

## NOTA BREVE

# ESTUDIO PRELIMINAR DE LA DIFERENCIACIÓN GENÉTICA ENTRE LAS DOS VARIEDADES DEL CERDO CRIOLLO CUBANO

## PRELIMINARY STUDY OF THE GENETIC DIFFERENTIATION BETWEEN TWO VARIETY OF CUBAN CREOLE PIG

Pérez, E.<sup>1</sup>, A.M. Martínez<sup>2</sup>, J.V. Delgado<sup>2</sup>, F. Velázquez<sup>1</sup> y D. Segura<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Facultad de Medicina Veterinaria. Universidad de Granma. Carretera a manzanillo km 17 ½. Peralejo, Bayazo. CP 85100. Granma. Cuba. E-mail: epineda@udg.co.cu

<sup>2</sup>Departamento de Genética. Universidad de Córdoba. Campus de Rabanales. 14014 Córdoba. España.

<sup>3</sup>Empresa de Productos Lácteos. Bayamo. Ave Jinmy Hirzel No. Bayazo. CP. 85100. Granma. Cuba

### PALABRAS CLAVE ADICIONALES

Microsatélites. Variedad.

### ADDITIONAL KEYWORDS

Microsatellites. Variety.

### RESUMEN

Al cerdo Criollo Cubano (cCC) se le atribuye un origen ibérico. Dentro de este último existen variedades bien definidas, como la Lampiña y la Entrepelada, las cuales han tenido representación al menos morfológica dentro del cCC. La existencia de estos dos tipos es aceptada en Cuba por productores, investigadores y por la sociedad en general. Con el objetivo de determinar la existencia o no de diferenciación genética entre ellos, se analizaron 93 animales, de ellos, 58 entrepelados y 35 lampiños. Se emplearon 20 microsatélites 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 (PCR) y los fragmentos amplificados se separaron mediante electroforesis en un secuenciador automático. Los valores que se obtienen en los parámetros GST, 0,74 p.100 y 0,12 p.100 son extremadamente bajos, lo que demuestra que dentro del cCC no existe subdivisión varietal.

### SUMMARY

It is admitted an Iberian origin for the Cuban Creole Pig breed. Inside this breed there exist varieties morphologically very well defined, as the Unhaired and Middlehaired types. The existence of these types is traditionally admitted by Cuban producers, researchers and by the society in general. To confirmate the genetic differentiation of these two morphological types, we have analyzed 93 samples of the breed, with representation of the middlehaired (MD) type (58 animals) and unhaired (UH) type (35 animals) taken from several Cuba provinces. We have used a test of 20 microsatellites of the recommended by FAO/ISAG. The obtained values for the parameters GST (0.74 and 0.12 percent) are extremely low. All these results are showing a no existence of varieties inside the Cuban Creole Pig breed.

### INTRODUCCIÓN

Existen varios trabajos científicos

*Arch. Zootec. 53: 359-362. 2004.*

que abordan el estudio del cCC, donde se incluyen aspectos históricos y de comportamiento, incluso algunos han tratado de acercarse a su caracterización morfológica; pero en muy pocos casos se ha intentado buscar diferenciación dentro de la raza. Barba *et al.* (1998), destacan dentro del cCC la existencia de animales Entrepelados y Lampiños.

Estos comentarios permiten afirmar que en Cuba no existe aportación científica suficiente que permita establecer alguna clasificación del cerdo Criollo Cubano atendiendo a tipos o variedades. Los microsatélites permiten determinar las relaciones genéticas existentes entre las diferentes subpoblaciones (Lade *et al.*, 1996).

Este trabajo pretende aportar información que permita esclarecer la existencia o no de diferencias genéticas entre los dos tipos de cerdos que desde el punto de vista morfológico se reconocen dentro de la raza en Cuba.

#### MATERIAL Y MÉTODOS

Se estudiaron 35 cerdos Criollo Cubano del tipo Chino o Lampiño y 58 del tipo Entrepelado, procedentes de diferentes explotaciones y fincas de varias provincias del país.

Se obtuvo el ADN empleando un protocolo de extracción a partir de tejidos adaptado a muestras de pelo. Se emplearon 20 microsatélites recomendados por la FAO/ISAG (International Society of Animal Genetics) para estudios de diversidad porcina. Los mismos se amplificaron mediante la PCR, según Mullis *et al.* (1986). Para realizar la separación por tama-

ños de los fragmentos se sometieron éstos a una electroforesis en gel de poliacrilamida en un secuenciador automático ABI 377XL (Applied Biosystems, Foster City, CA, USA). El análisis de los fragmentos y la tipificación alélica se realizó mediante los programas informáticos Genescan Analisys 3.1.2 y Genotyper 2.5 respectivamente.

Se calcularon las frecuencias alélicas y las heterocigosidades mediante el programa informático Genetix versión 4.01 (Belkhir, 1999). Se calcularon los estadísticos FIS, y FIT (Weir y Cockerham, 1984) mediante el programa Genetix versión 4.01. También se calculó el Coeficiente de diferenciación genética GST (Nei, 1973), mediante el programa informático GENETIX versión 4.01.

#### RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La **tabla I** muestra los valores del  $G_{ST}$  y de los estadísticos  $\theta$  y  $F$  por marcador para las dos tipos. Se observa que los valores de  $\theta$  en todos los *locus* toma un valor negativo y su valor promedio para el total de la población es de -0,0012, lo que evidencia la no existencia de diferenciación al subdividir dicha población en dos subpoblaciones. El valor promedio de  $G_{ST}$  para todos los *locus* es de 0,74 p.100. Sólo en tres microsatélites (SW632, SW72 y S0068) su valor alcanza entre 1 y 3 p.100, en el resto no rebasa el 1 p.100. Teniendo en cuenta que el valor de  $G_{ST}$  superior al 10 p.100 significa algún grado de diferenciación, lo obtenido en este estudio demuestra que para esta batería de microsatélites no

## VARIEDADES DEL CERDO CRIOLLO CUBANO

existe diferenciación entre las dos subpoblaciones.

La columna  $F$  indica el coeficiente de consanguinidad para el total de la población. Los valores de  $F$  van desde 0,0257 para el *locus* S0226 hasta 0,0444 para el *locus* SW857. Los parámetros  $G_{ST}$  y  $\theta$  indican si existe o no diferenciación genética entre las subpoblaciones que se han establecido. Los valores que se obtienen en ambos parámetros nos demuestran la inexistencia de diferenciación genética cuando se subdivide la población del cCC.

Los valores de 0,74 p.100 y 0,12 p.100 para  $G_{ST}$  y  $\theta$  respectivamente, son extremadamente inferiores al 27 p.100 del valor medio de  $\theta$  reportado por Laval *et al.* (2000) en el estudio de 11 razas europeas, al 18 p.100 encontrado por Fan *et al.* (2002) en cerdos chinos y del 13 p.100 que reporta Martínez (2001) al estudiar las distintas variedades del cerdo Ibérico.

Los niveles de consanguinidad media obtenidos coinciden con los reportados por Santana *et al.* (1999), que

al determinar los coeficientes de consanguinidad ( $F_x$ ) de la población del cCC del Centro Genético de la raza, encontraron valores de 2,2 p.100 para camadas, 2,35 p.100 para las cerdas y 3,97 p.100 para los verracos. En el estudio referido, con las distintas variedades del cerdo Ibérico, 5 *locus* sobrepasan la cifra de 10 p.100 para la  $F$ , lo que se considera elevado

La valoración conjunta del comportamiento de los parámetros analizados evidencia la similitud existente entre los dos tipos morfológicos, lo que permite afirmar que desde el punto de vista genético no existen diferencias entre ellos.

### AGRADECIMIENTOS

El trabajo se realizó en el seno del convenio de colaboración existente entre la Universidad de Córdoba y la Universidad de Granma, Cuba. Así mismo se incluye entre los esfuerzos que realiza la Red XII-H del CYTED sobre la Conservación de la Biodi-

**Tabla I.**  $G_{ST}$  y estadísticos  $\theta$  y  $F$  por *locus*. ( $G_{ST}$ , statistic  $\theta$  and  $F$  for *locus*).

<i>Locus</i>	$G_{ST}$	$\theta$	$F$	<i>Locus</i>	$G_{ST}$	$\theta$	$F$
IGF11	0,0069	-0,0010	0,0376	S0227	0,0082	-0,0013	0,0390
S0026	0,0078	-0,0014	0,0404	S0228	0,0044	-0,0010	0,0330
S0068	0,0207	-0,0028	0,0281	S0386	0,0085	-0,0009	0,0305
S0090	0,0079	-0,0008	0,0282	SW72	0,0129	-0,0019	0,0340
S0101	0,0078	-0,0012	0,0384	SW240	0,0090	-0,0015	0,0382
S0155	0,0057	-0,0011	0,0354	SW632	0,0114	-0,0017	0,0381
S0178	0,0046	-0,0008	0,0385	SW857	0,0056	-0,0011	0,0444
S.0215	0,0021	-0,0010	0,0367	SW911	0,0045	-0,0010	0,0386
S0225	0,0042	-0,0009	0,0328	SW936	0,0044	-0,0008	0,0332
S0226	0,0032	-0,0005	0,0257	SW951	0,0003	-0,0007	0,0382

versidad de los Animales Domésticos Locales para el Desarrollo Rural Sostenible, para lograr la conservación y el mejor uso de los Recursos Genéticos

Porcinos derivados del cerdo Ibérico. Se agradece el apoyo brindado por la Delegación de Turismo y Desarrollo Rural de la Diputación de Córdoba.

## BIBLIOGRAFÍA

- Barba, C.J., F. Velázquez, F. Pérez Freeman y J.V. Delgado. 1998. Contribución al estudio racial del cerdo Criollo Cubano. *Arch. Zootec.*, 47: 51-59.
- Belkhir, K. 1999. Genetix: Logiciel sous Windows™ pour la génétique des populations. Laboratoire Génome, Populations, Interactions. CNRS UPR 9060.
- Fan, B., Z.G. Wang, Y.J. Li, X.L. Zhao, B. Liu, S.H. Zhao, M. Yu, M.H. Li, S.L. Chen, T.A. Xiong and K. Li. 2002. Genetic variation analysis within and among Chinese indigenous swine populations using microsatellite. *Animal Genetics*, 33: 422-427.
- Forbes, S.H., J.T. Hogg, F.C. Buchanan, A.M. Crawford and F.W. Allendorf. 1995. Microsatellite evolution in congeneric mammals: domestic and bighorn sheep. *Molecular Biology and Ecology*, 12: 1106-13.
- Lade, J.A., N.D. Murray, C.A. Marks and N.A. Robinson. 1996. Microsatellite differentiation between Phillip island and mainland Australian populations of the red fox *Vulpes vulpes*. *Molecular Ecology*, 5: 81-87.
- Laval, G., N. Iannuccelli, C. Legault, D. Milan, M. Groenen, E. Giuffra, L. Andersson, P. Nissen, C. Jorgensen, P. Beeckmann, H. Geldermann, J.L. Foulley, C. Chevalet and L. Ollivier. 2000. Genetic diversity of eleven European pig breeds. *Genetic Selection Evolution*, 32: 187-203.
- Martínez, A.M. 2001. Caracterización genética del cerdo Ibérico mediante marcadores moleculares. Tesis Doctoral. Universidad de Córdoba. España.
- Mullis, K., F. Falcama, S. Scharf, R. Snikl, G.T. Horn and H. Erlich. 1986. Specific amplification of DNA *in vitro*: the polymerase chain reaction. Cold Spring Harbor Symposium on *Quantitative Biology*, 51: 260.
- Nei, M. 1973. Analysis of gene diversity in subdivided populations. *Proceedings of the National Academy of Sciences, USA*, 70: 3321-3323.
- Santana, I., G. Trujillo y L. Agüero. 1999. Análisis de la consanguinidad y estructura genealógica en un rebaño de cerdos Criollo Cubano. *Rev. Computerizada de Producción Porcina*, 6: 25-33.
- Weir, B.S. and C.C. Cockerham. 1984. Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution*, 38: 1358-1370.

Recibido: 25-5-04. Aceptado: 25-5-04.

Archivos de zootecnia vol. 53, núm. 204, p. 362.