

# Diversidad genética en cerdos criollos mexicanos con genes candidatos asociados a características productivas

Alejandro Antonio González Sarabia<sup>(1)</sup>, Clemente Lemus Flores<sup>(2)</sup>, Karina Mejía Martínez<sup>(2)</sup>, Javier Germán Rodríguez Carpena<sup>(2)</sup>, María Guadalupe Orozco Benítez<sup>(2)</sup> y Alberto Barreras Serrano<sup>(1)</sup>

<sup>(1)</sup>Universidad Autónoma de Baja California, Instituto de Investigaciones en Ciencias Veterinarias, Laguna Campestre s/nº, CP 21.100, Mexicali, Baja California, México. E-mail: mvzsarabia@hotmail.com, abarreras@colpos.mx <sup>(2)</sup>Universidad Autónoma de Nayarit, Unidad Académica de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Laboratorio de Genética Molecular, Ciudad de la Cultura Amado Nervo s/nº, CP 63155 Tepic, Nayarit, México. E-mail: drclemus@yahoo.com.mx, karinamej@hotmail.com, germencillo@yahoo.com.mx, mgorozco@nayar.uan.mx

Resumen – El objetivo de este trabajo fue comparar la variabilidad, diversidad y distancias genéticas entre cerdos criollos, Pelón Mexicano (CPM) y Cuinos (CC), con Yorkshire, cuanto a los genes candidatos *CAST*, *DECRI*, *HAL*, *HFABP4*, *LEP*, *LIPE*, *MCR4*, *MYOG*, *RN* y *CHX*, a través de análisis por PCR-RFLP. Se evaluaron 180 cerdos: 59 CPM, 65 CC y 56 Yorkshire. Se analizaron las frecuencias génicas y genotípicas, heterocigosidad, distancias genéticas y árboles filogenéticos entre grupos raciales. Para *CAST*, *DECRI*, *HFABP4*, *LEP*, *MCR4* y *CHX* las frecuencias génicas y genotípicas fueron diferentes al comparar las tres razas. En *LIPE*, los CC fueron iguales a los Yorkshire; en cuanto a *MYOG*, los CPM fueron iguales a los Yorkshire. No hubo diferencias entre poblaciones criollas y Yorkshire en las frecuencias génicas y genotípicas para *HAL* y *RN*. Los cerdos Yorkshire presentaron mayor frecuencia en alelos favorables para *CAST*, *LIPE*, *MCR4* y *MYOG*, menor frecuencia de *DECRI*, *HFABP4*, *CHX*, y moderada en *LEP*. La heterocigosidad promedio para todos los genes fue mayor en CPM (0,42±0,05) y similar en CC (0,33±0,06) y Yorkshire (0,35±0,05). Al calcular distancias genéticas con todos los genes, los CC se encuentran más distantes de los Yorkshire.

Términos para indexación: calidad de la carne, marcadores moleculares, variación genética.

## Genetic diversity in Mexican Creole pigs with candidate genes associated with productive characters

Abstract – The aim of this study was to compare the genetic variability and diversity, and genetic distances between Mexican Creole pigs – Pelón Mexicano (CPM) and Cuinos (CC) – with the commercial breed Yorkshire for the candidate genes *CAST*, *DECRI*, *HAL*, *HFABP4*, *LEP*, *LIPE*, *MCR4*, *MYOG*, *RN* and *CHX*, using the PCR-RFLP technique. One hundred eighty pigs (59 CPM, 65 CC and 56 Yorkshire) were evaluated. Gene and genotypic frequencies, heterozygosity, genetic distances and filogenetic trees between breed groups were analyzed. In the comparison among the three breeds, the allelic and genotypic frequencies were different for *CAST*, *DECRI*, *HFABP4*, *LEP*, *MCR4* and *CHX*. For *LIPE*, CC pigs were similar to Yorkshire; while for *MYOG*, the CPM were similar to Yorkshire breeds. There were no differences in the genic and genotypic frequencies for *HAL* and *RN* genes between Creole and Yorkshire populations. The Yorkshire breed had higher favorable allele frequency for *CAST*, *LIPE*, *MCR4* and *MYOG*, smaller for *DECRI*, *HFABP4*, and for *CHX*, and moderate for *LEP* genes. The heterozygosity average for all genes was higher in CPM (0.42±0.05) and similar in both the CC (0.33±0.06) and Yorkshire (0.35±0.05) breeds. In the estimation of genetic distances considering all genes, the CC breed are more distant from the Yorkshire pigs.

Index terms: meat quality, molecular markers, genetic variation.

### Introducción

La carne de cerdo es la mayor fuente de proteína para los humanos y representa aproximadamente 43% de la producción de carne en el mundo (Food and Agriculture Organization of the United Nations, 2000). Sin embargo,

solo un pequeño número de razas porcinas han sido seleccionadas de manera intensiva para alta explotación comercial con eficientes niveles de producción. Este factor ha determinado el decremento de razas criollas, que han sido reemplazadas por razas con programas de selección asistida (Sierra et al., 2005).

En algunos países, como México, Cuba y España, se ha encontrado que la variación genética en las poblaciones de cerdos criollos es más alta que en cerdos de razas comerciales. Las razas locales de cerdos criollos se encuentran filogenéticamente separadas de los cerdos modernos, situación que sugiere que se han conservado debido a la falta de programas sistematizados de mejora genética (Lemus-Flores et al., 2001). No se han aplicado programas de selección productiva para esas razas de cerdos criollos que, sin embargo, han sobrevivido por más de 500 años y presentan un reservorio genético para obtener variedades nacionales mejor adaptadas (Lemus-Flores et al., 2001; Lemus & Alonso, 2005).

Estudios reportados por Rothschild (2003) han evidenciado relaciones entre alelos y el comportamiento fenotípico de algunas características en varias especies animales. Estos estudios han apoyado la iniciativa de agregar la información genotípica a los registros de producción (fenotipo) para incrementar las respuestas a la selección, lo cual se conoce como selección asistida por marcadores moleculares.

En cerdos, se han identificado algunos genes candidatos asociados a la calidad de la carne: *CAST* (calpastatina) inhibidor específico de las calpain proteasas  $\mu$  y  $m$ , relacionado a la carne blanda y jugosa, localizado en el cromosoma 2 (Ciobanu et al., 2004). El gen *HAL* (halotano) se relaciona con el incremento en el metabolismo causado por el estrés, lo que da lugar a una disminución muy rápida del pH, se localiza en el cromosoma 6 (Gao et al., 2007). El gen *HFABP* ("heart fatty acid binding protein") codifica para proteínas relacionadas con el transporte intracelular de ácidos grasos, desde la membrana plasmática a sus lugares de oxidación o de síntesis de triglicéridos y fosfolípidos, y se localiza en el cromosoma 6 (Jokubka et al., 2006). El gen *LIPE* (hormona sensitiva a la lipasa) juega un papel importante en la movilización de los ácidos grasos como controlador de la hidrólisis de los triglicéridos en tejidos adiposos, y se localiza en el cromosoma 6 (Harbitz et al., 1999). El gen *MYOG* (myogenin) intercede en una proliferación potencial de mioblastos y regula las diferenciaciones de cada uno de los núcleos de mioblastos dentro de las fibras musculares; se localiza en el cromosoma 9 (Ernst et al., 1993; Pas et al., 1999). El gen *RN* (Rendement Napole) tiene la capacidad de retención de agua de la carne, disminuye a la medida que bajan los valores de pH y se localiza

en el cromosoma 15 (Gao et al., 2007). El *XCH* es el gen funcional del cromosoma X, se localiza a 9 cM del telómero y 15.6 cM del centrómero entre microsatélites SW2126 y SW1943, afecta la deposición de grasa y el crecimiento, asociado a veteado, área del ojo del lomo, potencial glicolítico y contenido de lactato (Ciobanu et al., 2004).

Algunos otros genes se han asociado a características de crecimiento, como *DECRI* (2,4-dienoyl CoA reductase 1), enzima mitocondrial que regula la  $\beta$ -oxidación, cataliza la reducción por trans-2-cis-4-dienoyl-coA a 3-enoyl-coA y está situado en el cromosoma 4 (Davoli et al., 2006). El gen de la leptina (*LEP*) se encuentra en el cromosoma 18, recibe la señal del hipotálamo y controla la homeostasis de energía a través del balance entre las actividades de los neurotransmisores GLP-1 (que suprime el apetito) y NP-Y (que estimula el apetito) (Szydlowski et al., 2004). El gen *MCR4* (melanocortina-4-receptor) desempeña un papel importante en la homeostasis de la energía, por lo que incide en el consumo de alimentos (obesidad) y la regulación del crecimiento y se localiza en el cromosoma 1 (Jokubka et al., 2006).

Determinar las diferencias en las frecuencias entre las poblaciones de cerdos criollos y comerciales podrá indicar los cambios en los genes candidatos importantes para crecimiento y calidad de la carne, así como la diversidad y distancias genéticas en esas poblaciones de cerdos cuanto a la distancia evolutiva.

El objetivo de este trabajo fue comparar la variabilidad, diversidad y distancias genéticas entre cerdos Pelón Mexicano, Cuino y Yorkshire, en cuanto a los genes candidatos que se relacionan con características de crecimiento y calidad de la carne, a través de análisis por PCR-RFLP.

## Materiales y Métodos

El presente estudio se realizó en los laboratorios de Biotecnología Molecular de la Universidad Autónoma de Nayarit y de la Universidad Autónoma Baja California, como parte de las investigaciones dirigidas a caracterizar genéticamente al cerdo criollo Pelón Mexicano.

Se emplearon 180 cerdos procedentes del centro público de enseñanza, producción e investigación de la Unidad Académica de Medicina Veterinaria y Zootecnia de la Universidad Autónoma de Nayarit,

divididos en tres grupos: 59 de la raza Pelón Mexicano (CPM), 65 de la raza Cuino (CC) y 56 de la raza comercial Yorkshire.

Se extrajeron 5 mL de sangre de la vena cava de cada cerdo en tubos con anticoagulante EDTA 0,5 mg mL<sup>-1</sup>. Las muestras se guardaron en alícuotas a -20°C hasta su uso. La extracción y purificación de ADN fue realizada con la técnica fenólica (Sambrook & Russell, 2001).

El polimorfismo de los genes *CAST*, *DECRI*, *HAL*, *HFABP4*, *LEP*, *LIPE*, *MCR4*, *MYOG*, *RN* y *CHX* fue determinado con la técnica PCR-RFLP, de acuerdo con los procedimientos previamente establecidos por otros investigadores (Pas et al., 1999; Ciobanu et al., 2004; Szydlowski et al., 2004; Jokubka et al., 2006).

La amplificación del PCR (volumen final 25 µL) fue realizada con 100 ng de ADN, 1U de *Taq* polimerasa, 0,2 mmol L<sup>-1</sup> de dNTPs, 0,4 µmol L<sup>-1</sup> de cada iniciador, 1X de buffer, 1,5 mmol L<sup>-1</sup> de MgCl<sub>2</sub> y 15,55 µL H<sub>2</sub>O por reacción. Las condiciones de PCR fueron 95°C por 8 min, seguida de 30 ciclos de 95°C por 45 s, temperatura de alineamiento dependiente del gen candidato por 1 min, 73°C por 1 min y, al final, 73°C por 10 min. Las temperaturas de alineamiento fueron 60, 61, 67, 57, 61, 60, 56, 60, 62, 59°C para los genes *CAST*, *DECRI*, *HAL*, *HFABP4*, *LEP*, *LIPE*, *MCR4*, *MYOG*, *RN* y *CHX*, respectivamente. Cinco microlitros del producto de PCR de los genes anteriores fueron digeridos con 2,5 U de -HinfI, Bfal, HhaI, HaeIII, HinfI, Alu, TaqI, MspI, HaeIII, BamHI respectivamente. Los fragmentos producidos de los RFLPs fueron visualizados en geles de poliacrilamida al 12%, preteñidos con bromuro de etidio (0,5 µg mol L<sup>-1</sup>), en un transluminador de rayos ultravioleta, y digitalizados en un fotodocumentador EDAS 290 (Eastman Kodak Co., Molecular Imaging Systems, Rochester, NY, EU). El marcador de peso molecular usado como referencia para medir el tamaño de los fragmentos generados en los RFLPs fue el pBR322/MspI.

El análisis de frecuencias génicas y genotípicas, así como de la heterocigosidad insesgada para cada gen en cada raza porcina, fue realizada con una prueba de  $\chi^2$ , conforme Nei (1978), por el programa Biosys (Swofford & Selander, 1997).

Las distancias genéticas fueron calculadas para construir árboles filogenéticos entre los grupos raciales, con los métodos de distancia estándar y "Neighbor-Joining" (Nei, 1978). Para estos cálculos, se utilizó el programa Phylip 3.5 (Felsenstein, 1997).

## Resultados y Discusión

Las frecuencias génicas y genotípicas para los genes *CAST*, *DECRI*, *HFABP4*, *LEP*, *MCR4* y *CHX* fueron estadísticamente diferentes ( $p < 0,05$ ) en la comparación de las tres razas. En las frecuencias para el gen *LIPE*, solo la raza de CC no fue diferente ( $p > 0,05$ ) de los Yorkshire; de igual forma, para el gen *MYOG*, solo la raza CPM fue igual a los CC. No hubo diferencias entre poblaciones de cerdos criollos mexicanos y Yorkshire, en las frecuencias génicas y genotípicas para los genes *HAL* y *RN* (Cuadro 1).

En los genes candidatos con diferencias estadísticas en las frecuencias génicas, los Yorkshire presentaron mayor frecuencia en los alelos favorables A, para los genes *CAST*, *LIPE* y *MCR4*, y B, para el gen *MYOG*, en comparación con las dos razas de cerdos criollos. Los alelos deseables A, de los genes *DECRI* y *HFABP4*, y B, del gen *CHX*, fueron de más baja frecuencia en los Yorkshire. Así también los Yorkshire, para el alelo deseable A del gen *LEP*, mostraron una frecuencia menor que los CC, pero mayor que los CPM. En los CC, la frecuencia en los alelos favorables para *CAST* y *MCR4* fue menor, mientras que para los CPM fue menor en los genes *HFABP4*, *LEP*, *LIPE* y *MYOG*. Los CC mostraron las frecuencias más altas para los alelos favorables en los genes *DECRI*, *HFABP4* y *CHX*.

Se esperaba que la frecuencia del alelo favorable, en todos los genes candidatos empleados para crecimiento y calidad de la carne, fueran de mayor frecuencia en los Yorkshire, esto solo ocurrió en *CAST*, *LIPE*, *MCR4*, *MYOG* y moderadamente en *LEP*. Estos genes tuvieron una mayor frecuencia en Yorkshire en razón, posiblemente, de que en esta raza, por ser comercial, se ejerce una selección artificial para mejorar el crecimiento y calidad de la carne, lo que ocasiona un cambio de frecuencias génicas en dirección al alelo favorable. Sin embargo, para los genes *DECRI*, *HFABP4* y *CHX*, las frecuencias en Yorkshire fueron las más bajas. Considerándose que esta raza debió responder a la selección artificial, no se dio el efecto deseado, quizá porque estos genes se relacionan más con calidad de la carne que con crecimiento, situación diferente en los cerdos criollos con mejor calidad de la carne pero lento crecimiento (Lemus & Alonso 2005).

Wang et al. (2007) reportaron que el alelo favorable para *CAST* tuvo una frecuencia alta en la raza Meishan, presente como monomórfico; en las razas criollas mexicanas no sucedió esto. Kuryl et al. (2003)

**Cuadro 1.** Frecuencias génicas y genotípicas de genes candidatos<sup>(1)</sup> en cerdos criollos y comerciales<sup>(2)</sup>.

Raza	Génicas			Genotípicas		
	A	B	Ee	AA	AB	BB
<i>CAST</i>						
Pelón Mexicano	0,41	0,59	0,06b	0,28	0,25	0,47
Cuino	0,39	0,61	0,06a	0,03	0,71	0,26
Yorkshire	0,59	0,41	0,06c	0,28	0,62	0,10
<i>DECRI</i>						
Pelón Mexicano	0,56	0,44	0,07b	0,19	0,75	0,06
Cuino	0,61	0,39	0,07c	0,26	0,70	0,04
Yorkshire	0,48	0,52	0,06a	0,18	0,59	0,22
<i>HAL</i>						
Pelón Mexicano	1	0	0a	1	0	0
Cuino	1	0	0a	1	0	0
Yorkshire	1	0	0a	1	0	0
<i>HFABP4</i>						
Pelón Mexicano	0,69	0,31	0,06b	0,46	0,46	0,08
Cuino	0,95	0,05	0,03c	0,93	0,03	0,03
Yorkshire	0,60	0,40	0,08a	0,35	0,50	0,15
<i>LEP</i>						
Pelón Mexicano	0,69	0,31	0,04a	0,38	0,62	0,00
Cuino	0,95	0,05	0,02c	0,89	0,11	0,00
Yorkshire	0,85	0,15	0,05b	0,74	0,22	0,04
<i>LIPE</i>						
Pelón Mexicano	0,50	0,50	0,12b	0,00	1	0,00
Cuino	0,69	0,31	0,12a	0,62	0,13	0,25
Yorkshire	0,71	0,29	0,09a	0,64	0,14	0,22
<i>MCR4</i>						
Pelón Mexicano	0,44	0,56	0,05b	0,19	0,50	0,31
Cuino	0,24	0,76	0,04c	0,07	0,33	0,59
Yorkshire	0,87	0,13	0,04a	0,73	0,27	0,00
<i>MYOG</i>						
Pelón Mexicano	0,44	0,56	0,06a	0,06	0,78	0,17
Cuino	0,38	0,62	0,06a	0,03	0,69	0,28
Yorkshire	0,17	0,83	0,05b	0,00	0,33	0,67
<i>RN</i>						
Pelón Mexicano	0,19	0,81	0,05a	0,06	0,25	0,69
Cuino	0,34	0,66	0,07a	0,05	0,59	0,36
Yorkshire	0,20	0,80	0,05a	0,04	0,32	0,64
<i>CHX</i>						
Pelón Mexicano	0,37	0,63	0,06b	0,10	0,55	0,35
Cuino	0,17	0,83	0,05c	0,03	0,28	0,69
Yorkshire	0,57	0,43	0,07a	0,30	0,54	0,16

<sup>(1)</sup>*CAST*, calpastatina; *DECRI*, 2,4-dienoyl CoA reductase 1; *HAL*, halotano; *HFABP4*, "heart fatty acid binding protein"; *LEP*, leptina; *LIPE*, lipasa; *MCR4*, melanocortina-4-receptor; *MYOG*, myogenin; *RN*, Rendement Napole; *CHX*, cromosoma X. <sup>(2)</sup>Las medias con letras diferentes por gen, son significativas por el test del qui-cuadrado, a 5% de probabilidad. Ee, error estándar.

reportaron, sobre diferentes razas, que el alelo favorable tuvo una frecuencia más alta (0,75 en promedio) que en los Yorkshire de este reporte; además, se asocia a menor deposición de grasa, lo que no se da en cerdos criollos.

La frecuencia para *LIPE*, reportada en poblaciones de cerdos Chinese Meishan x Large White, fue de 0,23 para el alelo favorable (Harbitz et al., 1999); los Yorkshire, al igual que los cerdos criollos Mexicanos, tuvieron mayor frecuencia de este alelo que el reportado. Si este gen está asociado al contenido de grasa en los músculos, en los cerdos de este trabajo se esperaría una mayor deposición.

Jokubka et al. (2006) reportan, sobre cerdos blancos de Lituania, que el alelo deseable para *MCR4*, con frecuencia de 0,41, mostró asociación a mayor ganancia de peso diario, menor grasa dorsal y alto rendimiento de carne. En los Yorkshire, la frecuencia de este alelo fue mayor a la reportada, resultado de una posible selección más rigurosa en esta raza a partir de 2006 a esta fecha. Óvilo et al. (2006) estudiaron jabalíes y cerdos Ibéricos de las razas Torbiscal y Negro Lampiño y encontraron ausencia del gen deseable, que en los cerdos criollos mexicanos se encuentra con frecuencia moderada a baja, derivado posiblemente por el entrecruzamiento que existió con cerdos europeos modernos, a pesar de guardar distancia genética de estos últimos (Lemus-Flores et al., 2001).

Para el alelo A de *MYOG*, Ernst et al. (1997) reportaron una frecuencia de 0,11 – similar a la encontrada para Yorkshire; Ernst et al. (1993) reportaron 0,42 y Pas et al. (1999) 0,55 – frecuencias similares a la de los CC y CPM. Esto indica que alelo B era el favorable, pues los genotipos BB presentaron mejores incrementos de peso al nacer, con peso final, mejor porcentaje de crecimiento y lomo sin afectar la grasa dorsal (Pas et al., 1999), situación que sucede en los Yorkshire con mayor frecuencia del alelo favorable, en comparación con los cerdos criollos.

El alelo favorable A para *LEP* se relaciona con calidad de la carne y características de crecimiento en cerdos Landrace (Szydlowski et al., 2004). La frecuencia promedio para el alelo A en las razas Large White, Landrace y Duroc, reportada por Urban & Mikolášová (2006) fue de 0,86, similar a la encontrada en CC y Yorkshire, pero es controversial en los CC, ya que estos son de lento crecimiento y acumulan mucha grasa corporal (Lemus & Alonso, 2005).



En el gen *DECRI1*, el alelo favorable A se relaciona con menor deposición de grasa y mayor crecimiento (Davoli et al., 2002). Solo en grasa intramuscular hubo diferencia por genotipos que favorecen al alelo B no mutante. Davoli et al. (2006) reportaron que en cerdos Meishan hubo ausencia del alelo A, y que encontraron frecuencias para este alelo en cerdos Large White de 0,60, en Landrace Italiano de 0,38, Belga de 0,56, en Duroc de 0,34 y, en razas locales italianas, entre 0,66 y 0,29. En los CC y CPM, la frecuencia del alelo A se encuentra en el rango de la reportada para razas locales italianas. La baja frecuencia del alelo A en Yorkshire puede deberse a que no siempre se relaciona con crecimiento y menor deposición de grasa, ya que este efecto no fue significativo, de acuerdo con Davoli et al. (2006).

El alelo A del gen *HFABP4* se relaciona con menor grasa intramuscular y menor pH (Nechtelberger et al., 2001); sin embargo, Gerbens et al. (1999) no encontraron efectos dominantes significativos de este gen para grasa intramuscular y dorsal, peso corporal y pérdida de agua de la carne. Óvilo et al. (2002) reportaron que, en cerdos ibéricos, la frecuencia del alelo A fue de 0,50 a 0,70, diferente de lo encontrado en CC y mayor, pero similar, a las encontradas en Yorkshire y CPM. Considerándose los hallazgos de Nechtelberger et al. (2001) y de Óvilo et al. (2002), se esperaba que los Yorkshire tuvieran una mayor frecuencia del alelo A; sin embargo, de acuerdo a Gerbens et al. (1999), no se espera que exista asociación de este alelo con mejor calidad de la carne y crecimiento, como también reportado por Nechtelberger et al. (2001), al no encontrar asociación del alelo A con grasa intramuscular en las razas Australianas de cerdos Pietrain, Large White y Landrace.

Las frecuencias para el alelo B del gen *CHX*, asociado a marmoleo, grasa dorsal, área del ojo de la chuleta y total de lípidos, reportadas por Gaboreanu et al. (2004), varían entre grupos raciales. En Yorkshire, la frecuencia del alelo B fue menor que las reportadas para Landrace y Large White, pero mayor que en

Duroc y Hampshire, y no es clara su asociación con la calidad de la carne. Es controversial que, en los cerdos criollos, las frecuencias para el alelo deseable deben ser altas, por lo que queda la incógnita de su efecto. Gaboreanu et al. (2004) demostraron en hembras Berkshire-Yorkshire que el alelo B favoreció más el área del ojo de la chuleta y menos el marmoleo.

El gen *RN* está presente en todas las razas con frecuencia similar, lo que sugiere que no han surgido cambios por selección artificial o natural. Carr et al. (2006) estudiaron Hampshire y Yorkshire y reportaron frecuencias similares a las obtenidas en el presente trabajo para las tres razas, habiendo señalado menor grasa y más músculo en portadores del alelo A.

La diversidad y distancias genéticas fueron obtenidas de la información calculada para las frecuencias génicas de cada gen. La heterocigosidad (H) en equilibrio de Hardy-Weinberg, en promedio para todos los genes, fue mayor en CPM y similar en CC (Cuadro 2). La H para los genes *CAST*, *DECRI1* y *HAL* no fue diferente en ninguna raza. Para el *HFABP4*, en CPM y Yorkshire, la H fue mayor que en CC. En *LEP*, la H fue mayor en CPM seguida de Yorkshire y de CC. La H para *LIPE* fue mayor en CPM y similar en CC y Yorkshire. Para el gen *MCR4*, la H fue mayor en CPM seguido de CC y de Yorkshire. En *MYOG*, la H fue mayor para CPM seguido de CC y de Yorkshire. Para *RN*, la mayor H fue en CC, y similar en los Yorkshire y CPM. En el gen *CHX*, la H fue mayor y similar en Yorkshire y CPM, respectivamente, y menor en CC.

En los árboles filogenéticos calculados por separado para cada gen, se encontró que para *CAST*, *DECRI1*, *HFABP4*, *MCR4* y *CHX* los CC son más distantes de los Yorkshire. Para los genes *LEP*, *LIPE* y *RN*, los CC son más distantes de los CPM. En *MYOG*, los CPM son más distantes de los Yorkshire. En el cálculo de las distancias genéticas para todos los genes, los CC se encuentran más distantes de los Yorkshire.

Al considerar todos los genes, en los CPM la H fue mayor, situación esperada debido a los antecedentes

**Cuadro 2.** Heterocigosidad en cerdos criollos mexicanos y Yorkshire para cada gen<sup>(1)</sup>.

Raza	<i>CAST</i>	<i>DECRI1</i>	<i>HAL</i>	<i>HFABP4</i>	<i>LEP</i>	<i>LIPE</i>	<i>MCR4</i>	<i>MYOG</i>	<i>RN</i>	<i>XCH</i>	H	Ec
Pelón Mexicano	0,49	0,44	0,49	0,31	0,50	0,52	0,00	0,50	0,43	0,47	0,42	0,05
Cuinos	0,37	0,12	0,48	0,46	0,47	0,45	0,00	0,48	0,10	0,29	0,33	0,06
Yorkshire	0,23	0,25	0,49	0,32	0,28	0,43	0,00	0,50	0,49	0,49	0,36	0,05

<sup>(1)</sup>*CAST*, calpastatina; *DECRI1*, 2,4-dienoyl CoA reductase 1; *HAL*, halotano; *HFABP4*, "heart fatty acid binding protein"; *LEP*, leptina; *LIPE*, lipasa; *MCR4*, melanocortina-4-receptor; *MYOG*, myogenin; *RN*, Rendement Napole; *CHX*, cromosoma X. H, heterocigosidad total; Ec, error estándar.

(Lemus-Flores et al., 2001) donde el cerdo criollo mexicano es más diverso que los cerdos comerciales. Una de las causas de la diversidad del CPM es que en las condiciones en que se explota, se propicia el entrecruzamiento con diversas razas y apareamiento de la hembra con diferentes sementales, situación diferente en los CC en que, por el limitado número de hembras y sementales, se incrementa la homocigosis por consanguinidad; también en Yorkshire sucede el mismo incremento, solo que en razón de la selección artificial de los futuros reproductores y del empleo de la inseminación artificial (Lemus & Alonso, 2005). Los Yorkshire no presentaron mayor H en ningún gen. Para *LIPE*, *MCR4* y *MYOG* presentaron menor H, pero tuvieron mayor frecuencia del alelo favorable, lo que fortalece el suponer que, en esta raza, la selección propició los cambios de las frecuencias hacia este alelo. En los genes *DECR1*, *HFABP4* y *CHX*, los Yorkshire tuvieron más baja frecuencia del alelo deseable y en ellos se observó mayor H, lo que indica que no ha habido respuesta a la selección hacia la homocigosis.

En general, los Yorkshire están más distantes de los CC por evolución y origen, debido a que, al igual que los CPM, son de origen europea, mientras que los CC son de origen asiático (Lemus-Flores et al., 2001), influenciados además por las condiciones de manejo reproductivo muy diferentes en cada raza (Sierra et al., 2005).

### Conclusiones

1. Los Yorkshire presentan mayor frecuencia génica en los alelos favorables para los genes candidatos al crecimiento y calidad de la carne *CAST*, *LIPE*, *MCR4* y *MYOG*, en comparación con las dos razas criollas.

2. Los alelos deseables de los genes candidatos para grasa *DECR1*, *HFABP4* y *CHX* son de menor frecuencia en los Yorkshire.

3. Para el alelo deseable del gen de la leptina (*LEP*), asociado a consumo de alimento y grasa, los Yorkshire muestran una frecuencia menor que lo cerdo criollo Cuinos pero mayor que los Pelón Mexicano.

4. La heterocigosidad en promedio, para todos los genes, es mayor en Pelón Mexicano y similar en Cuinos y Yorkshire.

5. Al considerar las distancias genéticas para todos los genes, los Cuinos resultaron más distantes de los Yorkshire.

### Agradecimientos

Al Consejo de Ciencia y Tecnología del Estado de Nayarit y al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología, por el apoyo financiero.

### Referencias

- CARR, C.C.; MORGAN, J.B.; BERG, E.P.; CARTER, S.D.; RAY, F.K. Growth performance, carcass composition, quality, and enhancement treatment of fresh pork identified through deoxyribonucleic acid marker-assisted selection for the Rendement Napole gene. **Journal of Animal Science**, v.84, p.910-917, 2006.
- CIOBANU, D.C.; BASTIAANSEN, J.W.M.; LONERGAN, S.M.; THOMSEN, H.; DEKKERS, J.C.M.; PLASTOW, G.S.; ROTHSCCHILD, M.F. New alleles in calpastatin gene are associated with meat quality traits in pigs. **Journal of Animal Science**, v.82, p.2829-2839, 2004.
- DAVOLI, R.; FONTANESI, L.; BRAGLIA, S.; NISI, I.; SCOTTI, E.; BUTTAZZONI, L.; RUSSO, V. Investigation of SNPs in the *ATPIA2*, *CA3* and *DECR1* genes mapped to porcine chromosome 4: analysis in groups of pigs divergent for meat production and quality traits. **Italian Journal of Animal Science**, v.5, p.249-263, 2006.
- DAVOLI, R.; FONTANESI, L.; BRAGLIA, S.; RUSSO, V. A missense mutation in the porcine mitochondrial 2,4-dienoyl CoA reductase 1 (*DECR1*) gene and linkage mapping of this locus to chromosome 4. **Animal Genetics**, v.33, p.73-75, 2002.
- ENFALT, A.C.; LUNDSTROM, K.; KARLSSON, A.; HANSSON, I. Estimated frequency of the RN-allele in Swedish Hampshire pigs and comparison of glycolytic potential, carcass composition, and technological meat quality among Swedish Hampshire, Landrace, and Yorkshire pigs. **Journal of Animal Science**, v.75, p.2924-2935, 1997.
- ERNST, C.W.; MENDEZ, E.A.; ROBIC, A.; ROTHSCCHILD, M.F. Rapid communication: myogenin (*MYOG*) physically maps to porcine chromosome 9q2.1-q2.6. **Journal of Animal Science**, v.76, p.328, 1997.
- ERNST, C.W.; VASKE, D.A.; LARSON, R.G.; ROTHSCCHILD, M.F. Rapid communication: MspI restriction fragment length polymorphism at the swine myogenin locus. **Journal of Animal Science**, v.71, p.3479, 1993.
- FELSENSTEIN, J. **PHYLIP**: phylogeny inference package. Version 3.5. Seattle: University of Washington, 1997.
- FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS. **Domestic animal diversity information system**. Rome: FAO, 2000.
- GABOREANU, A.M.; GRAPES, L.; RAMOS, A.M.; KIM, J.-J.; ROTHSCCHILD, M.F. Characterization of an X-chromosome PCR-RFLP marker associated with fat deposition and growth in the pig. **Animal Genetics**, v.35, p.401-403, 2004.
- GAO, Y.; ZHANG, R.; HU, X.X.; LI, N. Application of genomic technologies to the improvement of meat quality of farm animals. **Meat Science**, v.77, p.36-45, 2007.

- GERBENS F.; ERP, A.J. van; HARDERS, F.L.; VERBURG, F.J.; MEUWISSEN, T.H.; VEERKAMP, J.H.; PAS, M.F. te. Effect of genetic variants of the heart fatty acid-binding protein gene on intramuscular fat and performance traits in pigs. **Journal of Animal Science**, v.77, p.846-852, 1999.
- HARBITZ, I.; LANGSET, M.; EGE, A.G.; HOYHEIM, B.; DAVIES, W. The porcine hormone-sensitive lipase gene: sequence, structure, polymorphisms and linkage mapping. **Animal Genetics**, v.30, p.10-15, 1999.
- JOKUBKA, R.; MAAK, S.; KERZINE, S.; SWALVE, H.H. Association of a melanocortin 4 receptor (MCR4) polymorphism with performance traits in Lithuanian white pigs. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.123, p.17-22, 2006.
- KURYL, J.; KAPELAŃSKI, W.; PIERZCHALA, M.; GRAJEWSKA, S.; BOCIAN, M. Preliminary observations on the effect of calpastatin gene (*CAST*) polymorphism on carcass traits in pigs. **Animal Science Papers and Reports**, v.21, p.87-95, 2003.
- LEMUS, C.; ALONSO, M.L. (Ed.). **El cerdo Pelón Mexicano y otros cerdos criollos**. Tepic: Universidad Autónoma de Nayarit, 2005. 251p.
- LEMUS-FLORES, C.; ULLOA-ARVIZU, R.; RAMOS-KURI, F.J.; ALONSO, R.A. Genetic analysis of Mexican hairless pig populations. **Journal of Animal Science**, v.79, p.3021-3026, 2001.
- NECHTELBERGER, D.; PIRES, V.; SÖLKNER, J.; STUR, I.; BREM, G.; MUELLER, S. Intramuscular fat content and genetic variants at fatty acid-binding protein loci in Austrian pigs. **Journal of Animal Science**, v.79, p.2798-2804, 2001.
- NEI, M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. **Genetics**, v.83, p.583-590, 1978.
- ÓVILO, C.; FERNÁNDEZ, A.; DE PEDRO, E.; GARCÍA-CASCO, J.; RODRÍGUEZ, C.; SILIÓ, L. Asociación de una mutación no sinónima del gen MC4R con el crecimiento y rendimiento de piezas nobles en cerdos ibéricos. **ITEA**, v.102, p.79-85, 2006.
- ÓVILO, C.; OLIVER, A.; NOGUERA, J.L.; CLOP, A.; BARRAGÁN, C.L.; VARONA, C.; RODRÍGUEZ, T.; SÁNCHEZ, A.D.; PÉREZ ENCISO M.; SILIO, L. Test for positional candidate genes for body composition on pig chromosome 6. **Genetics Selection Evolution**, v.34, p.465-479, 2002.
- PAS, M.F. te; SOUMILLION, W.A.; HARDERS, F.L.; VERBUG, F.J.; BOSH T.J. van de; GALESLOOT, P.; MEUWISSEN, T.H. Influences of myogenin genotypes on birth weight, growth rate, carcass weight, backfat thickness, and lean weight of pigs. **Journal of Animal Science**, v.77, p.2352-2356, 1999.
- ROTHSCHILD, M.F. Approaches and challenges in measuring genetic diversity in pigs. **Archivos de Zootecnia**, v.52, p.129-135, 2003.
- SAMBROOK, J.; RUSSELL, D.W. **Molecular cloning: a laboratory manual**. 3<sup>rd</sup> ed. New York: Cold Spring Harbor, 2001. 210p.
- SIERRA, A.C.; POOT, T.B.; DÍAZ, Z.I.; CORDERO, A.H.; DELGADO, J.V. El cerdo Pelón Mexicano, una raza en peligro. **Archivos de Zootecnia**, v.54, p.165-170, 2005.
- SWOFFORD, D.L.; SELANDER, B.R. **BIOSYS-1**. Urbana: University of Illinois at Urbana-Champaign, 1997.
- SZYDŁOWSKI, B.M.; STACHOWIAK, M.; MACKOWSKI, M.; KAMYCZEK, M.; ECKERT, R.; ROZYCKI, M.; SWITONSKI, M. NO major effect of the leptin gene polymorphism on porcine production traits. **Journal of Animal Breeding and Genetics**, v.121, p.149-155, 2004.
- URBAN, T.; MIKOLÁŠOVÁ, R. Genetic variability in the leptin, leptin receptor and heart fatty acid binding protein genes in pigs. **Acta Fytotechnica et Zootechnica**, v.29, p.29-31, 2006.
- WANG, Q.S.; PAN, Y.C.; SUN, L.B.; MENG, H. Polymorphisms of the *CAST* gene in the Meishan and five other pig populations in China. **South African Journal of Animal Science**, v.37, p.27-30, 2007.

---

Recibido el 31 agosto, 2010 y aceptado el 28 diciembre, 2010