



DRIUS LAB

OF COLOSSUS EUBLES

Driu's Lab of Colossus Eubles

Onieva, A. & Clavero, S.

Índice

Introducción	2
Conceptos básicos	3
Herencia	5
Primera Ley de Mendel: Principio de la uniformidad de los híbridos de la primera generación filial	6
Segunda Ley de Mendel: Principio de la segregación de alelos	7
Tercera Ley de Mendel: Ley de la independencia de los caracteres	8
Retrocruzamiento y cruzamiento prueba	10
Ejercicios	10



DRIUS LAB
OF COLOSSUS EUBLES

Introducción

La Genética es la rama de la biología que se encarga de estudiar la manera en que las características de un individuo (caracteres físicos, bioquímicos o de comportamiento) se transmiten de generación a generación dentro de una misma especie. Esta ciencia estudia principalmente el genoma, que es la secuencia de DNA donde se encuentran los genes que contiene la información genética de un individuo.

El Ácido Desoxirribonucleico (DNA) es una molécula compuesta por una mezcla de 4 nucleótidos diferentes (timina, guanina, citosina y adenina). Estos nucleótidos se estructuran formando largas cadenas emparejadas mediante puentes de hidrogeno; la timina se aparea con la adenina, y la citosina con la guanina, y dan forma de doble hélice a la molécula resultante. Estas largas cadenas son el genoma del individuo. Normalmente se encuentran comprimidas (enroscadas sobre sí mismas) formando lo que llamamos cromátidas.

En el caso de los geckos y el estudio de su genética se centra en caracteres mayoritariamente físicos que influyen en el patrón de manchas, la pigmentación de la piel y características oculares.

Como en la mayoría de los animales, el genoma de los geckos está compuesto por 2 copias del genoma, una de origen materno y otra de origen paterno.

El contenido genético no es idéntico en todos los individuos, sino que a veces se producen mutaciones que generan versiones distintas y pueden llegar a producir cambios en los individuos (tanto a nivel físico como de comportamiento). Las mutaciones se pueden clasificar en 2 grupos principales:

- 1) Cromosómicas: afectan al número o a la estructura de los cromosomas. Entre estas podemos mencionar las trisomías (Síndrome de Down en humanos) donde hay una copia extra de un cromosoma, o deleciones importantes en las que se pierda una buena parte de material genético.
- 2) Génicas: afectan al número o a la estructura de los genes (sin modificar los cromosomas). En este caso, las mutaciones son a menor escala y difícilmente se podrían observar a microscopio. Estas son las que se heredan con mayor facilidad, puesto que con frecuencia tienen un efecto menor en el individuo y por lo tanto afectan en menor medida a su viabilidad.

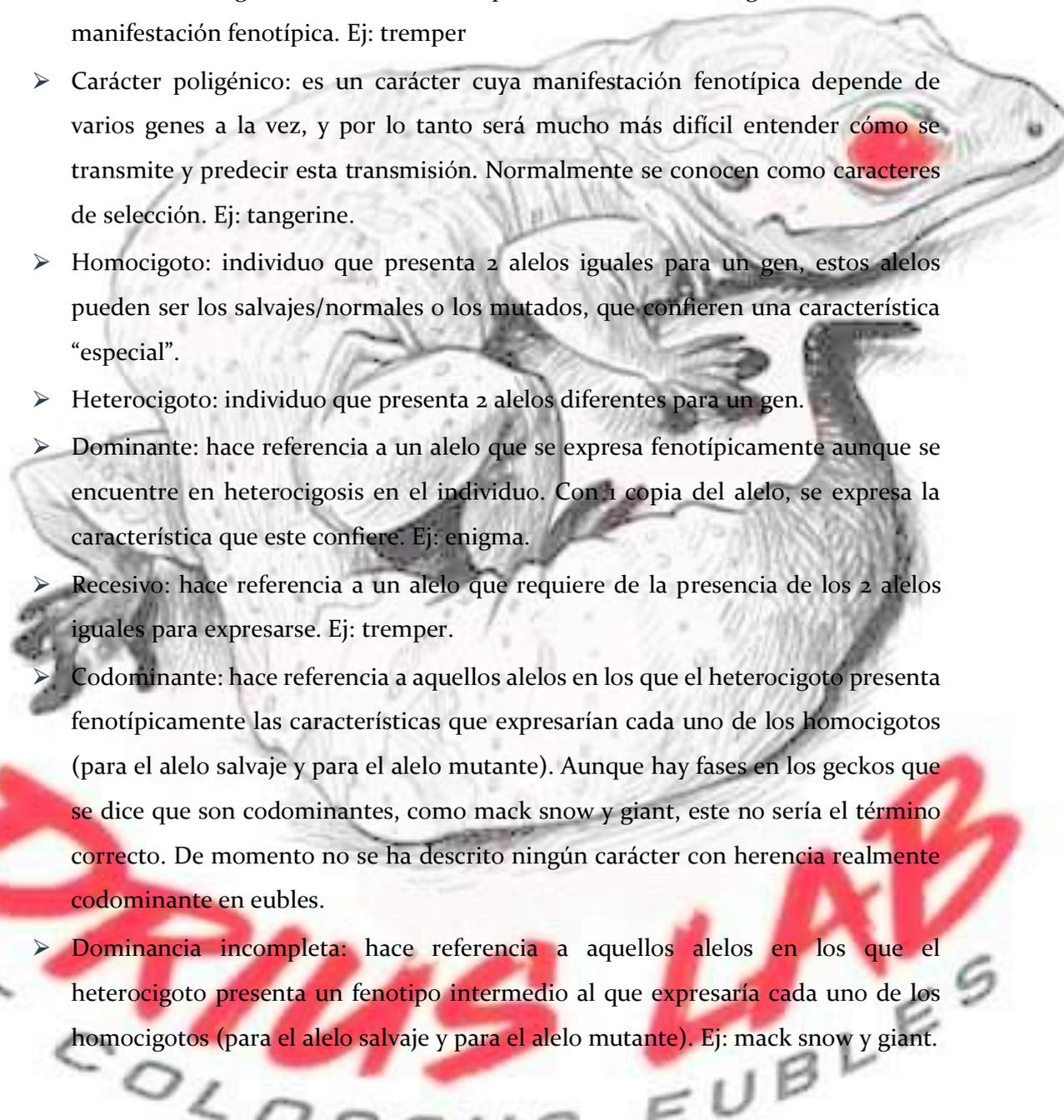
Pueden ser inserciones/deleciones, en las cuales se puede ganar o perder algún nucleótido de la secuencia o sustituciones en las cuales simplemente un nucleótido cambia por otro (p.ej: donde había una timina ahora hay una citosina). La relevancia de estas mutaciones con frecuencia viene dada por el lugar del genoma en el que se producen. Una misma mutación en 2 lugares diferentes puede tener consecuencias radicalmente distintas, en un lado puede estar afectando a un gen alterando la proteína que éste produce y en otro lado puede no tener relevancia alguna, ya que se trata de un fragmento sin una función específica.

Individuo 1	Alelo 1	ATG ACT GAG CAT CGG ATC CCT AAG
	Alelo 2	ATG ACT GAG CAT CGG ATC CCT AAG
Individuo 2 Substitución	Alelo 1	ATG ACT GAG CAT CGA ATC CCT AAG
	Alelo 2	ATG ACT GAG CAT CGG ATC CCT AAG
Individuo 3 Inserción	Alelo 1	ATG ACT GAG CAT CGG C ATC CCT AAG
	Alelo 2	ATG ACT GAG CAT CGG ATC CCT AAG
Individuo 4 Delección	Alelo 1	ATG ACT GAG CAT CG ATC CCT AAG
	Alelo 2	ATG ACT GAG CAT CGG ATC CCT AAG

Conceptos básicos

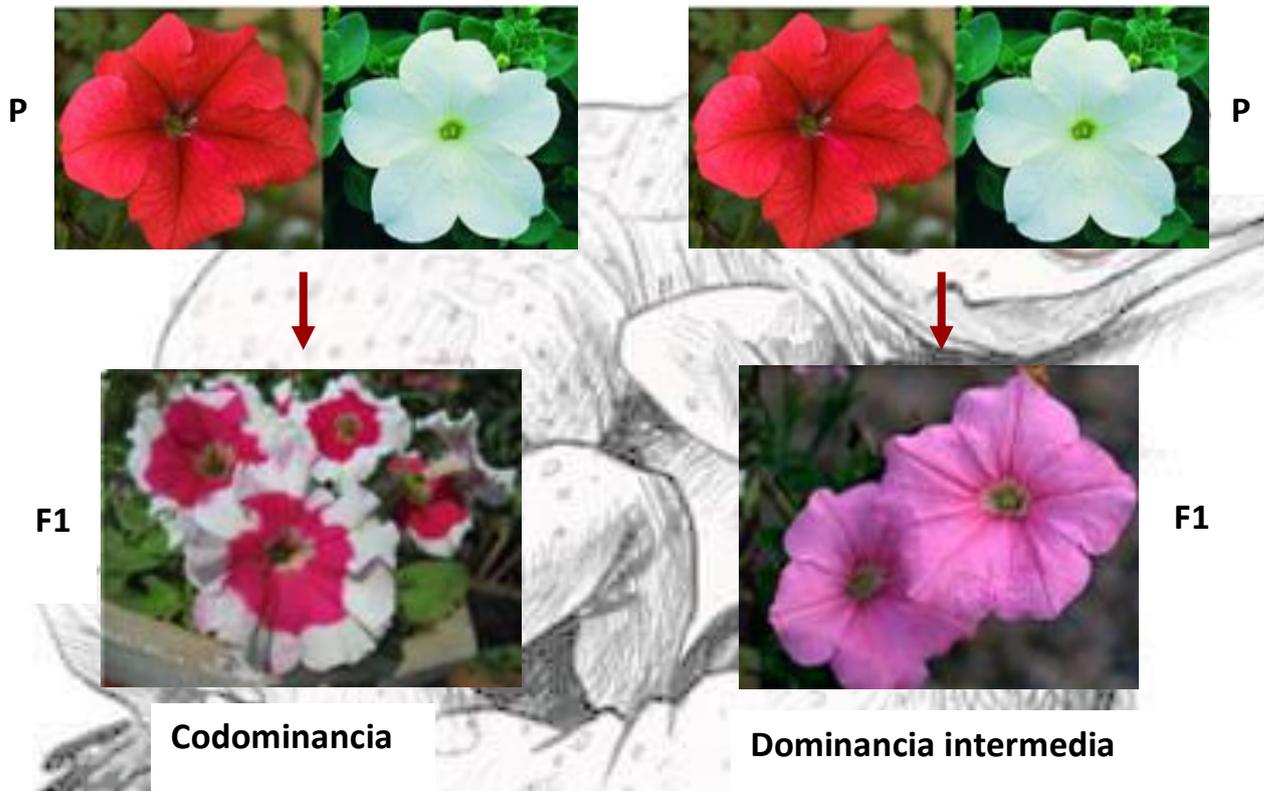
Para poder entender la genética de cualquier animal, hay unos conceptos básicos que necesitamos conocer y comprender para poder hablar con propiedad y evitar confusiones.

- Alelo: cada una de las posibles variantes para un gen determinado, se hereda un alelo de padre y otro de madre.
- Genotipo: es la composición genética del individuo, es decir que alelos tiene para un gen concreto.

- 
- Fenotipo: expresión del genotipo, es decir, como el genotipo se muestra física o a nivel de comportamiento en el individuo.
 - Carácter monogénico: es un carácter para el cual un único gen determina su manifestación fenotípica. Ej: tremper
 - Carácter poligénico: es un carácter cuya manifestación fenotípica depende de varios genes a la vez, y por lo tanto será mucho más difícil entender cómo se transmite y predecir esta transmisión. Normalmente se conocen como caracteres de selección. Ej: tangerine.
 - Homocigoto: individuo que presenta 2 alelos iguales para un gen, estos alelos pueden ser los salvajes/normales o los mutados, que confieren una característica “especial”.
 - Heterocigoto: individuo que presenta 2 alelos diferentes para un gen.
 - Dominante: hace referencia a un alelo que se expresa fenotípicamente aunque se encuentre en heterocigosis en el individuo. Con 1 copia del alelo, se expresa la característica que este confiere. Ej: enigma.
 - Recesivo: hace referencia a un alelo que requiere de la presencia de los 2 alelos iguales para expresarse. Ej: tremper.
 - Codominante: hace referencia a aquellos alelos en los que el heterocigoto presenta fenotípicamente las características que expresarían cada uno de los homocigotos (para el alelo salvaje y para el alelo mutante). Aunque hay fases en los geckos que se dice que son codominantes, como mack snow y giant, este no sería el término correcto. De momento no se ha descrito ningún carácter con herencia realmente codominante en eubles.
 - Dominancia incompleta: hace referencia a aquellos alelos en los que el heterocigoto presenta un fenotipo intermedio al que expresaría cada uno de los homocigotos (para el alelo salvaje y para el alelo mutante). Ej: mack snow y giant.

Es difícil entender la diferencia entre codominante y dominante incompleto hablando de geckos, puesto que hasta la fecha no hay ninguna fase con una herencia codominante. El mejor ejemplo para explicar estos conceptos son las flores. Partes de dos líneas (homocigotas), una da flores blancas y otra da flores rojas. Si la herencia fuera codominante, las flores resultantes del cruce de estas líneas tendrían tanto pétalos rojos

como pétalos blancos; en cambio, si se trata de una herencia dominante incompleta, las flores resultantes serían rojas.



Herencia

Las Leyes de Mendel son un conjunto de reglas básicas sobre la transmisión por herencia de las características de los organismos padres a sus hijos. Se consideran reglas más que leyes, puesto que no se cumplen en todos los casos; el más claro ejemplo de excepción es cuando dos genes se encuentran físicamente muy próximos el uno al otro (en el mismo cromosoma) puesto que tendrán una mayor tendencia a heredarse juntos, lo que se conoce como desequilibrio de ligamiento. Estas reglas básicas de herencia constituyen el fundamento de la genética Mendeliana.

Historia

Estas leyes derivan de las investigaciones sobre hibridación entre plantas realizadas por Gregor Mendel, un monje agustino austriaco, en el siglo XIX. Entre los años 1856 y 1863, Mendel cultivó y probó cerca de 28,000 plantas de la especie *Pisum sativum* (planta del guisante). Sus experimentos le llevaron a concebir tres generalizaciones que después serían conocidas como Leyes de Mendel de la herencia o herencia mendeliana. Las conclusiones se encuentran descritas en su artículo titulado "Experimentos sobre hibridación de plantas" (cuya versión inglesa se denomina "Experiments on Plant Hybridization" y la versión original en alemán "Experimente auf Pflanzenkreuzung") que fue leído a la Sociedad de Historia Natural de Brno el 8 de febrero y el 8 de marzo de 1865 y posteriormente publicado en 1866.

Mendel envió su trabajo al botánico suizo Karl von Nägeli (una de las máximas autoridades de la época en el campo de la biología), fue él quien le sugirió que realizara su serie de experimentos en varias especies del género *Hieracium*. Mendel no pudo replicar sus resultados, ya que posteriormente a su muerte, en 1903, se descubrió que en *Hieracium* se producía un tipo especial de partenogénesis, provocando desviaciones en las proporciones mendelianas esperadas.

De su experimento con *Hieracium*, Mendel posiblemente llegó a pensar que sus leyes sólo podían ser aplicadas a ciertos tipos de especies y, debido a esto, se apartó de la ciencia y se dedicó a la administración del monasterio del cual era monje. Murió en 1884, completamente ignorado por el mundo científico.

En 1900, sin embargo, el trabajo de Mendel fue redescubierto por tres científicos europeos, el holandés Hugo de Vries, el alemán Carl Correns, y el austriaco Erich von Tschermak, por separado, y sin conocer los trabajos de Mendel llegaron a las mismas conclusiones que él.

De Vries fue el primero que publicó sobre las leyes, y Correns, tras haber leído su artículo y haber buscado en la bibliografía publicada, en la que encontró el olvidado artículo de Mendel, declaró que éste se había adelantado y que el trabajo de De Vries no era original.

En Europa fue William Bateson, quien impulsó en 1900 el conocimiento de las leyes de Mendel. Al dar una conferencia en la Sociedad de Horticultura, tuvo conocimiento del trabajo de Mendel, a través del relato de Hugo de Vries; así encontró el refrendo de lo que había estado experimentando. Él fue, pues, quien dio las primeras noticias en Inglaterra

de las investigaciones de Mendel. En 1902, publicó “Los principios mendelianos de la herencia”: una defensa acompañada de la traducción de los trabajos originales de Mendel sobre hibridación. Además, fue el primero en acuñar términos como "genética", "gen" y "alelo" para describir muchos de los resultados de esta nueva ciencia biológica.

En 1902, Theodore Boveri y Walter Sutton, trabajando de manera independiente, llegaron a una misma conclusión y propusieron una base biológica para los principios mendelianos, denominada “Teoría cromosómica de la herencia”. Esta teoría sostiene que los genes se encuentran en los cromosomas y al lugar cromosómico ocupado por un gen se le denominó locus (se habla de loci si se hace referencia al lugar del cromosoma ocupado por varios genes). Ambos se percataron de que la segregación de los factores mendelianos (alelos) se correspondía con la segregación de los cromosomas durante la división meiótica (por tanto, existía un paralelismo entre cromosomas y genes).

Algunos trabajos posteriores de biólogos y estadísticos tales como R.A. Fisher (1911) mostraron que los experimentos realizados por Mendel tenían globalidad en todas las especies, mostrando ejemplos concretos de la naturaleza. Los principios de la segregación equitativa (1ª ley de Mendel) y la transmisión independiente de la herencia (2ª ley de Mendel) derivan de la observación de la progenie de cruzamientos genéticos, no obstante, Mendel no conocía los procesos biológicos que producían esos fenómenos.

Así, puede considerarse que las leyes de Mendel reflejan el comportamiento cromosómico durante la meiosis: la primera ley responde a la migración aleatoria de los cromosomas homólogos a polos opuestos durante la anafase I de la meiosis (tanto los alelos como los cromosomas homólogos segregan de manera equitativa o 1:1 en los gametos) y la segunda ley, al alineamiento aleatorio de cada par de cromosomas homólogos durante la metafase I de la meiosis (por lo que genes distintos y pares diferentes de cromosomas homólogos segregan independientemente).

Primera Ley de Mendel: Principio de la uniformidad de los híbridos de la primera generación filial

Esta primera ley establece que: si se cruzan dos líneas puras (homocigotas) para un determinado carácter, los descendientes serán todos iguales entre sí, tanto genotípicamente como fenotípicamente, e iguales fenotípicamente a uno de los dos progenitores (aquel que

lleve los alelos dominantes). Como excepción a esta norma, estarían aquellos caracteres con una herencia codominante o dominante incompleta, de los cuales ya hemos hablado.

La manera más frecuente de representar los cruzamientos en la genética mendeliana es mediante letras. Se escoge una letra para hacer referencia al carácter (por ejemplo la T para representar al tremper albino), y después se utiliza la mayúscula para hacer referencia al alelo dominante (en este caso, T sería el alelo nominal) y la minúscula para referenciar el alelo recesivo (t sería el alelo tremper).

Con esta nomenclatura, podemos reproducir el caso del que habla esta primera Ley de Mendel.

Partimos de 2 líneas puras, en nuestro ejemplo serán una nominal (homocigoto para los alelos nominales, y por lo tanto TT) y una línea de tremper albino (homocigoto para los alelos tremper y por lo tanto tt).

Cada parental puede transmitir uno de los dos alelos que porta (en este caso, porta los dos iguales), así que, si representamos mediante un cuadro de Punnett el cruce, para ver la posible descendencia obtenemos el siguiente resultado:

	T	T
t	Tt	Tt
t	Tt	Tt

Como se puede observar en la tabla, todos los descendientes son genotípica y fenotípicamente iguales, son heterocigotos (Tt), es decir, presentan un alelo nominal y un alelo tremper. Puesto que el alelo nominal es dominante frente al alelo tremper, serán fenotípicamente iguales al progenitor nominal (TT).

Ahora pondremos el ejemplo de la excepción. Para ello utilizaremos el carácter mack snow, y llamaremos al gen M. En este caso no hay un alelo dominante, puesto que se trata de un caso de herencia dominante incompleta y por lo tanto es muy importante establecer bien qué quiere decir la mayúscula y que la minúscula. M, hará referencia al alelo mack snow y m al nominal. Haremos el mismo cruce que anteriormente:

	M	M
m	Mm	Mm
m	Mm	Mm

En este caso, a pesar de que los descendientes sean genotípica y fenotípicamente iguales entre ellos (todos son heterocigotos Mm) no serán iguales a ningún progenitor. El progenitor homocigoto para el alelo mack snow (MM) presentará las características de lo que conocemos como super mack snow, todos los descendientes (heterocigotos) presentarán las características del mack snow y el homocigoto nominal (mm) presentará las características de un individuo nominal.

Segunda Ley de Mendel: Principio de la segregación de alelos

Esta ley establece que durante la formación de los gametos, cada alelo de un gen se separa del otro para determinar la constitución genética del gameto filial. Actualmente sabemos que este proceso ocurre durante la división meiótica de las células reproductoras que darán lugar a los gametos (el óvulo y el espermatozoide). Cada gameto sólo contendrá un alelo para cada gen asegurando que en el descendiente se combinen los alelos tanto maternos como paternos, ya que se produce al fusionar el gameto materno y el paterno.

Esto fue observado por Mendel al cruzar los descendientes híbridos de dos líneas puras entre ellos, puesto que su descendencia estaba formada por individuos fenotípicamente iguales tanto a cada una de las líneas puras como al híbrido.

La manera más fácil de entenderlo es mediante otro cuadro de Punnet. Utilizaremos como ejemplo nuevamente el carácter tremper albino, manteniendo la nomenclatura anterior.

En este caso pero, los progenitores no serán líneas puras (homocigotos) sino que serán los heterocigotos.

	T	t
T	TT	Tt
t	Tt	tt

Como podemos observar en la tabla, $\frac{1}{4}$ de los descendientes serán homocigotos TT, es decir nominales; $\frac{1}{2}$ serán heterocigotos (Tt, nominales portadores de albinismo) y el $\frac{1}{4}$ restante serán homocigotos recesivos tt, es decir tremper albino.

Tercera Ley de Mendel: Ley de la independencia de los caracteres

En ocasiones esta ley se agrupa con la segunda. Esta ley dice que los caracteres son heredados independientemente unos de los otros, sin que exista una relación entre ellos. Por lo tanto, el patrón de herencia de un carácter no afectará al patrón de herencia de otro.

Para explicar esta ley partiremos de nuevo de dos “líneas puras” (homocigotos) en este caso un trempo eclipse y un nominal puro. Igual que para trempo, para el gen eclipse utilizaremos la E para el alelo nominal y la e para el alelo eclipse. De esta manera el trempo eclipse sería ttee y el nominal TTEE.

Puesto que partimos de líneas puras, este primer cruce seguirá la primera ley de Mendel y todos los descendientes serán TtEe.

Ahora pasaremos a hacer el cruce de esta descendencia entre ella. Para hacerlo hemos de tener en cuenta que los alelos del gen T (T/t) y los del gen E (E/e) se heredan independientemente uno del otro y por lo tanto cualquier combinación de alelos de los progenitores es posible.

	TE	Te	tE	te
TE	TTEE	TTEe	TtEE	TtEe
Te	TTEe	Ttee	TtEe	Ttee
tE	TtEE	TtEe	ttEE	ttEe
te	TtEe	Ttee	ttEe	ttee

Si juntamos los genotipos iguales de la tabla obtenemos las siguientes proporciones:

9/16 individuos con fenotipo nominal (aunque algunos serán portadores de trempo, de eclipse o de ambos).

3/16 individuos trempo (portadores o no de eclipse).

3/16 individuos eclipse (portadores o no de trempo).

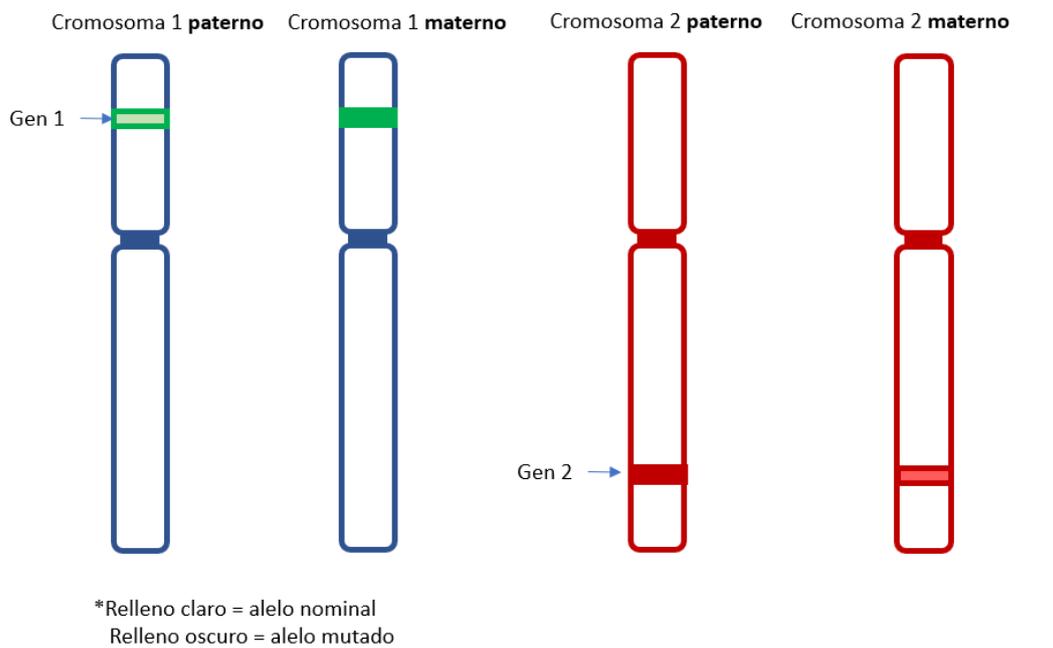
1/16 individuos trempo eclipse (homocigotos para ambos genes).

Esta ley es aplicable cuando los 2 (o más) caracteres que estamos observando tienen una herencia mendeliana (por lo tanto son monogénicos) y los genes que los determinan se encuentran en cromosomas diferentes o muy alejados dentro de un mismo cromosoma. De esto se puede inferir que por lo tanto hay excepciones a esta ley. Estas excepciones ocurren cuando los 2 genes que estamos observando están localizados muy cerca el uno

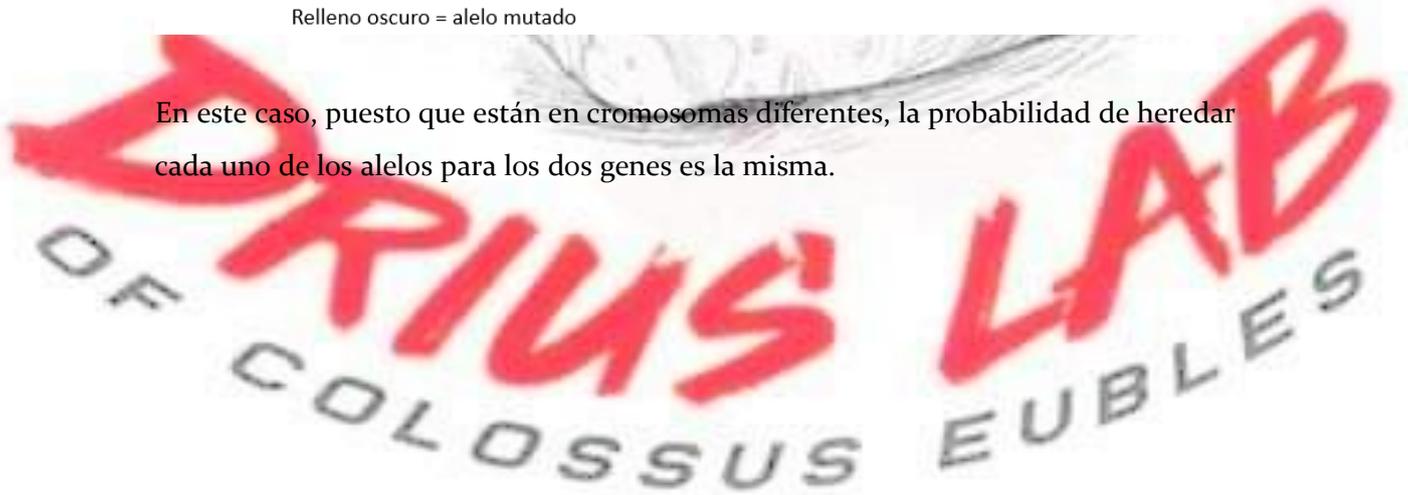
del otro en el genoma (se encuentran a poca distancia y en el mismo cromosoma). En este caso diremos que hay desequilibrio de ligamiento entre esos dos genes, ya que la herencia de ambos no es independiente, y la probabilidad de heredar cada alelo no es del 50% sino que tienen tendencia a heredarse juntos.

Para que quede más claro, pondremos 3 ejemplos de cómo sería la segregación de 2 genes en función de su posición en el genoma:

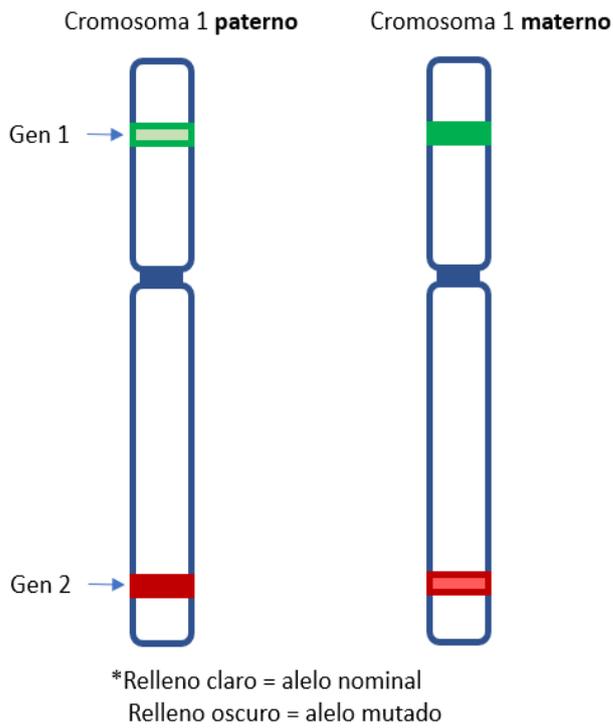
Ejemplo 1



En este caso, puesto que están en cromosomas diferentes, la probabilidad de heredar cada uno de los alelos para los dos genes es la misma.

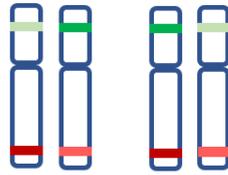


Ejemplo 2

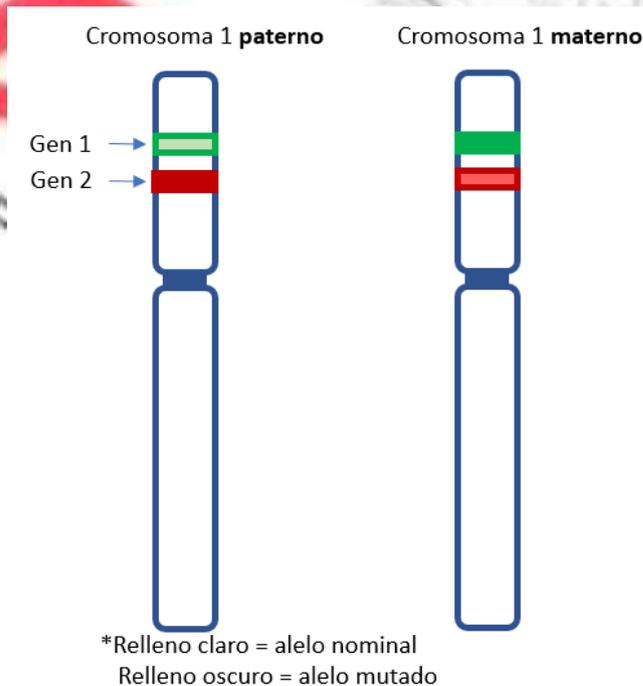


En este caso ambos genes se encuentran en el mismo cromosoma, aunque a una distancia considerable. Podríamos pensar que puesto que están en el mismo cromosoma los alelos del cromosoma paterno se heredaran juntos y los maternos igual. Sin embargo, durante la división celular que da lugar a los gametos (óvulo y espermatozoide) se produce un fenómeno conocido como recombinación, que permite que se intercambie material genético entre el cromosoma materno y el paterno.

De esta manera, todas las combinaciones son igual de probables.



Ejemplo 3



En este caso ambos genes se encuentran en el mismo cromosoma, a muy poca distancia el uno del otro.

La probabilidad que se dé un evento de recombinación justo entre los dos genes es poco probable, de manera que tienen tendencia a heredarse juntos.

En el caso del ejemplo, el alelo nominal del gen 1 tendrá tendencia a heredarse junto al alelo mutado del gen 2 o al revés (en función de si hereda el cromosoma paterno o el materno).

Cuanto más cerca se encuentren los genes más difícil será que se produzca un evento de recombinación que rompa esa asociación entre los alelos. Esto es lo que se especula que sucede con la fase lemon frost y la propensión a desarrollar tumores, a pesar de que habría otras explicaciones posibles para este hecho (p.ej: la misma mutación sea la causante de ambas características).

Cruzamiento prueba

El cruzamiento prueba es una estrategia que se utiliza para desenmascarar la presencia de alelos recesivos “escondidos” en heterocigosis, es decir, para intentar confirmar los *pos* het de un individuo.

Este cruzamiento prueba consiste en cruzar el individuo con *pos* het con un individuo homocigoto para ese alelo. Vamos a poner un ejemplo siguiendo la nomenclatura que hemos utilizado anteriormente. Nuestro individuo duda es un nominal *pos* het eclipse (E?), para poder ver si es portador (Ee) o no (EE) lo cruzaremos con un individuo eclipse (ee).

¿Qué puede suceder si tras cruzar estos individuos? Hay dos opciones:

- Tienen un descendiente eclipse o más: en este caso se confirmaría el het y dejaría de ser un individuo *pos* het (E?) para ser 100% het (Ee).
- No tienen ningún descendiente eclipse: en este caso estadísticamente no se puede decir que no sea het, ya que por azar, aún si llevara el het es posible que no lo haya transmitido a ninguno de sus descendientes. Cuantos más descendientes no eclipses de la pareja, más difícil es que sea het.

Este cruzamiento prueba podría realizarse también con un individuo 100% het eclipse en lugar de uno eclipse, sin embargo la probabilidad de detectar el het del individuo *pos* het (si lo lleva) es mucho menor, complicando innecesariamente este cruzamiento prueba.

Líneas de selección

Las líneas de selección, en general, hacen referencia a características que no siguen un patrón de herencia Mendeliana, de manera que no se aplica ninguna de las leyes de la herencia que hemos mencionado previamente.

Este tipo de características normalmente son reguladas por múltiples genes que tienen un efecto pequeño y modifican el fenotipo. De manera que el trabajo de cría para mantener y mejorar características de selección es diferente y se basa en el cruce de individuos que presenten el fenotipo más parecido al que se pretende conseguir.

En la mayoría de casos esto implica cruzar individuos que están emparentados (padres con hijos, o hermanos entre sí) para potenciar al máximo la característica deseada.

El trabajo con características de selección permite obtener resultados muy diferentes a pesar de partir de animales muy similares (a partir de nominales se han obtenido animales bold y superhypo) o resultados similares a pesar de partir de animales diferentes (los firewater y copper, obtenidos de rainwater y tremper respectivamente).

Consanguinidad

En el mundo de la cría de reptiles se trabaja con un número limitado de individuos, lo cual facilita el apareamiento entre animales emparentados, generando así individuos consanguíneos.

Es ampliamente conocido que un alto nivel de consanguinidad acostumbra a producir individuos con defectos inesperados (no observados en los progenitores). Es por este motivo, que en la cría de reptiles (igual que en la cría de aves o mamíferos) hay pautas para evitar la consanguinidad. Normalmente implican no reproducir una línea más de 4 generaciones sin introducir individuos de otra línea independiente, aunque este número varía en función de quien aconseje.

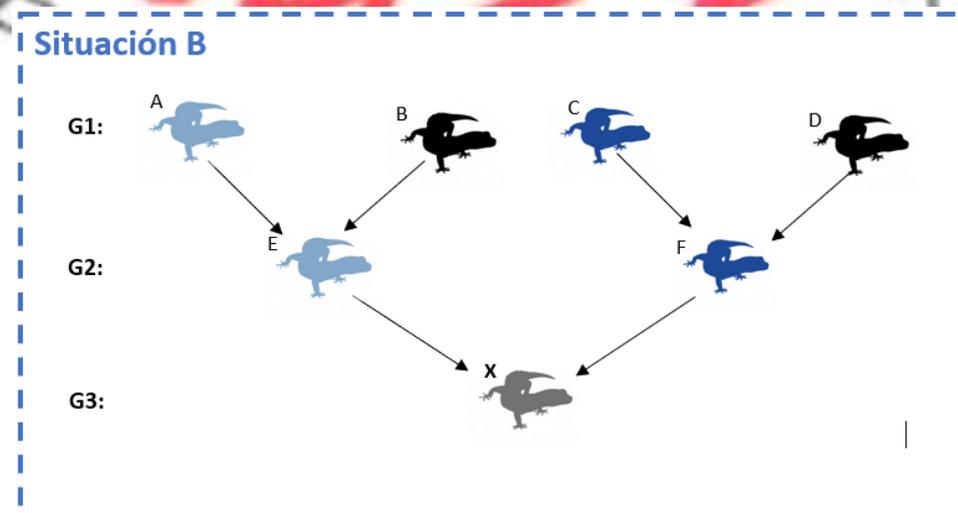
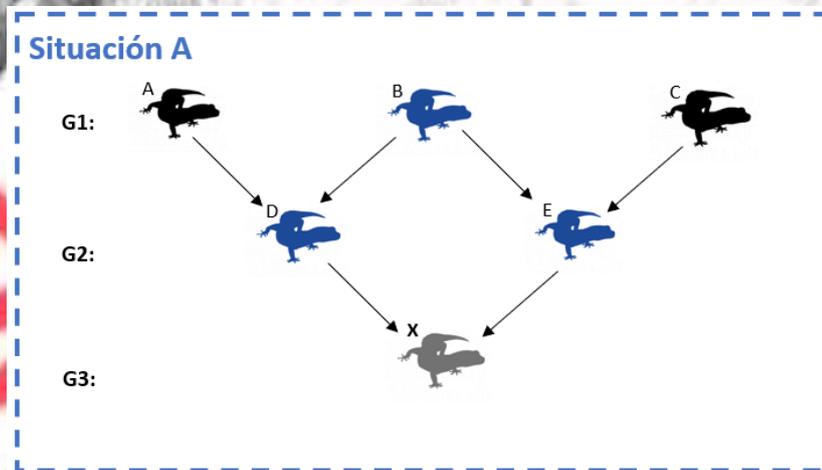
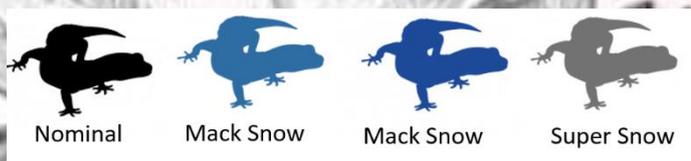
Sin embargo, hay una medida que nos permite determinar objetivamente la consanguinidad teórica en un individuo, esta es el coeficiente de consanguinidad. El coeficiente de consanguinidad (C_c o F) es la probabilidad de que los dos alelos de un gen en un individuo sean idénticos por descendencia. Esto, asume que hay un ancestro común entre los progenitores de ese individuo.

Para entender este concepto primero hemos de saber que diferenciar entre dos situaciones

- Alelos idénticos en estado → dos alelos son idénticos pero tienen orígenes diferentes.
- Alelos idénticos por descendencia → dos alelos son idénticos y provienen de copias del alelo de un antepasado común.

Por ejemplo: Teniendo un individuo Super Snow, puede ser que:

- sus progenitores compartan un antepasado común mack snow y que por vías distintas haya heredado el mismo alelo de este antepasado (alelos idénticos por descendencia).
- sus progenitores no compartan antepasados comunes y los dos alelos provengan de individuos diferentes (alelos idénticos en estado).



Mediante el concepto de coeficiente de consanguinidad, estamos calculando la probabilidad de que los dos alelos de un individuo sean idénticos por descendencia. Para conocer este coeficiente, hemos de conocer el árbol genealógico del individuo. El cálculo puede volverse complicado de realizar aun con árboles genealógicos poco complejos de manera que se han diseñado programas que realizan este cálculo de manera automática.

Un ejemplo la siguiente web:

[Inbreeding Coefficient Calculator - BullyPedigrees.com](http://BullyPedigrees.com)

En esta, únicamente hemos de detallar el árbol genealógico del individuo que queremos analizar (imprescindible escribir correctamente los nombres para que pueda relacionarlos).

Continuando con el ejemplo de antes, en la situación a) el coeficiente de consanguinidad sería de $F=12,5\%$ mientras que en la situación b) sería $F=0\%$.

La consanguinidad es un factor muy importante a tener en cuenta especialmente cuando se decide trabajar en una línea de selección puesto que como hemos explicado anteriormente, en esta práctica es común la reproducción entre individuos emparentados para favorecer la aparición (o mejora) de las características deseadas.

La cría de animales en cautividad es una práctica de gran valor puesto que permite conservar especies de manera “artificial” en ocasiones a pesar de la escasa reproducción (y consiguiente peligro de extinción) en la naturaleza. La reproducción en cautividad también disminuye la captura de ejemplares salvajes para el mantenimiento como animal de compañía y permite mantener variedades que no sobreviven en estado salvaje.

Sin embargo, es una práctica que se ha de realizar de manera responsable, teniendo como principal requisito el bienestar de los animales con los que se trabaja y con conocimiento de lo que se está haciendo.

Visítanos en nuestro perfil Facebook: <https://www.facebook.com/Drius-Lab-of-Colossal-Eubles-296292884516348/>

O en Instagram: https://www.instagram.com/colossal_eubles/