



Instituto Nacional de
Investigação Agrária e
Veterinária, I.P.



Raça Ovina Churra Mondegueira Caraterização Genética por SNPs

Instituto Nacional de Investigação Agrária e Veterinária, I.P.
Unidade Estratégica de Investigação e Serviços de Biotecnologia e Recursos Genéticos
Estação Zootécnica Nacional – Fonte Boa

Raça Ovina Mondegueira - Caracterização Genética por SNPs

**Fátima Santos-Silva, Nuno Carolino, Conceição Oliveira e
Sousa Paula Jacob e Inês Carolino**

Instituto Nacional de Investigação Agrária e Veterinária, I.P.

Estação Zootécnica Nacional
Polo de Investigação da Fonte Boa
Fonte Boa, 2005-048 Vale de Santarém
PORTUGAL

Tel: (+351) 243767313 Telm: (+351) 910804516
fatima.santossilva@iniav.pt <https://www.inia.v.pt/>



Sara Roque

Apromeda, Agrupamento De Produtores Da Raça Ovina Churra Mondegueira, CRL

Av Gago Coutinho e Sacadura Cabral
520, 6430-183, meda
Guarda
PORTUGAL

Telm.: (+351)964160166) Telm.: (+351)964162525
www.apromeda.webs.com



APROMEDA CRL
GRUPAMENTO DE PRODUTORES DE RAÇA OVINA MONDEGUEIRA

Vincenzo Landi

Animal Breeding and Genetics
Department of Veterinary Medicine
University of Bari "Aldo Moro"
SP. 62 per Casamassima km. 3, 70010 Valenzano (BA).-
ITALY

Tel.: +393519175572



Santos-Silva F., Carolino N., Roque Sara., Oliveira e Sousa C., Jacob P., Carolino I. e Landi V. (2021). Raça Mondegueira – Caracterização Genética por SNPs 2021/Dezembro. Instituto Nacional de Investigação Agrária e Veterinária, I.P., Estação Zootécnica Nacional – Fonte Boa, Portugal.

1. INTRODUÇÃO

A caracterização genética é o primeiro passo para o delineamento de estratégias de conservação das populações. A análise de determinados marcadores moleculares possibilita obter indicadores de variabilidade que permitem evidenciar a diversidade genética intra e inter populacional, a evolução das populações e as suas relações genéticas. O advento das tecnologias de nova geração originou o desenvolvimento de *chips* de alta densidade de marcadores com polimorfismos de um só nucleótido (SNPs), que estão gradualmente a substituir os microssatélites ou *STRs* (*Short Tandem Repeats*) tradicionalmente utilizados nestes estudos. Os SNPs são variações de uma só base azotada, num determinado *locus*, na sequência de ADN. São atualmente os marcadores escolhidos para este tipo de estudos, pois a sua genotipagem massiva permite identificar milhares de polimorfismos distribuídos em todo o genoma, possibilitando não só a identificação de indivíduos, como a de genes associados a características de interesse ou doenças. A análise destes *chips* numa população revela polimorfismos, que permitem caracterizar a sua variabilidade genética, constituindo o passo prévio para os estudos de associação genómica ou para a implementação da avaliação genómica.

As 16 raças autóctones de ovinos oficialmente reconhecidas no nosso País caracterizam-se pela rusticidade e capacidade de aproveitar recursos, contribuindo para manter o equilíbrio ambiental e combater a desertificação crescente nas zonas do interior. São raças menos produtivas do que as exóticas o que tem dificultado a sua sustentabilidade económica, aumentando o risco de abandono. Este abandono das raças autóctones, menos produtivas ou pouco seleccionadas para determinados fins, conduziu a uma diminuição significativa das populações, alcançando níveis perto da extinção, o que se pode traduzir numa ameaça real à manutenção da biodiversidade.

A raça Churra Mondegueira é das raças ovinas mais primitivas da península Ibérica, supondo-se que fosse no passado a raça mais disseminada em toda a Beira Alta, principalmente na zona meridional do distrito da Guarda. Pertence ao mesmo tronco que outras populações Churras do Norte de Portugal e tem relações filogénicas com o *Ovis aries Studery*. Miranda do Vale (1949) atribui a origem das várias populações de churras portuguesas aos ovinos do tronco ibérico (*Ovis aries iberica*).

Esta raça constituiu um agrupamento étnico com certa representação na zona da Serra da Estrela, ao longo das bacias hidrográficas superiores do Mondego (do qual obteve a

actual designação) e do Zêzere, (Direção Geral da Pecuária, 1987), participando, no passado, na transumância dos “gados serranos”, que pastoreavam desde a região da Idanha, até Coimbra.

As particularidades da Terra Fria Beirã, onde teve origem, e onde ainda são maioritariamente utilizadas, determinaram a formação de um animal morfológicamente bem diferenciado e perfeitamente adaptado a estas condições ambientais bastante marcadas e desfavoráveis. Esta região planáltica abrange os concelhos de Penedono, Meda, Trancoso, Celorico da Beira, Guarda e Pinhel, com explorações situadas a uma altitude que varia entre os 450 e os 850 metros, mas que transitam de forma abrupta para os vales dos rios Mondego, Côa e Távora, constituindo uma enorme diversidade de ambientes, de montes de granito, floresta, mato espontâneo, pomares, vinha e pastagens naturais.

Os ovinos Churros Mondegueiros caracterizam-se pela rusticidade, corpulência média, lã de tipo churra de cor branca, apresentando por vezes lábios pigmentados de preto ou castanho. Apresentam velos de extensão mediana, pouco tochado, que não recobre a cabeça, as extremidades dos membros e a barriga. Os machos e as fêmeas possuem cornos em espiral, mais ou menos aberta, rugosos e de secção triangular.

A raça Mondegueira, cuja vocação principal é a produção de leite, é criada em regime extensivo, em que predomina o pastoreio tradicional, com recursos à utilização de lameiros. Conjuntamente com a raça ovina Serra da Estrela, contribui para o fabrico do queijo “Serra da Estrela” (DOP). A produção de leite é influenciada pela disponibilidade alimentar e manejo praticado nas diferentes explorações, marcado pelas condições climáticas agrestes. Embora de vocação leiteira, a produção de carne, contribui cada vez mais para o rendimento das explorações já que os borregos de leite podem ter uma valorização importante, na sua zona de produção, e nos grandes centros urbanos, especialmente nas épocas festivas.

Em 2008, com um número de fêmeas reprodutoras exploradas em linha pura próximo das 3500, segundo os critérios utilizados pela União Europeia para definir o estatuto de risco das raças, a raça Mondegueira foi classificada como “muito ameaçada” - classe considerada com nível elevado de risco de extinção, em que apenas existem entre 3000 e 5000 fêmeas exploradas em linha pura. Mais recentemente na Portaria nº 268/2015, do PDR 2020, que tem como objetivo promover a conservação *ex situ* e *in situ* e o

melhoramento dos recursos genéticos animais, a raça Churra Mondegueira foi classificada, como de Grau A - risco elevado de extinção.

Os resultados obtidos com base na caracterização genética por análise demográfica da raça ovina Churra Mondegueira, realizada na Estação Zootécnica Nacional – INIAV (Carolino et al., 2020) sugeriam que deveriam ser tomadas algumas medidas de precaução tendo em vista a manutenção da variabilidade genética da raça Churra Mondegueira, uma vez que o efetivo é reduzido (cerca de 2500 fêmeas e 90 machos, distribuídos por cerca de 40 explorações, localizadas na região da Beira Alta na região Centro do País).

A variabilidade genética de uma população pode ser estudada através da diversidade observada com marcadores moleculares de diferentes tipos.

Os avanços na sequenciação de alto rendimento de ADN, o diverso software desenvolvido e a bioinformática expandiram rapidamente a utilização dos polimorfismos de nucleótido único (Single Nucleotide Polimorphisms, SNPs) a diversas áreas da conservação e do melhoramento genético animal.

Este estudo pretende avaliar a variabilidade genética da raça Churra Mondegueira (MON), através da análise de informação genómica obtida por genotipagem de alta densidade de SNPs (chip de 50K) e a qualidade/utilidade do chip nesta população.

A informação obtida juntamente com a de outras populações estudadas permitira evidenciar a sua diferenciação e relações genéticas e, revelar polimorfismos relevantes que possam em posteriores estudos, ser associados a características de interesse.

Foram genotipadas (INATEGA, Spain) amostras de 48 indivíduos, com recurso a um chip de 50K (Axiom technology, Thermofisher) que inclui de 49897 marcadores distribuídos por todos os cromossomas.

Os indicadores obtidos permitiram determinar a diversidade genética da população Mondegueira e o seu posicionamento relativamente a outras raças ovinas Portuguesas e de outros países, e avaliar a utilidade do *chip* utilizado.

2. MATERIAL E MÉTODOS

A preparação e acondicionamento das amostras para a genotipagem foi efetuada no LGM-INIAV, Fonte-Boa. Utilizaram-se 48 amostras de ovinos Mondegueiros, (29

fêmeas e 19 machos) provenientes de 25 explorações. Após extracção do ADN (Kit comercial), foram preparadas alíquotas de 50 µl de ADN com índice de pureza (OD260/OD280) entre 1,8 e 2 e concentração mínima de 17,2 ng/µl, e enviadas para o Laboratório responsável pela genotipagem (INATEGA, Espanha).

A análise estatística dos resultados foi realizada com a colaboração do Departamento de Medicina Veterinária da Universidade de Bari "Aldo Moro", utilizando-se para o efeito diverso *software* disponível para este tipo de estudos.

Após a preparação dos dados associando cada SNP à informação do mapa genómico ovino actualizada (OAR V3.1) foi criada uma base de dados compatível com dados genómicos de outras raças, utilizando o software Plink v1.9 (Purcell et. al., 2007).

Foi utilizada informação pública de raças ovinas, disponível na base de dados do projeto internacional “Sheep HapMap and Animal Resources” desenvolvido pelo Sheep Genomics Consortium (ISGC), para a comparação de resultados entre raças. Como esta informação resulta do *chip* Illumina 50K, os SNPs não comuns aos do *chip* da Axiom technology, utilizado neste estudo, foram previamente filtrados. Depois, foram excluídos os SNPs sem posição definida no mapa (cromossoma e posição no cromossoma), os SNPs não autossómicos (localizados nos cromossomas X e Y), e os SNPs associados ao cromossoma mitocondrial. Finalmente excluíram-se os SNPs com frequência do alelo menos frequente (MAF) < 5% ou indisponíveis em mais de 10% na base de dados global.

Os parâmetros de qualidade da genotipagem, os índices de biodiversidade intra e inter populacional, designadamente, (MAF), a heterozigotia e o coeficiente de consanguinidade (F) foram estimados mediante o pacote “BITE” em R (Milanesi *et al.* 2017).

3. RESULTADOS

Neste relatório apresentam-se os resultados obtidos para os indicadores de qualidade do *chip*, seguidos dos indicadores de diversidade e variabilidade para o conjunto dos 49702 marcadores utilizados para caracterizar a população ovina Mondegueira. Posteriormente, após as exclusões descritas, faz-se a comparação de alguns dos indicadores de diversidade genética com os de populações ovinas portuguesas e de outros países.

3.1 CONTROLO DE QUALIDADE DOS MARCADORES E DIVERSIDADE GENÉTICA NA POPULAÇÃO MONDEGUEIRA ESTUDADA

3.1.1 Controlo de Qualidade

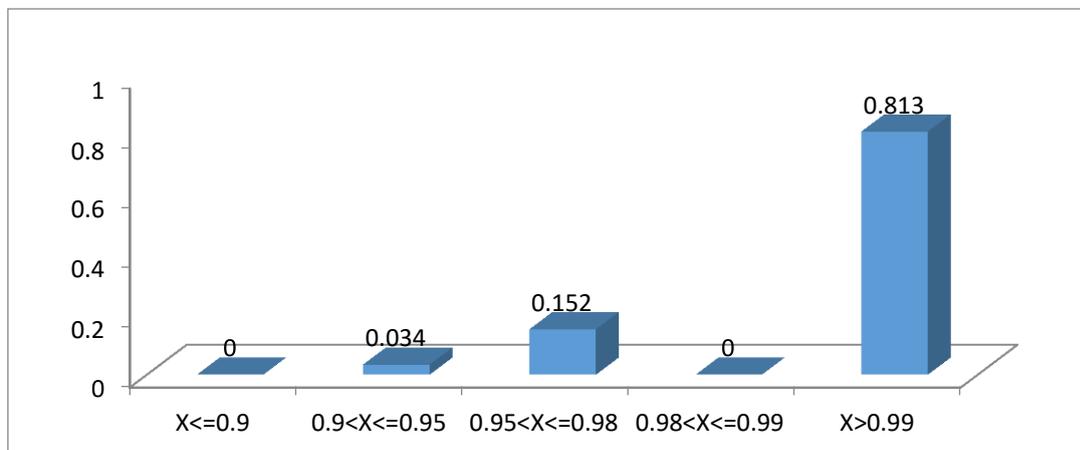
Para validação dos SNPs que compõem o *chip* de 50K utilizado foram aplicados os critérios de Controlo de Qualidade (QC), geralmente utilizados e disponíveis na bibliografia. A avaliação global da qualidade baseou-se na “*call rate*”, que mede a proporção de genótipos atribuídos por amostra ou SNP (Zhao et al., 2018) e varia entre 0 e 1. Amostras com “*call rate*” inferior ao standard de 95-98%, comumente utilizada para *chips* comerciais (Zhao et al., 2018), devem ser excluídas das análises subsequentes. Este estudo só considerou amostras e SNPs com *call rate* superiores a 95% e 90%, respectivamente. A taxa total de genotipagem bem-sucedida foi bastante elevada, traduzindo-se numa *call rate* média de 98,6% por SNP e por indivíduo/amostra. Após aplicação dos filtros associados ao QC ficaram disponíveis para as análises posteriores a totalidade de indivíduos (n=48) e 43787 variantes genéticas.

Distribuição da proporção de genótipos bem sucedidos (por SNP) e por indivíduo

Nas figuras 1A e B respectivamente apresentam-se a distribuição de genótipos bem-sucedidos por SNP e por indivíduo.

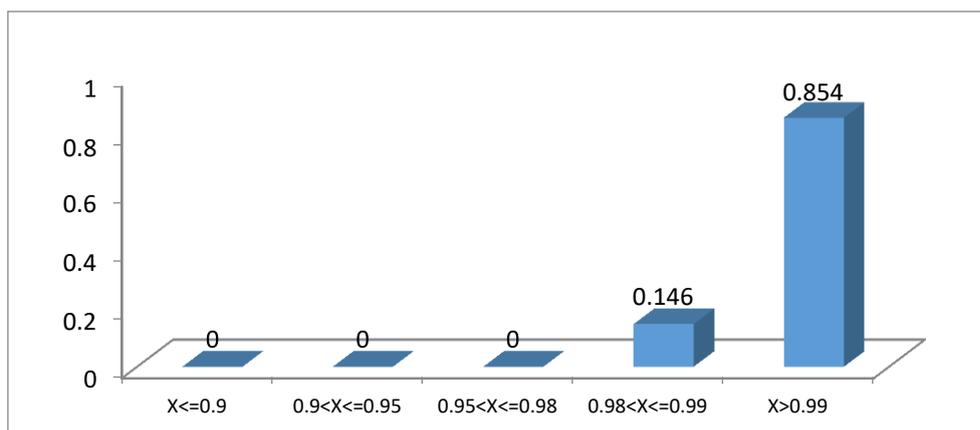
Como pode ver-se (gráfico 1 A), a maioria dos SNPs (0.813) revela mais de 99% genótipos bem-sucedidos e só em 0.186 a taxa de sucesso é inferior ou igual 98%.

Figura 1 A - Distribuição da Proporção de Genótipos bem-sucedidos por SNP



A maioria (0.854) dos indivíduos (figura 1B) apresentou também mais de 99% de genótipos bem-sucedidos e só em 0.146 a taxa de sucesso foi inferior ou igual 99%.

Figura 1 B - Distribuição da Proporção de Genótipos bem-sucedidos por indivíduo



Estes valores revelam que o *chip* utilizado apresenta uma taxa de sucesso elevada nesta população e que foi adequada a sua utilização.

3.1.2 Diversidade genética

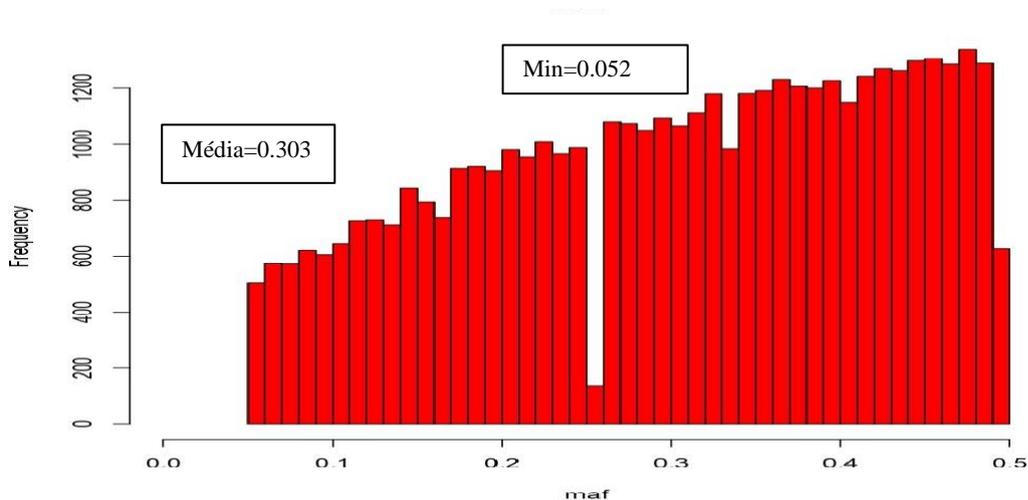
As estimativas de diversidade genética obtidas por microssatélites e SNP não são diretamente comparáveis. Enquanto os microssatélites são marcadores altamente polimórficos (FAO, 2010) os SNP, são bialélicos, proporcionando menos informação por locus, situação compensada pela utilização de maior número de SNPs, com grande cobertura no genoma. A informação fornecida pelo chip utilizado permitiu estimar a diversidade genética, através dos parâmetros populacionais mais relevantes: Frequência do alelo menos frequente (MAF), níveis de heterozigotia e coeficiente de consanguinidade (F).

Frequência do alelo menos frequente (MAF)

O valor de MAF dá indicação da qualidade e regularidade da amplificação dos dois alelos de cada SNP e da variabilidade da população. Os valores elevados indicam maior diversidade genética, essencial para o estabelecimento de programas de conservação ou para a implementação de uma estratégia de seleção eficaz e vice-versa. Assim, valores

de MAF superiores a 0.3 revelam marcadores muito informativos enquanto os valores inferiores a 0.01 indicam marcadores pouco informativos na população considerada. Os valores e distribuição de frequências de MAF, no conjunto de SNPs analisado, apresentam-se nas figuras 2A e 2B.

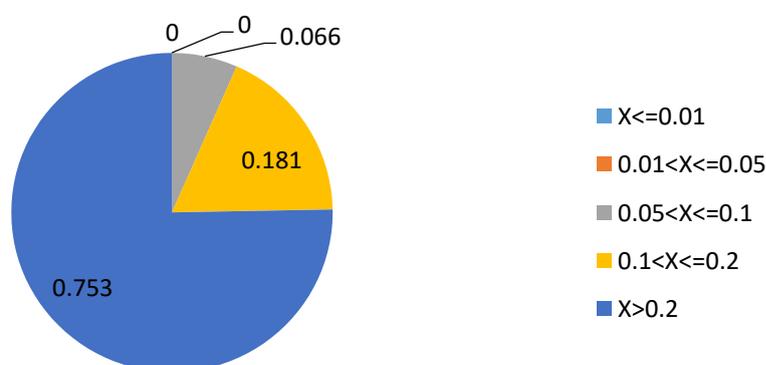
Figura 2 A - Valores de MAF dos loci SNP incluídos no Chip de 50 K para a raça C



Como se pode verificar na figura 2A nesta população (MON) o parâmetro MAF apresentou um valor médio de 0.303 e uma mediana de 0.313, variando entre um mínimo de 0.052 e o valor máximo possível de 0.5.

Na figura 2B as frequências de MAF distribuíram-se por diversas categorias das quais destacamos: $MAF \leq 0.01$, (revela SNPs com alelos fixos ou raros), (Sandenbergh et al., 2016) $0.01 < MAF < 0.2$ (revela SNPs potencialmente informativos) e $0.2 \leq MAF \leq 0.5$ (revela SNP's muito informativos).

Figura 2 B - Distribuição de MAF dos loci SNP incluídos no Chip de 50 K para a raça MONG



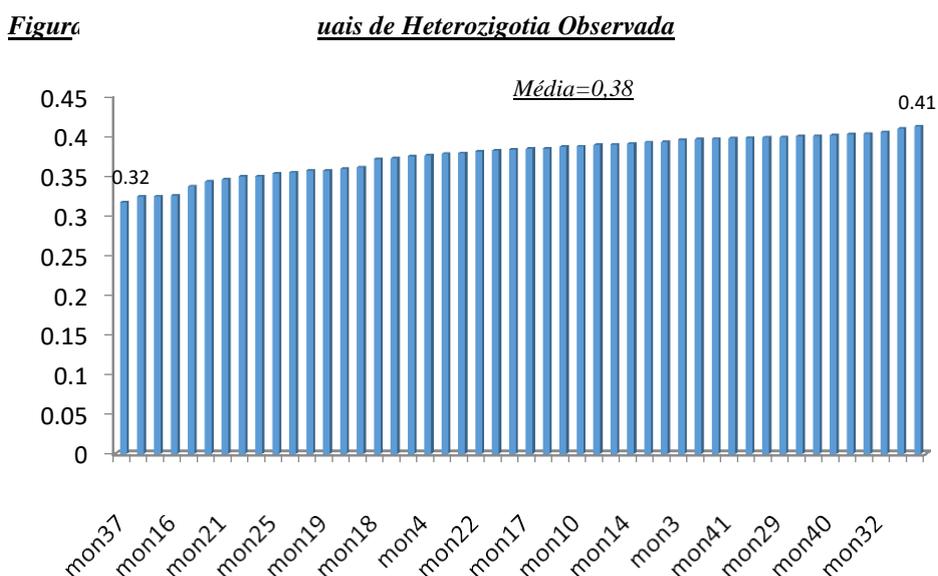
Como pode ver-se (figura 2B) o padrão de distribuição de MAF revela uma elevada proporção (0.753) de *loci* muito informativos ($MAF > 0.2$) nesta população, similar ao encontrado em outras raças ovinas portuguesas (Santos Silva et al. 2020 A e B, Santos Silva et al. 2021) e também em muitas raças europeias ou americanas (Kijas et al., 2012). Verifica-se ainda que 0.181 dos *loci* podem considerar-se potencialmente informativos ($0.01 < MAF \leq 0.2$) e que não se evidenciam alelos raros na população ($MAF < 0.001$),

Heterozigotia Individual média por SNP e na população

A heterozigotia ou diversidade genética de um locus corresponde à proporção de indivíduos heterozigóticos para esse locus, quando a população está em equilíbrio de Hardy-Weinberg (EHW). A heterozigotia individual indica a proporção de SNPs heterozigotos em cada indivíduo. A Heterozigotia depende do número de alelos e da sua frequência, sendo a heterozigotia média populacional um bom indicador da diversidade genética da população.

Diferenças significativas entre a heterozigotia esperada (H_e) e a heterozigotia observada (H_o) na população, traduzida pela proporção de indivíduos heterozigóticos, indicam desvios ao EHW, que podem revelar determinadas dinâmicas populacionais como fluxo de genes, seleção, migração, deriva genética, consanguinidade (Rousset e Raymond, 1995).

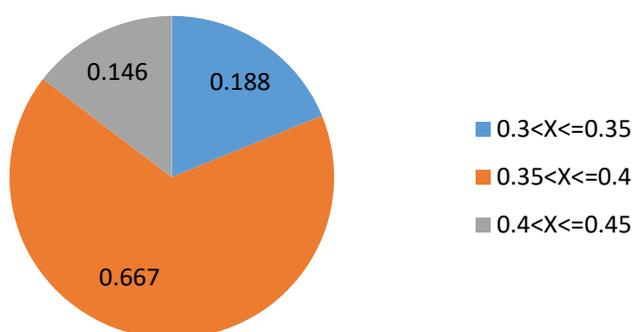
A heterozigotia na população Mondegueira representa-se nas figuras 3 (A, B e C).



A heterozigotia individual variou entre um mínimo de 0.32 e um máximo de 0.41 com um valor médio de 0.38 tal como pode ver-se na figura 3A.

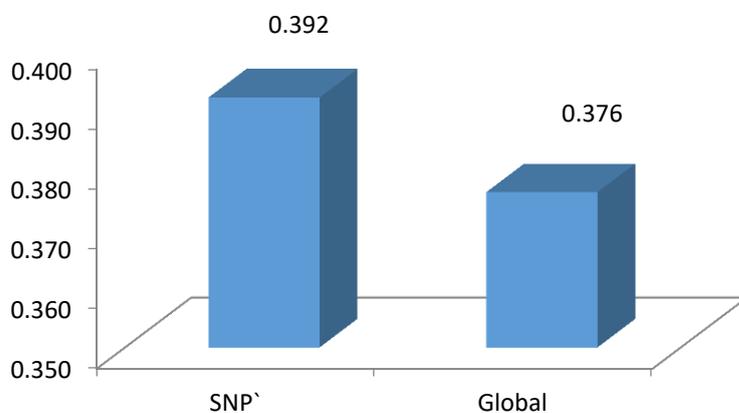
Na figura 3B, mostra que a maioria dos indivíduos, 66.7%, apresentou valores substanciais de heterozigotia entre 0.35 e 0.40, 14.6% revelaram valores superiores a 0.40, e só em 18.8% a heterozigotia esteve abaixo de 0.35 (entre 0.30 e 0.35) o que está na ordem de valores referidos na bibliografia para raças de ovinos de outros países.

Figura 3 B Distribuição, da Heterozigotia Observada



Considerando (figura 3 C) além da heterozigotia global (0.376) os valores por SNP (0.392) verifica-se que estes foram também bastante razoáveis

Figura 3 C. Valores de Heterozigotia Observada ,por SNP e na população MONDEGUEIRA

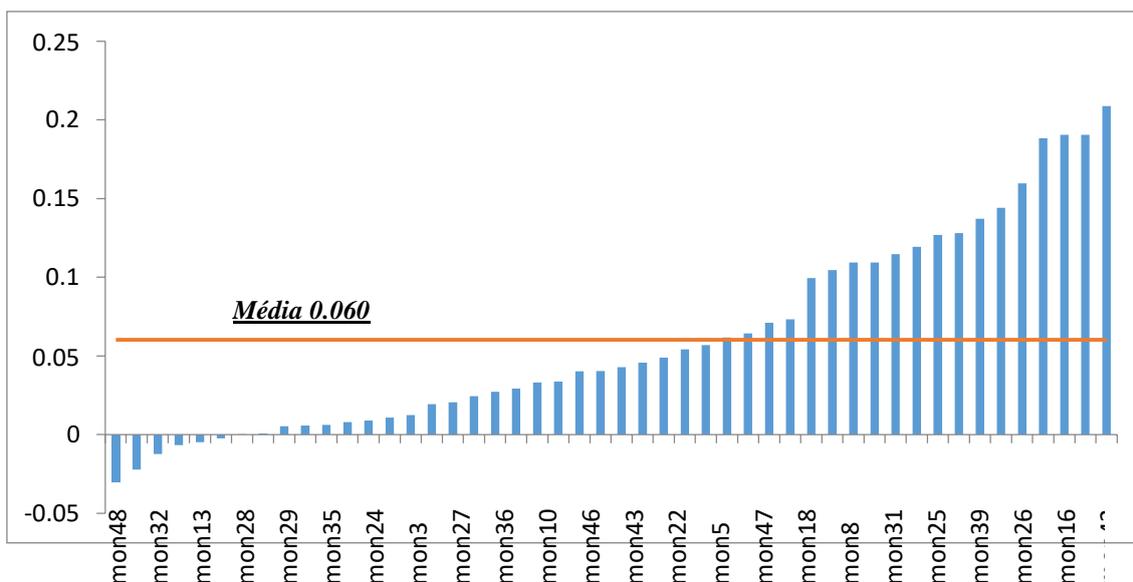


Coefficiente de Consanguinidade (F)

A consanguinidade é um indicador do grau de homozigotia da população e está na relação inversa com a heterozigotia, ou seja, o coeficiente médio de consanguinidade de uma população traduz-se pelo decréscimo proporcional, relativamente à população-base, da proporção indivíduos heterozigóticos. A consanguinidade de uma população pode ser quantificada como o coeficiente médio de consanguinidade dos indivíduos dessa população. O coeficiente de Consanguinidade (F) pode variar entre 0 e 1. Valores de F positivos e significativamente diferentes de 0 revelam deficiência de heterozigotos na população, que pode dever-se a uma acumulação da consanguinidade.

Na figura 4 apresentam-se os valores individuais do coeficiente de consanguinidade individual. Como pode observar-se o valor médio apresentado (0.060) é um valor razoável próximo de 0, contudo observa-se bastante variabilidade individual, com valores mínimos de -0.03 a máximos de 0.21 o que deve ser uma alerta para a gestão cuidada da população evitando os acasalamentos entre indivíduos com grau de parentesco elevado, pelo risco de conduzir ao aumento da consanguinidade na população.

Figura 4. Coeficientes de consanguinidade individual na população Mondegueira

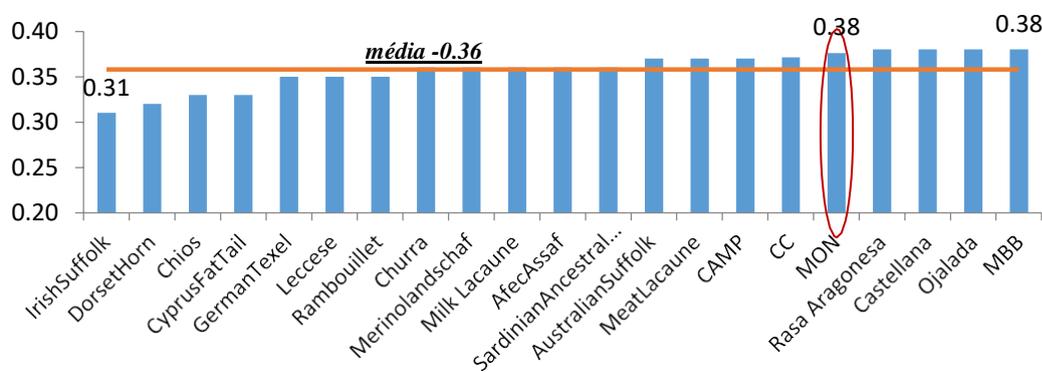


3.2 ENQUADRAMENTO DA RAÇA MONDEGUEIRA COM OUTRAS POPULAÇÕES OVINAS

Os indicadores relevantes de diversidade, como a heterozigotia e coeficiente de consanguinidade e o posicionamento da população Mondegueira relativamente a outras (20) populações ovinas consideradas (portuguesas e de diferentes Países), foram avaliados com recurso à base de dados comum criada para o efeito, como referido inicialmente.

A figura 5 mostra a heterozigotia média na população Churra Mondegueira e nas outras 20 populações consideradas.

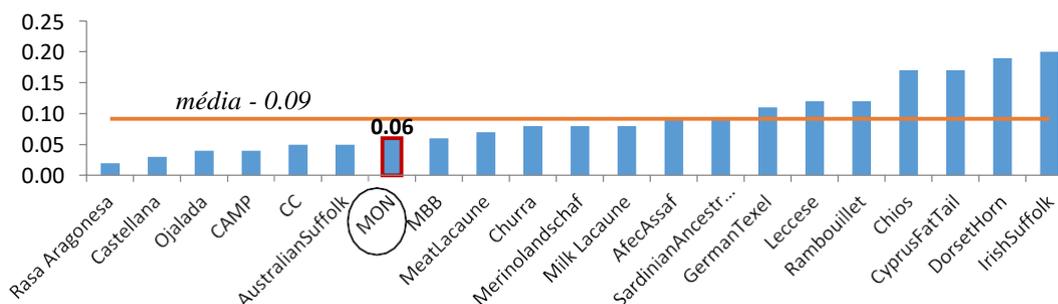
Figura 5. Heterozigotia média observada em 21 populações ovinas



Neste conjunto de populações apresentadas os níveis de heterozigotia variam entre 0.31 e 0.38 com uma média global de 0.36. Comprova-se assim que os níveis de heterozigotia de 0.38 da população MON, superiores à média global de 0.36, estão entre os mais elevados, sendo similares aos das raças Espanholas Aragonesa Castellana e Ojalada e raças portuguesas como a MBB e também aos da maioria das raças estrangeiras analisadas.

Na figura 6 apresenta-se o coeficiente de Consanguinidade F das mesmas populações.

Figura 6. Coeficientes de consanguinidade médio em 20 populações ovinas



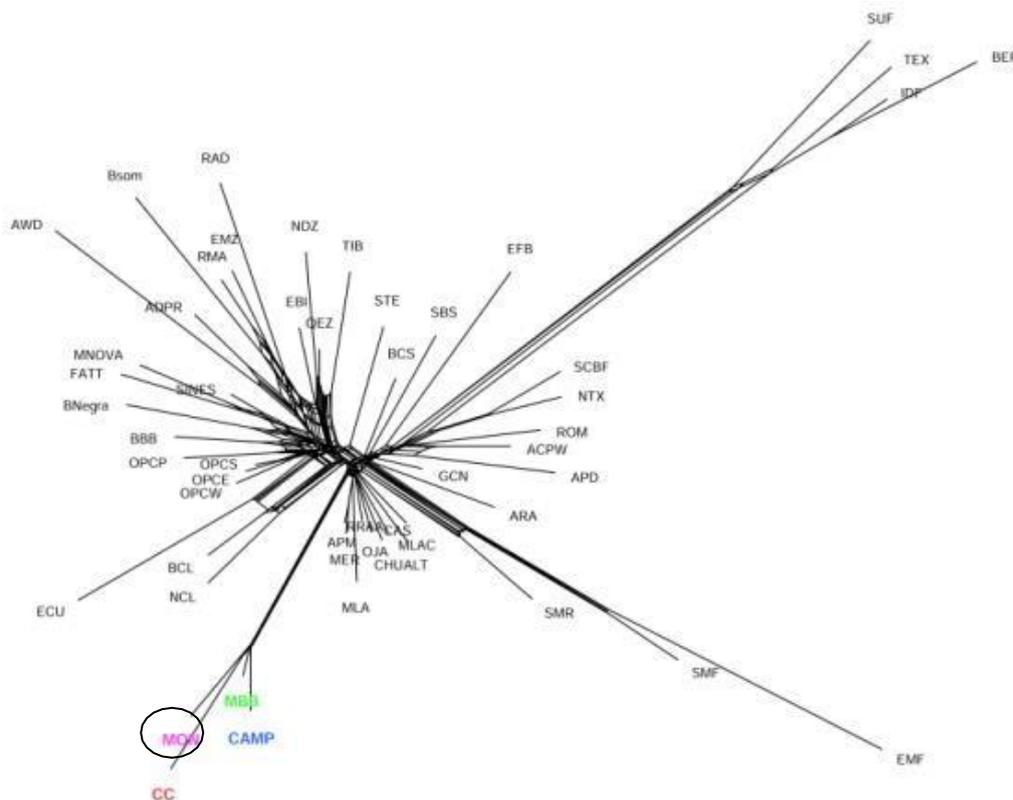
O coeficiente de consanguinidade F apresenta também um valor global aceitável (0.06) próximo de 0, similar ao de outras raças Portuguesas e ao das raças Espanholas anteriormente mencionadas, e inferior ao da maioria (14) destas populações e à sua média geral 0.09.

Relações Genéticas e Posicionamento da População Churra Mondegueira relativamente a outras populações ovinas

Distâncias genéticas entre populações de ovinos a nível Internacional

Para a determinação das distâncias e relações genéticas da MON com outras populações ovinas alargamos a análise estatística a 45 raças internacionais e a três outras populações ovinas portuguesas que designaremos por MBB, CAMP e CC. Foi calculada a distância genética de Nei e construí-se uma árvore de distâncias genéticas para todas as populações de ovinos consideradas (figura 7).

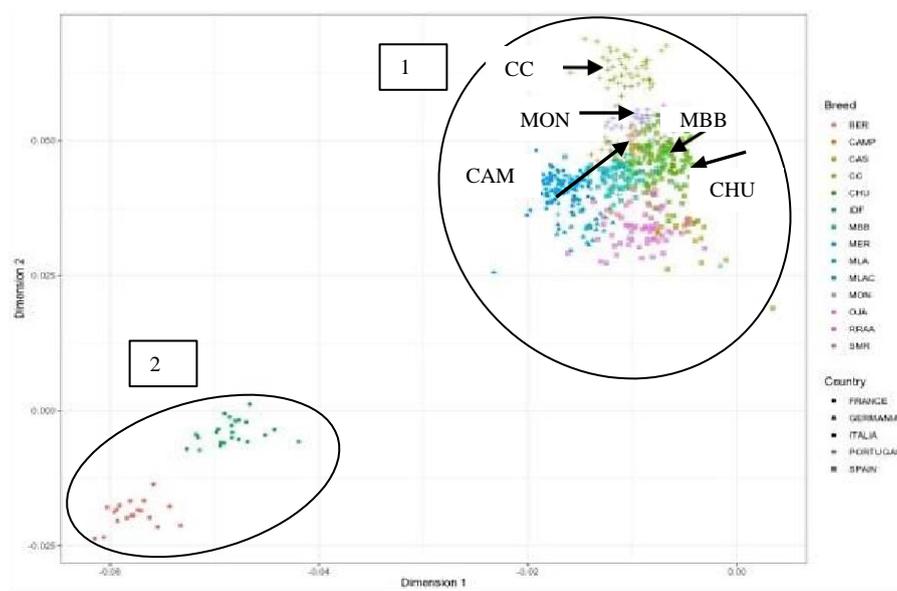
Figura 7. Dendrograma de distâncias de Nei para 45 populações Estrangeiras e 4 Portuguesas



No dendrograma populacional apresentado vemos claramente as populações portuguesas próximas entre si, num tronco comum distinto dos restantes. Neste tronco, os ramos tem contudo comprimentos diferentes evidenciando diferentes distâncias entre as populações. A população MON está num ramo de comprimento intermédio menor que o da população CC, mas maior que o das populações MBB e CAMP, evidenciando alguma separação destas populações, mas uma maior proximidade à população MBB. O dendrograma mostra também um conjunto de raças em troncos distintos com a mesma raiz, mais próximo das populações portuguesas constituído essencialmente por raças espanholas, como a raças Churra, Altamurana, Aragonesa, Ojalada, Castellana, Merino Espanhol e Polaco.

Fez-se ainda uma análise multidimensional (MDS) apenas para as populações geograficamente mais próximas (Portuguesas, Espanholas Italianas, Francesas e Alemãs). Esta análise (MDS) utiliza as similaridades e dissimilaridades entre indivíduos e populações, resultantes dos dados obtidos, permitindo uma representação visual a duas dimensões de entre as várias que explicam a variabilidade detectada. A proximidade dos indivíduos entre si dá indicação da sua maior ou menor similaridade. Para a representação gráfica (figura 8), que mostra os resultados para as 14 populações ovinas agora consideradas (4 portuguesas e 10 Estrangeiras) foram utilizadas apenas a primeira e segunda dimensão.

Figura 8. Relações Genéticas entre 14 populações, 4 portuguesas e 10 Estrangeiras definidas pela análise MDS



A MDS mostra um grande agrupamento no canto superior direito, 1, que inclui a maioria das raças inclusive a Mondegueira, em pequenos sub-grupos de acordo com a sua origem geográfica, que ou não se sobrepõem ou se sobrepõem pouco. Este grande grupo separa-se claramente, tanto pela dimensão 1 como pela 2, do grupo 2, formado pelas raças Ile de France e Bergamasca, no canto inferior esquerdo do gráfico, que permanecem claramente separadas das restantes. Os indivíduos da população Churra Mondegueira posicionam-se no topo do grupo principal entre a população CC campo e CAMP evidenciando na generalidade, tal como anteriormente no Dendograma de Nei, maior proximidade às raças portuguesas especialmente à MBB e maior distância às raças estrangeiras do mesmo grupo, parecendo contudo mostrar bastante proximidade com a raça Churra Espanhola.

Em resumo, o conjunto de indicadores avaliados revela de forma global, níveis de variabilidade genética apreciáveis na população Mondegueira sobretudo no que diz respeito à Heterozigotia, que apresenta valores comparáveis ou superiores a das outras raças ovinas Portuguesas e Estrangeiras. No que se refere aos coeficientes de consanguinidade F verifica-se alguma heterogeneidade na população, que apresenta bastantes indivíduos com valores elevados de F que devem ser considerados ao programar os acasalamentos para evitar os aumentos de consanguinidade da população e a erosão genética da população. Relativamente ao posicionamento da população Mondegueira entre outras populações ovinas, verifica-se que revela como seria de esperar maior proximidade com as suas congéneres Portuguesas, especialmente com a população MBB evidenciando também bastante proximidade à população Churra Espanhola face às outras populações consideradas.

4. CONCLUSÕES

A diversidade genética mediante genotipagem massiva de SNP (50K) foi estudada pela primeira vez na raça Churra Mondegueira.

A raça apresenta níveis riqueza alélica e diversidade genética apreciáveis, comparáveis a outras populações ovinas Portuguesas e estrangeiras. Apresenta níveis médios de consanguinidade similares aos de outras populações geneticamente próximas, com evidências de heterogeneidade individual a ter em conta na gestão da população. Devem

ser privilegiados os acasalamentos entre animais não aparentados com baixos coeficientes de consanguinidade com o objectivo de manter a diversidade genética e controlar o aumento da consanguinidade, situação já referida em 2020 no relatório de caracterização genética por análise demográfica da raça ovina Churra Mondegueira, realizada na Estação Zootécnica Nacional.

As relações filogenéticas com outras raças Portuguesas e estrangeiras mostraram maior proximidade às populações ovinas Portuguesas como seria de esperar, especialmente com população MBB. Entre as populações Europeias observou-se maior proximidade à generalidade das raças espanholas aqui consideradas especialmente a raça Churra e maior afastamento a populações como a Ile de France e Bergamasca.

Demonstrou-se a utilidade do chip de alta densidade utilizado na genotipagem da raça Mondegueira, o que permite pensar em estudos futuros com vista à identificação de polimorfismos em genes associados a características relevantes da raça e novas oportunidades para a investigação da dinâmica genética das populações ovinas portuguesas a nível nacional e internacional.

5. BIBLIOGRAFIA

Carolino N., Vitorino A., Carolino I., Santos-Silva F., Roque S. e Silveira M. (2020). Raça ovina Churra Mondegueira - Caracterização Genética por Análise Demográfica – 2020. Instituto Nacional de Investigação Agrária e Veterinária, Estação Zootécnica Nacional - Fonte Boa, Portugal.

Direcção Geral da Pecuária, 1987. Recursos Genéticos, Raças Autóctones: Espécies Ovina e Caprina, Edição DGP, Lisboa.

FAO., 2010. La situación de los recursos zoogenéticos mundiales para la alimentación y la agricultura

Kijas, J.W., Lenstra, J.A., Hayes, B., Boitard, S., Porto Neto, L.R., San Cristobal, M., Servin, B., McCulloch, R., Whan, V., Gietzen, K., Paiva, S., Barendse, W., Ciani, E., Raadsma, H., McEwan, J., Dalrymple, B. & other members of the International Sheep Genomics Consortium, 2012. Genome-wide analysis of the world's sheep breeds reveals high levels of historic mixture and strong recent selection. PLoS One Biol. 10, e1001258.
<https://doi.org/10.1371/journal.pbio.1001258>

Milanesi M., Capomaccio S., Vajana E., Bomba L., Garcia J.F., Ajmone-Marsan P. & Colli L. (2017) BITE: an R package for biodiversity analyses. *bioRxiv*, 181610.
<https://doi.org/10.1101/181610>

Purcell, S., Neale, B., Todd-Brown, K., Thomas, L., Ferreira, M.A.R., Bender, D., Maller, J., Sklar, P., De Bakker, P.I.W., Daly, M.J. & Sham, P.C., 2007. PLINK: A tool set for whole-genome association and population-based linkage analyses. *Am. J. Hum. Genet.* 81, 559-575.
<https://doi.org/10.1086/519795>

Rousset, F., e Raymond, M., (1995). An exact test for population differentiation
Michel Raymond *Evolution* Vol. 49, No. 6 (Dec., 1995), pp. 1280-1283
<https://doi.org/10.1111/j.1558-5646.1995.tb04456.x>

Sandenbergh, L., Cloete, S.W.P., Roodt-Wilding R., Snyman M.A., & A.E. Bester-van der Merwe, 2016. Evaluation of the OvineSNP50 chip for use in four South African sheep breeds. *South African Journal of Animal Science* 2016, 46 (No. 1)
<https://doi.org/10.4314/sajas.v46i1.11>.

Santos-Silva F., Carolino N., Rebelo de Andrade C., Oliveira e Sousa C., Jacob P., Carolino I. e Landi V. (2021). Raça Churra do Campo – Caracterização Genética por SNPs 2021/Dezembro. Instituto Nacional de Investigação Agrária e Veterinária, I.P., Estação Zootécnica Nacional – Fonte Boa, Portugal.

Santos-Silva F., Carolino N., Cardoso Pedro., Oliveira e Sousa C., Jacob P., Carolino I. e Landi V. (2020), A. Relatório de Caracterização Genética da Raça Merino da Beira Baixa 2020/Dezembro. Instituto Nacional de Investigação Agrária e Veterinária, I.P., Estação Zootécnica Nacional – Fonte Boa, Portugal.

Santos-Silva F., Carolino N., Matos Claudino, Oliveira e Sousa C., Jacob P., Carolino I. e Landi V. (2020), B. Relatório de Caracterização Genética da Raça Campaniça 2020/Dezembro. Instituto Nacional de Investigação Agrária e Veterinária, I.P., Estação Zootécnica Nacional – Fonte Boa, Portugal.

Sheep HapMap and Animal Resources (<https://www.sheephapmap.org/hapmap.php>)

International Sheep Genomics Consortium (ISGC) <https://www.sheephapmap.org/>

Sociedade Portuguesa de Ovinotecnia e Caprinotecnia –SPOC

<http://www.ovinosecaprinos.com/campaniçahistória.html>

Zhao S., Jing W., Samuels, David C., Sheng, Q., Shyr Y., and Yan Guo., 2018). Strategies for processing and quality control of Illumina genotyping arrays. Briefings in Bioinformatics,19(5), 2018, 765–775

<https://doi.org/10.1093/bib/bbx012>