

|Número 78

6 julho

2019

Informações das atividades do GT +Coelho

Apresentações no I Congresso Ibérico de Ciência Aplicada aos Recursos Cinegéticos (CICARC), Cidade Real, 1 a 4 de julho, 2019, intituladas “Compreender a influência antropogénica no património genético do veado na Península Ibérica”, “Está o património genético da perdiz-vermelha (Alectoris rufa) ameaçado em Portugal? O caso de estudo na região de Mértola” e “Otimização de ferramentas genéticas não-invasivas para estudar e gerir as populações de javali (Sus scrofa)”.

No Congresso Ibérico de Ciência Aplicada aos Recursos Cinegéticos (CICARC), que decorreu no edifício Luís Arroyo da Universidade de Castilla-La Mancha na Cidade Real, Espanha, de 1 a 4 de julho, João Queirós, investigador do CIBIO-InBIO e membro da equipa do Projeto +Coelho, apresentou também três estudos sobre a

utilização das ferramentas genéticas para o estudo, monitorização e gestão das espécies cinegéticas, bem como para a preservação do seu património genético autóctone.

Preservar o património genético de uma espécie ou população é essencial para manter a sua viabilidade e sustentabilidade a médio e longo prazo. No entanto, o património genético das espécies cinegéticas encontra-se seriamente ameaçado pelo declínio generalizado das populações e a crescente intensificação da gestão dos recursos cinegéticos. Más práticas de gestão, como a solta de animais exóticos [não nativos da Península Ibérica; p. ex. veado (*Cervus elaphus*) europeu com maior troféu], de animais cruzados com animais exóticos [p. ex. híbridos de perdiz-vermelha (*Alectoris rufa*) com perdiz-chukar (*Alectoris chukar*], ou de animais cruzados com animais domésticos [p. ex. híbridos de coelho-bravo (*Oryctolagus cuniculus*) com coelho doméstico], representam uma ameaça constante ao património genético das populações autóctones adaptadas ao ecossistema.



Apresentações no I Congresso Ibérico de Ciência Aplicada aos Recursos Cinegéticos (CICARC), Cidade Real, 1 a 4 de julho, 2019, intituladas ”

“Compreender a influência antropogénica no património genético do veado na Península Ibérica ”, “Está o património genético da perdiz-vermelha (Alectoris rufa) ameaçado em Portugal? O caso de estudo na região de Mértola” e “Otimização de ferramentas genéticas não-invasivas para estudar e gerir as populações de javali (Sus scrofa)”.

Na comunicação oral intitulada *“Compreender a influência antropogénica no património genético do veado na Península Ibérica ”*, João Queirós apresentou o impacto das introduções de animais exóticos no património genético das populações autóctones de veado, demonstrando que a hibridação /introgressão está dispersa pela Península Ibérica, varia entre populações, não é influenciada pelo distintos sistemas de gestão cinegética, e parece não influenciar os padrões atuais de diversidade genética das populações.

Na comunicação em painel intitulada *“Está o património genético da perdiz-vermelha (Alectoris rufa) ameaçado em Portugal? O caso de estudo na região de Mértola”*, João Queirós apresentou o panorama atual do património genético das populações portuguesas de perdiz-vermelha na região de Mértola e concelhos limítrofes, revelando que cerca de 46% das perdizes analisados apresentam pelo menos um alelo de perdiz-chucar, e que os níveis de hibridação são mais elevadas em zonas de caça turística.

Na comunicação em painel intitulada *“Otimização de ferramentas genéticas não-invasivas para estudar e gerir as populações de javali (Sus scrofa)”*, foi apresentado dois exemplos da utilização de ferramentas genéticas não invasivas para a monitorização das populações e o estudo da dieta do javali na Península Ibérica.

Apresentações no I Congresso Ibérico de Ciência Aplicada aos Recursos Cinegéticos (CICARC), Cidade Real, 1 a 4 de julho, 2019, intituladas “Compreender a influência antropogénica no património genético do veado na Península Ibérica”, “Está o património genético da perdiz-vermelha (Alectoris rufa) ameaçado em Portugal? O caso de estudo na região de Mértola” e “Otimização de ferramentas genéticas não-invasivas para estudar e gerir as populações de javali (Sus scrofa)”.

CICARC, Cidade Real, 4 de julho de 2019. João Queirós, DVM, PhD.

Resumo da Comunicação oral (O74), página 18 do Libro de resúmenes CICARC, 2019.

I Congresso Ibérico de Ciência Aplicada aos Recursos Cinegéticos (CICARC)
1-4/7/2019 Ciudad Real, España

Compreender a influência antropogénica no património genético do veado na Península Ibérica

João Queirós¹, Christian Górtazar² & Paulo Célio Alves^{1,3,4}

¹CIBIO/InBio, Centro de Investigação em Biodiversidade e Recursos Genéticos, Universidade do Porto, Campus de Vairão, Portugal.

²SaBio Research Group, Instituto de Investigación en Recursos Cinegéticos (RECIC-SIC-UCLM-JCCM), Ciudad Real, Spain.

³Departamento de Biología, Facultad de Ciencias da Universidade do Porto, Porto, Portugal.

⁴Wildlife Biology Program, University of Montana, Missoula, USA.

E-mail: joao.queiros@cibio.up.pt

Palavras-chave: *Cervus elaphus*, gestão populacional, diversidade genética, introgressão/hibridização.

A história evolutiva do veado (*Cervus elaphus*) tem sido modelada por fenómenos biogeográficos de grande escala e pela influência antropogénica. Na Península Ibérica, embora o padrão filogeográfico atual seja profundamente marcado pelos ciclos glaciares do Pleistoceno, os fatores mediados pelo Homem parecem influenciar o património genético das populações ibéricas de veados, nomeadamente pela introdução de genes exóticos em populações naturais. Neste estudo, pretendemos: i) quantificar a extensão da hibridização e introgressão entre as populações de veados ibéricas; ii) avaliar a influência dos sistemas de gestão cinegética nos padrões atuais de hibridização e introgressão; e, iii) compreender como a hibridização e introgressão moldam os padrões atuais de diversidade genética nas populações. Para atingir estes objetivos, 47 populações de veado foram amostradas por toda a Península Ibérica, o que incluiu populações com três tipos de gestão cinegética: cercadas, livres e protegidas. Além disso, nove populações de veado foram amostradas em toda a Europa e usadas como referência para populações europeias nas análises. No total, 1307 amostras foram genotipadas para um conjunto de 11 microssatélites altamente polimórficos e sequenciadas para um fragmento do gene D-loop do ADN mitocondrial. Utilizou-se uma abordagem Bayesiana para classificar os indivíduos como nativos, híbridos ou nativos exóticos. A proporção de hibridização e/ou introgressão com alelos exóticos foi comparada entre as populações dos três tipos de gestão cinegética, bem como foi avaliado o seu impacto nas estimativas de diversidade genética. Além disso, discutiremos como a prática comum de introdução de veados exóticos para melhorar os troféus de caça pode ter um impacto negativo no património genético das populações autóctones de veado, e, por conseguinte, na disrupção de genes adaptados aos ecossistemas ibéricos ao longo de milhares de anos.

Apresentações no I Congresso Ibérico de Ciência Aplicada aos Recursos Cinegéticos (CICARC), Cidade Real, 1 a 4 de julho, 2019, intituladas “Compreender a influência antropogénica no património genético do veado na Península Ibérica”, “Está o património genético da perdiz-vermelha (*Alectoris rufa*) ameaçado em Portugal? O caso de estudo na região de Mértola” e “Otimização de ferramentas genéticas não-invasivas para estudar e gerir as populações de javali (*Sus scrofa*)”.

Resumo da Comunicação em painel (P73), página 54 do Libro de resúmenes CICARC, 2019.

I Congresso Ibérico de Ciência Aplicada aos Recursos Cinegéticos (CICARC)
1-4/7/2019 Ciudad Real, España

Está o património genético da perdiz-vermelha (*Alectoris rufa*) ameaçado em Portugal? O caso de estudo na região de Mértola

João Queiros¹, Marisa Rodrigues¹, Susana Lopes¹, David Gonçalves^{1,2}, José Davila³, Paulo Célio Alves^{1,2,4}

¹ CIBIO/InBio, Centro de Investigação em Biodiversidade e Recursos Genéticos, Universidade do Porto, Campus Vairão, Portugal.

² Departamento de Biologia, Faculdade de Ciências, Universidade do Porto, Porto, Portugal.

³ IREC, Instituto de Investigación en Recursos Cinegéticos (CSIC-UCLM-JCCM), Ciudad Real, Spain.

⁴ Wildlife Biology Program, University of Montana, Missoula, USA.

E-mail: joao.queiros@cibio.up.pt

Palavras-chave: monitorização genética, hibridação, certificação genética, recursos genéticos autóctones.

A perdiz-vermelha (*Alectoris rufa*) é uma das aves de caça mais apreciadas na Península Ibérica. Nas últimas décadas as populações naturais têm sofrido declínios acentuados na abundância e distribuição como consequência da perda de habitat (devido à intensificação das atividades agrícolas) e da sobre-exploração cinegética. Na tentativa de contrariar o contínuo declínio das populações selvagens, milhões de perdizes-vermelhas criadas em cativeiro têm sido libertadas por toda a Península Ibérica a cada ano, sem qualquer preocupação com a preservação do património genético das populações selvagens. Embora em Espanha a hibridação antropogénica de perdiz-vermelha e perdiz-chucar (*Alectoris chukar*) esteja bem documentada, pouco se conhece sobre o atual estado do património genético das populações portuguesas de perdiz-vermelha. Para avaliar as características genéticas das perdizes portuguesas, e determinar o nível de hibridação antropogénica, estudámos a região de caça mais importante em Portugal para espécies de caça menor, a região de Mértola (sudeste de Portugal). Foram amostrados mais de 500 indivíduos caçados entre outubro de 2018 e janeiro de 2019 em zonas de caça localizadas na região de Mértola e zonas envolventes. O número de indivíduos recolhido por zona de caça variou de acordo com o seu tamanho, aproximadamente entre 10 (para 100-1000 ha) e 40 (para mais de 3000 ha). Para caracterizar o perfil genético de cada indivíduo como *A. rufa* ou híbrido de *A. rufa* x *A. chukar* utilizou-se um conjunto de marcadores de DNA nuclear e mitocondrial já publicados. Os resultados demonstram a presença generalizada de híbridos na região de Mértola, com as populações das zonas de caça a apresentarem diferentes níveis de hibridação. Além disso, obtivemos um mapa de interpolação com o gradiente de hibridação ao longo da área de estudo que será discutido luz dos possíveis fatores ambientais e de gestão cinegética que determinam este gradiente. Os resultados obtidos evidenciam a urgente necessidade de implementar ações para preservar o património genético das populações portuguesas de perdiz-vermelha.

Apresentações no I Congresso Ibérico de Ciência Aplicada aos Recursos Cinegéticos (CICARC), Cidade Real, 1 a 4 de julho, 2019, intituladas “Compreender a influência antropogénica no património genético do veado na Península Ibérica”, “Está o património genético da perdiz-vermelha (Alectoris rufa) ameaçado em Portugal? O caso de estudo na região de Mértola” e “Otimização de ferramentas genéticas não-invasivas para estudar e gerir as populações de javali (Sus scrofa)”.

Resumo da Comunicação em painel (P75), página 51 do Livro de resúmenes CICARC, 2019.

I Congresso Ibérico de Ciência Aplicada aos Recursos Cinegéticos (CICARC)
1-4/7/2019 Ciudad Real, España

Otimização de ferramentas genéticas não-invasivas para estudar e gerir as populações de javali (*Sus scrofa*)

Lúis Luzia¹, João Queirós², Joaquín Vicente³, Pelayo Acevedo³, Susana Lopes², Christian Górtazar², Joana Paupério² & Paulo Célio Alves^{1,2,4}

¹Departamento de Biologia, Faculdade de Ciências da Universidade do Porto, Porto, Portugal.

²CIBIO/InBio, Centro de Investigação em Biodiversidade e Recursos Genéticos, Universidade do Porto, Campus de Vairão, Portugal.

³SaBio Research Group, Instituto de Investigación en Recursos Cinegéticos (REC) (CSIC-UCLM-JCCM), Ciudad Real, Spain.

⁴Wildlife Biology Program, University of Montana, Missoula, USA.
E-mail: joao.queiros@cibio.up.pt

Palavras-chave: monitorização, identificação individual, genética não-invasiva, dieta, DNA metabarcoding.

Espécies elusivas como o javali (*Sus scrofa*) são difíceis de monitorizar usando abordagens tradicionais de ecologia, o que leva a preocupação sobre a correta gestão das populações selvagens. Na Península Ibérica, o javali encontra-se amplamente distribuído, desde as regiões Mediterrânicas às regiões Atlânticas/Alpinas, com uma tendência populacional crescente nas últimas décadas. Este acentuado aumento populacional coloca várias ameaças, nomeadamente, na saúde animal (p.e. doenças infecciosas), na segurança humana (p.e. colisão de carros) e na biodiversidade (p.e. devido à predação de outras espécies selvagens). Assim, para avaliar a abundância populacional de javali e o seu impacto nos ecossistemas, utilizaram-se amostras não-invasivas (excrementos) e métodos moleculares para confirmar a identificação da espécie, identificar indivíduos e determinar o sexo, com o objetivo de estimar a abundância populacional através de modelos estatísticos especialmente explícitos. Além disso, otimizou-se uma metodologia para caracterizar a dieta de javali através da análise de DNA dos excrementos. Até ao momento, analisaram-se 69 amostras de excrementos da região de Castilla-la-Mancha e do Parque Nacional de Doñana, das quais 41 amplificaram marcadores mitocondriais, permitindo a identificação da espécie. De 32 amostras identificadas como javali, 29 amplificaram para um conjunto de 13 microssatélites. A probabilidade de identidade foi estimada com 13 microssatélites usando uma base de dados de referência de mais de 400 javalis e suínos domésticos genotipados na Península Ibérica. Finalmente, a dieta dos 29 javalis identificados foi caracterizada amplificando dois marcadores moleculares: i) trnL para identificar as plantas consumidas; e ii) COI para identificar os metazoa. O papel do javali no ecossistema Ibérico e o uso de ferramentas genéticas não-invasivas para estudar e gerir esta espécie são discutidas. Os resultados obtidos apoiam a inclusão de ferramentas genéticas não-invasivas nas metodologias para monitorizar e gerir as populações selvagens de javali.