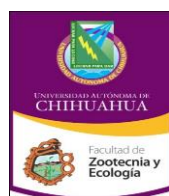


CARACTERIZACIÓN Y MEJORAMIENTO GENÉTICO DEL CERDO PELÓN MEXICANO PRIMER REPORTE



SAGARPA
SECRETARÍA DE AGRICULTURA
GANADERÍA, DESARROLLO RURAL,
PESCA Y ALIMENTACIÓN



INTRODUCCIÓN

El cerdo criollo mexicano (CCM) representa una población porcina endémica que tuvo su origen a partir de la conquista de los españoles; al parecer fueron cuatro razas porcinas colonizadoras que dieron origen al CCM: Céltica, Ibérica, Napolitana y asiática; sin embargo, existen restos óseos y estudios con carbono radioactivo (C14) que se remontan antes de la llegada de los españoles, lo que hace suponer su existencia autóctona (Flores y Agraz, 1986; Alonso *et al.*, 1998). En el contexto del CCM existen tres subpoblaciones: el cerdo pelón mexicano, el cuino y el pata de mula (Lemus, 2008), las cuales se reportaron en riesgo de extinción, dentro del primer informe de la FAO sobre los recursos zoo genéticos a nivel mundial (SAGARPA, 2007). Son animales de gran rusticidad, distribuidos en diversas zonas ecológicas con ambientes extremos, su explotación es en condiciones de traspasio con poca o nula tecnificación, presentan alta resistencia natural a enfermedades, con características benéficas y robustas para la alimentación humana (Flores y Agraz, 1986; Lemus y Alonso, 2005); lo antes descrito, entre otras variables, le confieren al CCM el estatus de recurso genético valioso, que puede ser utilizado en programas de conservación y mejoramiento genético con base en selección, o a través de cruzamiento con razas especializadas.

La asociación mexicana especializada en cerdo criollo (AMECC) se fundó con el objetivo de promover e impulsar la conservación, el mejoramiento genético y la comercialización del cerdo pelón mexicano (CPM). La AMECC tiene el reconocimiento oficial de la SAGARPA; a través del reglamento técnico (SAGARPA, 2013) se enumeran y definen los formatos y procedimientos para la identificación, registro y conformación de datos productivos del CPM. Para el diseño e implementación de un programa de conservación y mejoramiento genético, en especies en peligro de extinción, se deben desarrollar diversas estrategias (Sierra, 2006; FAO, 2010): a) estudios poblacionales; b) caracterización fenotípica para la conformación del patrón racial; c) definición de criterios y objetivos de selección; d) desarrollar evaluaciones genéticas para los objetivos de selección; e) definir el panel de marcadores genéticos a utilizar en las pruebas de paternidad; f) estudios con marcadores genéticos para definir la estructura de la raza, y sustentar los programas de mejoramiento genético.

Las estrategias descritas en el punto anterior conforman los objetivos particulares del presente estudio.

MATERIALES Y MÉTODOS

- Estudio de poblaciones. Con la población base del CPM, que dio origen a la AMECC, se conformó un pedigrí de 305 individuos. Con el software ENDOG (Gutiérrez y Goyache, 2005) se estimaron los parámetros de poblaciones: ancestros fundadores y su aportación porcentual al pedigrí; tamaño efectivo, como indicador de la evolución de la consanguinidad; intervalo generacional; estadísticos F de Wright, como una aproximación a la variabilidad genética de la población.
- Caracterización fenotípica y definición del patrón racial. Se identificaron 16 variables morfológicas, las cuales fueron tomadas en un muestreo de 200 individuos. En el Cuadro 1 se describen las variables morfológicas, así como los estadísticos descriptivos a través de la población evaluada.
- Análisis estadísticos. Para todas las variables morfológicas se realizaron análisis de varianza con base en el modelo mixto: $y = \mu + s_i + g_j + \beta_1 + \beta_2 + mad + \varepsilon$, donde: y = variable dependiente, correspondiente a cada variable morfológica evaluada; μ = media general; $s_i = i$ – esimo efecto de sexo; $g_j = j$ – esimo efecto de granja; β_1 y β_2 = efectos lineal y cuadrático de la covariable edad del individuo; mad = efecto aleatorio de madre; ε = efectos aleatorios de residuales. El objetivo de este análisis fue definir los efectos fijos a incluir en las evaluaciones genéticas, así como una aproximación para identificar las posibles fuentes de variación genética y ambiental. Los análisis se realizaron con el procedimiento MIXED de SAS (SAS, 2005).
- Con base en la matriz de correlaciones se realizó un análisis multivariado de componentes principales (Peña, 2002), con el objetivo de caracterizar la población del CPM con base en las variables morfológicas evaluadas

Cuadro 1. Estadísticos descriptivos (cm) de las variables morfológicas medias en cerdos pelón mexicano

Item	Media	E.E.	D.E.	Mín	Máx	CV (%)
PESO	30.99	2.27	27.32	3.80	131.00	88.15
LONGCAB	26.20	0.51	7.16	13.00	41.00	27.33
ANCCAB	52.21	1.12	15.89	27.00	102.00	30.43
LONGHOCI	12.27	0.28	3.96	5.00	22.00	32.29
ANCHOCI	27.69	0.56	7.96	13.00	53.00	28.75
LONGORE	13.02	0.27	3.77	6.00	23.00	28.99
ANCORE	10.00	0.18	2.58	5.00	15.00	25.80
DISTORB	7.45	0.12	1.69	3.00	11.50	22.67
ALTUCRUZ	48.58	1.06	15.03	7.00	87.00	30.93
ANCPECH	16.36	0.45	6.39	5.50	34.00	39.06
CIRCPECH	74.96	1.91	27.08	34.00	157.00	36.12
LONGCUELL	7.72	0.16	2.27	3.50	15.00	29.44
ANCCUELL	57.58	1.36	19.34	26.00	117.00	33.58
PERCAN	11.59	0.27	3.82	5.00	31.00	32.97
LONGCRPO	77.78	1.80	25.48	35.00	134.00	32.76
ANCPELV	12.08	0.36	5.12	4.50	31.00	42.38
PERABDO	74.57	1.96	27.83	29.00	146.00	37.32
NUMPEZ	11.14	0.11	1.23	10.00	14.00	11.03

Item: PESO = peso vivo en kg; LONGCAB = longitud de cabeza; ANCCAB = ancho de cabeza; LONGHOCI = longitud de hocico; ANCHOCI = ancho de hocico; LONGORE = longitud de oreja; ANCORE = ancho de orejas; DISTORB = distancia entre orbitales; ALTUCRUZ = altura a la cruz; ANCPECH = ancho de pecho; CIRCPECH = circunferencia de pecho; LONGCUELL = longitud de cuello; ANCCUELL = ancho de cuello; PERCAN = perímetro de caña; LONGCRPO = longitud de cuerpo; ANCPELV = ancho de pelvis; PERABDO = perímetro abdominal; NUMPEZ = número de pezones.

Estadísticos: E.E. = error estándar; D.E. = desviación estándar; Mín = valor mínimo; Máx = valor máximo; CV = coeficiente de variación.

RESULTADOS

Los resultados del análisis de poblaciones fueron:

- Tamaño efectivo de la población base = 92.10
- Endogamia esperada por generación según fundadores = 0.54 %
- Número de ancestros que explican el 50% del pedigrí = 7
- Intervalo generacional promedio, a través de las cuatro vías de estimación = 1.69 años
- Número de subpoblaciones evaluadas = 26
- Distancia promedio de Nei a través de subpoblaciones = 0.07
- Estadísticos F de Wright: FIS = -0.0827; FST = 0.0707; y, FIT = -0.006
- Con estos resultados, los criadores deberán tomar acciones para diseñar los apareamientos y desarrollar la raza del CPM cuidando los niveles de consanguinidad.

Los resultados del análisis estadístico se presentan en el Cuadro 2

- El efecto aleatorio de la madre explicó, en promedio, el 54% de la variabilidad estimada
- Estos resultados contribuyen al diseño e implementación de las evaluaciones genéticas para estas variables
- La edad adulta promedio, donde se alcanzó el máximo valor de las variables evaluadas fue de 33.63 meses. Este dato se puede asociar o interpretar como la edad adulta a la cual la población de CPM alcanza el valor máximo de las variables morfológicas evaluadas. Por ejemplo, para altura a la cruz la edad adulta estimada, para alcanzar el valor máximo fue de 32.1 meses

En la Figura 1 se presenta el resultado del análisis de componentes principales, donde se puede apreciar la capacidad de las variables morfológicas para delimitar el CPM en tres estratos (pequeño, mediano, adulto) en función de la edad del individuo.

Cuadro 2. Resultados del análisis estadístico para las variables morfológicas medidas en cerdo pelón mexicano

VAR [†]	SX [§]	GR [§]	ED1 [§]	ED2 [§]	¥MAD	INT ^β	PD1 ^β	PD2 ^β	PMAX
PESO	0.36	<0.05	<0.01	<0.01	32	29.92	4.542	-0.082	27.7
LONGCAB	<0.01	0.87	<0.01	<0.01	50	23.59	0.760	-0.011	36.2
ANCCAB	<0.01	<0.01	<0.01	<0.01	52	45.98	2.206	-0.037	29.8
LONGHOCI	<0.05	0.23	<0.01	<0.01	65	9.23	0.652	-0.011	29.6
ANCHOCI	<0.01	<0.01	<0.01	<0.01	39	28.39	1.085	-0.018	30.1
LONGORE	0.56	0.39	<0.01	<0.01	36	10.80	0.599	-0.011	27.2
ANCORE	0.63	<0.01	<0.01	<0.05	66	10.46	0.256	-0.004	32.0
DISTORB	<0.05	0.05	<0.01	<0.01	60	7.58	0.207	-0.003	34.5
ALTUCRUZ	<0.01	0.35	<0.01	<0.01	81	40.95	1.733	-0.027	32.1
ANCPECH	<0.01	<0.01	<0.01	<0.05	42	18.30	0.585	-0.009	32.5
CIRCPECH	<0.05	<0.01	<0.01	<0.01	75	69.10	3.18	-0.052	30.6
LONGCUELL	<0.05	<0.05	<0.05	0.37	34	8.36	0.134	-0.001	67.0
ANCCUELL	0.10	<0.01	<0.01	<0.05	74	54.37	2.055	-0.032	32.1
PERCAN	0.18	<0.05	0.06	0.24	35	13.70	0.325	-0.004	40.6
LONGCRPO	0.80	<0.05	<0.01	<0.01	79	58.54	3.775	-0.066	28.6
ANCPELV	0.36	<0.01	<0.01	<0.01	48	12.14	0.60	-0.009	33.3
PERABDO	0.91	0.08	<0.01	<0.01	56	53.41	4.047	-0.073	27.7

[†]Variables analizadas (VAR): PESO = peso vivo; LONGCAB = longitud de cabeza; ANCCAB = ancho de cabeza; LONGHOCI = longitud de hocico; ANCHOCI = ancho de hocico; LONGORE = longitud de oreja; ANCORE = ancho de orejas; DISTORB = distancia entre orbitales; ALTUCRUZ = altura a la cruz; ANCPECH = ancho de pecho; CIRCPECH = circunferencia de pecho; LONGCUELL = longitud de cuello; ANCCUELL = ancho de cuello; PERCAN = perímetro de caña; LONGCRPO = longitud de cuerpo; ANCPELV = ancho de pelvis; PERABDO = perímetro abdominal.

[§]Valores de probabilidad (pvalue) para los efectos fijos de sexo (SX), granja (GR), covariable lineal y cuadrática (ED1 y ED2) de edad del individuo en meses

[¥]MAD% = efecto aleatorio materno, como porcentaje de la varianza total

^βIntercepto (INT), pendiente lineal (PD1) y pendiente cuadrática (PD2) asociados a la covariable edad del individuo

PMAX = con base en la primera derivada, se obtuvo en el punto de inflexión de la covariable edad del individuo, el cual está asociado o puede ser interpretado como la edad adulta (meses) a la cual la población alcanza el valor máximo

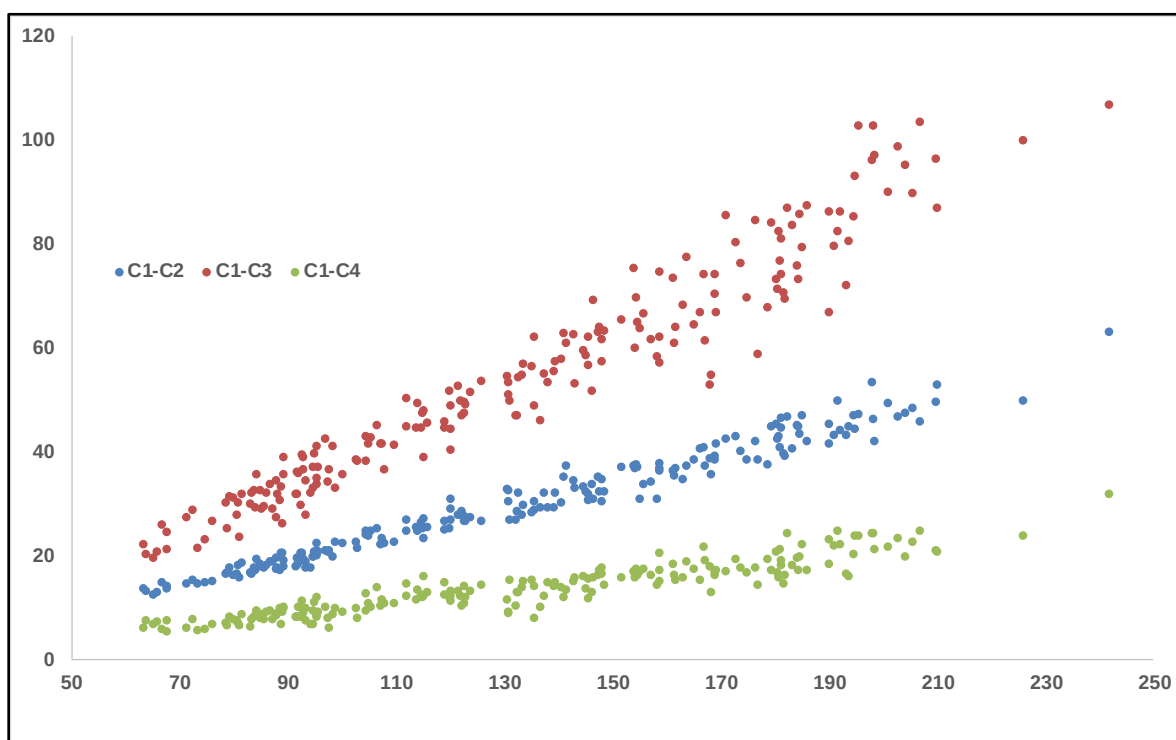


Figura 1. Resultados del análisis de componentes principales para variables morfológicas en cerdo pelón mexicano

TRABAJOS Y ANÁLISIS EN PROCESO

- Para las variables morfológicas se están estimando parámetros genéticos (heredabilidades y correlaciones genéticas) como candidatas a criterios de selección y su integración a las evaluaciones genéticas
- Se está trabajando en la conformación y análisis de índices zoo métricos, relacionando dos o más variables morfológicas
- En el proceso de medición o muestreo de las variables morfológicas se obtuvo el ADN de 51 individuos, representativos de la población del CPM
- De las muestras de ADN ya se tiene el resultado del laboratorio GeneSeek, correspondiente a la genotipificación de un chip de 51k de SNP para porcinos, de los cuales se generarán los siguientes productos o análisis:
- Validación, análisis de la variabilidad genética y probabilidad de exclusión del panel de marcadores genéticos a utilizarse en las pruebas de paternidad del CPM
- Validación y análisis de la variabilidad genética del panel de marcadores a utilizar en la caracterización genética de la raza, y sus distancias genéticas con otras poblaciones
- Polimorfismos y variabilidad genética en marcadores genéticos asociados a variables de crecimiento y eficiencia, reproductivas, de calidad de la canal, resistencia a enfermedades y adaptación en ambientes extremos
- Análisis de la evolución del CPM, análisis de haplotipos, NCV y posibles huellas de selección

Los resultados de estos análisis aportaran a los criadores de CPM herramientas objetivas para el diseño de programas de conservación y desarrollo de la raza, de manera conjunta con esquemas de mejoramiento genético a través de selección o cruzamiento.

LITERATURA CITADA

- Alonso Morales, R., R. Ulloa Arvizu, F. Salmeron Sosa, B. de J. Huerta Lozano, J. Simón Martínez, J. Ignacio Leguina, A. Gayosso, D. Méndez, M. de la Salud Rubio y C. Lemus Flores. 1998. El Cerdo Criollo Mexicano. En: Memoria del Segundo Foro de los Recursos Genéticos: Ganado Criollo. Chihuahua, Chih. 67 – 72 pp.
- FAO. 2010. Estrategias de mejora genética para la gestión sostenible de los recursos zoo genéticos. Directrices FAO: producción y sanidad animal. No 3. Roma, Italia.
- Flores Menéndez, J. A. y A. A. Agraz García. 1986. Ganado Porcino. 3ª edición. Editorial Limusa. 960 p.
- Gutiérrez, J.P. and Goyache, F. 2005. A note on ENDOG: a computer program for analysis pedigree information. Journal Animal Breeding Genetic 122: 172-176.
- Lemus, C. 2008. Diversidad genética del cerdo criollo mexicano. Revista Computarizada de Producción Porcina 15: 33-40.
- Lemus Flores, C. y M. de L. Alonso Spilsbury. 2005. El cerdo pelón mexicano y otros cerdos criollos. 254 p.
- Peña D. 2002. Análisis de datos multivariantes. Madrid, España: Editorial McGraw Hill. 400 p
- SAGARPA. 2007. Informe sobre la situación de los recursos genéticos pecuarios de México. Secretaria de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación. 50 p.
- SAGARPA. 2013. Reglamento técnico de la asociación mexicana especializada en cerdos criollos. Secretaria de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación. 30 p.
- SAS. 2005. SAS/STAT User's Guide (Release 9.0). Cary NC, USA: SAS Inst. Inc.
- Sierra V., A. 2006. Rescate genético del cerdo pelón en Yucatán, un recurso con potencial para ser utilizado por las comunidades mayas. Revista Computarizada de Producción Porcina 13: 30-34.