



**Sistema de Revisiones en Investigación
Veterinaria de San Marcos**

Consanguinidad y su importancia en el mejoramiento genético de la alpaca



REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA - 2011

Autor:

Jorge Luis Vilela Velarde

Universidad Nacional Mayor de San Marcos

Facultad de Medicina Veterinaria



TABLA DE CONTENIDO

1.	PRESENTACIÓN	2
2.	INTRODUCCIÓN	2
3.	PRINCIPIOS CONSANGUINIDAD Y PARENTESCO	2
4.	DEPRESIÓN CONSANGUÍNEA	3
5.	COEFICIENTE DE CONSANGUINIDAD	4
6.	IMPORTANCIA DE LA CONSANGUINIDAD EN ALPACAS	5
7.	CONCLUSIONES	6
8.	LITERATURA CITADA.....	7

Consanguinidad y su importancia en el mejoramiento genético de la alpaca

Vilela Velarde, Jorge Luis (jvilela@lamolina.edu.pe)

1. PRESENTACIÓN

La consanguinidad es una variable aleatoria que podría usarse en la obtención más precisa de valores de cría a través de modelos lineales mixtos. Este documento presenta una revisión de algunas investigaciones realizadas en otras especies y plantea su aplicación en el mejoramiento genético de camélidos sudamericanos, principalmente alpacas.

2. INTRODUCCIÓN

En el manejo de ganado doméstico se tiene siempre en consideración el parentesco que puede existir entre dos animales que se empadran debido a la consanguinidad que pueda resultar en la descendencia y que traerá como consecuencia problemas de tipo morfológico o productivo. Las malformaciones congénitas debido a este efecto, es decir, a altos grados de

consanguinidad, son mayores al 25% (Buxade, 1995). Pero la consanguinidad adquiere mayor relevancia en caso de los caracteres productivos debido a que un ligero incremento de la consanguinidad como el 1% dentro de la población puede causar pérdidas económicas a largo plazo por una reducción en la productividad animal.

Esta revisión tiene como objetivo conocer algunos conceptos importantes de la consanguinidad y su efecto en el mejoramiento genético alpaquero, tomando en consideración los caracteres cuantitativos y los avances tecnológicos que existen para la estimación del coeficiente de consanguinidad en una población.

3. PRINCIPIOS CONSANGUINIDAD Y PARENTESCO

Parentesco es vínculo de dos individuos por un ancestro en común.

Consanguinidad es la consecuencia del empareamiento de dos individuos emparentados. En especies diploides, los individuos consanguíneos llevarán dos copias del mismo alelo que son idénticos por descendencia (un ancestro en común), a través de la replicación del ADN (Carrillo et al., 2010; Cleveland, et al. 2005). El manejo genético del ganado doméstico se centra en la actualidad a no alcanzar niveles de consanguinidad en generaciones futuras donde podría ser posible observar una reducción en el rendimiento o una amenaza a la sustentabilidad de programas de selección. Los caracteres productivos y reproductivos son usualmente más sensibles a la acumulación consanguínea que los rasgos de crecimiento y morfológicos. La depresión consanguínea es una consecuencia de la consanguinidad y afecta en mayor grado a los caracteres productivos que los morfológicos o cualitativos.

4. DEPRESIÓN CONSANGUÍNEA

La depresión consanguínea puede ser cuantificada como una reducción de la media fenotípica de un

carácter, mayormente relacionado a la capacidad reproductiva o eficiencia fisiológica, aunque puede ser también observada para caracteres de conversión alimenticia y de crecimiento. La depresión consanguínea es una combinación de dos causas a nivel del locus. La primera causa es la reducción de la cantidad de heterocigosidad, la cual afecta directamente la habilidad para explotar los efectos genéticos de la dominancia directa. La segunda causa es la consecuencia negativa de la homocigosidad en algunos loci; la falta de un alelo podría tener consecuencias desfavorables si es que ese alelo codifica para una enzima que es crítica en la ruta bioquímica que afecta el fenotipo que está siendo medido.

Es probable que la primera causa sea usualmente la más importante debido a la acumulación de varias pequeñas pérdidas que tienen un impacto inmediato sobre el fenotipo debido a la falta de heterocigosidad. La última causa tendrá un impacto inmediato si presenta tanto letalidad como supresión completa de la reproducción o si es expresado solamente en grandes niveles de

consanguinidad, como una suma de efectos acumulativos expresados como interacciones epistáticas, por lo tanto, puede esperarse que estos efectos deberían ser menos frecuentes al reducirse los niveles de consanguinidad. Existen varios autores que sugieren que los efectos de la sobredominancia epistática compleja pueden perderse debido a la depresión consanguínea, mas como una pérdida en el aprovechamiento de la heterosis que en la expresión de los alelos que son desfavorables a rendimiento o producción (Miglior et al., 2002).

5. COEFICIENTE DE CONSANGUINIDAD

El coeficiente de consanguinidad (F_x) tiene dos funciones principales. Mide la probabilidad de que un individuo tenga dos alelos idénticos por ascendencia en un mismo locus, haciendo resaltar que puede darse el mismo caso aunque no exista ninguna relación, conociéndose en ese caso como idénticos por naturaleza o en estado, como ocurre en la mutación. Además, mide el aumento de la homocigosis en una población y que

trae como consecuencia la disminución de la heterocigosidad (Spike, 2009). Es claro que el coeficiente de consanguinidad no puede diferenciar entre los individuos homocigotos dominantes y recesivos, por lo que indirectamente la reducción de la heterocigosidad traerá consecuencia adversa. Esto debido a que aunque se tenga un incremento de la homocigosidad y que sea homocigota dominante (AA), será casi lo mismo que si fuera heterocigoto (Aa), si es que los alelos se comportan bajo la forma de Dominancia Completa, pero si existe la forma recesiva (aa), traerá como consecuencia la aparición de caracteres que sean no propicios para la población y por ello se observaran fenotipos no deseables ya sean cualitativos (enanismo, prognatismo, manchas de la capa) como cuantitativos (bajo peso de nacimiento, baja producción de leche, bajo peso de vellón).

Para el cálculo del coeficiente de consanguinidad existen dos métodos. Uno denominado el método de Flechas propuesto por Bryan Lewis y el método de covariancias. Para cualquiera de las

dos es necesario el uso del registro genealógico o pedigree, para obtener valores estimados de covariancias que permitan estimar valores de consanguinidad en la generación posterior. Es de resaltar que ambos métodos serán efectivos mientras más información se tenga del pedigree. Es decir, si tenemos información de pedigree de tres generaciones quizá obtengamos valores de coeficiente de consanguinidad de cero, pero si obtenemos información de tres generaciones anteriores a las que tenemos, podríamos recién obtener valores de consanguinidad en la generación actual mayor a 1%. Esto quiere decir, que es importante el uso de una buena cantidad de información para hallar un coeficiente de consanguinidad confiable. El nivel de confiabilidad del pedigree se denomina Índice de Pedigree Completo o Pedigree Completeness Index, (PCI) por sus siglas en ingles. Se considera como aceptable un nivel de 80% el cual puede obtenerse con por lo menos seis generaciones, tomando en consideración el número de individuos

de la población (Falconer y Mackay 1989; Spike, 2009).

6. IMPORTANCIA DE LA CONSANGUINIDAD EN ALPACAS

La producción animal en el Altiplano Peruano está basada en la crianza de Camélidos Sudamericanos, principalmente de la raza Huacaya. Esta crianza constituye la mayor actividad para el sustento de las familias en esta área. Sin embargo el sistema de producción actual utilizado por la mayoría de productores tiene muchas deficiencias de manejo lo que trae como consecuencia la disminución de la productividad mediante el engrosamiento de la fibra y el bajo peso de vellón, características más importantes en la comercialización de la fibra. Dentro de los múltiples factores que influyen en la producción en CSA, está el sistema de empadre que se utiliza, el cual si no es adecuado trae como consecuencia un incremento de los niveles de consanguinidad en la población, que genera descendencia con problemas congénitos y/o disminución de los valores genéticos en

base a sus caracteres productivos, pero aun no se sabe en qué medida el incremento de los índices de consanguinidad afecta a dichos caracteres como diámetro de fibra, peso de vellón, longitud de mecha y valor textil.

En la actualidad no se han hecho estudios de consanguinidad en alpacas, debido a la falta de información de registro productivos y genealógicos pero en base a otros estudios en diferentes especies se puede dar a conocer algunos avances. En estudios hechos en ovejas Texel, Shropshire y Oxford Down mostraron que la consanguinidad (1.1 %) afectaba negativamente el porcentaje de la media de un carácter (-2.6 % aprox) por cada incremento del 10 % del coeficiente de consanguinidad en caracteres de peso al nacimiento y tamaño de camada (Norberg and Sorensen, 2007). En estudios hechos en ganado de carne Angus, está demostrado que los valores de consanguinidad de entre 5 y 6% pueden afectar en gran medida el progreso genético para peso al nacimiento, peso al destete y ganancia diaria de peso. En ovejas Finsheep se ha encontrado

niveles de consanguinidad desde 0.5 hasta 30% en el caso más extremo, concluyendo el efecto negativo que puede existir sobre la productividad animal (Li et al. 2009).

Con el uso de la información que se obtiene de los valores de consanguinidad se pueden hacer operaciones matriciales que incluidas en un modelo mixto lineal (univariado o multifactorial), pueden permitir obtener los coeficientes de regresión para variables aleatorias del modelo animal, haciendo más efectivo el análisis de los vectores operacionales, permitiendo obtener valores de cría más exactos.

7. CONCLUSIONES

La consanguinidad es un referente de nuestro progreso genético, permitiendo estimar valores de cría en las generaciones posteriores, pero es importante resaltar que solo es posible realizar un control de la consanguinidad por medio de registros productivos y de empadre en alpacas, ya que esto es de vital importancia para el objetivo de mejora genética que el hato haya establecido.

Existen en la actualidad paquetes estadísticos que permiten un mejor análisis de la información, ya sea por medio del pedigree del animal o de marcadores moleculares específicos, los cuales deben de tomarse en cuenta para el análisis respectivo. Con el uso de los coeficientes de consanguinidad, será más precisa la obtención de valores de cría, sumándose a las variables aleatorias de modelos lineales mixtos y de esa forma será más efectiva la obtención de valores genéticos de cada individuo, útiles en programas de selección a través de índices de selección.

8. LITERATURA CITADA

1. **Buxadé C. 1995.** Genética, Patología, Higiene y Residuos Animales. 1^{ra} ed. Madrid: Ediciones Mundi-Prensa 181 p.
2. **Carrillo J, Siewerdt F. 2010.** Consequences of long – term inbreeding accumulation on preweaning traits in a closed nucleus Angus herd. *Journal of Animal Science* 88: 87 – 95.
3. **Cleveland M, Blackburn H, Enns M, Garrick D. 2005.** Changes in inbreeding of US Herefords during the twentieth century. *Journal of Animal Science* 83: 992 – 1001.
4. **Falconer D, Mackay T. 1989.** Introducción a la Genética Cuantitativa. 4^{ta} ed. Zaragoza: Acribia 464 p.
5. **Li M, Strandem I, Kantanen J. 2009.** Genetic diversity and Pedigree analysis of the Finnsheep breed. *Journal of Animal Science* 87: 1598 – 1605.
6. **Miglior F, Burnside E, Hohenboken W. 2002.** Heterogeneity among families of Holstein cattle in inbreeding depression for production traits. En: 5th WCGALP Vol XVIII. 479 – 482.
7. **Norberg E, Sorensen A. 2007.** Inbreeding trend and inbreeding depression in the Danish populations of Texel, Shropshire, and Oxford Down. *Journal of Animal Science* 85: 299 – 304.
8. **Spike P. 2009.** Applied Animal Breeding. Laboratory Manual. 1^{ra} ed. Iowa: Animal Science Department. Iowa State University. 268 p.