



EL PERRO GENÓMICO

Del pedigree a los SNP

Ferez Ruiz Xavier: Consultor técnico-científico de ADERAVA www.aderava.com

El número total de perros en un país de la UE podría estar en torno a los 8 millones de ejemplares, de los cuales un millón y medio podría ser de pura raza y aproximadamente un tercio de ellos estarían registrados en la Sociedad Canina de ese país. Del total de razas mundiales, 300 estarían representados en ese registro central canino nacional. Registro que sólo es definitivo cuando el perro ha aprobado o superado un examen llamado “confirmación”, garantizando de algún modo su “pureza” genética...su raza.

Hace ya más de una década, unos autores investigaron la estructura genética de algunas razas de perros en la UE, utilizando como fuente, datos exclusivamente procedentes de su pedigrí y así se estudiaron su variabilidad genética. La información obtenida de las Sociedades Caninas a través del árbol genealógico para garantizar el control de parentesco de paternidad se realiza sólo sobre la base de unos simples criterios de consistencia: entre las fechas de apareamiento, nacimiento y gestación y entre los patrones de color de la descendencia y los padres asumidos. El control de parentesco molecular no es obligatorio.

Tras haber cumplido la mayoría de edad, este nuevo milenio nos permite advertir que los actuales métodos genómicos pueden proporcionar herramientas muy valiosas para investigar los progenitores de una futura camada, optimizando las buenas prácticas de reproducción para controlar la propagación de enfermedades recesivas y/o permitir la variabilidad genética, prácticas olvidadas por algunos criadores con el retrocruzamiento reiterado, utilizado tan frecuentemente y durante tantas generaciones para obtener un buen pedigrí.

La variabilidad genética y la estructura de los animales domésticos dependen en gran medida de las decisiones y prácticas de los criadores. En la selección, la reproducción dentro de una población cerrada es una práctica común, ya que permite fijar las características y rasgos deseados de los mejores representantes de la raza. Sin embargo, esta práctica de apareamiento puede llevar a altas tasas de endogamia y riesgos asociados (mayor frecuencia de trastornos recesivos, depresión por endogamia...), que son una grave amenaza, especialmente para poblaciones pequeñas y poblaciones que se originan en un pequeño número de ancestros.

Las preocupaciones sobre los efectos potenciales de la endogamia y la reducción de la diversidad, en la salud, la funcionalidad y el bienestar de los animales dentro de las razas de perros, han llevado a un llamamiento para mejorar las prácticas de manejo genético. Por lo tanto, el manejo de la diversidad genética se ha convertido en un foco importante para los criadores de perros, sociedades caninas y autoridades. Los estudios han demostrado que hay una considerable pérdida de la cantidad total de diversidad



genética en las poblaciones de perros modernos. En particular, los perros de raza pura se seleccionan intensamente recurriendo, en algunas líneas, a la cría cercana, donde se usan repetidamente para aparearse, lo que ocasiona una reducción de la diversidad genética. Tradicionalmente, los datos genealógicos se han utilizado para evaluar la diversidad genética en perros. Sin embargo, el uso de datos genealógicos está limitado por los registros de pedigrí disponibles incompletos o inexactos. La genómica ofrece aplicaciones novedosas que tienen un gran potencial para aumentar nuestra comprensión del genoma de los animales domésticos y para mejorar la eficiencia de los programas de conservación y selección. Los marcadores moleculares STR (repeticiones en tándem corto) se han utilizado inicialmente para estimar la diversidad genética en ausencia de registros genealógicos. Más recientemente, la disponibilidad de matrices de polimorfismo de un solo nucleótido (SNP) de alta densidad ha aumentado la precisión, el rendimiento y la rentabilidad de los análisis genómicos para la conservación genética. De hecho, el gran número de SNP a lo largo del genoma hace que estos marcadores sean particularmente adecuados para la detección de regiones genómicas en las que se produjo una reducción de la heterocigosidad y ofrece nuevas oportunidades para mejorar la precisión de las estimaciones de diversidad genética.

Anteriormente, se había analizado la demografía y la diversidad de cada raza recurriendo exclusivamente a los datos de pedigrí. El uso de datos moleculares representa un paso importante hacia una descripción más precisa del genoma de los perros. Esta información genómica mejorada demostrará ser muy útil para el manejo de la raza, tanto en la perspectiva de conservación como en la de reproducción y selección.

Durante unos 10 000 años, la explotación biológica se ha estado manejando de manera sostenible, lo que llevó a esos seres vivos a estar bien adaptados a las condiciones locales. Hace unos 200 años, la situación comenzó a cambiar dramáticamente, con el auge del concepto de raza. Todos los ejemplares de la misma raza comenzaron a ser seleccionados por las mismas características fenotípicas, y la reproducción entre las razas se redujo seriamente.

La eficiencia de los métodos de selección modernos aumentó con éxito la pureza de las razas y la aparición de nuevas razas, pero con una pérdida dramática de variabilidad genética. Muchas nuevas razas ahora sufren de endogamia, con tamaños de población efectivos por debajo de 50, muchas de ellas se han extinguido recientemente.

Por lo tanto, es importante tomar medidas que promuevan una gestión sostenible de estos recursos genéticos.

El aumento de las tasas de endogamia es uno de los efectos secundarios de los programas de mejoramiento genético diseñados para dar progreso genético a ciertos rasgos de pureza en los estándares de una raza. La endogamia conduce a la depresión por endogamia para los rasgos que muestran dominancia y, en última instancia, conducirá a una disminución de la variación genética dentro de las poblaciones, rasgos perjudiciales para la continuidad de la raza.

La selección en los perros de pura raza puede desembocar en estrecho cuello de botella dentro de las poblaciones, lo que lleva a altas tasas de endogamia. Además, en los perros, el apareamiento entre parientes cercanos se usa con frecuencia. La mortalidad de los cachorros aumenta significativamente con la endogamia y se mostró una correlación positiva entre la frecuencia de algunas enfermedades genéticas y el coeficiente



promedio de endogamia. Además, los perros de raza pura a menudo tienen que lidiar con enfermedades genéticas y más de 400 enfermedades genéticas están registradas en esta especie.

Por estas razones, el estudio de la evolución de la consanguineidad en algunas poblaciones de perros resulta crucial, bien a partir de datos de pedigrí, como hasta ahora o bien a partir de datos moleculares de los progenitores.

El cruzamiento con una raza cercana puede ser una solución para reintroducir algunas variaciones genéticas, si la situación genética de la raza parece crítica. Dicha falta o pérdida de variabilidad podría evitarse si la cría se organizara más racionalmente dentro de la raza, sin embargo no es tarea fácil, por la dificultad de encontrar a dueños de perros de la misma raza no relacionados y convencerlos para el apareamiento. Estos son algunos de los principales obstáculos para un mejor manejo de la pérdida de variabilidad genética.

La mayoría de las razas pueden considerarse más o menos amenazadas con respecto a los criterios utilizados por la FAO y EAAP para determinar las razas en riesgo. Según la FAO, la situación de una raza se clasifica como crítica si hay <100 hembras reproductivas o cinco machos reproductores y está en peligro si hay menos de 1000 hembras reproductivas o 20 machos reproductores, mientras que el EAAP determina una clase de peligro utilizando un valor máximo supuesto de endogamia durante 50 años de conservación.

En comparación con otras especies domésticas, las poblaciones de perros de raza pura están muy dispersas y un criador produce en promedio, dos camadas por año. Por eso, tales medidas podrían aplicarse solo si los criadores y los propietarios están motivados e implicados en el proceso.

A pesar de ciertas directrices de criadores de raza canina, BobtaildeAlamo lleva comprometido en aumentar el acervo genético de esta maravillosa raza de pastores, fomentando el cruce ante ejemplares no relacionados, para evitar la pérdida de variabilidad genética y la endogamia, para ello consta en su núcleo zoológico de la Región de Murcia de once ejemplares de Bobtails que conviven en un ambiente natural y en familia.