

Arqueogenómica e biodiversidade dos animais domésticos.

CATEGORIA

Artigo

CITAÇÃO

Pires, A. E. & Ginja, C. (2025)

Arqueogenómica e biodiversidade dos animais domésticos,

Rev. Ciência Elem., V13(01):009.

doi.org/10.24927/rce2025.009

EDITOR

João Nuno Tavares

Universidade do Porto

EDITOR CONVIDADO

Alexandre Lopes Magalhães

Universidade do Porto

RECEBIDO EM

19 de março de 2025

ACEITE EM

19 de março de 2025

PUBLICADO EM

25 de março de 2025

COPYRIGHT

© Casa das Ciências 2025.

Este artigo é de acesso livre, distribuído sob licença Creative Commons com a designação [CC-BY-NC-SA 4.0](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/), que permite a utilização e a partilha para fins não comerciais, desde que citado o autor e a fonte original do artigo.

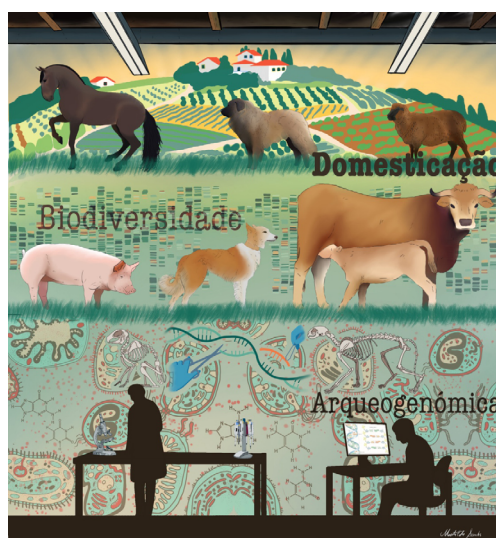
rce.casadasciencias.org



Ana Elisabete Pires^{*†}, Catarina Ginja^{‡†}

^{*}MVET/CECAV | FMVL/ U. Lisboa | [†]CIISA | FMV/ U. Lisboa | [‡]BIOPOLIS | CIBIO/ U. Porto

Este artigo explora a origem e o desenvolvimento de espécies de animais domésticos através de uma análise diacrónica, mencionando alguns dos processos evolutivos envolvidos. Estes processos, orientados pelo Homem, mas também condicionados pela seleção natural, conduziram ao panorama atual em que raças distintas, com características genéticas e fenotípicas únicas, estão reconhecidas e são valorizadas em todo o mundo. As raças autóctones Portuguesas representam um valioso património cultural e genético, adaptado às condições locais, mas enfrentam ameaças de extinção devido à sua reduzida dimensão populacional e inerentes consequências. As alterações sociais e económicas das comunidades rurais humanas, como sejam o abandono do território e das atividades agrícolas, agravam o problema. A arqueogenómica surge como uma ferramenta valiosa para aprofundar o estudo de populações através da análise de ADN recuperado de restos arqueológicos, e assim melhor compreender as trajetórias evolutivas de cada espécie. Os principais desafios encontrados são a reduzida disponibilidade de restos arqueológicos bem preservados, conteúdo em ADN vestigial, fragmentado e quimicamente degradado, bem como a constante otimização dos processos laboratoriais e bioinformáticos que exigem elevada especialização dos investigadores. Os resultados da nossa investigação são divulgados em revistas de especialidade com revisão pelos pares e, também, através de iniciativas artísticas respondendo ao compromisso de contribuir para a literacia científica de um público mais vasto.



A análise diacrônica da biodiversidade das espécies domésticas é um tema fundamental para compreender a relação entre os seres humanos e os animais ao longo da pré-história e da história. O aparecimento dos animais domésticos constitui um acontecimento marcante na história evolutiva do Homem. As motivações para a domesticação de animais selvagens ainda não são totalmente compreendidas e, muito provavelmente, variam conforme as espécies. Por exemplo, o cão (*Canis lupus familiaris*), foi a primeira espécie doméstica a aparecer com evidências zooarqueológicas datadas de há pelo menos -17,000 anos¹ na Ibéria ou -14.000 anos² na Alemanha, numa altura do desenvolvimento cultural humano em que estes eram caçadores-recolectores (Período Mesolítico). Especula-se que a origem dos cães tenha sido o próprio lobo, talvez indivíduos mais destemidos que se aproximaram dos acampamentos de humanos em busca de alimento e que tenha proporcionado a sua domesticação^{3,4}. Outros autores sugerem que este novo nicho alimentar não seria assim tão abundante e rejeitam essa hipótese⁵. Outras hipóteses mais antigas são a adoção de crias pelos humanos⁶ e o reconhecimento de aptidões de interesse, como por exemplo, caça. Evidências, em arte rupestre, da utilização de cães na atividade de caça datam do período Pré-Neolítico, na Arábia⁷. Um lobo adulto, apesar de múltiplas tentativas para crescer num ambiente diferente do seu habitat natural, nunca se transforma num cão, tal como os conhecemos. São animais extremamente territoriais e estabelecem na alcateia uma hierarquia familiar/social rígida, impossibilitando a sua gestão e manutenção no estado adulto em segurança no seio da comunidade humana⁸. Em resumo, ainda é um mistério a motivação e o processo que levou ao aparecimento do cão. O que é certo é que hoje estima-se que exista no mundo 1 cão por cada 7,5 humanos (incluindo animais errantes/párias) e, só na Comunidade Europeia, aproximadamente 90 milhões de cães⁹.

No caso de outras espécies animais domesticadas milénios depois do cão e que hoje constituem a base alimentar dos humanos, como sejam os bovinos (*Bos primigenius taurus*), os ovinos (*Ovis aries*), os caprinos (*Capra aegagrus hircus*), os suínos (*Sus scrofa domesticus*), o propósito para a domesticação dos seus ancestrais selvagens, o auroque (*Bos primigenius primigenius*), o muflão Asiático (*Ovis orientalis*), a cabra selvagem (*Capra aegagrus*) e o javali (*Sus scrofa*), respetivamente, parece estar relacionado com a necessidade de alimento numa altura de maior expansão demográfica¹⁰. No período Neolítico, os humanos passaram de caçadores-recolectores a agricultores e mais sedentários. A domesticação de plantas e animais, o domínio da agricultura e a criação de animais em cativeiro afirmou-se com sucesso em regiões-chave do planeta, como o Crescente Fértil (Sudoeste Asiático) há aproximadamente 11 mil anos e, posteriormente, noutros locais, o que permitiu o crescimento populacional, as migrações humanas em maior escala e a difusão deste sistema¹¹. Concomitantemente apareceram novos problemas, devido à convivência em grupos humanos mais numerosos, como a fácil e rápida transmissão de doenças (por exemplo a peste causada pela bactéria *Yersinia pestis*)¹² e a vulnerabilidade face aos agentes zoonóticos (por exemplo brucelose)¹³.

Conceito de raça ou ecótipo.

Durante o processo de domesticação, várias forças evolutivas operam e deixam marcas no genoma, no fenótipo dos indivíduos, incluindo o comportamento. Além da seleção natural que sempre produz o seu efeito (e.g. adaptação e sobrevivência no ecossistema com as suas especificidades – clima, altitude, agentes patogénicos locais, etc.), existem outras forças impostas pela ação do homem de forma a garantir o estabelecimento de um grupo restrito de animais com as características desejadas (efeito fundador). Inicialmente, a seleção dos indivíduos que

exibem determinadas características, como temperamento dócil e curioso, facilidade de reprodução em cativeiro, comportamento não territorial, etc., terá sido fundamental¹¹. A aptidão para alguma função de interesse para o Homem (seleção artificial), como caça, guarda, proteção, trabalho e eventualmente a produção de alimentos, bem como o cruzamento entre animais de reconhecida utilidade/vantagem ou de forma a introduzir novas características (miscigenação) fizeram, também, parte deste processo¹⁰. Com o decorrer do tempo e se houver isolamento reprodutivo (ausência de fluxo genético), aparecem localmente animais com características evidentes resultantes de adaptação e seleção que os diferenciam em relação ao seu ancestral selvagem e a outros grupos de animais da mesma espécie. Por exemplo, as galinhas domésticas foram selecionadas para serem maiores que as selvagens e os bovinos para serem menores que os auroques¹⁰. Com o isolamento reprodutivo, (seleção dos acasalamentos e/ou por distância geográfica), acentuar-se-ão as diferenças (por deriva genética) e aumentará a diferenciação genética entre as várias populações. Ao longo do tempo podem dar origem a espécies diferentes. A domesticação corresponde a um processo semelhante ao da especiação e que implica a alteração da frequência de certas variantes no genoma ou mesmo a fixação de variantes específicas. No entanto, na maior parte dos casos, havendo oportunidade, a hibridação entre as formas domesticadas e selvagens continua a ser possível^{10, 14, 15}. As raças ou ecótipos são então populações de uma mesma espécie que, além das diferenças genómicas, apresentam características fenotípicas distintas, incluindo os aspetos produtivos e comportamentais.

A caracterização genómica e o desvendar da estrutura populacional dos recursos dos animais domésticos autóctones da Península Ibérica e do Norte de África fazem parte do trabalho da nossa equipa de investigação. Os resultados que produzimos podem ser utilizados para estabelecer alertas para o risco de perda de diversidade, elencar as raças de acordo com as suas prioridades de conservação e estabelecer objetivos para a valorização e conservação das raças autóctones.

Raças autóctones de Portugal.

Portugal apresenta um extenso património biológico animal. Existem múltiplas raças de bovinos (15), ovinos (16), caprinos (6), suínos (3), equídeos (6), galináceos (5), canídeos (11) e até de abelha (1)¹⁶.



FIGURA 1. Fotografia de um exemplar de Cão da Serra da Estrela de pêlo curto. Fotografia: Joaquim Pedro Ferreira, Grupo Lobo.

Estas raças têm características únicas: são reservatórios de variabilidade genética para a espécie a que pertencem e apresentam maior rusticidade do que as raças comerciais de dispersão global¹⁷. Por exemplo, têm maior resistência a doenças — parasitas, vetores e agentes patogénicos, bem como revelam uma melhor adaptação às condições locais, terreno, clima, etc., mantendo as funções para as quais foram selecionadas. Desde o Neolítico, diferentes povos trouxeram consigo práticas e culturas que influenciaram a criação de animais domésticos, deixando marcas na diversidade das raças autóctones. No que respeita aos bovinos, estudos genómicos confirmaram que algumas das nossas raças, como a Barrosã, partilham certas variantes genéticas com gado taurino do Norte de África, consequência de cruzamentos (fluxo genético) que podem ter ocorrido muito antes da influência Islâmica na Península Ibérica¹⁸.

Como todos sabemos, a nível mundial, a exploração intensiva dos animais úteis para a alimentação humana tem um lado negro em termos de bem-estar animal e de consequências nefastas para o meio ambiente, como sejam condições de cativeiro e falta de pastagens ao ar livre, seleção sexual que implica o abate de indivíduos, remoção das crias lactentes em idade precoce, crescimento acelerado com reforço de antibióticos, etc. Infelizmente, muitas raças autóctones enfrentam risco de extinção devido a alterações profundas no meio rural e nas práticas de agricultura tradicionais. Uma das principais consequências traduz-se na redução dos efetivos populacionais destas raças (número de animais reprodutores), também, como resultado da sua substituição e/ou ao cruzamento com raças comerciais transfronteiriças (diluição genética). Um exemplo paradigmático é o dos bovinos de raça Marinhoa, cuja principal atividade estava associada à pesca artesanal — na Arte Xávega — apesar de serem tradicionalmente explorados para várias aptidões, como sejam o trabalho nos campos agrícolas e a produção de vitelos e leite para consumo humano, a crescente mecanização e substituição pela raça Holstein-Frísia na produção leiteira, terão contribuído para o seu declínio.



FIGURA 2. Fotografia de bovino autóctone da raça Mirandesa. Fotografia: Joaquim Pedro Ferreira.

De forma análoga, o êxodo rural, a diminuição da atividade pastoril e a regressão da população de predadores selvagens, como o lobo ibérico, impactam negativamente a necessidade da presença de cães autóctones de raças de proteção de gado, colocando-as em risco. As raças autóctones como o Cão da Serra da Estrela, o Cão de Castro Laboreiro, O Rafeiro do Alentejo e o Cão de Gado Transmontano enfrentam esse desafio. Raças como as de condução de gado —

Cão da Serra d'Aires, Barbado da Terceira e Cão de Fila de S. Miguel, também. O risco é multifactorial, deve-se à redução de exemplares (risco demográfico, raridade) e não havendo suficientes exemplares, um risco de perda de variabilidade genética (risco genético, por aumento de consanguinidade por cruzamento entre indivíduos aparentados com possível redução de capacidade de adaptação)^{19,20}.

Preservar estas raças significa garantir a manutenção da biodiversidade global e proteger um património genético e cultural de valor incalculável (e provavelmente irrepetível). Os criadores de gado e os canicultores desempenham um papel essencial na preservação das raças autóctones. Fica aqui uma palavra de apreço, pois o seu trabalho e dedicação contribuem para a sustentabilidade dos ecossistemas, ajudando na fertilização dos solos, no controlo de pragas, no controlo de matos e consequente prevenção de incêndios florestais, na manutenção da agro-biodiversidade e das paisagens rurais. Além disso, os produtos de qualidade derivados destas raças, como carne, leite e queijo, lã, possuem um valor acrescentado associado à utilização de recursos locais e são cada vez mais procurados por consumidores que valorizam a produção sustentável e tradicional.

Arqueogenómica.

A arqueogenómica surge como uma ferramenta relativamente recente, mas fundamental, permitindo estudar as origens, a diversidade e a estrutura genética das populações animais numa perspetiva diacrónica, i.e. ao longo do tempo, e multidisciplinar. Os materiais disponíveis são os restos ósseos ou dentes de animais, escavados por arqueólogos/zooarqueólogos que primeiramente identificam a que espécie pertencem esses restos recorrendo a informação odontométrica e osteométrica do esqueleto. A partir destes restos e seguindo protocolos bem estabelecidos de amostragem, incluindo a criação de bases de dados e repositórios 3D das peças, o material genético – ADN antigo – pode ser extraído a partir de apenas miligramas de material osteológico²¹. Estes métodos estão em constante otimização, são implementados em laboratórios de referência com condições adequadas para estes procedimentos²². De forma resumida, as condições devem garantir um acesso restrito a poucos elementos, uma circulação dos investigadores de zonas mais limpas para menos limpas, espaços separados, com ambientes independentes para diferentes fases do procedimento. Cada sala deverá ter pressão positiva e ser de fácil limpeza e descontaminação (e.g. com luz ultravioleta durante a noite por exemplo). Desta forma podemos minimizar e controlar possíveis contaminações. Apenas algumas amostras devem ser processadas em simultâneo. O recurso a réplicas do procedimento integral para cada amostra e a monitorização de cada etapa por inclusão de controlos negativos assegura uma interpretação dos resultados de forma mais segura. Os dados genómicos são obtidos por sequenciação de alta densidade com equipamento sofisticado. A análise bioinformática destes dados é extremamente complexa, os métodos exigem também constante otimização e é realizada por investigadores altamente especializados²². A arqueogenómica tem uma índole multidisciplinar e está, na interface das ciências naturais (biologia, genética), da informática (bioinformática, computação, modelação) e das humanidades (arqueologia, zooarqueologia, história, geografia).

Assim que um animal morre inicia-se a degradação dos seus tecidos, células e conteúdo celular (processos tafonómicos)²³. Tipicamente o ADN antigo recuperado de peças esqueléticas enterradas há muito tempo, apresenta-se em reduzidas quantidades (por vezes vestigiais), frequentemente fragmentado e com alterações químicas (lesões) que aportam

desafios à identificação da espécie (autenticidade), da variante genética em estudo e da sua frequência na amostra.

Na Península Ibérica, com um clima temperado e quente, a recuperação de ADN antigo é ainda mais difícil, devido ao efeito prejudicial que a temperatura exerce na molécula de ADN original. Acresce ainda o perigo de contaminações caso não sejam tomadas as devidas precauções durante a manipulação destes materiais até à recolha de amostras, de osso ou dente, em ambiente condicionado e durante a manipulação no laboratório. Recomenda-se o recurso a material arqueológico recém-escavado e mantido, após escavação, a baixa temperatura e sem grandes oscilações²⁴.

Só por curiosidade, foi possível recuperar ADN ambiental a partir de amostras de sedimentos recolhidas na Gronelândia e reconstruir parte de um ecossistema de há 2 milhões de anos²⁵. Os dados genómicos mais antigos obtidos até agora de restos animais são de dois espécimes de mamute com mais de 1 milhão de anos, recolhidos na Sibéria²⁶, e de um cavalo do Yukon, no Canadá, datado de há 780–560 mil anos²⁷.

Importa salientar que a análise genómica de apenas um indivíduo pode ser, mesmo assim, extremamente informativa, pois representa parte da história evolutiva de uma determinada população. Um indivíduo contém informação genómica dos seus antepassados e ao analisá-lo ficamos a saber algo sobre esses ancestrais, mesmo que estes não sejam encontrados no registo arqueológico nem estudados diretamente.

As marcas deixadas nos genomas pelos processos evolutivos atrás mencionados, podem ser recuperadas, analisadas e interpretadas. Por exemplo, uma súbita perda de variabilidade num determinado marcador genético, associado à produção de leite, num determinado momento cronológico, pode significar que esses antepassados exerceram uma seleção para essa característica prevalecer nos animais que exploravam. A seleção intensiva implica perda de variabilidade genética (desaparecem outras variantes associadas àquela característica) e eventualmente a fixação de determinadas variantes de particular interesse²⁸. A seleção para características de interesse reduz também a variabilidade genética em regiões do genoma adjacentes, criando blocos de homozigotia, podendo produzir efeitos associados não previstos noutros genes. Um aumento da consanguinidade nalgumas raças, como consequência da tentativa de fixar características físicas (por vezes estéticas e extravagantes) ou produtivas, pode levar ao aparecimento de situações nefastas denominadas de depressão endogâmica. Por exemplo, problemas do desenvolvimento como assimetrias, aumento da ocorrência de doenças genéticas de natureza recessiva (que não se manifesta no indivíduo heterozigótico, mas que pode ser transmitido à descendência), menor fertilidade, fecundidade mais baixa e, consequentemente, um número de descendentes mais reduzido, maior mortalidade, menor longevidade, etc.

As inferências que podemos fazer a partir de dados genómicos, bem como os principais estudos desenvolvidos em Portugal na área da arqueogenética, estão descritos num artigo de revisão publicado recentemente²⁹. Foram escavados restos de cães pré-históricos na Península Ibérica, datados de há 5.000–4.000 anos, no período Calcolítico (ou Idade do Cobre), exibindo diferenças osteométricas, em relação à sua altura ao garrote, que interpretamos como sendo o reflexo de uma intenção para a manutenção dessa diversidade provavelmente associada a uma tarefa como caça (para os mais baixos) ou guarda (para os mais altos)³⁰.

A nossa equipa conseguiu sequenciar os primeiros genomas de quatro bovinos Africanos da Idade do Ferro (>2500 anos)³¹. Foi, assim, possível revelar que o ancestral selvagem – o

auroque Africano – contribuiu para os genomas de bovinos domésticos do Magreb, na Tunísia. Esta evidência é fundamentada pelo ADN nuclear (herdado de ambos os progenitores) e, também, pelo ADN mitocondrial (as máquinas energéticas das células que existem em múltiplas cópias e que são herdadas pela via materna). Estes resultados reacenderam o debate sobre a eventual domesticação de bovinos no Norte de África, uma questão que é amplamente debatida pela comunidade científica, entre arqueólogos e geneticistas^{32,33}. Um dos objetivos da nossa investigação sobre as origens e trajetória evolutivas dos bovinos Ibéricos consiste em compreender em que medida a elevada diversidade genética que observamos no gado autóctone resulta de hibridação, isto é cruzamento, com os auroques que outrora existiram nesta região. Temos já sequenciados genomas de auroques do neolítico e do calcolítico (com mais de 5000 anos) que nos vão fornecer informação-chave sobre este assunto.

Uma análise preliminar de restos de ovelhas do período Romano revelou a sua afinidade com raças atuais da Península Ibérica e do Mediterrâneo, e uma diferenciação acentuada do Merino Ibérico (raças de lã fina) provavelmente associada a práticas de criação intensiva ao longo de séculos³⁴. Já os cavalos que viveram aqui há milhares de anos pertenciam a uma linhagem única que acabou por desaparecer sem deixar descendentes nos cavalos atuais³⁵. O porco é outro caso curioso: ao longo dos séculos, os porcos domésticos cruzaram-se continuamente com os javalis selvagens, ao ponto de quase substituírem as linhagens originalmente trazidas do Sudoeste Asiático na época do Neolítico³⁶. Fica evidente a enorme complexidade de processos demográficos que conseguimos inferir, também, por recurso a análises arqueogenómicas e que influenciaram as raças que conhecemos atualmente.

Arte e Ciência.

Com uma outra perspetiva, os resultados destes estudos são partilhados com públicos mais amplos, de várias escolaridades e idades, através de iniciativas com carácter artístico e de comunicação de ciência. Desta forma, promove-se um envolvimento mais profundo com o passado e pratica-se uma maior sensibilização para o património cultural e biológico.

Exemplos de materiais desenvolvidos pela nossa equipa de investigação são:

- O livro chama-se [Esses Osso: 39 Imagens e trinta e seis poemas animais](#)³⁷. Fotografia: Paulo Gaspar Ferreira. Seleção de poemas: Isaque Ferreira. Paisagem sonora: Brendan Hemsworth. Curadoria: Catarina Ginja. Porto 2017. Os fios condutores deste trabalho artístico são as peças arqueológicas e as emoções que causam. Cultivámos a liberdade de escolhas sem preconceitos. Recusámos a ideia de catalogar as peças, ou de impor a presença de autores específicos. Pelo contrário, procurou-se criar uma dimensão estética para estes materiais. Resultado de uma certa abstração, mas que no seu todo pudesse transmitir a carga histórica, emblemática e das memórias que lhes estão associadas. Uma história que é a da evolução das espécies de animais domésticos e que está intimamente ligada à das diversas comunidades humanas. A riqueza de ideias e as formas poéticas com elas relacionadas ilustram bem esta proximidade.
- Curta-metragem de animação ilustrada: [O Cão de Muge – um amigo pré histórico](#), em 2018. Este filme de animação digital reflete a feliz fusão entre o cinema e a ciência. Conta a história de um cão com cerca de 7600 anos. O mais antigo esqueleto quase completo de que há registo na Península Ibérica. Foi premiado internacionalmente em 2020 com o 1.º Prémio *ex aequo* na modalidade Curtas Científicas/Concurso *Ciencia en Acción*, Espanha, e a nível nacional, em 2021 – Prémio Especial do Júri/Casa das Ciências.

- **Reconstrução facial do Cão de Muge** – uma aproximação, publicada em 2022³⁸. Utilizaram-se métodos inovadores, com base em imagens de tomografia computadorizada, numa tentativa de reconstruir aquele que seria o rosto deste animal. Este estudo multidisciplinar envolveu zooarqueólogos, biólogos, veterinários, bem como processos gráficos e artísticos.

Agradecimentos.

As autoras agradecem à sua vasta equipa e colaboradores pela realização de investigação científica de forma intensa e dedicada que tem permitido desvendar e compreender a diversidade genética das populações animais passadas e atuais. A nossa investigação é suportada por fundos públicos maioritariamente nacionais através da FCT-Fundação para a Ciência e a Tecnologia: contratos individuais DL57/2016/CP1440/CT0029 (AEPires) e <https://doi.org/10.54499/2020.02754.CEECIND/CP1601/CT0012> (CGinja); e projectos de investigação <https://doi.org/10.54499/2022.04843.PTDC> (ARIES), POCI-01-0145-FEDER-029545/PTDC/HAR-ARQ/29545/2017 (WOOF), PTDC/CVT-LIV/2827/2014 & POCI-01-0145-FEDER-016647 (ARCHAIC); FCT-PROJETOS DE MOBILIDADE (BILATERAIS) – Programa PES-SOA (FCT/Campus France) | 2023.09854.CBM, e pelo Programa Iberoamericano de Ciência e Tecnologia para o Desenvolvimento – CYTED (através da Rede 123RT0139 – Rede iberoamericana sobre os recursos zoogenómicos e a sua resiliência).

REFERÊNCIAS

- ¹ HERVELLA, M. et al., *The domestic dog that lived 17,000 years ago in the Lower Magdalenian of Erralla site (Basque Country): A radiometric and genetic analysis*, *J Archaeol Sci Reports*, 46. doi:10.1016/j.jasrep.2022.103706. 2002.
- ² JANSSENS, L. et al., *A new look at an old dog: Bonn-Oberkassel reconsidered*, *J Archaeol Sci*, 92:126-138. doi:10.1016/j.jas.2018.01.004. 2018.
- ³ COPPINGER, R. & COPPINGER, L., *Dogs: A New Understanding of Canine Origin, Behavior, and Evolution*, University of Chicago Press. 2002.
- ⁴ DRISCOLL, C. A. et al., *From wild animals to domestic pets, an evolutionary view of domestication*, *Proc Natl Acad Sci U S A*, 106 Suppl 1:9971-9978. doi:10.1073/pnas.0901586106 [pii]10.1073/pnas.0901586106. 2009.
- ⁵ JUNG, C. & PÖRTL, D., *Scavenging Hypothesis: Lack of evidence for Dog Domestication on the Waste Dump*, *Dog Behav*, 4(2):41-56. doi:10.4454/DB.V4I2.73. 2018.
- ⁶ GALTON, F., *The First Steps towards the Domestication of Animals*, *Trans Ethnol Soc London*, 3:122. doi:10.2307/3014161. 1865.
- ⁷ GUAGNIN, M. et al., *Pre-Neolithic evidence for dog-assisted hunting strategies in Arabia*, *J Anthropol Archaeol*, 49. doi:10.1016/j.jaa.2017.10.003. 2018.
- ⁸ SERPELL, J. A., *Commensalism or Cross-Species Adoption? A Critical Review of Theories of Wolf Domestication*, *Front Vet Sci*, 8:662370. doi:10.3389/fvets.2021.662370/BIBTEX. 2021.
- ⁹ FIORE, I. & LUGLI, F., *Dogs, Past and Present: An Interdisciplinary Perspective*. doi:10.32028/9781803273549. 2023.
- ¹⁰ MCHUGO, G. P. et al., *Unlocking the origins and biology of domestic animals using ancient DNA and paleogenomics*, *BMC Biol*, 17(1). doi:10.1186/s12915-019-0724-7. 2019.
- ¹¹ DIAMOND, J., *Evolution, consequences and future of plant and animal domestication*, *Nature*, 418(6898):700-707. 2002.
- ¹² SEERSHOLM, F. V. et al., *Repeated plague infections across six generations of Neolithic Farmers*, *Nat* 2024 6328023, 632(8023):114-121. doi:10.1038/s41586-024-07651-2. 2024.
- ¹³ FOURNIÉ, G. et al., *Early animal farming and zoonotic disease dynamics: modelling brucellosis transmission in Neolithic goat populations*, *R Soc Open Sci*, 4(2):160943. doi:10.1098/R SOS.160943. 2017.
- ¹⁴ FRANTZ, L. A. F. et al., *Animal domestication in the era of ancient genomics*. *Nat Rev Genet*, Published online, 1-12. doi:10.1038/s41576-020-0225-0. 2020.
- ¹⁵ MACHUGH, D. E. et al., *Taming the Past: Ancient DNA and the Study of Animal Domestication*, *Annu Rev Anim Biosci*, 5(1):329-351. doi:10.1146/annurev-animal-022516-022747. 2017.
- ¹⁶ *Raças Autóctones – DGAV*. 2025.
- ¹⁷ GINJA, C. & BRUNO-DE-SOUSA, C., *Biodiversidade dos animais domésticos da Península Ibérica: uma perspetiva genómica*, *Cultiv Cad análise e Prospect*, 30:79-86. 2024.
- ¹⁸ DA FONSECA, R. R. et al., *Consequences of breed formation on patterns of genomic diversity and differentiation: The case of highly diverse peripheral Iberian cattle*, *BMC Genomics*, 20(1):334. doi:10.1186/s12864-019-5685-2. 2019.
- ¹⁹ FAO, *The Second Report on the State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture*, (Scherf BD, Pilling D, eds). FAO Commission on Genetic Resources for Food and Agriculture Assessments. 2015.
- ²⁰ HOWARD, J. T. et al., *Invited review: Inbreeding in the genomics era: Inbreeding, inbreeding depression, and management of genomic variability*, *J Dairy Sci*, 100(8):6009-6024. doi:10.3168/JDS.2017-12787. 2017.

- ²¹HANSEN, H. B. et al., *Comparing Ancient DNA Preservation in Petrous Bone and Tooth Cementum*, *PLoS One*, 12(1):e0170940. doi:10.1371/JOURNAL.PONE.0170940. 2017.
- ²²ORLANDO, L. et al., *Ancient DNA analysis*, *Nat Rev Methods Prim* 2021 11, 1(1):1-26. doi:10.1038/s43586-020-00011-0. 2021.
- ²³ALLENTOFT, M. E. et al., *The half-life of DNA in bone: measuring decay kinetics in 158 dated fossils*, *Proc R Soc B Biol Sci*, 279(1748):4724-4733. 2012.
- ²⁴PRUVOST, M. et al., [Freshly excavated fossil bones are best for amplification of ancient DNA](#), *Proc Natl Acad Sci U S A*, 104(3):739-744. 2007.
- ²⁵KJÆR, K. H. et al., *A 2-million-year-old ecosystem in Greenland uncovered by environmental DNA*, *Nat* 2022 6127939, 612(7939):283-291. doi:10.1038/s41586-022-05453-y. 2022.
- ²⁶VAN DER VALK, T. et al., *Million-year-old DNA sheds light on the genomic history of mammoths*, *Nat* 2021 5917849, 591(7849):265-269. doi:10.1038/s41586-021-03224-9. 2021.
- ²⁷ORLANDO, L. et al., *Recalibrating Equus evolution using the genome sequence of an early Middle Pleistocene horse*, *Nat* 2013 4997456, 499(7456):74-78. doi:10.1038/nature12323. 2013.
- ²⁸SVENSSON, E. M. et al., *Tracing genetic change over time using nuclear SNPs in ancient and modern cattle*, *Anim Genet*, 38(4):378-383. doi:AGE1620 [pii]10.1111/j.1365-2052.2007.01620.x. 2007.
- ²⁹PIRES, A. E. et al., [Nós humanos e os animais domésticos: revisão \(incompleta\) da investigação arqueogenômica realizada em Portugal](#), *Al-Madan, Ila Série*(27):82-94. 2024.
- ³⁰PIRES, A. E. et al., *The curious case of the Mesolithic Iberian dogs: An archaeogenetic study*, *J Archaeol Sci*, 105:116-129. doi:10.1016/j.jas.2019.03.002. 2019.
- ³¹GINJA, C. et al., *Iron age genomic data from Althiburos – Tunisia renew the debate on the origins of African taurine cattle*, *iScience*, 26(7). doi:10.1016/j.jisci.2023.107196. 2023.
- ³²PITT, D. et al., *Domestication of cattle: Two or three events?*, *Evol Appl*, 12(1). doi:10.1111/eva.12674. 2019.
- ³³[Cattle Domestication from Aurochs to Cow – Fifteen Eighty Four](#), Cambridge University Press. 2025.
- ³⁴GASPAR, D. et al., *Genome-wide assessment of the population structure and genetic diversity of four Portuguese native sheep breeds*, *Front Genet*, 14. doi:10.3389/fgene.2023.1109490. 2023.
- ³⁵FAGES, A. et al., [Tracking Five Millennia of Horse Management with Extensive Ancient Genome Time Series](#), *Cell*, 177(6):1419-1435.e31. 2019.
- ³⁶FRANTZ, L. A. F. et al., *Ancient pigs reveal a near-complete genomic turnover following their introduction to Europe*, *Proc Natl Acad Sci U S A*, 116(35):17231-17238. doi:10.1073/pnas.1901169116. 2019.
- ³⁷GASPAR FERREIRA, P. et al., *Esses Ossos*, *In-Libris*. 2017.
- ³⁸MORAES, C. et al., *The Facial Reconstruction of a Mesolithic Dog*, *Muge, Portugal, Appl Sci*, 12(10). doi:10.3390/app12104867. 2022.