Dr. Jerol Bell

Pro e contro dell'Analisi del Pedigree, Diversità Genetica e controllo delle Malattie Genetiche

E' tutto nei geni

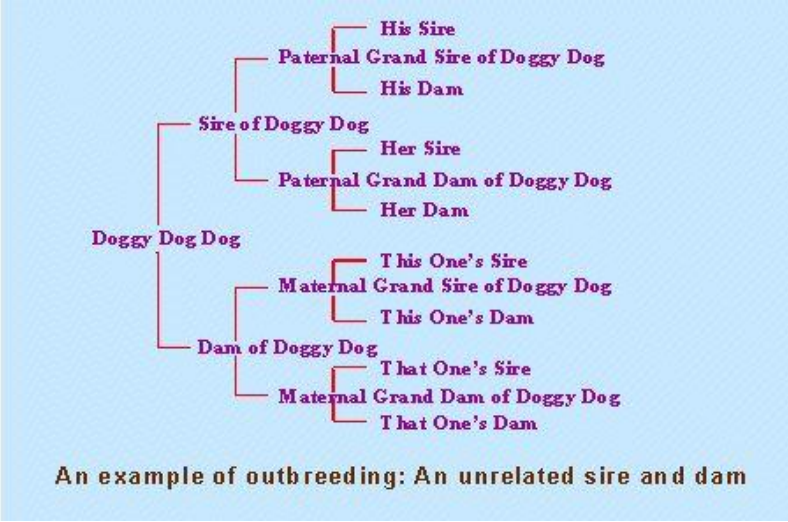
Come allevatori di cani, ci cimentiamo in "esperimenti" genetici ogni volta che abbiamo in programma un accoppiamento. Il tipo di accoppiamento selezionato dovrebbe coincidere con i vostri obiettivi. Per alcuni allevatori determinare quali tratti appariranno nella prole di un accoppiamento è come tirare i dadi, una combinazione di fortuna e del caso. Per altri produrre alcuni tratti coinvolge più abilità che fortuna, il risultato di un attento studio e pianificazione. Come allevatori dobbiamo capire come possiamo manipolare i geni all'interno del nostro breeding stock per produrre i tipi di cani che vogliamo. Dobbiamo prima capire i cani come una specie, poi i cani come individui genetici.

La specie Canis Familiaris, comprende tutte le razze di cane domestico. Anche se possiamo sostenere che c'è poca somiglianza tra un Chihuahua e un San Bernardo, o che le razze stabili sono entità separate tra di loro, sono tutti geneticamente appartenenti alla stessa specie. Mentre un accoppiamento all'interno di una razza può essere considerato outbreed, deve essere comunque visto come parte dello stesso quadro genetico: un accoppiamento all'interno di un isolata, strettamente connessa, popolazione consanguinea. Ogni razza è stata sviluppata da una stretta parentela tra un piccolo gruppo di antenati fondatori, sia attraverso un lungo periodo di selezione genetica o una intensa consanguineità in un minor numero di generazioni. Questi processi hanno stabilito determinate caratteristiche e hanno reso alcuni cani una razza vera e propria.

Nel valutare un programma di allevamento, ricordate che la maggior parte delle caratteristiche che state cercando non possono essere modificati, fissate o create in una sola generazione. Più informazioni si possono ottenere su come alcuni tratti sono stati trasmessi dagli antenati del vostro cane, meglio si può dare le giuste priorità ai vostri obiettivi di allevamento. Decine di migliaia di geni interagiscono per produrre un singolo cane. Tutti i geni sono ereditati a coppie, una coppia dal padre e uno dalla madre. Se la coppia di geni ereditati da entrambi i genitori è identica, la coppia è chiamata omozigote. Se i geni della coppia non sono uguali, la coppia è chiamata eterozigote. Fortunatamente, le coppie di geni che fanno di un cane un cane e non un gatto sono sempre omozigoti. Allo stesso modo le coppie di geni che fanno una certa razza una razza, sono sempre omozigoti. Pertanto, una grande percentuale di coppie omozigoti non variabili - quelli che danno ad una razza una sua identità specifica - esiste all'interno di ogni razza. Sono le coppie di geni variabili, come quelle che controllano il colore, le dimensioni, i rapporti e le angolazioni, che producono variazioni all'interno di una razza.

Accoppiare per Pedigree

L’Outbreeding unisce due cani con una parentela (consanguineità) rispetto alla media della razza. Questo favorisce l’eterozigosi, e la diversità genetica di ogni cane generando di coppie di geni spaiate (alleli differenti) da diversi antenati. L’Outbreeding può anche mascherare l'espressione di geni recessivi, e consentire la loro propagazione allo stato di portatore dei riproduttori.
La maggior parte degli accoppiamenti Outbreeding tende a produrre più variazioni all'interno di una cucciolata. Un'eccezione sarebbe se i genitori fossero talmente dissimili che creano una uniformità di eterozigosi. Questo è quello che normalmente si verifica in un accoppiamento errato tra due razze. La cucciolata risultante tende ad essere uniforme, ma dimostra "punti a metà strada " tra le caratteristiche dissimili dei genitori. Tali cucciolate possono essere uniformi fenotipicamente, ma è difficile generare e perpetrare una vera razza vera con mescolanza di geni dissimili. Un motivo per accoppiare in Outbreeding sarebbe quello di portare nuovi tratti che il vostro breeding stock non possiede. Mentre i genitori possono essere geneticamente dissimili, si dovrebbe scegliere un compagno che corregge i difetti del tuo cane, ma fenotipicamente integra bene i tratti del vostro cane.

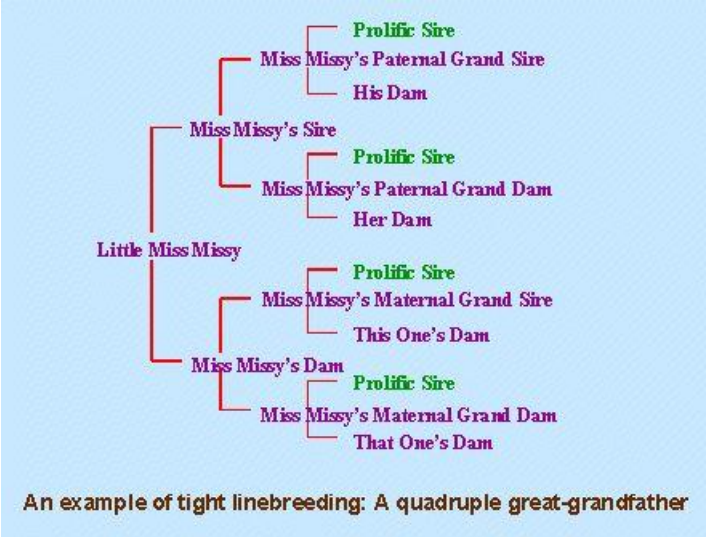


An example of outbreeding: An unrelated sire and dam

Non è insolito produrre un cane di qualità eccellente da una cucciolata Outbreed. L'abbondanza di variabilità genetica può mettere tutti i pezzi giusti in un solo individuo. Molti cani da esposizione vincenti sono Outbreed. Di conseguenza, però, possono avere bassi coefficienti di Inbreeding e possono mancare la capacità di passare in modo uniforme sui loro buoni tratti alla loro prole. Dopo una generazione Outbreeding, gli allevatori potrebbero voler allevare tornare a cani legati alla loro breeding stock, per aumentare omozigosi e tentare di consolidare i tratti di nuova acquisizione.
Il Linebreeding ha lo scopo di concentrare i geni di un antenato o antenati specifici attraverso la loro comparsa più volte in un pedigree. L'antenato dovrebbe apparire dietro a più di una progenie. Se un antenato appare sempre dietro la stessa progenie, il Linebreeding potrà operare solo su circa il 50 per cento dei geni trasmessi alla prole e non l'antenato stesso.
E 'meglio che gli antenati oggetto di Linebreed compaiano più volte sia sul lato paterno che sul lato materno. In questo modo i loro geni hanno una migliore possibilità di abbinamento nei cuccioli che ne derivano. Geni da antenati comuni hanno una maggiore possibilità di espressione quando in coppia, mentre se abbinato con geni provenienti da altri individui, questi possono mascherare o alterare i loro effetti.
Un Linebreed può produrre un cucciolo con magnifiche qualità, ma se queste qualità non sono presenti in nessuno degli antenati del cucciolo, il Linebreed difficilmente darà i risultati attesi. Pertanto, un'attenta selezione dei riproduttori è importante, ma una accurata selezione di soggetti della cucciolata risultante è importante anche per soddisfare i vostri obiettivi genetici. Senza di questo, si riducono le possibilità di concentrare i geni dell’antenato oggetto del Linebreed.

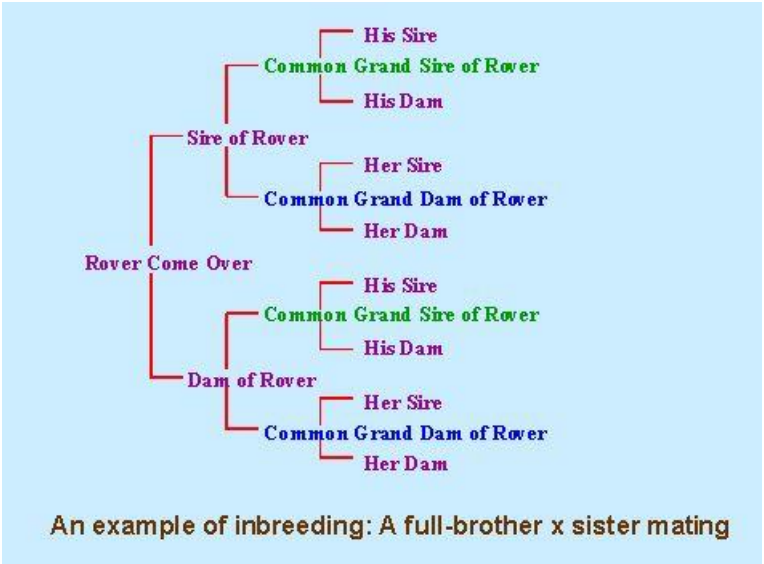
Aumentare omozigosi di un individuo attraverso il Linebreed non può, tuttavia, riprodurre un antenato Outbreed, ovverosia con basso coefficiente di consanguineità. Se un antenato è Outbreed, è generalmente eterozigote (Aa), e aumentando omozigosi produrrà più AA e aa. Il modo per riprodurre le qualità di un antenato Outbreed è quello di accoppiare due individui che lo imitano fenotipicamente e genealogicamente.

L'Inbreeding aumenta significativamente l'omozigosi, e quindi l'omogeneità delle cucciolate. Consanguineità può aumentare l'espressione di geni recessivi sia benefici e dannosi attraverso l'affiliazione. Se un gene recessivo (a) è raro nella popolazione, sarà quasi sempre mascherato da un gene dominante (A). Attraverso consanguineità, un gene recessivo raro (a) può passare da un antenato comune eterozigote (Aa) sia attraverso il padre e la madre, creando una prole omozigote recessivo (aa). Consanguineità non crea geni indesiderati, aumenta semplicemente l'espressione di quelli che sono già presenti in uno stato di eterozigote.



An example of tight linebreeding: A quadruple great-grandfather

La Consanguineità può esacerbare la tendenza a disturbi controllati da geni multipli, come la displasia dell'anca e le anomalie cardiache congenite. Se non avete una conoscenza preventiva di ciò che Linebreeding lievi sugli antenati comuni hanno prodotto, la consanguineità può esporre i vostri cuccioli (e acquirenti) a uno straordinario rischio di difetti genetici. La ricerca scientifica ha dimostrato che la depressione da consanguineità, o la diminuita salute e vitalità attraverso la consanguineità è direttamente correlata alla quantità di geni recessivi dannosi presenti. Alcune linee tuttavia prosperano con la consanguineità, ma la maggior parte decisamente no.

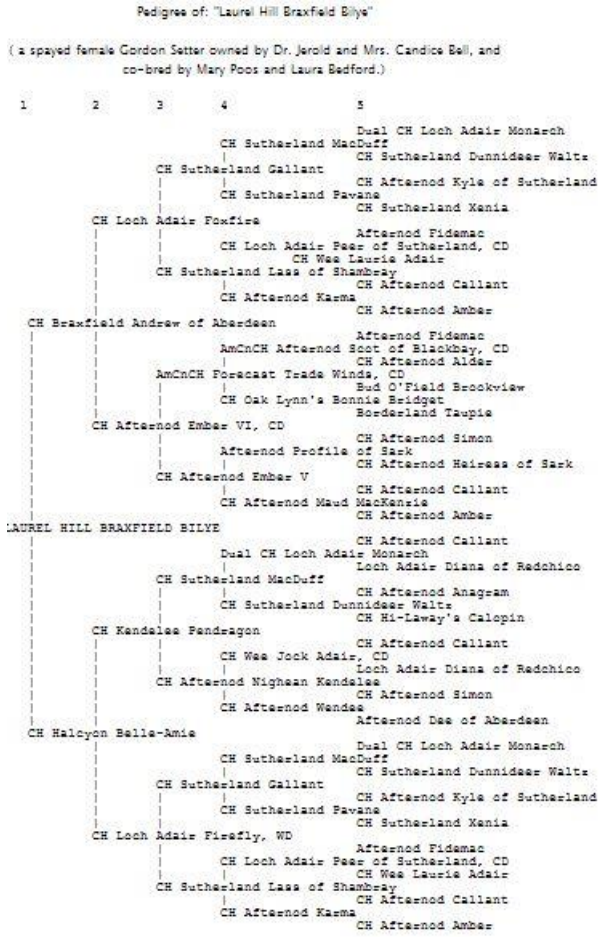


An example of inbreeding: A full-brother x sister mating

Analisi del Pedigree

Variano tra genetisti e allevatori le definizioni di consanguineità. Il genetista vede la consanguineità come un numero misurabile che sale ogni volta che c'è un antenato comune nel lato paterno e materno del pedigree, un allevatore ritiene la consanguineità, come gli accoppiamenti padre x figlia o fratello x sorella. Un antenato comune, anche in ottava generazione, aumenterà la quantità misurabile di consanguineità nel pedigree.

Il coefficiente di consanguineità (o coefficiente di Wright) è una stima della percentuale di tutte le coppie di geni variabili che sono omozigoti a causa di eredità da antenati comuni. E 'anche la probabilità media che ogni unica coppia di geni sia omozigote a causa di eredità da un antenato comune. Al fine di determinare se un particolare accoppiamento è un Outbreeding o relativamente consanguineo per la vostra razza, è necessario determinare il coefficiente medio di consanguineità della razza. Il coefficiente medio di consanguineità di una razza varierà a seconda popolarità della razza o l'età del suo stock di riproduttori. Un accoppiamento con un coefficiente di consanguineità del 14 per cento sulla base di un pedigree di dieci generazioni, sarebbe considerata consanguineità moderata per un Labrador Retriever (una razza popolare con un coefficiente medio di Inbreeding basso), ma sarebbe considerato Outbreed in un Irish Water Spaniel (razza rara con un coefficiente di consanguineità media superiore).



Il coefficiente di Inbreeding calcolato di un pedigree, per essere precisi, deve essere basata su diverse generazioni. La Consanguineità nella quinta generazione e successive (background Inbreeding) spesso ha un profondo effetto sul patrimonio genetico della prole rappresentata dal pedigree. In studi condotti su razze canine, la differenza di coefficienti di Inbreeding calcolati su base di quattro contro otto generazione varia immensamente. Un pedigree di quattro generazioni contenente 28 antenati unici su 30 possibili, potrebbe generare un basso coefficiente di consanguineità, mentre su otto generazioni dello stesso pedigree, che conteneva 212 antenati unici su 510 possibili, ha un coefficiente di consanguineità notevolmente superiore. Quello che sembrava un accoppiamento Outbreed, in un paio di generazioni, appare come una concentrazione, un Linebreed di geni da antenati comuni influenti da generazioni più remote.

Per visualizzare alcuni di questi concetti, si prega di consultare il pedigree di cui sopra. Il nonno paterno, CH Loch Adair Foxfire, e la nonna materna, CH Loch Adair Firefly WD, sono fratelli pieni, rendendo questo un accoppiamento tra primi cugini. Il coefficiente di consanguineità per un primo accoppiamento tra cugini è 6,25%, che è considerato un lieve livello di consanguineità. Un elenco dei coefficienti di Inbreeding basati su diversi tipi di accoppiamenti è riportato nella tabella che segue.

Coefficients for Sample Matings

Type of Mating	Inbreeding Coefficient	Percentage of Blood to Listed Ancestor	
Parent x Offspring	25.00%	Parent	75.0%
Full Brother x Sister	25.00%	Common Grandparent	50.0%
Father x Granddaughter	12.50%	Father	62.5%
Half-Brother x Half-Sister	12.50%	Common Grandparent	50.0%
Uncle x Niece	12.50%	Common Grandparent	37.5%
First-Cousin Mating	6.25%	Common GreatGrandparent	25.0%

Nel pedigree di Bilye, un coefficiente di Inbreeding sulla base di quattro generazioni risulta del 7,81 %. Questo non è significativamente diverso dalla stima basata sul solo accoppiamento tra primi cugini. I coefficienti di consanguineità basati su un crescente numero di generazioni sono i seguenti: cinque generazioni, 13,34 %; sei generazioni, 18,19 %, sette generazioni, 22.78 %, otto generazioni, 24.01 %, dieci generazioni, 28.63 %, e dodici generazioni, 30.81 %. Il coefficiente di consanguineità del 30,81 % è più di quello che si potrebbe trovare in un accoppiamento prole genitore (25 %). Come potete vedere, lo sfondo di consanguineità (background Inbreeding) ha molta più influenza sul coefficiente totale di consanguineità che l'apporto tra i primi cugini, che sembra essere la sola forte influenza.

PEDIGREE ANALYSIS OF LAUREL HILL BRAXFIELD BILYE
(COMPUTED TO 25 GENERATIONS)

		1st Generation	
Linebred Ancestors	Percentage of blood	Appearance in pedigree	# times in pedigree
CH Afternod Drambuie	33.20%	6	33
CH Afternod Sue	27.05%	7	61
CH Afternod Callant	26.56%	5	13
"Grand-Parents"	25.00%	2	1
CH Sutherland Gallant	25.00%	3	2
CH Sutherland MacDuff	25.00%	3	3
CH Sutherland Lass of Shambray	25.00%	3	2
CH Wilson's Corrie, CD	22.30%	7	200
CH Afternod Buchanon	20.22%	7	48
Loch Adair Diana of Redchic	17.97%	5	12
CH EEC's Scotia Nodrog Rettes	17.76%	8	181
Afternod Ember of Gordon Hill	17.14%	8	76
CH Afternod Hickory	16.21%	6	27
CH Black Rogue of Serlway	15.72%	9	480
CH Afternod Woodbine	14.45%	6	15
CH Fast's Falcon of Windy Hill	13.82%	8	66
Afternod Fidemac	13.67%	5	7
CH Page's MacDonegal II	13.43%	7	56
Afternod Hedera	13.38%	7	56
CH Downside Bonnie of Serlway	12.90%	10	708
Peter of Crombie	12.76%	11	3,887
"Great-Grand-Parents"	12.50%	3	1
CH Afternod Amber	12.50%	5	5
Ben of Crombie	11.83%	11	7,584
Stylish William	11.18%	13	23,764
Stylish Billie	11.08%	14	70,542
Stylish Ranger	10.80%	15	297,331
CH Afternod Kate	10.74%	6	17
Heather Crouse	10.61%	16	1,129,656
Afternod Hedemac	10.45%	7	28

La conoscenza del grado di consanguineità in un pedigree non necessariamente vi aiuterà se conoscete come i geni vengono concentrati. Il coefficiente di sangue percentuale misura la parentela tra un antenato e l'individuo rappresentato dal pedigree. Si stima la probabile percentuale di geni tramandata da un antenato comune. Sappiamo che un genitore trasmette una media del 50 % dei suoi geni, mentre un nonno passa il 25 %, un bisnonno 12,5 %, e così via. Per ogni volta che l'antenato appare nel pedigree la sua percentuale di geni trasmessi può essere addizionata e questa somma rappresenta la sua " percentuale di sangue " stimata.

In molte razze, un individuo influente potrebbe non apparire fino a remote generazioni, ma poi apparirà così tante volte che contribuisce necessariamente con una grande percentuale di geni al pedigree. Questo può essere dovuto ad antenati prolifici (in genere Stalloni), o a una piccola popolazione di cani originari della razza. Sulla base di un pedigree di venticinque generazione di Bilye, ci sono solo 852 gli antenati unici che appaiono un totale di oltre venti milioni di volte.

L' analisi di cui sopra mostra il contributo ancestrale degli antenati oggetto di Linebreed (richiamo) nel pedigree di Bilye. CH Afternod Drambuie ha il contributo genetico più alto di tutti gli antenati Linebreed. Egli appare 33 volte tra la sesta e l'ottava generazioni. Un aspetto nella sesta generazione contribuisce 1,56 % dei geni al pedigree. Il suo contributo totale è 33,2 % dei geni di Bilye, secondo solo ai genitori. Pertanto, in questo pedigree, l'antenato più influente non appare nemmeno nel pedigree di cinque generazioni.

Sua madre, CH Afternod Sue, appare 61 volte tra il settimo e il decimo generazioni, e contribuisce con più geni per il pedigree di un nonno.

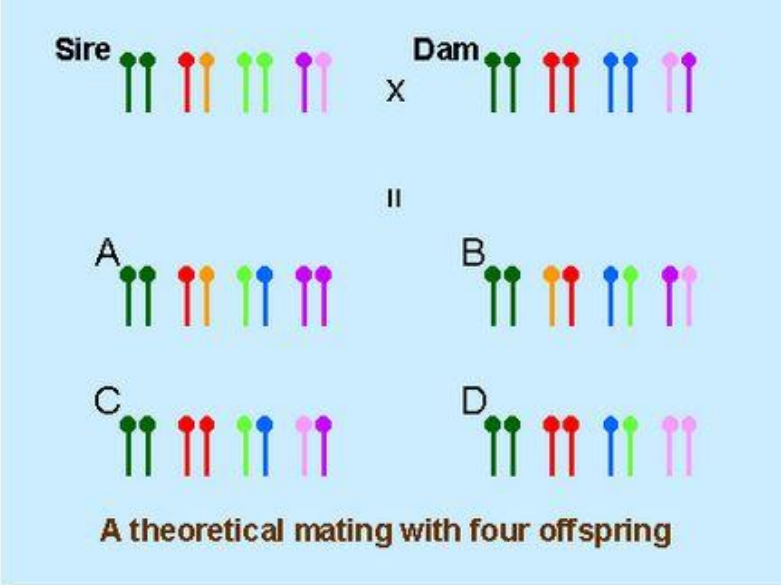
I cani fondatori che formano la razza Setter Gordon giocano un grande ruolo nel corredo genetico dei cani di oggi. Heather Grouse appare oltre un milione di volte tra la sedicesima e venticinquesima generazione, e quasi raddoppia nelle analisi oltre la venticinquesima generazione. Egli contribuisce per oltre il dieci per cento dei geni di pedigree di Bilye. Questo esempio mostra che la profondità del pedigree è molto importante nella stima del corredo genetico di un individuo. Eventuali geni recessivi dannosi derivanti da Heather Grouse o altri cani fondatori, ci si aspetta essere diffusi nella razza.

Accoppiamento per Fenotipo

Molti allevatori pianificano gli accoppiamenti esclusivamente secondo l'aspetto di un cane e non sul suo pedigree o secondo la parentela dei futuri genitori. Questo si chiama accoppiamento assortativo. Allevatori utilizzano accoppiamenti assortativi positivi (like to like, individui fenotipicamente simili) per consolidare tratti, e accoppiamenti assortativi negativi (like to unlike, individui fenotipicamente dissimili) quando desiderano correggere tratti o introdurre caratteristiche che assenti nei loro riproduttori.
Alcuni individui possono condividere caratteristiche desiderabili, ma li trasmetteranno diversamente. Questo è particolarmente vero per caratteri poligenici, come portamento delle orecchie, dentatura, o lunghezza dell'avambraccio. L'accoppiamento di due cani fenotipicamente simili, ma genotipicamente non parenti non necessariamente riproduce le caratteristiche osservate.
Gli Allevatori non dovrebbero essere pianificati esclusivamente sulla base del pedigree o del solo aspetto. Gli accoppiamenti dovrebbero essere basati su una combinazione di aspetto e genealogia. Se si sta tentando di consolidare un certo tratto - come la linea superiore - ed è quello che si può osservare nei genitori e gli antenati oggetto di Linebreed, di due cani parenti, allora si può essere maggiormente sicuri di raggiungere l'obiettivo.

Diversità Genetica

Alcuni club di razza sostengono codici deontologici che scoraggiano della consanguineità (Linebreeding o Inbreeding), come un tentativo di aumentare la diversità genetica della razza. Questa posizione si basa su una premessa falsa. La consanguineità o il Linebreeding non causano la perdita di geni da un pool genetico della razza. Questa perdita avviene attraverso la selezione, l'uso (smodato) e il non uso delle progenie. Se alcuni allevatori favoriscono certi cani in Linebreed, e altri favoriscono altri cani in Linebreed, il livello di diversità genetica di razza viene mantenuto. E' quindi una questione di pianificazione.
In un accoppiamento teorico con quattro figli, consideriamo quattro coppie di geni. Il padre è omozigote al 50 % dei suoi geni (due coppie su quattro), mentre la madre è omozigote al 75 % delle sue coppie di geni (tre su quattro). E' ragionevole supporre che la madre è più consanguinea del padre.
Un principio fondamentale della genetica delle popolazioni è che le frequenze geniche non cambiano dalla generazione dei genitori alla prole. Questo avverrà indipendentemente dalla omozigosi o eterozigosi dei genitori, o se l'accoppiamento è un Outbreeding, Linebreeding, o Inbreeding. Questa è la natura della ricombinazione genetica.



Vi è una mancanza di diversità genetica nella prima coppia di geni (verde), di modo che solo un tipo di combinazione gene può essere prodotta: verde omozigote. Siccome il padre è omozigote (verde lime) alla terza coppia di geni, e la madre è omozigote blu, tutta la progenie sarà eterozigote alla terza coppia di geni. A seconda della natura dominante o recessivo dei geni blu o verde lime, tutti progenie apparirà uguale per questa caratteristica a causa di una uniformità di eterozigosi.
Se si utilizza il soggetto D come riproduttore prolifico, e nessuno degli altri figli viene usato in allevamento, le frequenze geniche nella razza cambieranno. In quanto al cane D manca il gene arancione nella seconda coppia e il gene viola nella quarta coppia, quindi le frequenze di questi geni diminuiranno nella razza. Essi saranno sostituiti da frequenze più alte dei geni rossi e rosa. Questo sposta il patrimonio genetico, e la diversità genetica della razza. Naturalmente, i cani hanno più di quattro coppie di geni, e l'uso eccessivo di cane D a eccezione di altri possono influenzare la frequenza genica di migliaia di geni. Anche in questo caso, è la selezione (per esempio di cane D all'eccezione di altri), e non i tipi di accoppiamenti attuati che alterano le frequenze geniche.
Gli allevatori dovrebbero selezionare i migliori individui da tutte le linee, in modo da non creare nuove strozzature genetiche. C'è una tendenza in molti allevatori di riprodurre con un solo maschio, che ha prodotto figli non epilettici in accoppiamenti di diverse fattrici portatrici di epilessia, è un ottimo stallone per displasia, o un cane vincente nelle esposizioni. Indipendentemente dalla popolarità della razza, se ognuno sta allevando con un singolo stallone, (la sindrome dello stallone popolare) il pool genico andrà alla deriva in direzione di questo cane e ci sarà una perdita di diversità genetica. Troppi accoppiamenti di un cane darà al pool genico di razza una dose straordinaria di suoi geni, tra i quali anche quelli recessivi dannosi, da scoprire nelle generazioni successive. Ciò può causare malattie genetiche specifiche di razza nel futuro, attraverso l'effetto fondatore.
I cani che sono pessimi esemplari della razza non dovrebbero essere utilizzati semplicemente per mantenere la diversità. Cani consanguinei con qualità desiderabili manterranno la diversità, e miglioreranno la razza. Gli allevatori dovrebbero concentrarsi sulla selezione verso uno standard di razza, sulla base del temperamento ideale, le prestazioni e la conformazione, e dovrebbero praticare la selezione contro i significativi problemi di salute legati razza. L'utilizzo di informazioni su progenie e collaterali per selezione contro i disturbi poligenici e quelli senza una modalità nota di ereditarietà, permetterà un maggiore controllo.

Razze rare con piccole pool genici hanno preoccupazioni circa la diversità genetica. Cosa costituisce una diversità accettabile rispetto ad una diversità limitata? I problemi con la diversità genetica nelle popolazioni di razza riguardano la fissazione di geni recessivi deleteri, che quando omozigoti sono causa di compromessa salute. Geni recessivi letali sono un salasso per il pool genico sia in fase prenatale, o prima dell'età riproduttiva. Essi possono manifestarsi attraverso dimensione della cucciolata più piccola (riducendo la possibilità di selezione), o la morte neonatale. Altri geni recessivi deleteri causano la malattia ma non intaccando la riproduzione.
Problemi di limitata diversità genetica sorgono a livello di singolo locus. Non esiste un livello o una percentuale di consanguineità che provoca problemi di salute o di vigore specifico. E 'stato dimostrato che alcuni ceppi di soggetti consanguinei prosperano generazione dopo generazione, mentre altri non riescono a prosperare. Se non c'è diversità (coppie di geni non-variabili per una razza), ma l'omozigote non è dannoso, non vi è alcun effetto sulla salute razza. Le caratteristiche che rendono un razzatore fedele al suo standard sono basate su coppie di geni non variabili. Un problema di salute genetica si pone per una razza quando un allele dannoso aumenta di frequenza e omozigosi.

Conservazione Genetica

La percezione del problema di un pool genetico limitato ha causato in alcune razze la promozione di Outbreeding a tutti i costi. Studi in conservazione genetica e razze rare hanno dimostrato che questa pratica effettivamente contribuisce invece alla perdita di diversità genetica. Attraversando in modo uniforme tutte le "linee" di una razza, si eliminano le differenze tra loro, e quindi la diversità tra gli individui. Questa pratica di allevamento ha ridotto significativamente la diversità, e ha causato la perdita di razze rare uniche. Il processo di gestione delle "linee " sane o famiglie di cani, con molti accoppiamenti di incrocio fra le linee e breeding back (richiami), mantiene la diversità nel pool genico. E' anche il parere variegato di allevatori su ciò che costituisce il cane ideale, e la loro selezione dei riproduttori che mantiene la diversità di razza.
La razza Doberman Pincher è numerosa, e geneticamente diversa. La razza ha un problema con la malattia Von Willibrands, un disturbo della coagulazione dovuta a un gene autosomico recessivo. Alcuni ricercatori stimano che fino al 60 % della razza può essere omozigote recessivo per il gene difettoso, e la maggior parte dei restanti cani sono eterozigoti. Pertanto vi è una diminuzione della diversità genetica di questa razza al locus Von Willibrands. Un programma di test e screening genetico ora esiste per gli allevatori Doberman Pincher. Si possono identificare portatori e cani affetti, e diminuire la frequenza del gene difettoso attraverso la selezione di normale test per i soggetti da riproduzione.
I Dalmata hanno una frequenza elevata per un gene difettoso, autosomico recessivo che controlla il metabolismo delle purine (base azotata degli acidi nucleici). Individui omozigoti recessivi possono avere problemi urinari a causa di calcoli alla vescica e cristalli di urato, e una condizione della pelle associata (Dalmatian Bronzing Syndrome). Un tempo, Il Club di Razza e l'AKC approvarono un programma di incrocio (ibridazione con altra razza), per apportare geni sani del metabolismo delle purine nel pool genico. Il programma è stato abbandonato per diversi motivi ma si è accertato poi, che il numero degli individui Dalmata con due geni normali del metabolismo delle purine, di gran lunga superava i Pointer che venivano utilizzati nel programma. L'impatto di altri geni estranei del Pointer al pool genico della Dalmata avrebbe potuto avere un maggiore effetto dannoso rispetto ai pochi geni normali del metabolismo delle purine che si voleva importare attraverso il programma.

Mettere tutto insieme

La decisione di operare attraverso Linebreed, Inbreed o Outbreed deve essere effettuata sulla base della conoscenza delle caratteristiche del singolo cane e dei suoi antenati. La consanguineità farà identificare rapidamente i geni recessivi buoni e cattivi che genitori condividono nella prole. Se non avete una conoscenza preventiva di come erano (a vari livelli) le progenie di antenati comuni apprezzati e oggetto di Linebreeding, può essere che stiate esponendo i vostri cuccioli (e acquirenti) ad uno straordinario rischio di difetti genetici. Nei vostri accoppiamenti, il coefficiente di consanguineità dovrebbe aumentare solo perché state specificamente facendo Linebreeding (aumentando la percentuale di sangue) di antenati selezionati. Non impostare troppi obiettivi per generazione, o la pressione selettiva per ogni obiettivo diventerà necessariamente più debole o verrà meno. Tratti geneticamente complessi o predominanti possono essere affrontati solo attraverso un piano di allevamento a lungo raggio, in quanto essi possono necessitare di diverse generazioni per il raggiungimento dell'obiettivo. Tratti con principalmente geni dominanti diventano fissi più lentamente, in quanto il soggetto eterozigote (Aa) non sarà facilmente differenziabile dagli (AA) individui omozigoti dominanti. Caratteri recessivi desiderabili possono essere fissati in una generazione perché gli individui che presentano tali caratteristiche sono omozigoti per i geni recessivi. I cani di razza pura usati per numerosi accoppiamenti e generazioni devono essere preferenzialmente selezionati per il potenziale riproduttivo (e non fenotipico). Ciò è dovuto alla preponderanza di omozigosi dominante (AA) e recessiva (aa) dei geni.

Se con il Linebreed non sei contento di quello che hai prodotto, con l'accoppiamento con una linea appena meno correlata crei immediatamente una linea Outbreed per portare nuovi tratti. Outbreeding ripetuto per tentare di diluire geni recessivi dannosi non è un metodo auspicabile di controllo delle malattie genetiche. Geni recessivi non possono essere diluiti, sono presenti o meno. L'Outbreeding di portatori moltiplica e diffonde ulteriormente il gene difettoso nel pool genico. Se un cane è un portatore conosciuto o ha un elevato rischio di esserlo attraverso analisi del pedigree, può essere ritirato da allevamento, e sostituito con uno o due figli di qualità. Quella prole deve essere usata, e sostituita con prole qualitativamente migliore di loro, con la speranza di perdere il gene difettoso.

Cercare di sviluppare il vostro programma di allevamento scientificamente può essere arduo, ma sicuramente è uno sforzo gratificante. Prendendo il tempo per capire i tipi di sistemi di allevamento a disposizione, ci si può concentrare sui vostri obiettivi per la produzione, oggettivamente mirata, di un cane migliore.

Il Dottor Bell è direttore del Corso di Veterinaria Genetica Clinica per la Facoltà di Medicina Veterinaria della Tufts University e amministratore del progetto nazionale per numerosi programmi di controllo delle malattie genetiche dei cani di pura razza. Svolge consulenza genetica attraverso la Veterinary Genetic Counseling and Practices Small Animal Medicine, Connecticut. Lui e sua moglie allevano Setter Gordon.