

LA CONSANGUINIDAD

EN LA CRIA DE PERROS

Conscientemente no se ha titulado

este escrito haciendo referencia

exclusivamente a los problemas

o efectos nocivos que lleva consigo

la cría en consanguinidad, ya que,

como veremos posteriormente,

la consanguinidad por sí misma no es

ni buena ni mala, aunque sus efectos

visibles se manifiesten mayoritariamente

en una de estas direcciones



¿A QUE LLAMAMOS CRIA CONSANGUINEA?

Denominamos cría consanguínea o endogámica al apareamiento de individuos que tienen relaciones de parentesco más cercanas entre sí que con el resto de los miembros de la población o raza a la cual pertenecen. La consanguinidad en una población de censo grande surge, por tanto, como consecuencia de los apareamientos deliberados entre parientes, pero también puede darse como el producto inevitable de los apareamientos realizados al azar, si la población con la cual estamos trabajando es de tamaño reducido.

El grado o coeficiente de consanguinidad (F) de un individuo lo podemos definir como la probabilidad de que los dos genes o alelos presentes en un mismo *locus* (lugar físico que ocupa un gen en un cromosoma) de dicho individuo sean «idénticos por descendencia», es decir, que dichos genes sean copias

idénticas de otro gen de un antepasado común. Lógicamente, existirá una relación entre el Coeficiente de Consanguinidad de un individuo (F_x) y el grado o coeficiente de parentesco de sus padres (r_{AB}), tomando este último un valor igual a dos veces la consanguinidad de su hijo, siendo A y B los padres de X.

Por tanto, el efecto a nivel genético de una mayor proporción de apareamientos entre individuos emparentados, será el de un incremento general de la homocigosis en una gran mayoría de *loci* (plural de *locus*), o lo que es lo mismo, un decremento de la heterocigosis en esos mismos *loci*, por lo que a nivel fenotípico podremos observar que los individuos emparentados van haciéndose cada vez más semejantes entre sí, para la gran mayoría de caracteres, tanto morfológicos, productivos, como de cualquier otra índole. Consecuencia lógica de este fenómeno es el hecho de que la variabilidad genética para cualquier carácter va dismi-



**El término «línea» nos
sirve para reconocer
rasgos únicos que
se repiten generación
tras generación**

nuyendo. Como conclusión obvia, los individuos de una familia o «línea» cada vez son más parecidos entre sí, y más diferentes de los individuos de otras familias.

LA CONSANGUINIDAD PER SE NO ES NI BUENA NI MALA

Con esta frase queremos desmitificar el temor que lleva asociada esta palabra entre los ganaderos en general y los criadores de perros en particular. La consanguinidad por sí misma no es ni buena ni mala, sólo hace falta saber utilizarla de la forma más conveniente para nuestros propios intereses.

La selección y la mejora genética de los diferentes caracteres de interés económico en todas las especies domésticas se ha basado desde tiempos inmemoriales en el hecho observable de que «parecido engendra parecido», por lo que los apareamientos entre individuos más o menos estrechamente relacionados ha sido práctica común si se querían alcanzar los objetivos inicialmente propuestos. Un cierto grado de consanguinidad es necesario si nos queremos asegurar la tendencia hereditaria de los caracteres objeto de selección. El término «línea» de un determinado criador es una expresión que nos sirve para reconocer en sus perros rasgos únicos que se repiten generación tras generación, fruto y culminación de años de cría selectiva ininterrumpida.

La endogamia nos «fijará» los rasgos que hacen que un perro sea excepcional, pero en el proceso, debido a que la consanguinidad afecta a la vez a todos los *loci* génicos, pueden fijarse asimismo caracteres no deseables. Sin ►

embargo, si la selección de los reproductores es adecuada, las buenas características sobrepasarán a las malas y ello se reflejará en la calidad de la línea.

CONSECUENCIAS GENÉTICAS DE LA CONSANGUINIDAD

La consecuencia fenotípica u observable más llamativa del incremento de la homociguidad en las poblaciones consanguíneas es la aparición de individuos con defectos o «anomalías genéticas» que corresponden a la manifestación de genes recesivos, los cuales se hallaban previamente enmascarados en los individuos heterocigotos o portadores. Por tanto podemos concluir que la endogamia por sí misma no induce a anomalías, aunque puede suscitar la aparición de cualquiera de ellas que estuviera latente en la perrera. En este sentido la podemos considerar como una operación purificadora, puesto que, además de propiciar la aparición de la anomalía (homocigotos recesivos), permite consecuentemente su rápida eliminación.

Otra consecuencia mucho

más importante de la endogamia es el fenómeno conocido como «depresión consanguínea o endogámica», que podemos definir como la reducción de los valores promedio de la población, principalmente en caracteres relacionados con la aptitud reproductiva (por ejemplo, fertilidad, prolificidad, etc.), y el vigor general (por ejemplo, mayor predisposición a contraer enfermedades), y en menor medida también en los caracteres de producción (por ejemplo, aptitud lechera de las hembras, peso al nacimiento de los cachorros, crecimiento de los mismos, etc.). La pérdida de energía vital se debe a la homociguidad creciente de los poligenes que controlan la salud y el vigor.

La depresión endogámica suele presentarse paulatinamente, afectando a ciertos animales y no a otros. Por consiguiente conviene combatirla haciendo procrear exclusivamente los perros más sanos y vigorosos, aunque esto no es garantía absoluta de éxito. Si no se logran los resultados esperados sólo resta el recurso a cruzamientos externos (exogamia o exocria). La primera genera-

ción de este cruzamiento suele ser notablemente robusta. Incluso con padres relativamente debilitados (siempre que no estén emparentados) puede obtenerse una primera descendencia particularmente sana. Ese fenómeno es el denominado «vigor híbrido» o «heterosis», el cual podemos definir de una forma sencilla como el efecto contrario a la depresión consanguínea.

¿COMO PODEMOS MEDIR EL GRADO O COEFICIENTE DE CONSANGUINIDAD DE UN INDIVIDUO O DE UNA POBLACION?

La consanguinidad sólo tiene sentido calcularla hasta un cierto número de generaciones atrás, denominando a esta población inicial como *población base*, en la cual asumimos que ningún individuo está emparentado, es decir, que todos los individuos de esta generación y anteriores tienen consanguinidad cero ($F = 0$). Por tanto el coeficiente de consanguinidad es una medida relativa y nos compara el grado actual de parentesco de los individuos de nuestra población (recordar que $r_{AB} =$

$2F$.) con los individuos de la población base.

Para el cálculo del coeficiente de consanguinidad (F) de un individuo o el cálculo del coeficiente de parentesco (r) de sus padres partimos de una premisa básica: el conocimiento o no de la genealogía o pedigree de los animales. Si la genealogía es conocida podremos calcular por diversos métodos —cuya descripción se aparta del objetivo de este artículo— tanto el coeficiente de consanguinidad de un individuo como el parentesco de sus padres de forma exacta y precisa. Sin embargo, si no disponemos de las relaciones genealógicas, este cálculo exacto no podrá realizarse, debiéndonos conformar en este caso con realizar una estimación aproximada del coeficiente de consanguinidad promedio de la población. En este último caso podemos diferenciar dos situaciones distintas. La primera sería aquella en la cual partimos de una población o línea de perros (en la que asumimos $F = 0$) y que mantenemos utilizando un sistema regular de apareamientos entre parientes (por ejemplo, cruces entre medio hermanos, hermanos completos, padre-hija, etc.) para producir líneas consanguíneas. La evaluación del coeficiente de consanguinidad puede calcularse mediante unas ecuaciones llamadas de recurrencia, que nos relacionan el coeficiente de consanguinidad en una determinada generación con el de las generaciones previas. Con ello tenemos una medida del incremento de dicho coeficiente por generación (ΔF). La magnitud de este incremento, lógicamente, va a depender de una serie de factores, los cuales únicamente vamos a enumerar: en primer lugar, la proporción relativa de machos y hembras; en segundo lugar, el número de padres por generación, y en



tercer lugar, las diferencias de fertilidad y fecundidad de los padres, que se traduce en una variabilidad del número de cachorros por familia.

La segunda situación a que hacíamos referencia sería aquella en la cual estamos interesados en calcular el coeficiente de consanguinidad promedio de una raza, población o línea, en un determinado momento, sin tener conocimientos previos del grado de endogamia que podrían mostrar generaciones anteriores. Para ello nos tenemos que basar en el cálculo del grado de heterocigosidad que muestra dicha población para un conjunto de genes escogidos al azar y que consideramos representativos del *genoma*, relacionando posteriormente este valor déficit o exceso de heterocigotos, con el que esperaríamos haber encontrado si dicha población se apareara al azar. Al relacionar el grado de heterocigosidad con la consanguinidad obtenemos una «aproximación» del valor de dicho coeficiente, ya que pueden existir asimismo otros factores o causas que comporten un déficit de heterocigotos en la población. La metodología utilizada es el estudio del polimorfismo bioquímico (variabilidad genética de proteínas y enzimas), y más actualmente el análisis de regiones altamente polimórficas del ADN de los individuos, concretamente las llamadas regiones «microsatélites».

¿COMO PODEMOS SOLVENTAR, O AL MENOS PALIAR, LOS EFECTOS DE LA DEPRESION CONSANGUINEA?

Habíamos comentado anteriormente que una posibilidad sería la de recurrir a los cruzamientos externos o apareamientos exogámicos, es decir, aparear nuestros animales con individuos no em-

Para calcular el coeficiente de consanguinidad partimos de una premisa básica: el conocimiento o no del pedigree



parentados, para así de este modo recuperar la heterocigosidad para los genes de la salud y el vigor que habíamos perdido durante la cría en consanguinidad y que provocaban los efectos desfavorables de la llamada depresión consanguínea. No obstante tendremos que procurar introducir *sangre nueva* que complemente los caracteres de nuestros perros, no que los destruya, por lo que será muy importante la elección cuidadosa de esta nueva línea que vayamos a cruzar con la nuestra.

Puede darse el caso de que un criador posea un pequeño grupo de reproductores con un alto nivel de perfección y empieza a detectar signos de depresión endogámica. Dicho criador quiere evitar en lo posible el cruzamiento externo, ya sea porque le obligaría a interrumpir su línea considerada excelente o bien por falta de animales no em-

parentados entre sí y de calidad comparable. Como única solución interna tendremos que adoptar un sistema de apareamientos en el que la disminución de la heterocigosidad sea mínima; en otras palabras, reducir dentro de nuestra propia línea el incremento de consanguinidad generacional (ΔF) al mínimo.

Para establecer un «programa de consanguinidad mínima» volvemos a tener dos opciones, dependiendo del conocimiento o no de la genealogía. Si el pedigree es conocido sabremos, tal como hemos expuesto anteriormente, los coeficientes de parentesco existentes entre todos los individuos, con lo cual podremos programar los apareamientos de la forma más conveniente para lograr un incremento mínimo. Si el pedigree es desconocido tendremos que programar los apareamientos, siempre con el objeto de lograr un incre-

mento de consanguinidad mínimo, dependiendo de si el número de machos es igual o no al número de hembras en nuestra explotación. Lógicamente, el factor limitante para lograr un $\Delta F = \text{Mínimo}$ será el número de individuos del sexo menos numeroso.

Como comentario final sólo nos queda decir que para conocer con exactitud las genealogías se hace imprescindible conocer con la máxima fiabilidad las paternidades. La Unidad de Genética y Mejora del Animal de la Facultad de Veterinaria de Barcelona (U.A.B.) dispone de las técnicas necesarias para realizar exclusiones aducidas de paternidad. Actualmente estamos poniendo a punto técnicas moleculares, análisis de los llamados «minisatélites» y «microsatélites», regiones altamente polimórficas del *genoma* (ADN) que darán unas probabilidades de exclusión del 100 por 100. ■