

A história do melhoramento animal

Ângela Maria Ferreira Martins

Virginia Alice Cruz dos Santos

António Mário Domingues Silvestre

Resumo

A história do melhoramento genético animal acompanha a história da Humanidade, começando com a domesticação do primeiro animal, que terá sido o cão, ao qual se seguiram os bovinos, ovinos e todas as outras espécies que deram origem às raças domésticas da atualidade. Inicialmente a seleção de reprodutores era efetuada de forma empírica. No século XVIII R. Bakewell foi pioneiro na utilização de registos produtivos e testes de descendência. No final deste século começaram a ser estabelecidos os livros genealógicos de diversas raças. No século XIX, os avanços científicos protagonizados por C. Darwin e G. Mendel são fundamentais para que, na primeira metade do século XX se desenvolva a maior parte da teoria do melhoramento animal, com o contributo de vários investigadores (R. Fisher, S. Wright, J. Haldane). Jay Lush ficou conhecido como o pai do melhoramento animal moderno. Defendeu que em vez da aparência subjetiva, o melhoramento animal deve-se basear em conhecimentos da genética quantitativa e da estatística. Charles Henderson apresentou o método Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) para a estimativa do valor genético aditivo e sugeriu a integração da genealogia completa da população para incluir as relações genéticas entre os indivíduos. A evolução dos computadores permitiu a implementação generalizada do BLUP no final da década de 1980. Nos últimos tempos T. Meuwissen e M. Goddard desenvolveram a forma de incorporar informação do ADN em grande escala no modelo animal para estimar os valores genómicos.

Palavras-chave: genética, melhoramento animal

Abstract

The history of animal breeding follows the history of humanity, beginning with the domestication of the first animal, which was the dog, followed by the cattle, sheep and all other species that gave rise to the domestic breed of the present time. Initially the selection of breeders was carried out empirically. In the eighteenth century R. Bakewell pioneered the use of records of performance of animals and progeny testing. At the end of this century herdbooks of various breeds began to be established. In the 19th century, the scientific advances made by Darwin and Mendel are fundamental for the, in the first half of the 20th century, development of most animal breeding theory with the contribution of several researchers (R. Fisher, S. Wright, J. Haldane). Jay Lush became known as the father of modern animal breeding. He argued that instead of subjective appearance, animal breeding should be based on knowledge of quantitative genetics and statistics. Charles Henderson presented the Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) method for estimating the additive genetic value and suggested integrating the full pedigree of the population to include the genetic relationships between individuals. The evolution of computers allowed the widespread implementation of BLUP in the late 1980s. In recent times T. Meuwissen and M. Goddard have developed how to incorporate large-scale ADN information into the animal model to estimate genomic values.

Keywords: animal breeding, genetics

Domesticação animal

O melhoramento genético animal teve início com a domesticação animal. Define-se domesticação como o processo através do qual, ao longo do tempo, o Homem altera geneticamente os animais de acordo com as características desejadas. O cão (*Canis familiaris* Linnæus, 1758) foi o primeiro animal a ser domesticado há cerca de 15000 anos a partir do lobo.¹ As primeiras espécies pecuárias a serem domesticadas foram a ovina (*Ovis aries* Linnæus, 1758) há 11000 anos, a caprina (*Capra hircus* Linnæus, 1758) há 10500 anos, a suína (*Sus scrofa* Linnæus, 1758) e a bovina (*Bos taurus* Linnæus, 1758) por volta de 10300 anos.² O objetivo da domesticação destas espécies pecuárias era essencialmente melhorar e aumentar a produção de carne, leite, pele e fibras.

SÉCULO XVIII

Até ao século XVIII todo o melhoramento animal era efetuado de forma empírica sem nenhum critério de seleção. Os criadores dos animais faziam os acasalamentos de acordo com as características morfológicas que lhe interessavam e sem qualquer base científica de seleção de animais para reprodução.

Na Europa, a origem do melhoramento animal deu-se em Inglaterra com Robert Bakewell (1725-1795), agricultor e criador de animais. Ele introduziu a utilização e manutenção de registos precisos do desempenho dos animais, de modo a que a seleção fosse objetiva. A seleção dos animais para a reprodução tinha como base a beleza, a utilidade, a textura da carne e a capacidade para a engorda. Utilizou a consanguinidade (acasalamento de animais aparentados e com características semelhantes) para fixar determinadas características desejáveis nos animais e também introduziu os testes de descendência: método de avaliar o desempenho de um grupo pequeno de descendentes e usar essa informação para selecionar o melhor pai reprodutor da futura descendência.³ Promoveu a ideia de "criar o melhor para o melhor".⁴ Esteve na origem do desenvolvimento das teorias sobre cruzamentos de animais. Sem ter conhecimentos de genética desenvolveu a ovelha *New Leicester* a partir da *Lincolnshire*. Bakewell também verificou que os bovinos *Longhorn* cresciam mais e ingeriam menos alimento em comparação com outros bovinos, sendo mais eficientes a produzir carne.⁵

Com o processo de seleção e o maior número de gerações tornou-se difícil reter as relações de parentesco entre os animais, especialmente dos antepassados. Assim, começaram a registar a genealogia em papel e foi constituído o primeiro livro genealógico (*Stud Book*) do cavalo *Thoroughbred*, em 1791 em

¹ Greger Larson & Dorian Q. Fuller, "The Evolution of Animal Domestication," *The Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*, 45 (2014): 115-136.

² David E. MacHugh, Greger Larson & Ludovic Orlando, "Taming the Past: Ancient DNA and the Study of Animal Domestication," *Annual Review of Animal Biosciences*, 5 (2017): 329-351.

³ Dave Wykes, "Robert Bakewell (1725-1795) of Dishley: Farmer and Livestock Improver," *The Agricultural History Review* 52, nº 1 (2004): 38-55.

⁴ William Housman, "Robert Bakewell." *Journal of the Royal Agricultural Society of England*, (1894):1-31.

⁵ Ibid.

Inglaterra.⁶ Atualmente, o livro genealógico é o fichero no qual são inscritos ou registados os animais com a indicação dos seus ascendentes conhecidos e é gerido por uma organização ou associação oficialmente acreditada ou reconhecida ou por um serviço oficial.⁷ Este livro tem como objetivo assegurar a pureza da raça, favorecer o seu progresso genético e a criação e difusão de bons reprodutores. Naquela altura o livro genealógico não continha a genealogia completa da raça, apenas a dos cavalos que ganhavam corridas importantes.

Em 1822 foi constituído o livro genealógico dos bovinos *Durham* mais tarde designados de *Shorthorn*.⁸ Nos outros países da Europa, os livros genealógicos só começaram a ser estabelecidos a partir de 1826 em França para equinos e para bovinos em 1855. Em 1864 na Alemanha, 1874 na Holanda e 1881 na Dinamarca.⁹ No século seguinte a utilização do livro genealógico para o melhoramento de animais tornou-se prática comum e procedeu-se então à formação das raças. A definição mais usual de raça é que se trata de um grupo de animais de uma mesma espécie que possuem características comuns e que são capazes de transmitirem essas mesmas características aos seus descendentes.

SÉCULO XIX

No século XIX, o biólogo britânico Charles Robert Darwin (1809-1882) publicou o livro "*On the Origin of Species*", baseado nas suas descobertas durante uma viagem à volta do mundo durante cinco anos, onde descobriu as forças da seleção natural e a evolução das espécies, ou seja, a capacidade de adaptação dos seres vivos ao meio ambiente. Segundo ele o homem só seleciona em seu próprio benefício e a natureza seleciona apenas no que está ao seu cuidado.¹⁰

Considerado o pai da genética, o monge austríaco Gregor Johann Mendel (1822-1884) publicou em 1865 os resultados sobre a herança genética estudados em ervilhas de jardim (*Pisum sativum*). O material genético é herdado dos dois progenitores, independentemente um do outro. E cada indivíduo (diplóide) carrega, assim, duas cópias do mesmo gene, das quais apenas uma é transmitida aos seus descendentes ao acaso (segregação independente). Ele também referiu que os genes podem ter efeitos dominantes, recessivos e aditivos.

⁶ John R. Walton, "Pedigree and productivity in the British and North American cattle kingdoms before 1930," *Journal of Historical Geography* 25, nº 4 (1999): 441-462.

⁷ Mário Barbosa, "Identificação equina. Implementação do Regulamento (CE) nº504/2008 de 6 de Junho. (Direção Geral de Veterinária". Divisão de identificação animal, registo e licenciamento de explorações, 2011).

⁸ Marleen Felijs, Marie-Louise Beerling, David S. Buchanan, Bert Theunissen, Peter A. Koolmees & Johannes A. Lenstra, "On the History of Cattle Genetic Resources," *Diversity* 6, (2014): 705-750.

⁹ Margaret E. Derry, "Bred for Perfection: Shorthorn Cattle, Collies, and Arabian Horses since 1800," (Baltimore/Maryland: The Johns Hopkins University Press, 2003).

¹⁰ Gregory Carey, "HGSS: History of Genetics," (2010). <http://psych.colorado.edu/~carey/hgss2/pdffiles/Ch%2001%20History%20of%20Genetics.pdf> (acesso a 27 de março de 2019)

Ainda no século XIX, em Inglaterra, foi criada a genética biométrica por Francis Galton (1822-1911), primo em segundo grau de Darwin, antropólogo, meteorologista, matemático e estatístico.¹¹ Galton registou dados biométricos e criou técnicas estatísticas de análise de regressão, correlação ainda utilizadas nos dias de hoje. Em *“Hereditary Genius”* (1869) demonstrou a lei da herança dos ancestrais ou lei de Galton em que progenitores que se desviam da média da população têm descendentes que também se desviam da média na mesma direção, mas com uma magnitude menor. Galton foi pioneiro a compreender as profundas implicações da evolução para a humanidade e a forma como abria possibilidades para a manipulação científica da própria espécie humana.¹² De referir que o melhoramento animal é uma técnica ao serviço do homem e o “melhoramento humano” proveniente dos movimentos eugénicos deu origem às políticas de limpeza étnica dos Nazis na segunda guerra mundial. No seu livro *“Inquiries into human faculty”* (1883) Galton apresentou o conceito de eugenia, que significa “de boa cepa” ou “bem nascer”. Eugenia de forma evolutiva, opondo-se à seleção natural, significa seleção artificial que é a manipulação genética feita pelo homem que seleciona os melhores genes mesmo não sendo o melhor meio adaptativo.¹³ O problema da seleção artificial é que não há como padronizar o melhor gene, pois os efeitos ambientais variam, tal é o carácter circunstancial e localizado do processo evolutivo.

SÉCULO XX

A evolução do melhoramento genético animal ao longo deste século esteve sempre relacionada com o desenvolvimento conceptual da genética, especialmente a quantitativa, mas também com aspetos de possibilidade e grau de precisão de registos fenotípicos e genealógicos e ainda com o desenvolvimento informático e capacidade de cálculo para aplicar a estatística adequada a cada caso.¹⁴ Na primeira metade do século XX deu-se a maior parte da descoberta da teoria do melhoramento animal utilizada atualmente.

As leis de Mendel só foram reconhecidas, como importantes, em 1900 pelos botânicos Hugo Marie de Vries (1848-1939) holandês, Carl Franz Joseph Erich Correns (1864-1933) alemão e o austríaco Erich von Tschermak Seysenegg (1871-1932). Outros investigadores aplicaram a teoria mendeliana, destacando-se o biólogo inglês William Bateson (1861-1926) e o botânico e geneticista dinamarquês Wilhelm Ludwig Johannsen (1857-1927). Bateson traduziu as leis de Mendel para inglês e apelidou o novo campo do conhecimento de “genética” um termo já utilizado mas num sentido muito vago como algo

¹¹ Valdeir Del Cont, “Francis Galton: eugenia e hereditariedade,” *Scientiae Studia* 6, nº 2 (2008): 201-218.

¹² Geraldo Salgado-Neto & Aquiléa Salgado, “Sir Francis Galton e os extremos superiores da curva normal,” *Revista de Ciências Humanas* 45, Nº 1 (Abril de 2011): 223-239. *Ciênc. Agrotec., Lavras. Edição Especial*, (2003):1614-1624.

¹³ *Ibid.*

¹⁴ Fermín Tirados San Primitivo, “Livestock genetic improvement in the second half of the 20th century.” *Archivos Zootecnia* 50, (2001): 517-546.

pertencente às origens.¹⁵ Além disso, ainda introduziu os conceitos de alelo, zigoto, homocigoto e heterocigoto. Em 1912, Johannsen baseando-se nas práticas dos criadores de separar “linhas puras” fez a separação entre os conceitos de genótipo e fenótipo, aplicando ainda o conceito do gene.¹⁶ O fenótipo refere-se à aparência do organismo em todas as fases de seu desenvolvimento sob a influência do ambiente.¹⁷ O genótipo foi apresentado de diversas formas por Johannsen sendo a mais utilizada o conceito concreto da “soma de todos os genes”. De 1910 a 1930 o gene foi definido como a unidade indivisível de transmissão genética, recombinação genética, mutação genética e função genética.¹⁸

O norte-americano Thomas Hunt Morgan (1866-1945) e os seus colaboradores, que trabalharam essencialmente com a mosca-da-fruta *Drosophila melanogaster*, ligaram a teoria cromossômica da hereditariedade à obra de Mendel e criaram uma teoria em que os cromossomas das células carregavam o material hereditário.¹⁹ Os estudos dele contribuíram para aprofundar os conceitos sobre natureza do gene e sua fisiologia e ainda os processos de evolução.²⁰ Em 1913, no livro “*Heredity and sex*”, Morgan deixou bem claro qual era a sua posição: o sexo seria determinado por fatores internos localizados nos cromossomas que se comportavam de acordo com as leis mendelianas de herança. Além disso admitiu que as leis de Mendel podiam ser aplicadas a todos os organismos indiscriminadamente e ganhou o prêmio Nobel de Medicina em 1933.²¹

Ainda no início do século XX (1908) e no campo da genética, o matemático inglês Godfrey Harold Hardy (1877-1947) e o médico alemão Wilhem Weinberg (1862-1937), apresentaram o teorema fundamental da genética de populações, também conhecido por equilíbrio Hardy-Weinberg, de grande importância no melhoramento genético animal. Segundo eles, uma população está em equilíbrio Hardy-Weinberg: se for muito grande para que possam ocorrer todos os tipos de cruzamento possíveis, de acordo com as leis de probabilidades; e for panmítica ou seja, os cruzamentos entre indivíduos de diferentes genótipos ocorrerem ao acaso. Uma população nestas condições e onde não ocorra nenhum fator evolutivo, tais como mutação, seleção ou migração, permanecerá em equilíbrio de genes, ou seja, as

¹⁵ Carey.

¹⁶ Staffan Müller-Wille, “Leaving Inheritance behind: Wilhelm Johannsen and the Politics of Mendelism.” *In A Cultural History of Heredity IV: Heredity in the Century of the Gene*, 7-18. Org. Max Planck Institute for the History of Science, 2008.

¹⁷ Lourdes Aparecida Della Justina, João José Caluzi, Fernanda Aparecida Meglhioratti & Ana Maria de Andrade Caldeira, “A herança genotípica proposta por Wilhelm Ludwig Johannsen.” *Filosofia e História da Biologia* 5, nº1 (2010): 55-71.

¹⁸ Ibid.

¹⁹ Lilian Al-Chueyr Pereira Martins & Ana Paula de Oliveira Pereira de Moraes Brito, “As concepções iniciais de Thomas Hunt Morgan acerca da evolução e hereditariedade,” *Filosofia e História da Biologia* 1, (2006): 175-189.

²⁰ Friedrich Gustav Brieger, “Thomas Hunt Morgan,” (Anais Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Brasil, 1946).

²¹ Alfred Henry Sturtevant, “Thomas Hunt Morgan, 1866–1945.” *In Biographical Memoirs*, 283-325. National Academy of Sciences. Washington, DC: National, 1959.

frequências dos alelos não sofrem alteração ao longo das gerações. No trabalho destes dois cientistas aparecem também evidenciados os conceitos de variação genética e de variação ambiental.²²

Consideram-se os fundadores da genética quantitativa e das populações os ingleses Ronald Aylmer Fisher (1890-1962), fundador da estatística, e John Burdon Sanderson Haldane (1892-1964) e o americano Sewall Green Wright (1889-1988). Eles fundamentaram quantitativamente os mecanismos de mudanças nas frequências gênicas e genotípicas nas populações, especificamente os da seleção natural, mutação, deriva genética e fluxo gênico.²³ Fisher publicou livros e artigos sobre pequenas amostras, delineamentos experimentais (blocos, fatorial), casualização, análise de variância, estudos relacionados com as distribuições t , X^2 , N , Z e F , máxima verosimilhança, teste de significância, análise multivariada, regressões múltiplas.²⁴ Fez aplicações de estatística na agricultura e desenho experimental e ainda contribuiu para a genética, elaborou modelos estatísticos que complementaram a análise genética. Em 1918, Fisher publicou o artigo principal para o melhoramento animal intitulado “*The Correlation between Relatives on the Supposition of Mendelian Inheritance*” onde definiu variâncias aditiva, de dominância e de epistasia, concluindo que a variação contínua das características poderia ser o resultado da herança mendeliana.²⁵ Mostrou ainda que a diversidade de expressão de uma característica poderia depender do envolvimento de um elevado número de fatores mendelianos (genes).

Em 1922, Fisher publicou 3 artigos, “*On the dominance ratio*” forneceu as bases para o desenvolvimento da genética de populações; “*On the mathematical foundations of theoretical statistics*” apresentou as bases para o desenvolvimento da genética estatística; e “*The systematic location of genes by means of crossover observations*” apresentou as ideias estatísticas teóricas do segundo artigo através de aplicações na análise genética, permitindo a construção de mapas de ligação.²⁶ Em 1930, publicou o livro “*Genetical Theory of Natural Selection*”, de leitura obrigatória para quem se interessa sobre a seleção natural, contribuindo para a sobrevivência do darwinismo.²⁷

Sewall Wright definiu parâmetros estatísticos para a seleção de características com variação contínua, e foi importante no campo da genética evolutiva.²⁸ Também estudou os efeitos da consanguinidade e a deriva genética aleatória na evolução, e ainda desenvolveu vários métodos estatísticos para análise evolutiva.

²² Arcesio Salamanca Carreño, “Breve revisión sobre la evolución del mejoramiento genético animal,” *Sitio Argentino de Producción Animal*, (2012).

²³ Norman Johnson, “Sewall Wright and the development of shifting balance theory,” *Nature Education* 1, nº1(2008): 52.

²⁴ Millor Fernandes do Rosário, “120 Anos do nascimento do cientista R. A. Fisher (1890-2010),” *Revista Brasileira Biometria* 27, nº4 (2009): 659-672.

²⁵ Ronald Aylmer Fisher. “The Correlation between Relatives on the Supposition of Mendelian Inheritance.” *Transactions of the Royal Society of Edinburgh* 52, (1918): 399-433.

²⁶ Rosário.

²⁷ Alan Grafen, “Editorial: The fundamental theorem of natural selection,” *Journal of Animal Breeding and Genetics* 135, (2018): 393-394.

²⁸ Johnson.

O americano Jay Laurence Lush (1896-1982) foi considerado o pai do melhoramento animal moderno. Desenvolveu programas de melhoramento genético animal baseados nos estudos de Fisher e Sewall Wright.²⁹ Segundo ele em vez de aparência subjetiva, o valor genético dos animais deveria basear-se numa combinação de estatística quantitativa e informação genética. Em 1937, publicou o livro “*Animal Breeding Plans*” que influenciou melhoramento animal a nível mundial. Nos seus estudos de genética quantitativa, Lush teve um problema que foi a falta de capacidade de cálculo dos computadores, que nos dias de hoje já está ultrapassado.

Lanoy Nelson Hazel (1911-1992), inspirado por Lush, na tese doutoramento desenvolveu a teoria do índice de seleção, um método usado durante décadas para determinar quais os pesos que deveriam ser colocados nas diferentes características a selecionar.³⁰ No processo de desenvolvimento deste método, ele também apresentou um conceito sobre como estimar as correlações genéticas, sendo este essencial para atribuir o peso adequado às características de seleção. Hazel também desenvolveu um método usando mínimos quadrados, uma técnica estatística, para dados mais complicados, com números desiguais de subclasses, como frequentemente ocorre em dados de animais. Até essa altura, as técnicas estatísticas de Hazel eram usadas para otimizar a pesagem dos desempenhos de várias características em animais para selecionar aqueles com a combinação mais ideal.

Em 1949, Charles Roy Henderson (1911-1989), estatístico americano, desenvolveu o método de estimação dos valores genéticos aditivos, mas só foi apresentado formalmente em 1973.³¹ O método foi designado por *Best Linear Unbiased Prediction* (BLUP). A estimação do valor genético possibilitou ordenar os animais de acordo com seu potencial genético estimado, o que resultou na seleção mais precisa e, num melhoramento genético mais rápido entre gerações. Henderson também sugeriu a integração da genealogia completa da população para incluir as relações genéticas entre os indivíduos.³²

O americano Walter Robert Harvey (1919-2015) em 1960 estabelece o modelo linear para análise de variância (ANOVA), baseado nos quadrados mínimos, fundamentais no melhoramento genético animal. Assim, o desempenho dos parentes poderia ser incluído na estimativa do valor genético aditivo de um indivíduo. A evolução dos computadores permitiu a implementação generalizada do BLUP no final da década de 1980 e dos modelos lineares mistos, que constituem a essência de todas as avaliações genéticas realizadas atualmente.

²⁹ William G. Hill, “Applications of Population Genetics to Animal Breeding, from Wright, Fisher and Lush to Genomic Prediction.” *Genetics* 196, (2014): 1-16.

³⁰ Lanoy Nelson Hazel, “Principles of a selection index which involves several characteristics and utilizes information concerning relative,” (Iowa State University, 1941).

³¹ Charles Roy Henderson, “Sire evaluation and genetic trends.” *In: Animal Breeding and Genetics. Symposium in Honor of J. Lush*, 10-41. American Society of Animal Science, Champaign, 1973.

³² Denismar Alves Nogueira, Thelma Sáfiadi, Eduardo Bearzoti & Júlio Sílvio de Sousa Bueno Filho, “Análises clássica e bayesiana de um modelo misto aplicado ao melhoramento animal: uma ilustração.” *Ciênc. Agrotec., Lavras. Edição Especial*, (2003): 1614-1624.

Em 1953, o americano James Dewey Watson (1928-) e o inglês Francis Harry Compton Crick (1916-2004), descobriram a estrutura de dupla hélice do ADN. Esta descoberta permitiu que fosse possível usar a seleção genómica no melhoramento animal. Com a seleção genómica o progresso genético é mais rápido, a associação entre a composição do ADN e o desempenho dos animais pode aumentar o valor genético aditivo estimado.³³ Não é necessário esperar ter medidas fenotípicas do animal em adulto, permitindo selecionar os animais precocemente e de forma mais eficiente. O norueguês Theodorus Hendrikus Elisabeth Meuwissen (1963-) e o australiano Michael Edward Goddard, com os seus colaboradores, desenvolveram uma forma de incorporar sequências genómicas completas nos modelos animais (BLUP) para estimar os chamados valores genómicos.³⁴

No final do século XX e neste século, há ainda vários investigadores que deram um contributo importante para o melhoramento genético animal. Destacando-se Daniel Gianola (1947-) como uma figura influente no melhoramento animal e genética quantitativa há mais de 30 anos. Analisou características categóricas, e sobre este assunto publicou dois artigos de referência: Gianola (1982) “*Theory and analysis of threshold characters*” e Foulley, Gianola e Thompson (1983) *Prediction of genetic merit from data on binary and quantitative variates with an application to calving difficulty, birth weight and pelvic opening*”, com a metodologia do modelo misto num contexto não gaussiano. Foi ainda pioneiro no uso de métodos bayesianos em genética quantitativa.³⁵

Em Portugal, na maior parte das raças autóctones (bovinos, ovinos, caprinos e suínos), o melhoramento animal começou a ser aplicado a partir dos anos 90, a quando da criação do Livro Genealógico de cada raça. Atualmente, a associação de criadores de cada raça tem um programa de conservação e melhoramento de acordo com os objetivos definidos pelos criadores. Um exemplo de uma raça autóctone em que se faz melhoramento desde 1944 é a raça de ovinos Serra da Estrela, que produz o queijo com Denominação de Origem Protegida “Serra da Estrela”. Nessa altura iniciaram os contrastes leiteiros, em 1995 com a utilização de inseminação artificial a Associação de Criadores de Ovinos Serra da Estrela implementou o teste de descendência de reprodutores machos.³⁶ Em 2008, foi efetuada a primeira avaliação genética para as características produção de leite ajustada aos 150 dias de lactação e prolificidade.³⁷

³³ Chris Proudfoot, Simon Lillico & Christine Tait-Burkard, “Genome editing for disease resistance in pigs and chickens,” *Animal Frontiers* 9, Nº 3 (2019): 6-12.

³⁴ T.H.E. Meuwissen, B.J. Hayes & M.E. Goddard, “Prediction of total genetic value in genome-wide dense marker maps.” *Genetics* 157, (2001): 219-229.

³⁵ D. Sorensen & G. de los Campos “Daniel Gianola’s contributions to animal breeding and quantitative genetics, a vuelo de pajar,” *Journal of Animal Breeding and Genetics* 134, (2017):175–177.

³⁶ Rui Manuel Moreira Dinis, “Plano estratégico de melhoramento nos ovinos Serra da Estrela,” (Instituto Politécnico de Viseu, Escola Superior Agrária de Viseu, 2013).

³⁷ Ibid.

SOBRE OS AUTORES:

Ângela Maria Ferreira Martins
Universidade de Trás-os-Montes e Alto Douro
Escola de Ciências Agrárias e Veterinárias/ Centro de Ciência Animal e Veterinária
angela@utad.pt

Virgínia Alice Cruz dos Santos
Universidade de Trás-os-Montes e Alto Douro
Escola de Ciências Agrárias e Veterinárias/ Centro de Ciência Animal e Veterinária
vsantos@utad.pt

António Mário Domingues Silvestre
Universidade de Trás-os-Montes e Alto Douro
Escola de Ciências Agrárias e Veterinárias/ Centro de Ciência Animal e Veterinária
asilvest@utad.pt