

## DIVERSIDAD GENÉTICA DEL CERDO CRIOLLO MEXICANO

C. Lemus

Universidad Autónoma de Nayarit. Posgrado en Ciencias Biológico-Agropecuarias. Ciudad de la Cultura "Amado Nervo", Tepic. Nayarit, México  
email: clemus@nayar.uan.mx

### RESUMEN

*Los cerdos criollos poseen características económicamente importantes. Estos animales son criados en comunidades rurales bajo condiciones poco tecnificadas, aprovechando tubérculos, forrajes y subproductos agrícolas. A este genotipo se les reconoce su capacidad para producir grasa corporal y la adaptación a condiciones locales. La mayoría de los cerdos criollos presentan una prolificidad relativamente baja, lechones de bajo peso al nacer, un crecimiento lento y mayor deposición de grasa dorsal cuando se comparan con razas mejoradas. Los cerdos criollos tiene grandes ventajas para la producción de carne en áreas rurales de los países en desarrollo, entre las cuales se encuentran: tamaño, rusticidad, bajo costo y el capital para la explotación de la piara es bajo. La importancia de estos cerdos en las comunidades rurales es doble, por un lado mejoran la dieta del campesino o criador y por otro son engordados para venderse.*

*Esta revisión comprende aspectos importantes sobre la diversidad genética de los cerdos criollos mexicanos. Se revisan los estudios de diversidad genética de cerdos criollos, nativos y comerciales de España, Cuba y México, y los estudios para frecuencias génicas y genotípicas con genes candidatos. Se evalúan los genes ESR, FUT1 y RBP4. Igualmente, se discuten aspectos de distancias genéticas y árboles filogenéticos para genes candidatos, así como se presentan estudios de origen y diversidad genética con ADN mitocondrial.*

*Los datos presentados aquí sugieren que las poblaciones de cerdos criollos tienen un origen diverso con niveles amplios de diversidad genética. Por otra parte, la separación genética entre los cerdos Pelón Mexicano de diferentes regiones del país, permitirá en un futuro recomendar en programas de conservación genética, cuáles animales conservar y de qué lugar.*

**Palabras claves:** diversidad genética, cerdo criollo mexicano, razas comerciales

**Título corto:** Genética de cerdos criollos mexicanos

## GENETIC DIVERSITY OF THE MEXICAN CREOLE PIG

### SUMMARY

*Creole pigs have characteristics which are important from the point of view of economy. These animals are reared in rural communities under low technical conditions, using tubers, forages and crop residues. This genotype is known for its capacity to produce body fat and for adaptation to local conditions. The majority of creole pigs have a relatively low prolificity, piglets of low live weight at born, a slow growth and a great deposition of backfat when compared to improved breeds. Creole pigs have great advantages for meat production in rural areas of developing countries, and among them there are: size, rusticity, low cost and low capital for exploitation of the herd. The importance of these pigs in rural communities is double, by one hand, they improve the diet of the farm or producer, and on the other hand, the animals are fattened to be sold.*

*This review comprises important aspects concerning genetic biodiversity in Mexican creole pigs. Genetic diversity in creole, local and commercial pigs from Spain, Cuba and Mexico are reviewing, as well as those studies concerning genic and genetic frequency by using candidate genes. EST, FUT1 and RBP4 genes are evaluated. Similarly, aspects related to genetic distances and filogenetic trees are discussed for candidate genes, and studies on origin and genetic diversity of mitochondrial DNA are presented.*

*The herein exposed data suggest that populations of creole pigs have a diverse origin, and there exists wide levels of genetic diversity. On the other hand, genetic diversity among Pelón Mexicano pigs from different regions of the country, will permit in the future to formulate recommendations about which animals and from where should be conserved within programs of genetic conservation.*

**Key words:** genetic diversity, Mexican creole pig, commercial breeds

**Short title:** Genetics of Mexican creole pigs

### Tabla de contenido

Introducción, 34  
Estudios de diversidad genética de los cerdos criollos, nativos y comerciales, 34

España, 34  
Cuba, 35  
México, 35  
Otros estudios para frecuencias génicas y genotípicas con genes candidatos, 36  
Gen ESR, 36  
Gen FUT1, 37  
Gen RBP4, 37  
Distancias genéticas y árboles filogenéticos para genes candidatos,  
Gen ESR, 37  
Gen FUT1, 38  
Gen RBP4, 38  
Estudio de origen y diversidad genética con ADN mitocondrial, 38  
Conclusiones, 39  
Agradecimientos, 39  
Referencias, 39

## INTRODUCCIÓN

Un alto porcentaje de las razas domésticas que proveen de alimento a la humanidad están en peligro de extinción. Las razas indígenas poseen comúnmente rasgos valiosos tales como la adaptación a condiciones difíciles, incluyendo tolerancia a enfermedades parasitarias e infecciosas, sequía y calidad alimenticia pobre (CVID 2003; Sierra et al 2003). Por lo tanto, el rescate y aprovechamiento de recursos genéticos nativos como el cerdo criollo mexicano podría ser un tema fructífero de investigación por muchos años.

En México recientemente se le ha dado un impulso importante al estudio de los recursos genéticos animales, toda vez que se ha comprendido la relevancia de las variantes genéticas tan extensas, pero tan pobremente caracterizadas, más aún cuando se trata de poblaciones criollas o nativas (Mariscal 1998; Sierra et al 2003).

El Cerdo Criollo Mexicano (CCM) fue informado por la FAO como un cerdo en peligro de extinción (FAO 2000), y es una especie poco valorada. Se cree que este animal fue introducido en México en tiempos de la conquista, y que de forma natural ha sobrevivido a distintas condiciones ecológicas, incluyendo factores infecciosos y limitaciones nutricionales. Es fuente de gran diversidad biológica, además de suponerse alta resistencia a enfermedades (Flores 1992; Lemus et al 2003).

La principal causa de la baja productividad del cerdo criollo es de tipo genético, por la falta sistemática del uso de la heterosis con el fin de mejorar las características de las razas criollas, dependiendo del sistema de cruzamiento y de las razas a introducir para incrementar la productividad de los cerdos criollos cruzados enfocados a la prolificidad y la precocidad, aunque se corre el riesgo de perder características como la rusticidad, fertilidad o habilidad materna.

En México de los tres tipos de CCM, el Cerdo Pelón Mexicano es el más abundante, siguiendo el cerdo Cuino que probablemente fue introducido por embarcaciones de China que comerciaban con México en el siglo XVI; el menos abundante es el llamado Pata de Mula (Vázquez 1986).

El objetivo de esta revisión es presentar información correspondiente a aspectos importantes sobre la diversidad genética de los cerdos criollos mexicanos.

## ESTUDIOS DE DIVERSIDAD GENÉTICA DE LOS CERDOS CRIOLLOS, NATIVOS Y COMERCIALES

Con el empleo de marcadores genéticos como grupos sanguíneos y polimorfismo de proteínas, la diversidad genética medida como H en Duroc fue 0.33, Hampshire 0.35, Landrace 0.37 y Large White 0.38; encontrando en los dendogramas, empleando las distancias estándar de Nei, que los cerdos Landrace y Large White están cercanos continuos al Duroc, siendo el Hampshire el más distante (Cepica et al 1995).

Fredholm et al (1993), con anterioridad a los estudios de Cepica et al (1995) informaron, al usar 24 loci polimórficos, que la raza Large White (n = 22) la H fue la más alta con 0.58, seguida de Landrace (n = 22), 0.51; Duroc (n = 21), 0.48 y 0.46 para Hampshire (n = 11).

La variación genética en las poblaciones criollas en México, y Cuba, como en España, se ha encontrado que es más alta que en los cerdos de raza comercial. Los cerdos criollos locales filogenéticamente se encuentran separados genéticamente de los cerdos modernos, situación que sugiere que así se han conservado a pesar de la falta de programas sistematizados de mejora genética (Martínez et al 2000, 2005; Lemus et al 2001; Canul et al 2005).

### España

Cuando se caracterizaron 27 microsatélites, recomendados para estudios de diversidad genética en ganado porcino, en un estudio de cerdos Ibéricos, se encontró un promedio de H = 0.61 para todos los loci, fluctuando entre 0.00 y 0.87; con una presencia de 1 hasta 17 alelos por locus y un promedio de 6.8 alelos por locus (Martínez et al 2000). Se concluyó que la batería de marcadores propuesta por la FAO para el estudio de la biodiversidad era adecuada para la comparación de razas porcinas. En el caso del cerdo Ibérico y para investigaciones de la estructura genética de la población, sería interesante sustituir algunos de los microsatélites menos informativos.

Se ha propuesto una metodología que combina protocolos de preparación de la muestra y amplificación múltiple que funcionan correctamente y facilitan las labores de caracterización sistemática de individuos en trabajos futuros con esta batería de microsatélites. El número de alelos

detectados así como los cálculos de la heterocigosidad y contenido de información polimórfica indican un nivel de variabilidad genética o biodiversidad elevado. La prueba de equilibrio y los valores de diferenciación genética  $\theta$  y  $G_{ST}$  indicaron que existe subdivisión en la muestra de cerdo Ibérico que fue investigada.

Los cuadros de distancia genética, los árboles construídos a partir de los mismos y el análisis de componentes principales, informaron que las variedades Manchado de Jabugo, Torbiscal y Negro Lampiño manifestaban un grado de diferenciación mayor que el resto de las variedades. Se podría considerar al Manchado de Jabugo prácticamente como una raza diferente aunque con una relación genética muy próxima con el cerdo Ibérico.

Las variedades Retinto Extremeño, Negro Entrepelado, Mamellado, Silvela y Retinto Portugués podrían formar una agrupación con características genéticas similares, la más representativa y numerosa del cerdo Ibérico actual. El cerdo Ibérico se diferenció perfectamente de las razas Duroc y Chato Murciano empleadas como referencia.

#### Cuba

SE caracterizó genéticamente el cerdo Criollo Cubano (Martínez et al 2005) para conocer el estado en que se encuentra esta raza porcina, a la vez que se establecieron las relaciones genéticas del mismo con las variedades principales del cerdo Ibérico mediante el cálculo de distancias genéticas. Se analizaron 93 muestras de cerdo Criollo Cubano pertenecientes a las variedades Entrepelado y Lampiño procedentes de la provincia de Granma y de La Habana, en Cuba

Fueron empleados 20 microsatélites de los recomendados por la FAO/ISAG (International Society of Animal Genetics) para estudios de biodiversidad porcina. Los microsatélites se amplificaron mediante la reacción en cadena de la polimerasa y los fragmentos amplificados fueron separados mediante electroforesis en un secuenciador automático. Todos los microsatélites tipificados resultaron polimórficos, y se encontraron entre 4 alelos para el S0227 y 12 para el S0068, con un número medio de alelos de 8.2. La heterocigosidad media esperada fue 0.6535 y la observada 0.6335. Se calculó la distancia genética DS de Nei entre el cerdo Criollo Cubano y el cerdo Ibérico, y se construyó un árbol de distancias mediante el método de UPGMA. Por último, se calcularon las distancias entre pares de individuos (DSA) y con ellas construyó un árbol filogenético individual basado en el algoritmo UPGMA.

La heterocigosidad media observada alcanzó un valor de 0.6335 y la esperada, calculada a partir de las frecuencias alélicas, de 0.6535. Estos valores, fueron superiores a los encontrados por Martínez et al (2000) en el cerdo Ibérico y a los obtenidos en 11 razas porcinas europeas por Laval et al (2000). Sin embargo, Li et al (2000) obtuvieron valores de heterocigosidad en torno al 70% en cuatro razas porcinas chinas.

Cuando se dividió la población de Criollo Cubano en dos subpoblaciones (Entrepelado y Lampiño), el FST obtenido fue de -0.0012, lo que indicó que no habría diferencia genética entre estos dos grupos.

#### México

En un estudio de Canul et al (2005) se determinó la variabilidad genética que existe en la población de cerdos del biotipo Pelón que se encuentra en las áreas rurales del estado Mexicano de Yucatán, así como en la población perteneciente al centro de conservación genética que se tiene para este biotipo en Conkal, Yucatán. En la fase de campo se obtuvieron 102 muestras (69 de sangre y 33 de pelo) en ambas poblaciones.

En la fase de laboratorio se extrajo el ADN de cada una de las muestras por la técnica del Chelex y fueron amplificadas por medio de la reacción en cadena de la polimerasa, para estudiar 26 microsatélites recomendados por la FAO/ISAG para estudios de diversidad genética en porcinos. Se analizó el número de alelos, las frecuencias alélicas, la heterocigosidad (Genepop versión 3.1c) y el contenido de información polimórfica (PIC). Se observó que en los animales procedentes del estado de Yucatán todos los loci fueron polimórficos, con un promedio de 7.07; también existieron 2 alelos que eran homocigotos para dos locis diferentes (S0355, S0227). En la población de animales procedentes del Centro de Rescate yucateco, la mayoría de los loci fueron polimórficos a excepción del S0355 y S0215, que resultaron homocigotos, con un promedio de 3.65 alelos. Así mismo la heterocigosidad y el PIC reflejan el polimorfismo detectado en la mayoría de los loci en ambas poblaciones.

Estos resultados son similares a los de otros autores en diferentes variedades de cerdo Ibérico. La población de cerdos pelones del estado de Yucatán es una fuente importante de variabilidad genética que puede ser de utilidad en un futuro inmediato.

Al analizar la diversidad genética de CPM y cerdos de razas comerciales (Lemus et al 2001), se observó que los grupos de CPM de la región costera del océano Pacífico son más cercanos genéticamente entre sí, al igual que los que se ubican en la región costera del océano Atlántico. El grupo poblacional de la raza LW es más cercano genéticamente a cerdos de otras razas y CPM. Se observó también que los CPM del Atlántico (Veracruz) y los cerdos de raza Duroc son los más distantes genéticamente de las poblaciones de CPM como de las razas comerciales (tabla 1).

**Tabla 1. Distancias genéticas entre poblaciones agrupadas de cerdos Pelón Mexicano y de razas comerciales<sup>1</sup>**

Población	A	L	LW	H	D
Pacífico	0.17	0.21	<b>0.16</b>	0.20	0.30
Atlántico		<b>0.22</b>	0.23	0.36	<b>0.40</b>
L			0.20	0.34	0.33
LW				0.20	0.33
H					0.38
CPM <sup>2</sup>		<b>L</b>	<b>LW</b>	<b>H</b>	<b>D</b>
		<b>0.18</b>	<b>0.15</b>	0.22	<b>0.30</b>

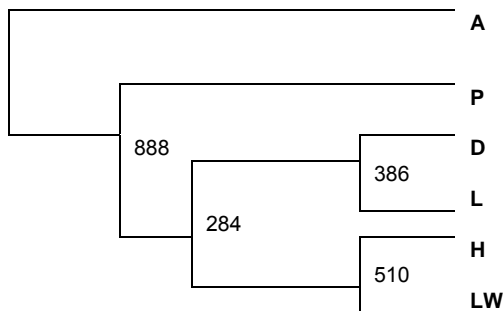
L, LW, H y D expresan Landrace, Large White, Hampshire y Duroc. Atlántico y Pacífico corresponde a la costa mexicana con rebaños Pelón Mexicano

<sup>1</sup> Las distancias genéticas más cercanas y más distantes se muestran en negrita

<sup>2</sup> CPM expresa todos los cerdos Pelón Mexicano

En las distancias genéticas entre grupos de CPM agrupados por regiones y razas comerciales, se observa que los CPM de la región de Pacífico son más cercanos genéticamente a los CPM de la región del Atlántico. Los grupos de cerdos LW y L eran más cercanos a todos los CPM en general y agrupados de las dos regiones. Además se observó que los cerdos de raza Duroc siguen siendo los más distantes genéticamente, tanto de CPM como de los demás cerdos de razas comerciales.

En un dendograma agrupando los CPM por regiones (figura 1). Resultó que con valores altos de bootstrapping, los CPM se mantienen unidos y se confirmó que las ramas del árbol filogenético que comprendía a los CPM de las regiones del Atlántico y Pacífico, se separaban de los cerdos de razas comerciales.



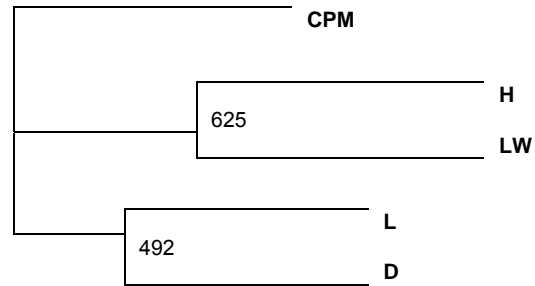
**Figura 1. Árbol filogenético que muestra los valores de bootstrapping considerando las distancias genéticas de poblaciones porcinas de CPM por regiones**

L, LW, H y D expresan Landrace, Large White, Hampshire y Duroc. Atlántico y Pacífico corresponde a la costa mexicana con rebaños Pelón Mexicano: P, comprende poblaciones de CPM de Acaponeta, Huajicori, Rosamorada (Nayarit) y Guerrero A, comprende poblaciones de CPM de Tabasco, Universidad Nacional Autónoma de México y Veracruz

La separación genética entre los CPM de diferentes regiones, permitirá en un futuro recomendar en programas de conservación genética, cuáles animales conservar y de qué lugar.

Estas son recomendaciones importantes, si se quiere conservar la diversidad genética y la mayor cantidad de germoplasma, que en un futuro pudieran ser útiles en la formación de líneas, dentro de poblaciones de CPM y entre poblaciones de CPM y razas comerciales. En otro dendograma se consideraron todos los CPM como un solo grupo, observándose de nuevo una separación entre los CPM y los cerdos de razas comerciales (figura 2), con valores altos de bootstrapping.

Este hallazgo es sumamente importante, ya que sugiere que a pesar de que los CPM se encuentran bajo un sistema de producción rural, carente de tecnología, el germoplasma de estos cerdos sigue conservando parte de su origen, aunque exista entrecruzamiento entre cerdos de la misma población y con cerdos de razas modernas (Lemus et al 2005).



**Figura 2. Árbol filogenético que muestra los valores de bootstrapping considerando las distancias genéticas de poblaciones porcinas de CPM agrupadas.**

CPM son todas las poblaciones de Cerdo Pelón Mexicano L, LW, H y D expresan Landrace, Large White, Hampshire y Duroc.

Todos los árboles filogenéticos mostraron que los CPM se separan genéticamente de los cerdos de razas comerciales, encontrándose además que estas poblaciones se diferencian por regiones geográficas costeras. Esto sugiere que los CPM consisten en dos poblaciones genéticamente diferentes.

#### OTROS ESTUDIOS PARA FRECUENCIAS GÉNICAS Y GENOTÍPICAS CON GENES CANDIDATOS

##### Gen ESR

Las frecuencias génicas y genotípicas del gen ESR de las tres razas en estudio se muestran en la tabla 2. El gen ESR mostró dependencia bien evidente con las razas Yorkshire, Cerdo Pelón Mexicano (CPM) y Cuino al utilizar la prueba de  $\chi^2$  para comprobarlo.

**Tabla 2. Frecuencias génicas y genotípicas del gen ESR**

Raza	Frecuencia génica		Frecuencia Genotípica		
	A	B	AA	AB	BB
Yorkshire	0.62	0.38	0.35	0.55	0.10
CPM	0.74	0.26	0.48	0.52	0.0
Cuino	0.84	0.16	0.68	0.32	0.0

ESR es gen receptor estrogénico

La frecuencia del alelo B al igual que el genotipo BB es más alta en los cerdos de raza Yorkshire. Desde 1996 con los estudios de Rothschild et al (1996), al alelo B se le ha considerado como favorable para aumentar el tamaño de la camada en cerdos. Si se toma en cuenta que la raza Yorkshire es una de las más prolíficas estos resultados son muy importantes porque la población de la raza Yorkshire muestra mayor frecuencia del alelo favorable y aunque no se hace una selección genotípica esto parece indicar que el gen se va fijando por selección indirecta. Caso contrario se refleja en las razas de CPM y Cuino que tienen una frecuencia menor del alelo B y no se encontraron genotipos BB en ninguna de estas dos poblaciones.

La ausencia del genotipo BB concuerda con los resultados de Drogemuller et al (2001), quienes tampoco encontraron homocigotos B en la raza Duroc y Large White. Además se han reportados frecuencias muy bajas del alelo B en diferentes razas de cerdos (Short et al 1997; Drogemuller et al 2001).

Rothschild et al (1996) han explicado que el alelo B del gen ESR está presente únicamente en grupos selectos de razas de cerdos, lo cual podría ser una explicación de la ausencia de animales homocigotos BB en las razas CPM y Cuinos.

#### Gen FUT1

En la tabla 3 se muestran las frecuencias génicas y genotípicas de todos los animales incluidos en este estudio para el gen FUT1, con diferencias evidentes a partir de la prueba de  $X^2$ .

**Tabla 3. Frecuencias génicas y genotípicas del gen FUT1**

Raza	Frecuencia génica		Frecuencia genotípica		
	A	G	AA	AG	GG
Yorkshire	0.33	0.67	0.10	0.45	0.45
CPM	0.36	0.64	0.11	0.50	0.39
Cuino	0.55	0.45	0.39	0.32	0.29

FUT1 es alpha 1,2, fucosyltransferasa

Se encontró mayor frecuencia del alelo G en los cerdos Yorkshire y CPM al igual que las frecuencias del genotipo GG. Horák et al (2005) informaron que las cerdas con genotipo AA tuvieron menor número de lechones nacidos totales, lechones nacidos vivos y lechones destetados que las cerdas con genotipo GG.

Por otro lado se ha venido rinformando que el alelo A confiere resistencia a diarreas causadas por *Escherichia coli* en lechones (Meijerink et al 1997; Ciobanu et al 2001; Yan et al 2003). Sin embargo, estos investigadores no relacionaron este gen con la productividad únicamente, con resistencia o susceptibilidad a las infecciones causadas por la bacteria. Por lo tanto, resulta importante que en estos resultados la frecuencia del alelo A fuera mayor en los cerdos Cuinos que son considerados como un recurso importante de genes que confieren resistencia a diferentes enfermedades (Lemus y Alonso 2005).

#### Gen RBP4

Se encontraron dos alelos para el gen RBP4, y están presentes en todas las razas estudiadas. Sin embargo, no hubo diferencias notables con la prueba de  $X^2$ . Además, no se encontraron animales homocigotos BB. Tanto las frecuencias génicas como genotípicas fueron similares en las tres razas lo cual se puede constatar en la tabla 4.

Se esperaban altas frecuencias del alelo A y del genotipo AA en la raza Yorkshire, por ser la más prolífica y porque al alelo A se le ha considerado como favorable para aumentar el tamaño de la camada (Messer et al 1996; Rothschild et al 2000; Linville et al 2001). Se han informado frecuencias alélicas diferentes para cada raza (Drogemuller et al 2001), lo cual indica que las frecuencias sí pueden ser diferentes entre razas, lo cual no sucedió en este trabajo y las frecuencias del

alelo A fueron similares en la raza Yorkshire, CPM y Cuino (ver tabla 3).

**Tabla 4. Frecuencias génicas y genotípicas del gen RBP4**

Raza	Frecuencia génica		Frecuencia genotípica		
	A	B	AA	AB	BB
Yorkshire	0.74	0.26	0.48	0.52	0
CPM	0.74	0.26	0.48	0.52	0
Cuino	0.75	0.25	0.50	0.50	0

RBP4 es el gen para la proteína 4 ligada al retinol

#### DISTANCIAS GENÉTICAS Y ÁRBOLES FILOGENÉTICOS PARA GENES CANDIDATOS

Con la información de las frecuencias génicas se obtuvieron distancias genéticas, y a partir de ellas se obtuvieron árboles filogenéticos para cada gen por separado.

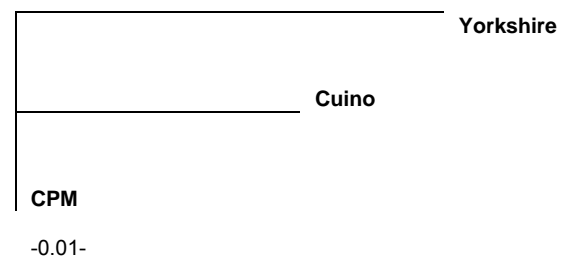
#### Gen ESR

Las distancias genéticas calculadas para el gen ESR se muestran en la tabla 5. El gen ESR se agrupó de acuerdo con las razas de cerdos con distancias genéticas menores a 0.01 de los CPM con Cuinos.

**Tabla 5. Distancias estándar de Nei entre razas de cerdos considerando las frecuencias génicas del gen ESR**

Raza	Yorkshire	CPM	Cuino
Yorkshire	0.0000	0.0226	0.0669
CPM		0.0000	0.0112
Cuino			0.0000

En la figura 3 se aprecia claramente que los cerdos de raza Yorkshire están más distantes genéticamente de los cerdos Cuinos; los CPM están más cercanos a los Cuinos que a los Yorkshire (tabla 5).



**Figura 3. Árbol filogenético (Neighbor-Joining) considerando las distancias genéticas de todas las Razas estudiadas para el gen ESR**

Lo anterior puede explicar que las poblaciones de cerdos CPM y Cuinos son más cercanas entre sí debido a que son razas menos prolíficas con tamaño de camada de 6.36 en los CPM y 5.97 en los Cuinos (Lemus et al 2003) comparadas con el tamaño de camada de la raza Yorkshire que tiene un tamaño

de camada de 9.7 de acuerdo con los informes nacionales de PigChamp. Esta explicación está basada en el hecho de que al gen ESR se le ha relacionado con características de prolificidad en cerdos (Rothschild 1996; Short et al 1997; Horogh et al 2005; Chen et al 2000; Goliasova y Wolf 2004).

#### Gen FUT1

En la tabla 6 se puede observar que existe mayor distancia genética entre los cerdos Yorkshire y los Cuinos (0.0943) y que los CPM están más cercanos a los Yorkshire que a los Cuinos (0.0015), situación que además podemos observar en la figura 4.

**Tabla 6. Distancias estándar de Nei entre razas de cerdos considerando las frecuencias génicas del gen FUT1**

Raza	Yorkshire	CPM	Cuino
Yorkshire	0.0000	0.0015	0.0943
CPM		0.0000	0.0711
Cuino			0.0000

Al gen FUT1 se le ha estudiado como gen candidato para resistencia a diarreas causadas por la bacteria *Escherichia coli* (Meijerink et al 1997; Binder et al 2002; Yan et al 2003) y por otro lado se le ha relacionado con características reproductivas en cerdos (Horák et al 2005; Hernández et al 2006).

En términos de prolificidad, se aprecia cómo la raza con mayor tamaño de camada, Yorkshire, está distante de las razas de menor tamaño de camada, CPM y Cuino, y en términos de resistencia a enfermedades, también es importante la distancia que surgió entre la raza más resistente, Cuino, y la raza menos resistente, Yorkshire. Todo lo anterior se observa en la figura 4.



**Figura 4. Árbol filogenético (neighbor-joining) considerando las distancias genéticas de todas las Razas estudiadas para el gen FUT1**

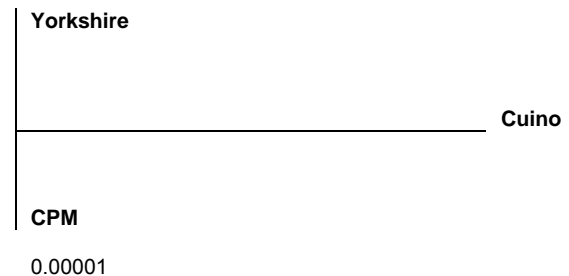
#### Gen RBP4

Las distancias genéticas del gen RBP4 resultaron similares entre las razas estudiadas. Los resultados se muestran en la tabla 7.

**Tabla 7. Distancias estándar de Nei entre razas de cerdos considerando las frecuencias génicas del gen RBP4**

Raza	Yorkshire	CPM	Cuino
Yorkshire	0.0000	0.0000	0.0001
CPM		0.0000	0.0001
Cuino			0.0000

Al observar el árbol filogenético se puede deducir que este gen no agrupa de acuerdo con la raza (figura 5).



**Figura 5. Árbol filogenético (Neighbor-Joining) considerando las distancias genéticas de todas las razas estudiadas para el gen RBP4**

#### ESTUDIO DE ORIGEN Y DIVERSIDAD GENÉTICA CON ADN MITOCONDRIAL

Se estudió el posible origen y la diversidad genética presente en el cerdo Pelón Mexicano (CPM) (Huerta et al 1999). El fragmento fue amplificado por la reacción en cadena de polimerasa (PCR, acrónimo en inglés) y mediante el análisis de la secuencia de un fragmento de 269 pares de bases correspondiente a la región más informativa del D-loop presente en el ADN mitocondrial secuenciado en 31 animales: 27 CPM, tres Cuino y un cerdo "pata de mula" procedentes de diferentes regiones geográficas del país (Veracruz, Nayarit, Guerrero y Tabasco). También se estudiaron 23 cerdos de raza pura (Large White, Hampshire, Yorkshire, Landrace, Duroc), incluyendo 3 cerdos de origen vietnamita.

El análisis de las secuencias reveló 14 haplotipos diferentes, 9 fueron identificados en los CPM, mientras que en los cerdos de raza pura (CRP) se encontraron 8 haplotipos y 3 haplotipos se compartieron entre los CCM y CRP. El análisis filogenético realizado entre las secuencias obtenidas y las secuencias de cerdos de diferentes orígenes disponibles en la base de datos del GenBank mostró 2 linajes diferentes uno de ellos asiático y el otro europeo.

En el linaje asiático se encontraron cerdos criollos (3 pelones de Nayarit y un pelón de Guerrero) y cerdos de raza pura (Large White, Yorkshire, Landrace) lo cual puede ser el resultado de la introgreción y cruzamiento con cerdos de raza asiática. Entre los haplotipos europeos se identificaron 5 linajes de diferenciación genética, un linaje agrupó solo jabalíes europeos silvestres, 3 linajes agruparon a los CPM y

CRP, el último linaje fue el más distante de la rama Asiática y estuvo conformado solo por CRP.

## CONCLUSIONES

Estos datos sugieren que las poblaciones de cerdos criollos tienen un origen diverso con niveles amplios de diversidad genética. Por otra parte, la separación genética entre los CPM de diferentes regiones, permitirá en un futuro recomendar en programas de conservación genética, cuáles animales conservar y de qué lugar.

## AGRADECIMIENTOS

El autor está sumamente agradecido a la Sra. Consuelo Díaz, del Instituto de Investigaciones Porcinas, por su ayuda en la preparación digital de las figuras de este trabajo, así como por la revisión del texto en general

## REFERENCIAS

Binder, S., Götz, K.U., Thaller, G. y Fries, R. 2002. Effects of variation in the FUT1 gene on various traits in swine. Technische Universität München, 0:E006

Canul, S.M., Sierra, V.A., Martínez, M.A., Ortiz, O.J., Delgado, J.V., Vega, J.L., y Pérez G.F. 2005. Caracterización genética del cerdo pelón mexicano mediante marcadores moleculares. Archivos de Zootecnia, 54:267-272

Cepica, S., Wolf, F., Vackova, J. y Schroffel, J.R. 1995. Relations between genetic distance of parenteral pig breeds and heterozygosity of their F1 crosses measured by genetic markers. Animal Genetics, 26:135-140

Chen, K.F., Huang, L.S., Li, N., Zhang, Q., Luo, M. y Wu, C.X. 2000. The genetic effect of estrogen receptor (ESR) on litter size traits in pigs. Yi Chuan Xue Bao, 27:853-857

Ciobanu, C.D., Day, E.A., Nagy, A., Wales, R., Rothschild, M.F. y Plastow, S.G. 2001. Genetic variation in two conserved local Romanian pig breeds using type 1 DNA markers. Genetic Selection and Evolution, 33:417-432

CVID. 2003. Centro Virtual, Investigación y Desarrollo (CVID). <http://lead/virtualcenter.org/es/dec/toolbox/Index.htm>

Drogemuller, C., Hamann, H. y Distl, O. 2001. Candidate gene markers for litter size in different German pig lines. Journal of Animal Science, 79:2565-2570

FAO 2000. Domestic Animal Diversity Information System: FAO, Roma. Versión electrónica disponible in <http://www.fao.org7dad-is7>

Flores, M.J.M. 1992. Enciclopedia Técnica del Ganado Porcino. Editorial Limusa. Distrito Federal de México, pp

Galiasova, E. y Wolf, J. 2004. Impact of the ESR gene on litter size and production traits in Czech Large White pigs. Animal Genetics, 35:293-297

Hernández, L.S.H. Lemus, F.C., Alonso, M.R. y Herrera, H.J.G. 2006. Efecto de genes candidatos sobre características reproductivas en hembras porcinas. Revista Científica, FCV-LUZ, 16:648-654

Horák, P., Urban, T. y Dvolák, J. 2005. The FUT1 and ESR genes – their variability and associations with reproduction in Prestice Black-Pied sows. Journal of Animal Breeding and Genetics, 122:210

Horogh, G., Zsolnai, A., Komlósi, I., Nyíri, A., Anton, I. y Fésüs, L. 2005. Oestrogen receptor genotypes and litter size in Hungarian Large White pigs. Journal of Animal Breeding and Genetics, 122:56

Huerta, L.B.J., Martínez, C.J.S., Ulloa A.R., Gayosso, V.A., Salieron, F., Lemus, C. y Alonso, R.A. 1999. Origen y diversidad genética en el cerdo criollo mexicano por análisis de la secuencia del ADN mitocondrial. In: XXV Reunión Nacional de Investigación Pecuaria. Mérida, p 150

Laval, G., N. Iannuccelli, C. Legault, D. Milan, M. Groenen, E. Giuffra, L. Andersson, P. Nissen, C. Jorgensen, P. Beeckmann, H., Geldermann, A., Foulley, J.L., Chevalet, C. y Ollivier, L. 2000. Genetic diversity of eleven European pig breeds. Genetic Selection and Evolution, 32:187-203

Lemus, C., Alonso, R., Spilsburi, M. y Ramirez, R. 2003. Reproductive performance in mexican native pigs. Archivos de Zootecnia, 52:109-112

Lemus, C., Ulloa, R., Ramoskuri, M., Estrada, F.J. y Alonso, R. 2001. Genetic analysis of Mexican hairless pig populations. Journal of Animal Science, 79:1-6

Lemus, C., y Alonso, M. 2005. El cerdo Pelón Mexicano y otros Cerdos Criollos (primera edición). Universidad Autónoma de Nayarit. Tepic, pp 251

Li, K., Chen, Y., Moran, C., Fan, B., Zhao, S. y Peng, Z. 2000. Analysis of diversity and genetic relationships between four Chinese indigenous pig breeds and one Australian commercial pig breed. Animal Genetics, 31:322-325

Linville, R.C., Pomp, D., Johnson, R.K. y Rothshild, M.F. 2001. Candidate gene analysis for loci affecting litter size and ovulation rate in swine. Journal of Animal Science, 79:60-67

Martínez, A.M., Delgado, J.V., Rodero, A. y Vega, J.L., 2000. Genetic structure of the Iberian pig breed using microsatellites. Animal Genetics, 31:295-301

Martínez, A.M., Pérez, E., Vega, J.L., Barba C., Velázquez F.J., Delgado, J.V., 2005. Caracterización genética del cerdo Criollo Cubano con microsatélites. Archivos de Zootecnia, 54:369-375

Meijerink, E., Fries, R., Vögeli, P., Masabanda, J., Wigger, G., Stricker, C., Neuenschwander, S. Bertschinger, H.U. y Stranzinger, G. 1997. Two  $\alpha(1,2)$  fucosyltransferase genes on porcine chromosome 6q11 are closely linked to the blood group inhibitor (s) and Escherichia coli F18 receptor (ECF18R) loci. Mammalian Genome, 8:736-741.

Messer, L., Wang, L., Yelich, J., Pomp, D., Geisert, R. y Rothschild, M.F. 1996. Linkage mapping of the retinol-binding

protein (RBP4) gene to porcine chromosome 14. *Mammalian Genome*, 7:396

Noguera, J.L., Varona, L., Gómez, R.L., Sánchez, A., Babot, D., Estany, J., Mecer, L.A., Rothschild, M. y Pérez, E.M. 2003. Estrogen receptor polymorphism in Landrace pigs and its association with litter size performance. *Livestock Production Science*, 82:53-59

Rothschild, M., Jacobson, C., Vaske, D., Tuggle, C., Wang, L., Short, T., Eckardt, G., Sasaki, S., Vincent, A., McLaren, D. y Southwood, O. 1996. The estrogen receptor locus is associated with a major gene influencing litter size in pigs. *Proceedings of the National Academy of Science*, 93:201-205

Rothschild, M.F., Messer, L., Day, A., Wales, R., Short, T., Southwood, O. y Plastow, G. 2000. Investigation of the retinol-binding protein 4 (RBP4) gene as a candidate gene for increased litter size in pigs. *Mammalian Genome*, 11:75-77

Short, T.H., Rothschild, M.F., Southwood, O.I., McLaren, D.G., Vries, A., Van D.S.H., Eckardt G.R. 1997. Effect of the estrogen receptor locus on reproduction and production traits in four commercial pig lines. *Journal of Animal Science*, 75:3138-3142

Sierra, A.C., Poot, T.B., Díaz, Z.I., Cordero, A.H. y Delgado, J.V. 2005. El cerdo pelón mexicano, una raza en peligro. *Archivos de Zootecnia*, 54:165-170

Vázquez, M.T.A. 1986. Estudio recapitulativo del cerdo miniatura como animal de laboratorio. Tesis de Licenciatura, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Autónoma de México, Distrito Federal de México, pp

Yan, X.M., Ren, J., Guo, Y.M., Dings, N.S., Chen, K.F., Gao, J., Ai, H.S., Chen, C.Y., Ma, J.W. y Huang, L.S. 2003. Research on the genetic variations of  $\alpha$ 1-fucosyltransferase (FUT1) gene in 26 pig breeds. *Yi Chuan Xue Bao*, 30:830-834