

ANCESTRY OF THE LUSITANO BREED DEMONSTRATED BY MITOCHONDRIAL DNA

Maria Susana Lopes^{*}, João da Costa Ferreira⁺, Artur da Câmara Machado^{*}

^{*} Laboratório Associado Instituto de Biotecnologia e Bioengenharia, Centro de Biotecnologia dos Açores, Universidade dos Açores, Rua João Capitão D'Ávila, 9700-042 Angra do Heroísmo, amachado@uac.pt

⁺

ABSTRACT

The earliest evidence for the presence of equines in the Iberian Peninsula comes from a skull found in the archaeological site of Atapuerca, dating back to the Pleistocene, around 780,000 years ago. Since then, many more equine bones and paintings have been found in different archaeological sites like Peña de Candamo, La Pileta and Foz Côa. These findings confirm the long existence of equines in the Iberian Peninsula. To understand the relation of the Lusitano breed with their ancestors in this geographical region, mitochondrial DNA studies have been conducted, as they have already demonstrated their utility to study the origin and evolution of diverse domestic animals.

The original population of the Lusitano breed comprised 189 stallions and 672 mares. These mares were descendent from 192 matriline, of which only 145 still exist. From the 145 Lusitano founder mares, 27 different matriline were identified. These DNA sequences were compared with 781 sequences from 104 other different horse breeds and 12 sequences recovered from Iberian horse remains identified in Spain: 10 belonging to the Bronze Age (El Portalón de Cueva Mayor) and two from the Neolithic Age (Cova Fosca). This analysis revealed that the distribution of mitochondrial DNA haplotypes in the Lusitano is quite unequal, with the three most common sequences

representing more than 50% of the samples. Also, half of the haplotypes present in the Lusitano breed are rare variants. This diversity is even more interesting because nine sequences in the Lusitano are haplotypes not shared by any other horse breed, being therefore unique for the Lusitano and the Peninsula. Moreover the ancestry of the Lusitano was proven by the clustering of five Bronze Age haplotypes and one from the Neolithic Age with sequences from modern individuals of exclusively Iberian origin (LU11 and LU22). These data also support the idea that the Iberian Peninsula could have been a potential refuge area for equines during the Last Glaciation with the Iberian Peninsula playing an important role in domestication events, existing nowadays Lusitano animals whose maternal lines is possible to trace back to the Neolithic.

ADN MITOCHONDRIAL DO CAVALO LUSITANO – SUA EXPANSÃO NO MUNDO

Maria Susana Lopes*, João da Costa Ferreira⁺, Artur da Câmara Machado*

* Laboratório Associado Instituto de Biotecnologia e Bioengenharia, Centro de Biotecnologia dos Açores, Universidade dos Açores, Rua João Capitão D'Ávila, 9700-042 Angra do Heroísmo, amachado@uac.pt

⁺

RESUMO

Os primeiros testemunhos da existência de equinos na Península Ibérica remontam ao Pleistocénico, há cerca de 780 000 anos, data estimada a partir de um crânio descoberto em escavações arqueológicas na serra de Atapuerca, Espanha. Desde então muitas ossadas e gravuras foram encontradas em diversos locais espalhados um pouco por toda a Península, tais como: Peña de Candamo, La Pileta e Foz Côa.

Para perceber a relação dos animais ancestrais desta região geográfica com a raça Lusitana, foram realizados estudos de ADN mitocondrial, uma vez que este é transmitido exclusivamente por via materna, e demonstrou grande utilidade no estudo da origem e evolução de diversos animais domésticos.

A população inicial da raça Lusitana era composta por 189 garanhões e 672 éguas, sendo estas descendentes de 192 linhas maternas, das quais apenas 145 ainda existem. Destas fundadoras foram identificadas, através das variantes existentes no ADN mitocondrial, 27 linhas maternas. As sequências obtidas para a raça Lusitana foram utilizadas para um estudo comparativo entre 782 sequências de 104 raças diferentes e 12 sequências provenientes de ossadas encontradas em Espanha: 10 da Idade do Bronze (El Portalón de Cueva Mayor) e duas do Neolítico (Cova Fosca). A análise revelou que a distribuição dos haplótipos identificados na raça Lusitana é

desigual, com as três sequências mais comuns presentes em 50% das amostras, sendo metade dos haplótipos variantes raras. Esta diversidade é ainda mais importante uma vez que nove das sequências representam haplótipos únicos para o Lusitano e para a Península Ibérica, pois ainda não foram identificados em mais nenhuma raça. Mais ainda, a ancestralidade do Lusitano ficou demonstrada pelo facto de cinco haplótipos da Idade do Bronze e um do Neolítico se agruparem com as sequências de animais representantes dos haplótipos por nós identificados, tais como LU11 e LU22.

Estes dados suportam ainda a hipótese de que a Península Ibérica possa ter sido uma área de refúgio durante a última glaciação, e que a Península Ibérica foi relevante na domesticação de equinos, uma vez que existem actualmente animais Lusitanos cujas linhas maternas recuam até ao Neolítico.