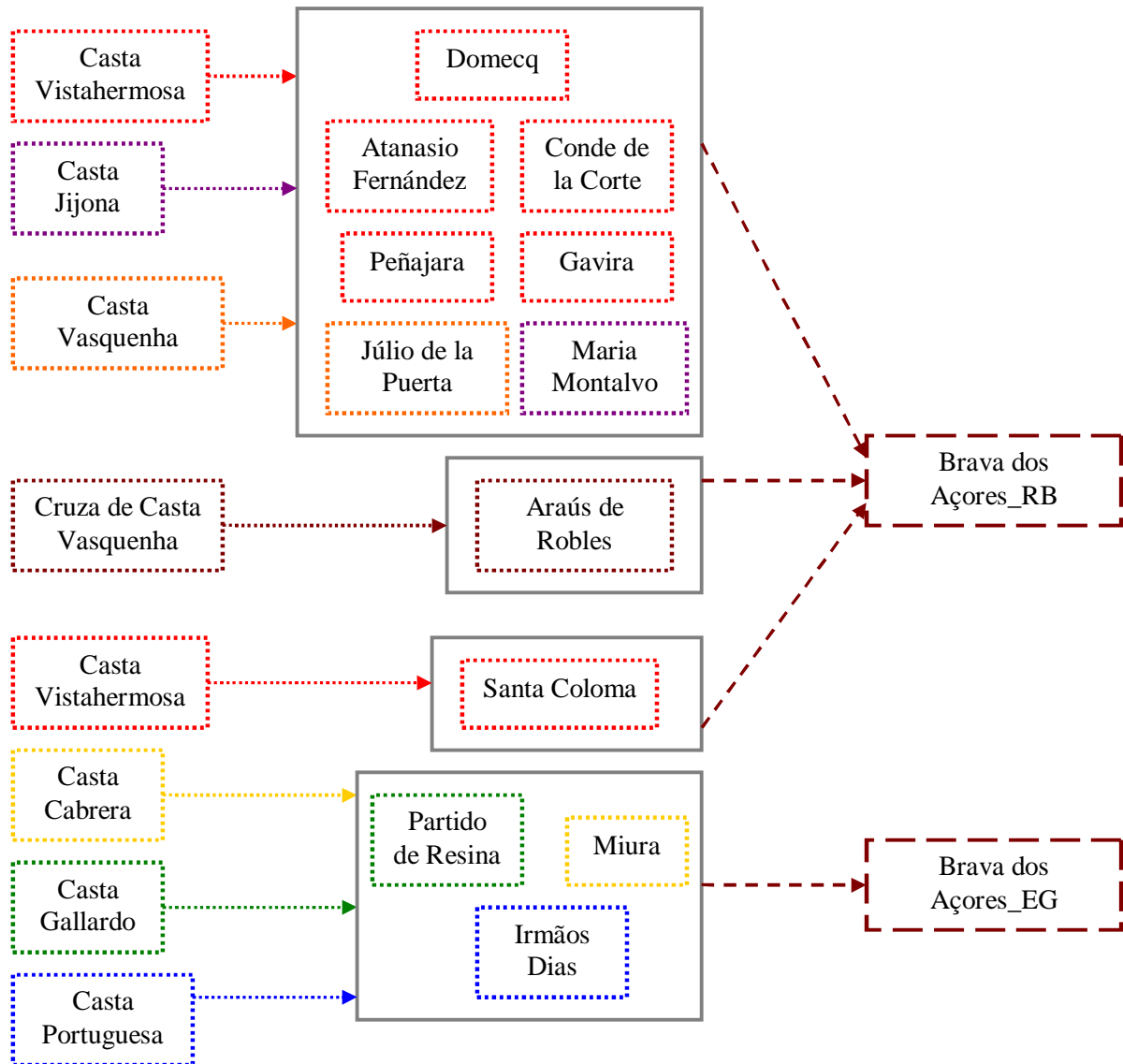
Formou-se um grupo de ganadarias de origem espanhola constituído por ganadarias com origens maioritárias em Vistahermosa, mas também com origens teóricas na Casta Vasquenha, Jijona e Morucha Castelhana (ganadarias Gavira, Júlio de la Puerta, Maria Montalvo, Penãjara, e encastes de Domecq, Atanasio Fernández e Conde de la Corte), onde observaram-se oito animais da ganadaria açoriana RB a partilhar semelhanças genómicas médias de 42,5 % ( $\pm 25,5\%$ ).

Constituíram-se dois grupos ancestrais constituídos por ganadarias oriundas nas Castas Vistahermosa e Vasquenha. Um com ganadarias de encaste Pedrajas, Gamero Cívico,

Marquês de Villamarta, Núñez e Guillermo Acosta Otero, em que nove animais das ganadarias açorianas partilharam origens ancestrais, sendo oito de RB de 24,7% ( $\pm$  12,8%) e apenas um animal de JAF (14,6%). O segundo grupo ancestral constituído por ganadarias de Casta Vistahermosa e Vasquenha incluiu ganadarias de encaste Veragua, Graciliano Pérez Tabernerero, Contreras e Gamero Cívico e observaram-se semelhanças de três animais de RB 15,4% ( $\pm$  2,2%), bem como quatro indivíduos de EG com os seguintes valores médios de 15,7% ( $\pm$  3,6%).

Um grupo ancestral constituiu unicamente ganadarias originárias na Casta Vistahermosa ganadarias de encaste Murube (Dolores Monge) e a de encaste Saltillo de José Joaquim Moreno de Silva (Picavea de Lesaca), em que verificaram-se semelhanças entre os animais de todas ganadarias açorianas em estudo, sendo assim os valores médios foram RB com um animal (22,8%), JAF com dois animais 15,3% ( $\pm$  1,8%) e EG com três indivíduos 18,2% ( $\pm$  9,9%).

A ganadaria açoriana ainda teve um animal a partilhar semelhanças genómicas de 13% com a ganadaria espanhola de Araúz de Robles e outro indivíduo com ganadarias de encaste Saltillo e Santa Coloma (11,6%). Também a ganadaria de EG teve um animal a partilhar afinidades de 23,2% do seu genoma com a ganadaria ID (**Figura 9**).



**Figura 9:** Fluxograma referente aos resultados observados, específicos das ganadarias RB e EG para valores de K=8.

Quando o valor de K foi 12 isto é, supondo que o número de populações ancestrais são de 12, a ganadaria espanhola Miura e a portuguesa ID formaram um grupo distinto. No entanto, a ganadaria espanhola de Concha y Sierra, diferenciou-se das ganadarias açorianas, tendo os indivíduos de RB, JAF e EG constituindo um grupo distinto com valores médios 85,8% ( $\pm 12,7\%$ ). Relativamente às afinidades estabelecidas com outros encastes, voltaram a ser semelhantes às obtidas em K=8, demonstrando as influências com grupos de ganadarias oriundas na Casta Vasquenha e Vistahermosa. À semelhança de K=8,



houve um animal de EG a partilhar semelhanças com o grupo ancestral formado pela ganadaria de ID e Miura, mas agora com 10,6% do seu genoma.

Houve ainda dois animais da ganadaria de Casta Portuguesa de ID, que à semelhança de K=8 voltaram a partilhar semelhanças com o grupo de ganadarias açorianas, no entanto em K=12 as afinidades foram de 24,8% ( $\pm 16,3\%$ ).

O incremento de K para 25 populações ancestrais, provocou uma maior estratificação das diferentes populações, facilitando a observação de relações entre as ganadarias açorianas e ganadarias de origem espanhola. Sendo assim, observou-se de forma clara uma influência sobre a população de bovinos Brava dos Açores do encaste Gamero Cívico através de semelhanças genómicas entre sete indivíduos das ganadarias açorianas. Destes sete, cinco pertencem à ganadaria de RB com valores médios de 17,5% ( $\pm 7,4\%$ ) e dois a EG 15,7% ( $\pm 4,2\%$ ). Estas ganadarias açorianas ainda tiveram animais a partilhar semelhanças com o encaste Murube (RB – 18,9%; EG – 16,5%  $\pm 4\%$ ) e o encaste Veragua através da ganadaria de Jacinto Ortega Casado (RB – 22,2%  $\pm 13,9\%$  e EG – 16,67%  $\pm 6,9\%$ ). A ganadaria de RB ainda partilhou origens com a ganadaria espanhola de Concha y Sierra através de um indivíduo (11,5%) e três animais partilharam 22,4% ( $\pm 9,1\%$ ) de semelhanças do seu genoma com a ganadaria portuguesa de Ernesto de Castro. Apenas observou-se um animal de JAF a partilhar origens de 22% com a ganadaria de Guillermo Acosta Otero.

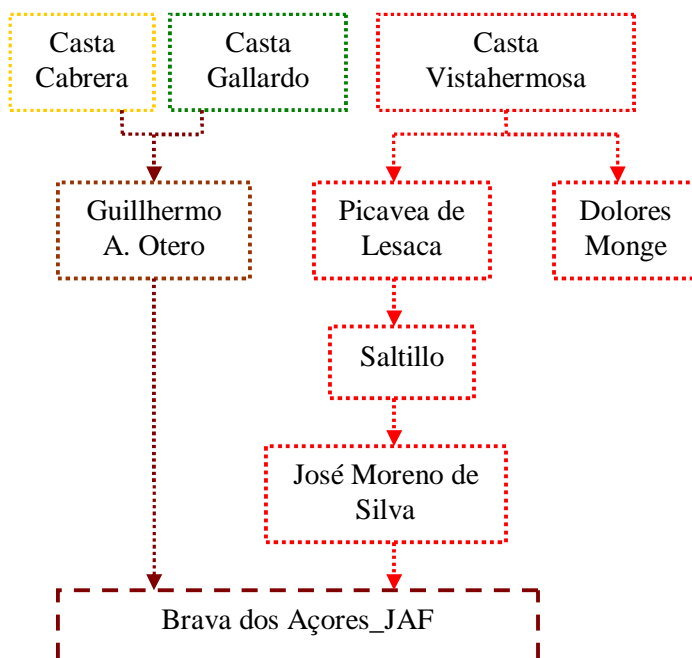
Outro dado relevante em K=25 foi o isolamento da ganadaria ID como um grupo ancestral distinto. Contudo um indivíduo desta ganadaria mostrou semelhanças genómicas de 11,8% com a ganadaria de encaste Veragua de Jacinto Ortega Casado.

Com uma divisão maior das populações em K=40, observou-se a constituição de dois grupos ancestrais distintos entre as ganadarias açorianas, sendo o primeiro com a ganadaria JAF e EG, e o segundo abrangendo a de RB. No entanto sete animais de RB partilharam

conexões com o grupo das restantes ganadarias açorianas com valores 23,2% ( $\pm$  9,9%). Por sua vez dois animais de EG mostraram afinidades de 36,7% ( $\pm$  8,3%) com a ganadaria de RB.

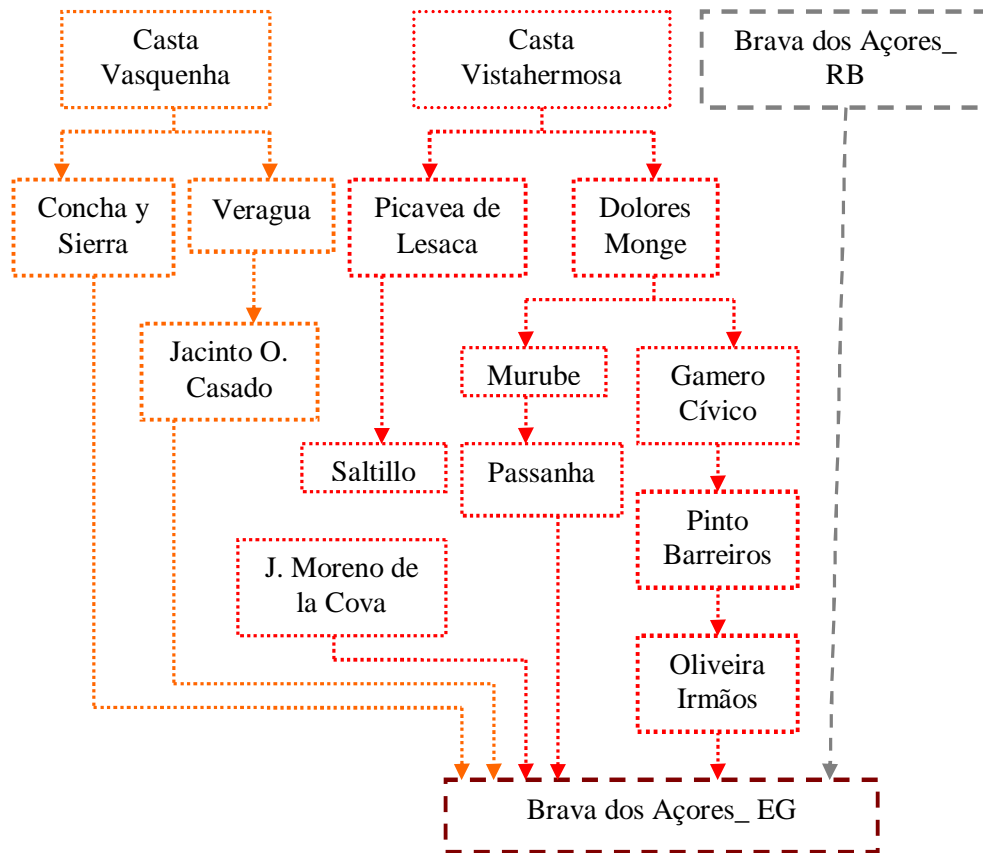
À semelhança dos resultados obtidos em K=25 verificou-se com K=40 a influência das ganadarias de Casta Vasquenha de Jacinto Ortega Casado em RB e EG; e Concha y Sierra apenas em RB. Contudo também foi possível observar em K=40 um indivíduo de RB a partilhar 35% de semelhanças do seu genoma com o encaste Domecq (Casta Vistahermosa).

Como ocorrido em K=25 a ganadaria de JAF voltou a ter um animal com semelhanças à ganadaria de Guillermo Acosta Otero e com a maior divisão de populações produzida pelo aumento do valor de K para 40 populações ancestrais, apareceu outro indivíduo de JAF com semelhanças à ganadaria de José Moreno de Silva - encaste Saltillo (13,7%) (**Figura 10**).



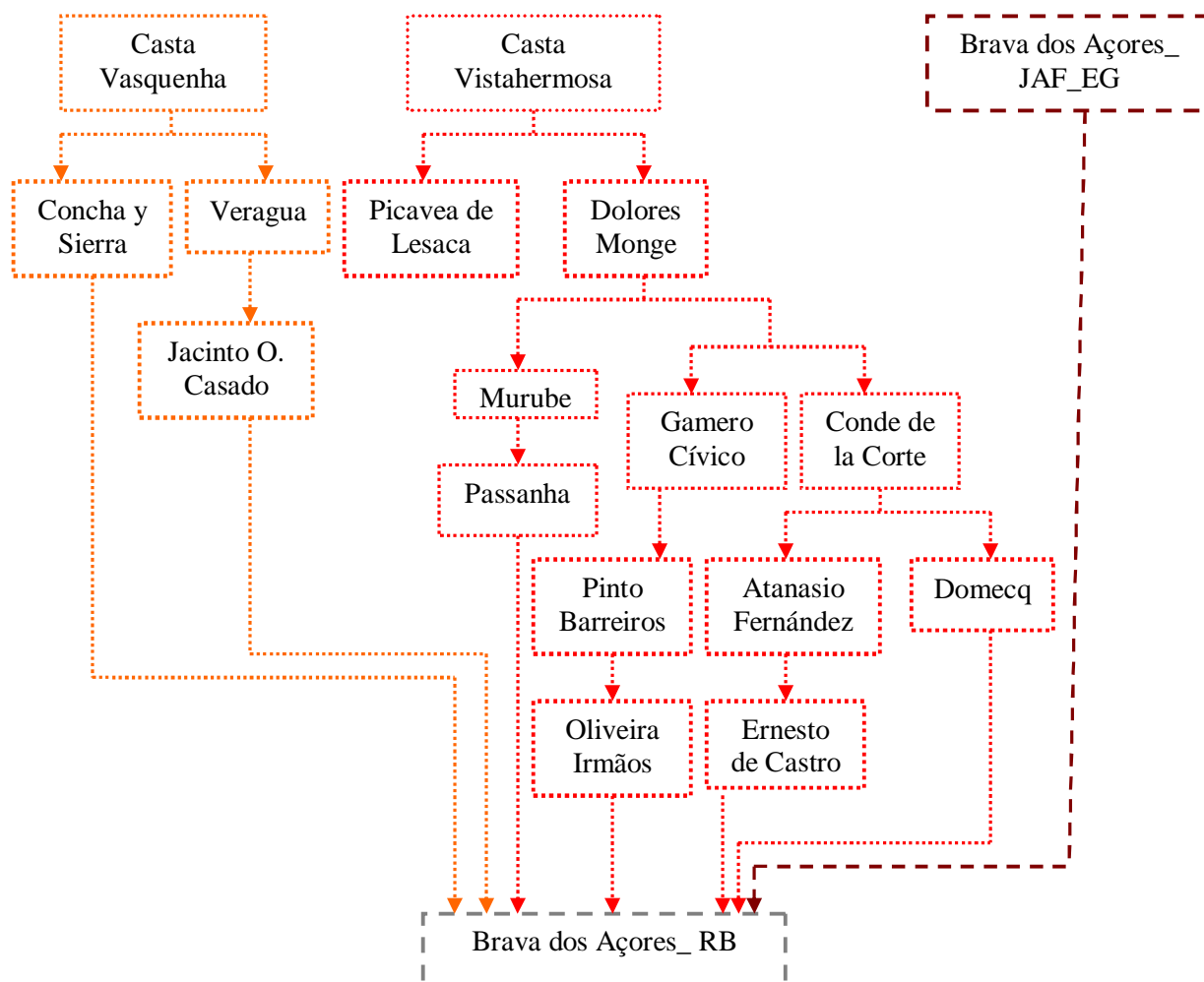
**Figura 10:** Fluxograma referente aos resultados obtidos para valores de K=40, em relação às semelhanças partilhadas entre a ganadaria JAF e ganadarias com origem espanhola.

Também na ganadaria de EG houve um animal a partilhar 21,4% de semelhanças do seu genoma com uma ganadaria de encaste Saltillo, a de Javier Moreno de la Cova (**Figura 11**).



**Figura 11:** Fluxograma referente a 40 populações ancestrais, em relação às semelhanças partilhadas entre a ganadaria EG e ganadarias com origem espanhola.

A estratificação permitida pelo valor de  $K=40$  permitiu ainda observar que as influências de Murube e Gamero Cívico recaíram sobre ganadarias portuguesas. O que já tinha ocorrido em  $K=25$ , com as semelhanças obtidas entre a ganadaria açoriana RB e a portuguesa ganadaria de Ernesto de Castro (Conde de la Corte – Atanasio Fernández), que em  $K=40$  foram evidenciadas através de um indivíduo da mesma exploração com 11,2% (**Figura 12**).



**Figura 12:** Fluxograma referente a 40 populações ancestrais, em relação às semelhanças partilhadas entre a ganadaria RB e ganadarias com origem espanhola.

Sendo assim EG teve um indivíduo com 21,4%, e RB outro com 17,1% semelhanças genómicas com a ganadaria portuguesa de Passanha (encaste Murube). Dois indivíduos de ganadarias açorianas, um de RB e um de EG partilharam ambos afinidades de 12,9% com a ganadaria portuguesa de Oliveira Irmãos (encaste Gamero Cívico – Pinto Barreiros).

## V. Discussão

### 5.1. Análise de Populações Ancestrais

Ao longo dos anos a origem dos animais da população de bovinos Brava dos Açores tem levantado várias questões (Bruges, 1915; Merelim, 1986; Lima, 2006). A influência das castas espanholas fundacionais do toiro de lide Cabrera, Vasquenha e Vistahermosa na população de bovinos bravos dos Açores, originou a estratificação observada na população em relação à raça Brava de Lide e contribuiu para o conhecimento do processo de formação deste recurso genético. Estudos semelhantes foram desenvolvidos por Cañón *et al.*, (2007b), através do estabelecimento de relações genéticas entre as ganadarias bravas actuais da *Unión de Criadores de Toros de Lidia* (U.C.T.L.). O conhecimento dessa afluência também permite classificar ganadarias e encastes, podendo-se definir prioridades de conservação (Cañón *et al.*, 2005).

As semelhanças observadas entre os indivíduos da população de bovinos Brava dos Açores e da ganadaria de Casta Portuguesa, Irmãos Dias (ID), corroboram, as informações encontradas na literatura sobre as influências espanholas nas populações de bovinos bravos portuguesas desenvolvidas pelos ganadeiros portugueses no século XIX, descritas por Almeida *et al.* (1953a); Almeida *et al.* (1953b); Cossío (1988), Morais (1992); Neves (1992); Lucas (2006) e Ferreira (2007).

No entanto, de acordo com Neves (1992) e Cossío (1988) as ganadarias que possuem este tipo de animais de Casta Portuguesa têm vindo a decrescer ao longo dos anos, por estarem pouco adaptados às condições impostas pelo toureio actual citadas por Domecq (2009). Este facto, pode solidificar o interesse para a conservação destas populações, como refere Cañón *et al.* (2008) e García (2008).

Segundo Ferreira (2007) os exemplares da população de bovinos Brava dos Açores, tem subsistido ao longo dos anos devido à tourada à corda na ilha Terceira, indicando que há uma procura por estes animais, e que há a necessidade real de se criarem medidas de conservação desta população, para além do conhecimento empírico hoje empregado na sua selecção.

### **5.1.1. Contributo para o Conhecimento da Formação da Casta Portuguesa**

Um dos objectivos do estudo é observar as influências dos diferentes encastes na população de bovinos Brava dos Açores, com a introdução de informação genética de uma ganadaria de Casta Portuguesa, o que contribuiu para o conhecimento da formação desta população de bovinos, desenvolvida pelos ganadeiros portugueses durante o século XIX.

Segundo a descrição efectuada por Neves (1992), a Casta Portuguesa, representada pela ganadaria ID (encaste Norberto Pedroso), resulta de um cruzamento entre os animais bravios portugueses e animais de Casta Vasquenha. No entanto, de acordo com os resultados obtidos, a ganadaria ID partilhou semelhanças com o encaste Miura até K=12 populações ancestrais. Quando agrupadas duas ou oito populações ancestrais, os indivíduos dessa ganadaria partilharam ainda semelhanças elevadas com as ganadarias espanholas de encaste Miura (Casta Cabrera), encaste Pablo Romero – ganadaria Partido de Resina (Casta Gallardo) e Araúz de Robles. Segundo Cañón *et al.* (2007b), estas três ganadarias espanholas ao nível filogenético tem uma grande proximidade entre si, devido às origens comuns que existem entre a Casta Cabrera e a Casta Gallardo. Almeida *et al.* (1953a); Almeida *et al.* (1953b); López del Ramo (1991); Morais, (1992); Neves (1992); López del Ramo (2002) e Lucas (2006) referem que ocorreram introduções de sementais Miura por

via paterna na ganadaria portuguesa de Palha durante o século XIX, sendo a única que introduz o Miura em Portugal, suportando o resultado obtido para ID.

Seria interessante efectuar estudos com mais efectivos oriundos na Casta Portuguesa, visto que não há garantias de terem ocorrido fluxos genéticos de sementais Miura, ou animais cruzados para outras ganadarias portuguesas a partir da ganadaria Palha (Oliveira, 2012). Almeida *et al.* (1953b); Morais (1992) e Lucas (2006) abordam a possível ocorrência de migrações deste tipo para várias ganadarias portuguesas, como a Casa Cadaval, de Emílio Infante da Câmara e David Ribeiro Telles e a importância que estas ganadarias tinham no seio das ganadarias portuguesas. Contudo Oliveira (2012), alerta para a fraca qualidade dos registos genealógicos das ganadarias portuguesas do século XIX e início do século XX.

Apesar de inesperado e maioritariamente os animais da ganadaria ID estarem agrupados com o encaste Miura, os resultados obtidos no programa STRUCTURE 2.3.3. (Pritchard *et al.*, 2000), demonstraram em menores proporções, em praticamente todos os valores de populações ancestrais utilizados, semelhanças ancestrais comuns às ganadarias de origem na Casta Vasquenha, tais como a ganadaria de Concha y Sierra e ganadarias de encaste Veragua (Jacinto Ortega Casado e Prieto de la Cal). Estes resultados podem reflectir os processos de deriva genética que ocorreram em ganadarias de origem vasquenha e migrações para ganadarias portuguesas, apontados por López del Ramo (1991); Morais, (1992); Neves (1992); López del Ramo (2002) e Lucas (2006) e que foram iniciados depois do monarca português D. Miguel de Bragança perder a guerra entre Liberais e Absolutistas.

As semelhanças que a ganadaria de ID obteve em relação aos encastes espanhóis vão de encontro ao tipo de linhas utilizadas nas ganadarias portuguesas do século XIX, descritas por Almeida *et al.* (1953a); Almeida *et al.* (1953b); Cossío (1988), Neves (1992) e Lucas

(2006). Por sua vez estes encastes espanhóis também eram os que dominavam as corridas de toiros em Espanha dos séculos XVIII e XIX (López del Ramo, 1991; López del Ramo, 2002; Domecq, 2009; U.C.T.L., 2011). Esta época coincide com a importância económica que ganha a corrida de toiros e a formação da raça Brava de Lide, como descreve López (1998) e U.C.T.L. (2011).

Segundo Almeida *et al.* (1953a); Almeida *et al.* (1953b); Cossío (1988), Neves (1992) e Lucas (2006) Portugal possui uma população de bovinos de raça brava própria que sofreu influência de castas espanholas. No presente estudo apenas é possível verificar as interferências que possam ter contribuído para a formação da Casta Portuguesa. Um estudo semelhante com mais ganadarias de Casta Portuguesa, ganadarias de origem nas Castas Cabrera e Vasquenha, e raças autóctones portuguesas resultaria em interessantes resultados para esclarecer melhor a formação deste recurso genético português.

### **5.1.2. Posicionamento Genético do Gado Bravo dos Açores em relação ao Toiro de Lide de Casta Portuguesa e Encastes Espanhóis**

#### **▪ Posicionamento do gado bravo dos Açores em relação à Casta Portuguesa e Castas de Cabrera, Gallardo e Vasquenha**

Com o delineamento experimental utilizado e de acordo com índices reduzidos de bravura que possuíam os bovinos dos espectáculos taurinos na ilha Terceira antes de 1910 descritos por Bruges (2000), parece mais correcto fazer a interpretação dos resultados obtidos para os diferentes valores de K, mediante os registos históricos referentes à primeira introdução de bovinos de raça Brava de Lide na ilha Terceira.



Possivelmente a primeira introdução de um exemplar de raça Brava de Lide foi um toiro reprodutor/ (semental) da ganadaria Herdade de Pancas – ganadaria de Casta Portuguesa como referem Bruges (1915); Bruges (1997); e Costa (2000).

Parreira (1971); Morais (1992); Costa (1999); A.R.C.T.T.C. (2006) e Lucas (2006) referem a introdução de indivíduos de ganadarias de Casta Portuguesa nas ganadarias de Tomáz Mesquita e Borba, Castro Parreira e José Albino Fernandes sensivelmente até à década de 1970. Estas influências podem estar relacionadas pelas semelhanças observadas entre os bovinos bravos açorianos e ganadaria de ID, bem como as origens na Casta Cabrera e Vasquenha com maior incidência entre 3 e 8 populações ancestrais. Estes resultados poderiam evidenciar a introdução de material genético por via paterna oriundo nas castas espanholas acima descritas, proveniente de animais da ganadaria Palha em ganadarias açorianas, contudo Parreira (1971); Lucas (2006) e Mendonça (2011) indicam que estes animais tinham origem em Pinto Barreiros (Casta Vistahermosa).

No entanto, segundo a literatura o sistema de produção das ganadarias bravas terceirenses do início do século XX, funcionava à base da introdução de sementais de raça Brava de Lide em vacadas de gado nativo da ilha (popularmente designado de Catrina) (Bruges, 1915; Merelim, 1986; Bruges, 1997 e Costa, 1999). Silva (2011) relata cruzamentos deste tipo realizados na ganadaria de José Dinis Fernandes e Parreira (1971) refere cruzamentos do mesmo tipo e a utilização do semental “Minhoto” da ganadaria de Patrício, a qual se desconhece a origem. Tendo em conta estas informações e as características do estudo realizado, as influências do gado nativo da ilha não são possíveis observar neste trabalho.

Sendo assim, esta informação sedimenta as possíveis influências de várias ganadarias de Casta Portuguesa sobre as ganadarias açorianas. Contudo, o isolamento de grupos ancestrais da maior porção do genoma de grande parte dos animais açorianos apenas

ocorreu em  $K=12$ , o que apoia a forte influência da raça Brava de Lide sobre a população de bovinos Brava dos Açores. Pois a constituição de grupos distintos com o incremento de  $K$  sucede devido à utilização de microssatélites neutros (reflectem isolamento reprodutivo), fazendo com que as primeiras populações que se separam, são aquelas que estão isoladas num período de tempo maior (Charlesworth *et al.*; 1994).

Quanto ao gado nativo da ilha, seria interessante conhecer a sua influência sobre a população de bovinos Brava dos Açores, o que poderia ser possível com a utilização de informação genética de ambas as populações, raças autóctones portuguesas e encastes do toiro de lide. Relativamente à origem do gado nativo da ilha apenas podemos referir que muito provavelmente estará relacionada de forma intrínseca com a grande diversidade genética que aportam os bovinos autóctones portugueses e também os bovinos ibéricos (Cáñon *et al.*, 2001; Cortés *et al.*, 2008; Martín-Burriel *et al.*, 2011).

## ▪ **Posicionamento do gado bravo dos Açores em relação à Casta Vistahermosa**

Segundo Cortés (2008), 70% da origem do toiro de lide actual provém de uma linha ancestral comum, que ao tudo indica é a Casta Vistahermosa, possivelmente por estar melhor adaptada às exigências do toureio contemporâneo. Segundo Montesinos (1997); Montesinos (2002); Lucas (2006) e U.C.T.L. (2011) a grande diversidade de encastes derivados desta casta fundacional do toiro de lide estão difundidos por todos os países do mundo onde se efectua a criação do toiro de lide. Os resultados obtidos para valores superiores a 8 populações ancestrais definiram de forma clara as influências da Casta Vistahermosa sobre a população de bovinos Brava dos Açores, descritas por Parreira (1971); Costa (1999); D.R.D.A. (2002); A.R.C.T.T.C. (2006); Lucas (2006) e Correia (2009).

Contudo, apenas em  $K=40$  é que as influências desta casta, resultaram mais esclarecedoras de acordo com registos genealógicos existentes das ganadarias açorianas em estudo (RB, JAF e EG).

As semelhanças observadas entre animais da população de bovinos Brava dos Açores e a ganadaria de Ernesto de Castro (origem Tamarón - Conde de la Corte - Atanasio Fernández) vão de encontro ao descrito por Costa (1999), relativamente às introduções de animais da ganadaria de Infante da Câmara que segundo López del Ramo (2002) e Lucas (2006) substituiu o efectivo de Casta Portuguesa para gado proveniente de Alves do Rio (ganadaria responsável pela introdução e difusão do encaste Tamarón em Portugal) no ano de 1929.

Por sua vez, as relações estabelecidas em vários valores de  $K$  com o encaste Gamero Cívico e com maior impacto em  $K=40$  com as ganadarias de Oliveira Irmãos (encaste – Gamero Cívico - Pinto Barreiros), revela a influência que esta ganadaria, e ou encaste teve na ilha Terceira referidas anteriormente desde os ganadeiros José Dinis Fernandes, Castro Parreira, bem como nas ganadarias em estudo RB, JAF e EG (através da aquisição de reprodutores de Pinto Barreiros, Oliveira Irmãos, Palha, David Ribeiro Telles e José Pedrosa) (Parreira, 1971; A.R.C.T.T.C., 2006, Lucas, 2006; Silva, 2011). Já as afinidades obtidas entre  $K=8$  e  $K=25$  entre ganadarias açorianas e as de encaste Pedrajas podem estar relacionadas com as origens comuns entre este encaste, o de Gamero Cívico e Tamarón na ganadaria espanhola extinta de Fernando Parladé (López del Ramo, 2002; Montesinos 2002; Cañón *et al.*, 2007b; U.C.T.L., 2011).

A pouca afinidade entre as ganadarias açorianas e as ganadarias de encastes derivados de Saltillo evidenciada em  $K=40$ , nomeadamente em JAF podem estar relacionadas com a introdução de fêmeas e machos de Ortigão Costa na década de 90 (cruzamento de Santa Coloma e Guardiola - Gamero Cívico) (Montesinos 1997; López del Ramo, 2002;

A.R.C.T.T.C., 2006 e Lucas, 2006). Por sua vez, a influência do mesmo encaste observada em EG pode indicar introduções deste encaste em Portugal na antiga ganadaria de Emílio Infante da Câmara (López del Ramo, 2002).

Os resultados obtidos em K=40 observados entre as ganadarias de RB, EG e Passanha indicam as influências do encaste Murube nas explorações açorianas em estudo, possivelmente relacionadas com migrações entre as ganadarias portuguesas de Samuel Lupi e Rio Frio indicadas por A.C.R.T.T.C. (2006) e Lucas (2006).

### **5.1.3. Manutenção da Diversidade Ancestral**

Depois de termos relacionado os resultados obtidos com registos existentes sobre fluxos genéticos entre ganadarias de origem espanhola, de Casta Portuguesa e as ganadarias açorianas, será também importante compreender o facto de como se podem ter conservado as diferentes influências de encastes do toiro de lide, na população de bovinos Brava dos Açores.

Devido a uma maior adaptação de alguns encastes derivados da Casta Vistahermosa relativamente às exigências do toureio contemporâneo, tem sido estas linhas as privilegiadas para integrar a maioria dos efectivos de bravo ibéricos e as mais procuradas pelos empresários taurinos (Neves, 1992; Lucas, 2006; Domecq; 2009 e Barquerito 2010). Mediante as introduções de gado de origem Vistahermosa nos Açores descritas por Parreira, (1971); Costa, (1999); A.R.C.T.T.C., (2006), Lucas, (2006) e Silva (2011), e as necessidades que os ganadeiros açorianos tiveram em melhorar os seus efectivos, tendo em conta a corrida de toiros, poderia ser prevista uma grande proporção de encastes derivados de Vistahermosa nos animais das ganadarias açorianas utilizados no estudo. Contudo a partir de k=8 as semelhanças entre animais açorianos e de encastes derivados de Vistahermosa nunca predominaram na população de bovinos Brava dos Açores.

No entanto, os valores observados em  $K=40$  demonstraram algumas afinidades entre bovinos da população Brava dos Açores e as ganadarias portuguesas de Ernesto de Castro, Passanha e Oliveira Irmãos, bem como ganadarias de encaste Domecq. Estes resultados observados vão de encontro às linhas introduzidas pelos ganadeiros açorianos para fazer um melhoramento genético, tendo em vista as corridas de toiros, (Bruges, 1997; Costa, 1999; Costa, 2000; DRDA, 2002 e Correia, 2009). Segundo M.M.A.M.R.M. (2011) os ganadeiros idealizam o seu tipo de toiro e tem a liberdade de efectuar os cruzamentos que lhes parecem mais indicados para atingir os seus objectivos. Contudo, o cruzamento indiscriminado entre bovinos Brava dos Açores e determinados encastes pode por em causa a manutenção das características e sobrevivência de uma população de gado bravo desenvolvida pelos ganadeiros açorianos.

Inesperadamente, a quando de  $K=2$ ,  $K=3$  e  $K=8$ , a maioria dos animais da população de bovinos Brava dos Açores partilhou grande parte das suas semelhanças genómicas com o grupo de ganadarias ID, encastes, ou ganadarias que contribuíram para a formação da Casta Portuguesa. Estes dados podem revelar uma selecção empírica realizada pelos ganadeiros açorianos para a tourada à corda ao longo do século XX e que deu preferência aos animais de Casta Portuguesa, que tinham poucas qualidades para as corridas de toiros (Neves, 1992 e Silva, 2011). Embora as características para a selecção do toiro para a tourada à corda não estejam bem definidas em relação aos produtos para as corridas de toiros, o isolamento reprodutivo entre linhas e a aplicação de métodos para seleccionar os melhores reprodutores para a tourada à corda observa-se em ganadarias açorianas de acordo com D.R.D.A. (2002) e Correia (2009).

## VI. Conclusões e Perspectivas Futuras

Através dos resultados obtidos na análise de populações ancestrais pelo modelo de Pritchard *et al.* (2000) com a relação entre as ganadarias açorianas de RB, JAF, EG, a de Casta Portuguesa de ID e as ganadarias de origem espanhola inscritas na *Unión de Criadores de Toros de Lidia*, foi possível obter informação que permite contribuir para a evolução das ganadarias bravas açorianas ao longo do século XX.

Identificaram-se influências de encastes espanhóis derivados de Casta Portuguesa, Cabrera, Gallardo, Vasquenha e Vistahermosa, para os diversos números de populações ancestrais.

As semelhanças entre a ganadaria ID e as Castas Cabrera e Vasquenha, vão de encontro ao que é referido na literatura quanto à influência das castas espanholas na formação da Casta Portuguesa. Sendo assim, será mais provável que as influências espanholas de Casta Cabrera e Vasquenha sobre as ganadarias açorianas, resultem da introdução de várias ganadarias de Casta Portuguesa nos Açores.

Os resultados obtidos entre  $K=2$  e  $K=8$  com as respectivas porções de 8888% entre as ganadarias açorianas e as ganadarias de Casta Portuguesa, de Casta Cabrera e Casta Vasquenha, reflectem uma selecção onde prevaleceu este tipo de animal por estarem mais adaptados à tourada à corda. Entre  $K=8$  e  $K=40$  as porções do genoma partilhados de ganadarias de Casta Vistahermosa indicam o melhoramento que os ganadeiros tentaram fazer para melhorar os seus produtos para a corrida de toiros.

A realização de um estudo semelhante, com ganadarias açorianas, com um maior número de ganadarias de Casta Portuguesa, ganadarias de origem espanhola, raças autóctones portuguesas e possivelmente com animais nativos da ilha seria interessante para esclarecer os processos de formação das ganadarias açorianas e de Casta Portuguesa.

Para além dos conhecimentos adquiridos, que esclarecem algumas questões quanto à formação da população de bovinos Brava dos Açores, também realçam a importância de delinear prioridades à conservação destes animais. Por isso, sendo conscientes do impacto que tem a tourada à corda na sociedade açoriana, das características das ganadarias açorianas, dos problemas que podem ocorrer, ou existir ao nível da diversidade genética destas populações, do impacto das questões morfológicas sobre o desempenho físico dos animais, seria importante desenvolver investigações nestas áreas.

## VII. Referencias Bibliográficas

- Achilli, A; Olivieri, A; Pellecchia, M; et al. (2008) Mitochondrial genomes of extinct aurochs survive in domestic cattle. *Current Biology* 18, 157-8.
- Almeida, J. D; Perez, R; Nunes, L; Baptista, F. (1953). *Historia da Tauromaquia Técnica e Evolução Artística do Toureio*. Artis, Lisboa. I volume 17-32.
- Almeida, J. D; Perez, R; Nunes, L; Baptista, F. (1953). *Historia da Tauromaquia Técnica e Evolução Artística do Toureio*. Artis, Lisboa. II volume 309-336.
- Andersson, L; Lundén, A; Sigurdardóttir, S; Davies, C. J; Rask, L. (1988). - Linkage relationships in the bovine MHC region. High recombination frequency between class II subregions. *Immunogenetics*, 27 (4), 273-280.
- Anderung, C; Bouwman, A; Persson, P; Carretero, J. M; Ortega, A .I; Elburg, R; Smith C; Arsuaga, J. L; Ellegren, H; Gotherstrom, A. (2005) Prehistoric contacts over the Straits of Gibraltar indicated by genetic analysis of Iberian Bronze Age cattle. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 102, 8431-5.
- Associação Criadores Regional Toiros para a Tourada à Corda, A.R.C.T.T.C. (2006). *Ganadarias*. In: <http://www.toiroscorda.com/antigo/index.php?op=ganadarias>. Consulta efectuada a 4 de Outubro de 2010.
- Bannasch, D. L; Bannasch, M. J; Ryun, J. R; Famula, T. R; Pedersen, N. C. (2005) Y chromosome haplotype analysis in purebred dogs. *Mammalian Genome* 16, 273-80.
- Barendse, W; Armitage, S. M; Kossarek, L. M; Shalom, A; Kirkpatrick, B. W; Ryan, A. M; Clayton D; Li L., Neibergs H.L., Zhang N., et al. (1994). A genetic linkage map of the bovine genome. *Nat Genet*. Mar;6(3):227-35.



- Barquerito. (2010). 2009 (II): La democracia. Revista Aplausos. Nº1687, Ano XXXIV; 10-11.
- Beever, H. J; Forster, P; Röhl A. (1994). A genetic map of nine loci on bovine chromosome 2. *Mammalian Genome*. 5(9):542-5
- Beja-Pereira, A; Alexandrino, P; Bessa, I; Carretero, Y; Dunner, S; Ferrand, N; Jordana, J; Laloe, D; Moazami-Goudarzi, K; Sanchez, A; Cañón, J. (2003). Genetic Characterization of Southwestern European Bovine Breeds: A Historical and Biogeographical Reassessment With a Set of 16 Microsatellites. *Journal of Heredity* 2003:94(3):243–250. DOI: 10.1093/jhered/esg055
- Beja-Pereira, A; Almeida N. F. (2005). GENÉTICA, BIOTECNOLOGIA E AGRICULTURA. Principia, Publicações Universitárias e Científicas. Sociedade Portuguesa de Inovação. Porto. 1.ª Edição. 96 pp.
- Beja-Pereira, A; Caramelli, D; Lalueza-Fox, C; et al. (2006) The origin of European cattle: evidence from modern and ancient DNA. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 103, 8113-8.
- Bensusan, R. (1989) *Taurologia – La Ciência del Toro de Lidia*. Edições Espasa Calpe 530 pp.
- Bishko, C. J. (1952). The Peninsular background of Latin American cattle ranching. *The Hispanic American Historical Review* 32, 491-515.
- Bishop, M. D; Kappes, S. M; Keele, J. W; Stone, R. T; Sunden, S. L; Hawkins, G. A; Toldo, S. S; Fries, R; Grosz, M. D; Yoo, J; et al. (1994) A genetic linkage map for cattle. *Genetics* 136, 619-39.
- Bruford, M. W; Bradley, D. G; Luikart, G. (2003) DNA markers reveal the complexity of livestock domestication. *Nature Reviews Genetics* 4, 900-10.

- Bruges, J. (1915). A Ilha Terceira. Notas sobre a sua Agricultura, Gados e Industrias Anexas. Instituto Superior de Agronomia, Lisboa, 25-99.
- Bruges, A. (1997). O TOIRO NA ILHA TERCEIRA – BREVE NOTA SOBRE A SUA APARIÇÃO E EVOLUÇÃO. Festa na Ilha nº 1 p. 6-7, 48pp.
- Bruges, A. (2000). O TOIRO DA ILHA. Festa na Ilha nº 4 p. 4-6, 60pp.
- Cañón, J; Alexandrino, P; Bessa, I; Carleos, C; Carretero, Y; Dunner, S; Ferran, N; Garcia, D; Jordana, J; Laloë, D; Pereira, A; Sanchez, A; Moazami- Goudarzi, K. (2001) Genetic diversity measures of local European beef cattle breeds for conservation purposes. *Genetics Selection and Evolution*, 33: 311-332.
- Cañón, J; Fernández, J; Cortés, O; Garcia, D; Atance, M; Dunner, S. (2005). Estudio de los encastes y ganaderías utilizando marcadores de ADN. VII Congreso Mundial de Ganaderos de Toros de Lidia. 26 pp.
- Cañón, J; García, D; García-Atance, M. A; Obexer-Ruff, G; Lenstra, J. A; Ajmone-Marsan P. & Dunner S. (2006) Geographical partitioning of goat diversity in Europe and the Middle East. *Animal Genetics* 37, 327-34.
- Cañón, J; Cortés, O; García, D; García-Atance, M. A; Tupac-Yupanqui, I; Dunner, S. (2007a) Distribución de la variabilidad genética en la raza de lidia. *Archivos de Zootecnia*, 56 (Sup. 1): 391-396.
- Cañón, J; Fernández, J; García-Atance, M. A; Tupac-Yupanqui, I; Cortés, O; García, D; Dunner, S. (2007b) Relaciones genéticas entre ganaderías de lidia en función de su origen. *Archivos de Zootecnia*, 56 (Sup.1): 383-390.
- Cañón, J; Tupac-Yupanqui, I; García-Atance, M. A; Cortés, O; Garcia, D; Fernández, J; Dunner S. (2008). Genetic variation within the Lidia bovine breed. *International*

Society for Animal Genetics, *Animal Genetics*, 39, 439–445 doi:10.1111/j.1365-2052.2008.01738.x

Capucha, L. (2011). Comunicado sobre as esperas da Feira 2011. Associação Ludo Tauros. [http://www.tauromania.com/noticias\\_detail.php?typ=breves&aID=6791](http://www.tauromania.com/noticias_detail.php?typ=breves&aID=6791). Consulta efectuada a 9 de Novembro de 2011

Carolino, N; Gama, L. T. (2008a). Inbreeding depression on beef cattle traits: Estimates, linearity of effects and heterogeneity among sire-families. *Genet. Sel. Evol.* 40 511–527. DOI: 10.1051/gse:2008018

Carolino, N; Gama, L. T. (2008b) Indicators of genetic erosion in an endangered population: the Alentejana cattle breed in Portugal. *Journal of Animal Science* 86, 47-56 pp.

Chapuis, M. P; Estoup, A. (2007) Microsatellite null alleles and estimation of population differentiation. *Molecular Biology and Evolution* 24, 621-31.

Charlesworth, B; Sniegowski, P; Stephan, W. (1994) The evolutionary dynamics of repetitive DNA in eukaryotes. *Nature* 371, 215-20.

Chen, S; Lin, B; Baig, M; Mitra, B; Lopes, R. J; Santos A. M; Magee, D. A; Azevedo, M; Tarroso, P; Sasazaki, S; Ostrowski, S; Mahgoub, O; Chaudhuri, T. K; Zhang, Y; Costa, V; Royo, L. J; Goyache, F; Luikart, G; Boivin, N; Fuller D. Q; Mannen, H; Bradley, D. G; Beja-Pereira, A. (2010). Zebu Cattle Are an Exclusive Legacy of the South Asia Neolithic. *Mol. Biol. Evol.* 27(1):1–6. 2010 doi:10.1093/molbev/msp213.

Childers, C. P; Reese, J. T; Sundaram J. P; Vile D. C; Dickens, C. M; Childs, K. L; Salih H; Bennett, A. K; Hagen, D. E; Adelson, D. L; Elsik, C. G. (2011). Bovine Genome Database: integrated tools for genome annotation and discovery. *Nucleic Acids Res.*

39:D830-4. PMID:21123190 Reese JT; Childers CP; Sundaram JP; Dickens CM; Childs KL; Vile DC; Elsiek CG. 2010. Bovine Genome Database: supporting community annotation and analysis of the *Bos taurus* genome. BMC Genomics. 11:645. PMID: 21092105.

Cid, P. (2001). O Exterior dos Bovinos das Raças Autóctones. Edições Garrido, 123 pp.

Clutton-Brock, J. (1999) A natural history of domesticated mammals. Cambridge University Press, Cambridge.

Cordero, D. (2010). Fotos taurinas em [http://davidcordero.es/TOROS\\_EN\\_EL\\_CAMPO/Paginas/IRMAOS\\_DIAS.html](http://davidcordero.es/TOROS_EN_EL_CAMPO/Paginas/IRMAOS_DIAS.html)  
Consulta efectuada a 3 de Março de 2011.

Correia, P. B. (2009) – Parasitismo em Bovinos de Raça Brava da Ilha Terceira. Tese para a obtenção do grau de licenciatura. Escola Superior Agrária de Santarém. 83 pp.

Cortés, O; Dunner, S; García-Atance, M. A; García, D; Cañón, J. (2007). Matrilíneas en la formación del ganado bovino de lidia. Archivos de Zootecnia, 56 (Sup. 1): 397-402.

Cortés, O. (2008). Análisis de la variabilidad genética en la raza bovina de lidia utilizando información molecular. Tesis Doctoral. Universidad Complutense de Madrid, Madrid.

Cortés, O; Tupac-Yupanqui, I; Dunner, S; García-Atance, M. A; Fernández, J; Cañón, J. (2008). Ancestral matrilineages and mitochondrial DNA diversity of the Lidia cattle breed. International Society for Animal Genetics, Animal Genetics, doi:10.1111/j.1365-2052.2008.01782.x

Cortés, O; Tupac-Yupanqui, I; Dunner, S; Fernández, J; Cañón, J. (2011) Y chromosome genetic diversity in the Lidia bovine breed: a highly fragmented population. J. Anim. Breed. Genet. (2011) 1–6. doi:10.1111/j.1439-0388.2011.00951.x

- Cossío, J. M. (1988). EL COSSIO: LOS TOROS, Tratado Técnico e Histórico. Tomo I. Espasa-Calpe. X Edição.
- Costa, G. (1999). A Ganadaria Brava na Ilha Terceira. Revista Festa na Ilha nº 3, 18-22 pp.
- Costa, G. (2000). “CRIADORES” DE GADO BRAVO – ALVORES DO SÉCULO XX. Festa na Ilha nº 4 p. 18-20, 60pp.
- Cymbron, T; Loftus, R. T; Malheiro M. I; Bradley D. G. (1999) Mitochondrial sequence variation suggests an African influence in Portuguese cattle. Proceedings of the Royal Society of London, Series B, Biological Sciences 266, 597-603.
- Cymbron, T; Freeman, A. R; Malheiro, I, M; Vigne, J.D; Bradley, D. G. (2005) Microsatellite diversity suggests different histories for Mediterranean and Northern European cattle populations. Proc R Soc Lond B Biol Sci 272: 1837–1843. doi: 10.1098/rspb.2005.3138.
- Domecq, J. P. (2009). Del Toreo a la Bravura. Alianza. Madrid. 23-140pp.
- Direcção Regional do Desenvolvimento Agrário (D.R.D.A). (2002) – Caracterização do Gado Bravo da Ilha Terceira. Angra do Heroísmo. 30-50 pp.
- Dunner, S; Cañón, J. (2006) Solution for the indefinite maintenance of nucleic acids in the cell of origin thereof. Patent WO2006/040376.
- Edwards C. J; Ginja, C; Kantanen, J; Pérez-Pardal, L; Tresset, A; Stock, F; European Cattle Genetic Diversity Consortium; Gama, L. T; M. Cecilia T. Penedo, M. C. T; Bradley D. G; Lenstra J. A; Nijman I. J. (2011). Dual Origins of Dairy Cattle Farming – Evidence from a Comprehensive Survey of European Y-Chromosomal Variation. PLoS ONE 6(1): e15922. doi:10.1371/journal.pone.0015922.

- Edwards, J. C; Bollongino, R; Scheu, A; Chamberlainc, A; Tresset, A; Vigne J. D; Baird, F. J; Larson, G; Ho, S. Y.W; Heupink, T. H; Shapiro, B; Freeman, A. R; Thomas, M. G; Arbogast R. M; Arndt, B; Bartosiewicz, L; Benecke, N; Budja, M; Chaix, L; Choyke, A; Coqueugniot, E; Hans-Jürgen Döhle, Holger, H. J. D; Hartz, S; Helmer, D; Herzig. B.; Hongo, H; Mashkour, M; Mehmet; Özdoğan, M; Pucher, E; Roth, G; Schade-Lindig, S; Schmölcke, U; Schulting, J. R; Stephan, E; Uerpmann, H. P; Vörös, I; Voytek, B; Bradley D. G; Burger; J. (2007). Mitochondrial DNA analysis shows a Near Eastern Neolithic origin for domestic cattle and no indication of domestication of European aurochs. *Proc. R. Soc. B* 274, 1377-1385
- Edding J. H; Laval G. (1996). Geenbank and the conservation of farm animal genetic resource. Chapter 3, 33-58 pp.
- Edding, J. H; Laval G. (1999) Measuring Genetic Uniqueness in livestock. In: Genebanks and the conservation of farm animal genetic resources. Ed. J.K. Oldenbroek. DLO Inst. Anim. Sci. & Health. Holanda.
- Falconer, D.S.; Mackay, T.F.C. (1996) Introduction to quantitative genetics. Longman House, Harlow.
- FAO/UNEP. (2000). World watch list for domestic animal diversity. (ed. by Scherf BD). Food and Agriculture Organisation of the United Nations. Roma.
- FAO. (2004). Measurement of Domestic Animal Diversity - A review of recent diversity studies. p. 38. Food and Agriculture Organisation of the United Nations, Commission on Genetic Resources, Working Group on Animal Genetic Resources, Rome, Italy.

- FAO. (2007) The state of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture. (eds. by Rischkowsky B & Pilling D),. Food and Agriculture Organization of the United Nations. Roma 512 pp..
- Fernández, J. (2011). Desenhos de Manuel Castellano – Comunicação pessoal.
- Fernández, M (2011). REPORTAJE VI La soledad de los encastes únicos - Victorino Martín: 'El Estado nos maltrata'. [www.mundotoro.com](http://www.mundotoro.com). Consulta efectuada a 26 de Fevereiro de 2011.
- Ferreira, A. (2007). Toiros – Casta da Terra. Revista Festa na Ilha nº 11, 45pp.
- 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 pp.
- García, D. G. (2008) – Diversidad Genética y Establecimiento de Prioridades en Esquemas de Conservación: Ejemplo de Aplicación en la Raza de Lidia. Tese para obtenção do grau de doutoramento. Universidade Complutense de Madrid – Faculdade de Medicina Veterinária. 159 pp.
- Geigl, E. M. (2008) Palaeogenetics of cattle domestication: methodological challenges for the study of fossil bones preserved in the domestication centre in Southwest Asia. *Comptes Rendus Palevol* 7, 99-112.
- Georges, M; Drinkwater, R; King, T; Mishra, A; Moore, S. S; Nielsen, D; Sargeant, L. S; Sorensen, A; Steele, M. R; Zhao, X; Womack, J. E; Hetzel, J. (1993). Microsatellite mapping of a gene affecting horn development in *Bos taurus*. *Nature Genetics* 4, 206 - 210 (1993) doi:10.1038/ng0693-206.
- Ginja, C; Penedo, M. C. T; Melucci, L; Quiroz, J;. Martínez López, O. R; Revidatti, M. A; Martínez-Martínez, A;, Delgado, J. V; Gama, L. T. (2010a). Origins and genetic

diversity of New World Creole cattle: inferences from mitochondrial and Y chromosome polymorphisms. *Stichting International Foundation for Animal Genetics, Animal Genetics*, 41, 128–141. doi:10.1111/j.1365-2052.2009.01976.x

Ginja, G; Penedo, CT. M; Sobral, F. M; Matos, J; Borges, C; Neves, D; Figueiredo T. R; Cravador, A. (2010b). Molecular genetic analysis of a cattle population to reconstitute the extinct Algarvia breed. *Ginja et al. Genetics Selection Evolution* 2010, 42:18

Ginja. C; Gama L. T; Penedo M. C. (2009). Y Chromosome Haplotype Analysis in Portuguese Cattle Breeds Using SNPs and STRs. *Journal of Heredity*:100(2):148–157

Gotherstrom, A; Anderung, C; Hellborg, L; Elburg, R; Smith, C; Bradley, D. G; Ellegren H. (2005). Cattle domestication in the Near East was followed by hybridization with aurochs bulls in Europe. *Proceedings of the Royal Society of London, Series B, Biological Sciences* 272, 2345-50.

Griffiths, A. J. F; Susan, R. W; Richard, C. L; Sean, B. C. (2007). *Introduction to Genetic Analysis*. Editorial McGraw-Hill.

Handley, L. J; Byrne, K; Santucci, F; Townsend, S; Taylor, M; Bruford, M.W; Hewitt, G. M. (2007). Genetic structure of European sheep breeds. *Journal of Heredity*. 99: 620-31

Jordana, J; Alexandrino, P; Beja-Pereira, A; Bessa, I., Cañón, J; Carretero, Y; Dunner, S; Laloë, D; Moazami-Goudarzi, K; Sanchez, A; Ferrand, N. (2003). Genetic structure of eighteen local south European beef cattlebreeds by comparative F-statistics analysis. *J. Anim. Breed. Genet.* 120, 73–87. ISSN 0931–2668



- Kimura, M; Crow, J. F. (1964). The Number of Alleles that can be Maintained in a Finite Population. *Genetics*. 49: 725-738.
- Larrea, K; Napal, S; Reta, M; Villanueva, R. (2005) Cuatro siglos de Casta Navarra (1605–2005). Pasado, presente y futuro. Editorial Evidencia Médica S.L., Pamplona.
- Lima, A. (2005). Alguns Equívocos da História do Toiro e do Toureio. *Revista Festa na Ilha* nº 9, 4-5 pp.
- López, A. (1998) La cría del ganado de lidia y la gran explotación agraria en Andalucía (s. XVIII – XIX). Universidade de Sevilha. *Estudios Agrosociales y Pesqueros*; nº 184, pp 137-138.
- López del Ramo, J. (1991). Por las Rutas del Toro. *Espassa-Calpe*. 367-404 pp.
- López del Ramo, J. (2002). Las Claves del Toro. *Espassa Calpe*. 208-227 pp.
- Lucas, V. (2006) – *Ganadarias Portuguesas 2006*. Ed. Associação Portuguesa de Criadores de Toiros de Lide, Porto Alto, 30-150 pp.
- Martin-Burriel, I; Rodellar, C; Johannes, A. L; Sanz, A; Cons, C; Osta, R; Reta, M; Argüello, S; Sanz, A; Zaragoza, P. (2007). Genetic Diversity and Relationships of Endangered Spanish Cattle Breeds. *Journal of Heredity*. doi:10.1093/jhered/esm096.
- Martín-Burriel, I; Rodellar, C; Cañón, J; Cortés O; Dunner, S; Landi, V; A. Martínez-Martínez, A; Gama, L. T; Ginja, C; Penedo, C. T; Sanz, A; Zaragoza, P; Delgado, J. V. (2011). Genetic diversity, structure, and breed relationships in Iberian cattle. *J. Anim. Sci.* 89:893–906.
- Mateus, J. C; Penedo, M. C; Alves, V. C; Ramos, M; Rangel-Figueiredo, T. (2004). Genetic diversity and differentiation in Portuguese cattle breeds using microsatellites. *Animal Genetics* 35, 106-113.

- Merelim, P. (1986). Tauromaquia Terceirense. Ed. Delegação do Turismo de Angra do Heroísmo 797 pp.
- Mendonça, J. F. (2011). Representante da ganadaria Palha. Comunicação pessoal.
- Ministério de Médio Ambiente y Médio Rural y Marino (M.M.A.M.R.M). (2011). Programa de Mejora de la Raza de Lúdia. 1-38 pp.
- Montesinos, A. (1997). El Toro de Santa Coloma. Consejo General de Colegios Veterinarios de España. 200-349 pp.
- Montesinos, A. (2002). Prototipos Raciales del Toro de Lidia . Ed. Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación, Madrid.45-90 pp
- Morais, A. M. (1992). A Praça de Toiros de Lisboa – Campo Pequeno. Fnac, 500-700 pp.
- Neves, F. (1992) O Toiro de Lide em Portugal. Edições Inapa 16-87 pp.
- Oliveira, M. I. (2012). Representante da ganadaria portuguesa Herdeiros de Cunhal Patrício. Comunicação pessoal.
- Parreira, C. (1971). Livro Genealógico da Ganadaria Castro Parreira.34-76 pp.
- Pellecchia, M; Negrini, R; Colli, L; Patrini, M; Milanesi, E; Achilli, A; Bertorelle, G; Cavalli-Sforza, L. L; Piazza, A; Torroni, A; Ajmone-Marsan, P. (2007) The mystery of Etruscan origins: novel clues from Bos taurus mitochondrial DNA. Proceedings of the Royal Society of London, Series B, Biological Sciences 274, 1175-9.
- Peter, C; Bruford, M; Perez, T; Dalamitra, S; Hewitt, G; Erhardt, G. (2007) Genetic diversity and subdivision of 57 European and Middle-Eastern sheep breeds. Animal Genetics 38, 37-44.
- Primo, A. T. (1992) El ganado bovino Iberico en las Americas: 500 anos despues. Archivos de Zootecnia 41, 421-32.

- Primo, A. T. (2004) América: conquista e colonização. Movimento, Porto Alegre, Brazil.
- Pritchard, J. K; Stephens, M; Donnelly, P. (2000) Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155, 945-59.
- PUCHEU, B. (2001) LE TAUREAU DE COMBAT : origine des races, élevage et sélection des caractères anatomiques et comportementaux. Université Paul-Sabatier de Toulouse. Tese para a obtenção de Doutor Veterinário. 97 pp.
- Quintero, C. D; Castro, V. D. C; Ceballos, R. U. J. (2010). Niveles y efectos de la consanguinidad en variables de comportamiento durante la tienta y la lidia en dos ganaderías de reses bravas de Colombia. *Acta Agron.* [online]. Vol.59, n.2, pp. 218-227. ISSN 0120-2812.
- Rodero, A; Delgado, J. V; Rodero, E. (1992) Primitive Andalusian livestock and their implications in the discovery of America. *Archivos de Zootecnia* 41, 383-400.
- Rouse, J. E. (1977) The Criollo: Spanish cattle in the Americas. NORMAN, University of Oklahoma Press, U.S.A.
- Sagredo, J. C. (1998). El Toro de Lidia en la Biología, en la Zootecnia y en la Cultura. Junta de Castilla y León – Consejería de Agricultura y Ganadería. 130-131 pp.
- Santa-Martina, M, J. (2001). El Toro De Lidia: Conservación De Los Recursos Geneticos. *Arch. Zootec.* 50: 35-40.
- Schlotterer, C. (2000) Evolutionary dynamics of microsatellite DNA. *Chromosoma* 109, 365-71.
- Schlotterer, C. (2004) The evolution of molecular markers - just a matter of fashion? *Nature Reviews Genetics* 5, 63-90.

- Silva, B.; Gonzalo A.; Cañón, J. (2002) Genetic parameters of behavioural traits in the bovine (*Bos taurus*). Proceedings of the 7th World Congress on Genetics Applied to Livestock. Vol. XXXII, 83-6 pp.
- Silva, B., Gonzalo, A.; Cañón J. (2006) Genetic parameters of aggressiveness, ferocity and mobility in the fighting bull breed. *Animal Research*, 55: 65-70.
- Silva, I. (2011). *Ganadaria da Ilha Terceira – Casa Agricola José Albino Fernanades*. 1ª Edição. 313 pp.
- Solinas, T. S; Fries, R; Steffen, P; Neibergs, H. L; Barendse, W; Womack, J. E; Hetzel, J. D; Stranzinger G. (1993). Physically Mapped Cosmid-derived Microsatellite Markers as Anchor Loci on Bovine Chromosomes. Genbank Reference. Accession number: Z22739. (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>).
- Stone, R. T; Kappes, S. M; Keele J. W; Beattie C. W. (1997). Characterization of 109 bovine microsatellites. *Anim Genet*, 28:63-65.
- Sttefen, P; Eggen, A; Stranzinger, G; Fries, R; Dietz, A. B; Womack, J. E. (1993). Isolation and mapping of polymorphic microsatellites in cattle. *Animal Genetics*. Volume 24, Issue 2, pages 121–124, April 1993
- Taberlet, P; Valentini, A; Rezael, H. R; Naderi, S; Pompanon, F; Negrini, R; Ajmone-Marsan, P. (2008). Are cattle, sheep, and goats endangered species? *Mol. Ecol.* 17:275–284.
- Troy, C. S; MacHugh, D. E; Bailey, J. F; Magee, D. A; Loftus, R. T; Cunningham, P; Chamberlain, A. T; Sykes, B. C; Bradley, D. G. (2001). Genetic evidence for Near-Eastern origins of European cattle. *Nature*. Apr 26;410(6832):1088-91.
- U.C.T.L. (2011). *Union de Criadores de Toros de Lidia – Temporada 2011*. P. 467-482

- Vaiman, D; Mercier, D; Moazami-Goudarzi, K; Eggen, A; Ciampolini, R; Lepingle, A; Velmala, R; Kaukinen, J; Varvio, S. L; Martin, P; et al. (1994) A set of 99 cattle microsatellites: characterization, synteny mapping, and polymorphism. *Mammalian Genome* 5, 288-97.
- Viard; A. (2010a). Saltillo En busca del encaste perdido. *Revista Tierras Taurinas* n° 2. 224 pp.
- Viard; A. (2010 b). Santa Coloma Una mezcla improbable. *Revista Tierras Taurinas* n° 3. 224 pp.
- Viveros, D., Almeida, F.A., Domínguez, R, N., Valverde, R. R., Gutierrez, J.A., Flores, A. R. (2010). ANÁLISIS DEL PEDIGRÍ Y EFECTOS DE LA CONSANGUINIDAD EN EL COMPORTAMIENTO DEL GANADO DE LIDIA MEXICANO. *Arch. Zootec.* 59 (225): 63-72.
- Vignal A., Milan D., San Cristobal M., Eggen A. (2002). A review on SNP and other types of molecular markers and their use in animal genetics. *Gen Sel Evol* 34:275–305.
- Wan Q.H., Wu H., Fujihara T. & Fang S.G. (2004) Which genetic marker for which conservation genetics issue? *Electrophoresis* 25, 2165-76.
- William S. Klug, (2005). *Genetic Concepts*. Prentice Hall International Editions.
- Wright S. (1965). The Interpretation of Population Structure by F-Statistics whith Special System of Mating. *Evolution.* 19:395-420.
- Wright S. (1969). The Theory of Gene Frequencies. In *Evolution and The Genetic Populations*, vol 2. University of Chicago Press. Estados Unidos.

Zeder, M. A. (2008) Domestication and early agriculture in the Mediterranean Basin: Origins, diffusion, and impact. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 105, 11597-604.

Zhang, D. X; Hewitt G. M. (2003) Nuclear DNA analyses in genetic studies of populations: practice, problems and prospects. *Molecular Ecology* 12, 563-84.