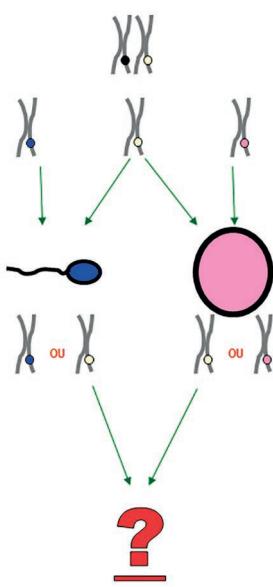


# Consanguinidade e depressão consanguínea nas espécies pecuárias\*

**De um modo geral, são mais as desvantagens da consanguinidade do que as suas vantagens, podendo afirmar-se que o seu interesse é limitado para fixar mais rapidamente algumas características nos animais ou de tornar mais homogénea determinada população.**

A consanguinidade resulta do acasalamento de indivíduos aparentados, isto é, indivíduos que têm pelo menos um ascendente comum, havendo assim a possibilidade de ambos possuírem cópias de um mesmo gene desse ascendente comum. O termo “endogamia” também é frequentemente utilizado quando nos referimos ao acasalamento de indivíduos aparentados.

Quando acasalados entre si, os indivíduos aparentados (familiares mais ou menos próximos) podem transmitir à descendência cópias de um gene do(s) mesmo(s) ascendente(s) comum(s), pelo que, um indivíduo consanguíneo pode ter dois alelos no mesmo locus (local específico do ADN) que são cópias do gene do ascendente comum aos pais. Estes alelos são denominados “iguais por descendência” e o indivíduo é considerado “homozigótico idêntico” para o locus em causa (Falconer, 1989).



A relação entre a definição de coeficiente de consanguinidade de um indivíduo ( $F_i$  = probabilidade de dois alelos no mesmo locus serem iguais por descendência) e a definição de grau de parentesco em dois indivíduos z e y ( $a_{ZY}$  = dobro da probabilidade de, num determinado locus, um alelo retirado ao acaso nos dois indivíduos, ser igual por descendência) é simplificadamente apresentada pela relação matemática entre ambos, em que  $F_i = \frac{1}{2} a_{ZY}$ , sendo o indivíduo i filho dos indivíduos z e y. **A consanguinidade de um indivíduo é igual a metade do parentesco entre os seus pais.**

Embora haja opiniões muito diversas, de um modo geral, **são mais as desvantagens da consanguinidade do que as suas vantagens**, podendo afirmar-se que o seu interesse é limitado e uma consequência da tentativa de se fixar mais rapidamente algumas características nos animais ou de tornar uma população mais homogénea.

Como é conhecido, ao longo da história, foram vários os casamentos monárquicos entre familiares por questões estratégicas e de alianças políticas, que deram origem a diversas doenças genéticas e, até mesmo, determinaram o fim de algumas dinastias (Casa de Habsburgo – Carlos II de Espanha (1661-1700), que, entre várias limitações, era infértil). A gravidade desta situação foi tal que, já no século VIII e mais tarde, no século XVI, a Igreja Católica viria a efetuar determinações para impedir o casamento entre parentes, com o intuito de diminuir o nascimento de crianças com deficiências. Viria, inclusivamente, a ser criada a chamada “dispensa

Nuno Carolino, Conceição Oliveira e Sousa, Fátima Santos-Silva e Inês Carolino . INIAV, I.P.



de consanguinidade” que consistia numa autorização especial que permitia o casamento entre parentes (primos direitos, segundos, terceiros, etc.), em circunstâncias extraordinárias.

Ao longo dos anos, foram muito os autores a estudar e demonstrar os efeitos negativos da consanguinidade em diversas espécies animais, como Charles Darwin, considerando o pai da “Teoria da Evolução das Espécies”, uma referência incontornável, ao prever os mecanismos genéticos que originaram a biologia atual e viria a deixar-nos um capítulo de um livro sobre o “efeito maligno de uma endogamia próxima – acasalamento de indivíduos muito aparentados”.

Van Vleck et al. (1987) e Falconer (1989), duas grandes sumidades sobre esta matéria, apontam como principais efeitos negativos da consanguinidade numa população animal:

- O aumento da homozigotia e o consequente aumento da probabilidade de surgirem indivíduos **homozigóticos recessivos** para genes deletérios ou letais;
- A **redução da variabilidade genética**, com grande impacto nas ações de conservação e de melhoramento genético por seleção nas populações animais;
- A redução da capacidade de sobrevivência ou de adaptação, da performance produtiva e reprodutiva – **depressão consanguínea**.

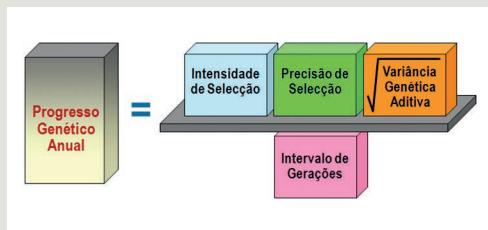


Carlos II de Espanha  
(1661-1700)

A consanguinidade aumenta a probabilidade de um indivíduo receber via pai e via mãe o mesmo gene de um ascendente comum. A frequência de indivíduos **homozigóticos recessivos** deletérios (causam doenças, diminuição da viabilidade, fertilidade e adaptação dos animais) pode aumentar significativamente quando a consanguini-

dade aumenta numa população, sendo do conhecimento da maioria dos criadores que o acasalamento de indivíduos aparentados poderá “destapar” estes genes recessivos indesejáveis. São variadíssimos os genes deletérios e letais que afetam as espécies animais de produção, cuja frequência aumenta com a consanguinidade, entre outros, os que conduzem a diversas doenças ortopédicas de desenvolvimento como o nanismo, prognatismo, acondroplasia, CVM (malformação do complexo vertebral).

A erosão genética refere-se à **perda de diversidade genética** entre e dentro das populações ao longo do tempo e acentua-se quando há consanguinidade e ainda mais quando esta aumenta. Como a maioria das raças autóctones das espécies pecuárias se encontram em risco de extinção, com efetivos pouco numerosos, a consanguinidade deverá ser encarada como uma ameaça permanente para estas populações. As populações menos numerosas poderão incorrer mais frequentemente em acasalamentos entre animais aparentados, potenciando o aumento do número de animais nascidos consanguíneos e o acréscimo da consanguinidade média da população, com sérias implicações a médio prazo, particularmente nas características relacionadas com a sobrevivência (fertilidade, mortalidade, viabilidade, etc.), como é o caso sobejamente conhecido do cavalo Sorraia, cujo valor médio da consanguinidade é particularmente elevado (>30%), havendo animais com consanguinidade acima dos 50% (Pinheiro, 2008).



Por outro lado, a resposta à seleção de uma característica de interesse para uma determinada raça, no âmbito de um programa de melhoramento, é diretamente proporcional à variabilidade genética dessa característica, pelo que, a redução da variabilidade genética é, de modo geral, prejudicial ao progresso genético. A gestão da consanguinidade é assim fundamental nos programas de seleção, de forma a evitar que esta aumente e que a variabilidade genética (variância genética aditiva) e, consequentemente, a resposta à seleção tendam a diminuir.

Segundo Charlesworth e Willis (2009), a **diminuição da sobrevivência e da fertilidade** devido ao efeito da consanguinidade ocorre tanto em animais selvagens como em plantas, bem como nos humanos, demonstrando que a variabilidade genética nas características de adaptação existe em diversas populações. A **depressão consanguínea**, ou seja, a **diminuição do vigor ou da produtividade dos animais**, é normalmente considerada uma função da consanguinidade. Como alguns caracteres são influenciados pelos componentes genéticos diretos do indivíduo e pelos efeitos maternais (Willham, 1963; Van Vleck, 1993), como, por exemplo, o peso ao desmame, que é influenciado pelo potencial do animal para crescer e pelo potencial materno da progenitora, poderão também ser influenciados negativamente tanto pela consanguinidade individual (consanguinidade do animal), como pela consanguinidade materna (consanguinidade da mãe). O efeito da consanguinidade materna é mais evidente enquanto se mantém a ligação mãe-filho, mas aquela influência poderá registar-se mesmo em caracteres medidos após a sua separação.

A **depressão consanguínea** depende do tipo de carácter e varia consideravelmente entre populações (Lynch e Walsh, 1998). No entanto, segundo De Rose e Roff (1999), normalmente **afeta de uma forma mais negativa e acentuada os caracteres relacionados com a adaptação, especialmente os reprodutivos** (fertilidade, mortalidade, sobrevivência, etc.).

Diversos têm sido os trabalhos realizados em todo o mundo com várias espécies, raças e animais de diferentes vocações (carne, leite, ovos, etc.) e, de um modo geral, todos os caracteres são influenciados negativamente pela consanguinidade, embora a amplitude deste efeito possa ser bastante variável. A **depressão consanguínea, em média, será tanto maior quanto maior for a consanguinidade, mas pode existir mesmo quando esta ainda está em níveis baixos**.

Um trabalho publicado mais recentemente, por um investigador do INRA (Leroy, 2014), refere que a consanguinidade, em virtude do impacto que tem na maioria das características de interesse para os animais, continua a ser um tema relevante para os “Geneticistas” e “Criadores de animais”. Refere ainda, com base em meta-análises (estudo com grande quantidade de dados) realizadas em 7 espécies pecuárias diferentes e incluindo um vasto leque de características

de interesse, que a depressão consanguínea corresponde, em média, a uma diminuição de 0,137% da média da característica por cada 1% de consanguinidade, ou seja, um animal com 10% de consanguinidade terá, em média, menos 1,37% de produtividade do que um animal não consanguíneo (0% de consanguinidade).

O acasalamento de animais aparentados mais ou menos próximos e, consequentemente, a consanguinidade gerada acarreta sempre algum risco para os criadores de animais e, de um modo geral, são mais as desvantagens que causa do que as vantagens que proporciona.

*“The consequences of close interbreeding carried on for too long a time are, as is generally believed, loss of size, constitutional vigor and fertility, sometimes accompanied by a tendency to malformation – Charles Darwin, The Variation of Animals and Plants Under Domestication, 1868.”* ☺

#### Bibliografia Consultada

- Falconer, D.S., 1989. *Introduction to Quantitative Genetics*. 3<sup>rd</sup> Ed., Longmann, London, UK.
- Van Vleck, L.D.; Pollack, E.J. e Oltenacu, E.A., 1987. *Genetics for the Animal Sciences*. W. H. Freeman and Co., New York.
- Lynch, M. e Walsh, B., 1998. *Genetic analysis of quantitative traits*. Sinauer Associates, USA.
- De Rose, M.A. e Roff, D.A., 1999. A comparison of inbreeding depression in life-history and morphological traits in animals. *Evolution*, 53:1288-1292.
- Van Vleck, L.D., 1993. *Selection index and introduction to mixed model methods*. CRC Press, Boca Raton, USA.
- Charlesworth, D. e Willis, J.H., 2009. The genetics of inbreeding depression. *Nature Reviews Genetics*, 10:783-796.
- Leroy, G. 2014. Inbreeding depression in livestock species: review and meta-analysis. *Animal Genetics*, 45(5):618-28.
- Pinheiro, M., 2008. Cavalo do Sorraia, uma raça ameaçada: medidas de conservação e gestão genética. Tese de Mestrado em Biologia da Conservação. Faculdade de Ciências – Universidade de Lisboa.

\*suportado pelo projeto ALT20-03-0246-FEDER-000021

AltBiotech RepGen Recursos genéticos animais: projeção para o futuro

