

# USO DE CRITERIO DE MÁXIMA REPRESENTATIVIDAD Y MÍNIMO DE PARENTESCO COMO ESTRATEGIA DE CONSERVACIÓN DEL CERDO CRIOLLO

USE OF THE CRITERIA OF MAXIMUM REPRESENTATIVENESS AND MINIMUM KINSHIP AS A STRATEGY FOR PRESERVING THE CRIOLLO PIG

Sánchez N.<sup>1\*</sup>, Reyes A.<sup>1</sup>, Santana I.<sup>1</sup>, Abeledo C.M.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Genética, Instituto de Investigaciones Porcinas, La Habana, Cuba: \* nsanchez@iip.co.cu.

---

**Keywords:** Inbreeding; Pig; Conservation; Population.

**Palabras clave:** Consanguinidad; Cerdo; Conservación; Población.

---

## ABSTRACT

In order to use the criteria of maximum representativeness and minimum kinship as a strategy for preserving the Cuban Criollo pig, the genealogic records of 1,170 individuals of both sexes were studied. These included all of the breeder pigs from the herd of Cuban Criollo pigs in the genetic center "San Pedro", between 2007 and 2017. The analysis was conducted by means of the program GGPob, which calculated the coefficient of inbreeding (F), coefficient of relationship of mean kinship between the active animals (AR) and the coefficient of average parentage (fxy). Measures of reliability included: reliability of F (Ipec5), AR (%PEC) and fxy (DMP). An average reliability of 98 %, with 0.60 % of F; 0.08 up of AR, and a fxy of 0.4 up was obtained. 233 active breeders (14 stud boars and 219 breeder sows) were represented. Two hundred and ten of them (12 stud boars and 198 breeder sows) showed the expected minimum kinship. An average of 181 sows per stud boar had minimum kinship. The indices of inbreeding for this Cuban Criollo genetic herd are low. This study proved that the criteria of maximum representativeness and minimum kinship can be applied as a strategy for preserving the Cuban Criollo pig.

---

## RESUMEN

Con el objetivo de usar criterio de máxima representatividad y mínimo de parentesco como estrategia de conservación del Cerdo Criollo Cubano. Se utilizaron los registros genealógicos de 1170 individuos de ambos sexos que integraron la plantilla de reproductores del rebaño genético de Cerdos Criollos Cubanos del centro o unidad genética "San Pedro", entre los años 2007 y 2017. El análisis se realizó mediante el programa GGPob, donde se calculó los coeficientes de consanguinidad (F), coeficiente de relación de parentesco media entre los animales en activo (AR) y coeficiente de parentesco medio (fxy); por lo que se empleó como medidas de precisión: Fiabilidad de F (Ipec5), AR (%PEC) y fxy (DMP). En tal sentido se obtuvo una fiabilidad media de 98 %, con 0.60 % de F; 0.08 % de AR, con un fxy de 0.4 %. Quedaron representados los 233 reproductores activos, conformados por 14 sementales y 219 reproductoras. De ellos 210 mostraron el mínimo de parentesco esperado, con 12 sementales y 198 reproductoras. Se alcanzó una correspondencia media de 181 reproductoras por semental con mínimo de parentesco. Se evidencio que los índices de endogamia en este rebaño genético criollo cubano son bajos. Este

estudio demostró que se puede mantener como estrategia de conservación el criterio de máxima representatividad y mínimo de parentesco.

---

## INTRODUCCIÓN

Los avances en el mejoramiento genético animal logrados en estos últimos años han aumentado la respuesta a la selección, pero de igual manera se han incrementado los peligros de consanguinidad (ACPA, 2010). Dentro de los cinco problemas reconocidos en la Estrategia Ambiental de la República de Cuba (EAN 2007/2010 Res 40/2007), el control de la pérdida de la diversidad biológica, juega un rol primordial en aquellas especies menos productivas. Este es el caso que el cerdo criollo cubano ha enfrentado desde hace más de 20 años, situación que se ha tratado de revertir mediante la creación del Centro Genético para cerdos criollos cubanos "San Pedro" (Abeledo *et al.*, 2014 y Santana & Abeledo, 2015), no obstante, pese a todas las particularidades de esta raza, no se encuentra incluida dentro del Programa Nacional de Cruzamiento Porcino (León *et al.*, 2000).

Por tal motivo, la propuesta de un programa encaminado a la conservación, evaluación, mejora y uso del cerdo Criollo Cubano se inició en 1992 con la fundación del centro genético "San Pedro" y en la actualidad se mantiene como el mayor reservorio certificado de esta raza en Cuba, además de los llamados cotos de reserva genética promovidos por la Asociación Cubana de Producción Animal (ACPA). Para ello las decisiones finales sobre que reproductores escoger para la siguiente generación o como realizar los apareamientos, la forma más práctica de llevarla a la producción, son aspectos muy importantes para preservar dichas poblaciones (Alfonso, 2017). Por lo que es objetivo de este trabajo usar los coeficientes de mínimo de parentesco y máxima representatividad como estrategia de conservación.

## MATERIAL Y MÉTODOS

El estudio se realizó con los registros genealógicos de 1.170 cerdos criollos cubanos de ambos sexos (866 hembras y 864 machos) que formaron la relación de reproductores del rebaño genético "San Pedro" entre los años 2007 y 2017. El centro consta con 233 individuos activos, distribuidos por líneas (14 sementales) y familias (239 reproductoras) genealógicas. La unidad se ha mantenido bajo el mismo régimen de manejo que los demás centros genéticos porcinos del país, lo que incluyó el empleo de la monta, una alimentación a partir de piensos secos según normas por categorías, la aplicación de índices de desechos y pruebas de comportamiento en campo a distintas edades y selección, todo adaptado a las particularidades de este centro (EGP, 2013).

Como parámetros poblacionales, se calcularon: el coeficiente de consanguinidad (F), coeficiente de relación de parentesco media entre los animales en activo (AR) y coeficiente de parentesco medio (fxy) a partir del programa GGPob v. 1.0. (2017) como se muestran en las siguientes fórmulas matemáticas:

*Coeficientes de consanguinidad (F):*  $F_i = a_{ii} - 1$

Donde  $F_i$  es el coeficiente de consanguinidad del animal  $i$ , y  $a_{ii}$  es el coeficiente de relación genética aditiva entre el animal consigo mismo.

*Coeficientes parentesco (fxy):*  $f_{xy} = 0.5 a_{ij}$

Donde  $a_{ij}$  es el coeficiente de relación genética aditiva entre los animales  $i(i=x)$  y  $j(j=y)$ .

*Coeficiente de relación de parentesco medio (AR):*

$$AR_i = \sum_{j=1}^n a_{ij} / n$$

Donde  $a_{ij}$  es el coeficiente de relación genética aditiva entre dos animales y  $n$  es el número total de animales de la población.

Se empleó como medidas de precisión para las estimaciones: la Fiabilidad de F (Ipec5), el AR (%PEC) y el fxy (DMP) según fueron descritas por Alfonso (2017) y como se muestran a continuación:

1 - Fiabilidad del Coeficiente de relación de parentesco media (AR) estimado.

Se basa en la Proporción de antecesores conocidos en las cinco generaciones anteriores de un animal (% PC5) calculado mediante la expresión (Cole, 2012):

$$\%PC5 = \frac{n}{\sum_{i=1}^g 2^i}$$

donde  $g$ = número de generaciones (el programa considera 5)  $n$ = número de ancestros conocidos

$\sum_{i=1}^g 2^i$  Representa el número real de ancestros en  $g$  generaciones (62 para  $g=5$ ).

A partir de ese valor se calcula la Fiabilidad de AR para un animal  $i$  como:

$$\text{Fiabilidad (AR}_i) = \frac{\sum_{i=1}^g \frac{(\%PC5_i * 62 + \%PC5_j * 62) + 2}{126}}{n}$$

donde  $n$  es el número de animales en activo como reproductores de la población.

2 -Fiabilidad del Coeficiente de consanguinidad (F) estimado

$$\text{Ipec5} = \frac{2C_{\text{padre}} C_{\text{madre}}}{C_{\text{padre}} + C_{\text{madre}}} \quad \text{donde } C \text{ es: } C = \frac{1}{g} \sum_{i=1}^g p_i$$

Siendo:  $g$  el número de generaciones (el programa considera 5)

$p_i$  la proporción de ancestros conocidos en la generación  $i$

$\text{Fiabilidad (Fi)} = \text{Ipec5}_i$

3 - Fiabilidad del Coeficiente de parentesco (fxy) estimado:

Así la fiabilidad se estima a través de la Diferencia máxima de parentesco (DMP), calculada siguiendo la idea de los grupos genéticos o padres fantasmas llevada al cálculo de los coeficientes de consanguinidad por ejemplo por VanRaden (2005). El programa lo calcula como la diferencia entre el valor de  $fxy$  estimado con la genealogía disponible ( $fxy_{Est}$ ), y el valor de  $fxy$  estimado asignando un único antecesor 'fantasma' (padre y madre a la vez) a padres y madres desconocidos ( $fxy_{Max}$ ) - exceptuando los animales importados, o con genealogía desconocida, pero con seguridad de no tener parentesco reciente con el resto de la población:

$$\text{DMP}_{xy} = 1 - (fxy_{\text{max}} - fxy_{\text{est}})$$

$$\text{Fiabilidad (fxy)} = \text{DMP}_{xy}$$

Para el control de errores se consideró que cada individuo tuviese su padre y madre. Cuando no se conocía la identificación de alguno de los padres de un animal, esta se reemplazó con un cero. Así mismo que cada individuo tuviese sus fechas de nacimiento.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los resultados de los principales parámetros poblacionales se muestran en la tabla I quien evidenció un coeficiente de relación de parentesco medio y un coeficiente de parentesco entre los animales en activos bajos, 0.8 y 0.3 % respectivamente, por lo que se puede esperar un F con el mismo comportamiento al trabajar con una fiabilidad media de un 98 % lo cual coincide con lo

planteado por Alfonso (2017). La F de la población en general fue de 1.01 % mientras que la de los animales en activos fue 0.60 %, con un índice medio de pedigrí conocido del 41 % y un 33 % medio de pedigrí.

**Tabla I.** Resumen de los parámetros poblacionales (*Summary of the population parameters*).

Coeficientes de consanguinidad	Valores (%)	Fiabilidad (%)
Coeficiente de consanguinidad de la población en general	1.01	
F medio de los animales en activo	0,601	0.98
Índice medio pedigree conocido de los animales en activo	41,340	
% medio pedigree conocido de los animales en activo	33,225	
Coeficiente de relación de parentesco medio de los animales en activo (AR)	0,785	0.99
Coeficiente de parentesco medio entre los animales en activo (fxy)	0,339	0.96

Estos valores bajos se deben a la introducción periódica de material genético procedente de los cotos de reserva genética que se encuentran distribuidos por todo el país. Estos valores coinciden con Santana *et al.* (2010) quienes informaron que debe ser menor a un 3 %. Además, se corresponde con lo descrito por Abeledo *et al.* (2014) en un estudio precedente en esta misma raza, pero entre los años de 1993 al 2006 y del 2009 al 2013 quienes informaron valores de F igual a 1.74 %, lo que confirma los inferiores niveles de F en la población, aspecto que no afecta, ni muestra pérdida de la variabilidad genética.

En la tabla II se muestran los resultados del análisis de proporciones para los F, en los que se encontró que un 52.33 % (0.95 %) de los animales correspondientes a la población muestran algún grado de consanguinidad.

**Tabla II.** Resultados de proporciones para los Coeficientes de consanguinidad (F). (*Results of proportions for the Coefficient of inbreeding (F)*).

Conceptos	Total	Proporción	F (%)
Población activa	233	100	0,60
Animales con grado de F	122	52.33	0.95
Animales con $F > 3$	18	7.72	3.87

*F* (Coeficiente de consanguinidad)

En este sentido, estos resultados muestran que la media de F de la población activa fue 0.39 %, con una F media para los individuos con más de 3 % de 3.87 %, que representaron el 7.72 % de la población. Valores inferiores a los encontrados por Santana *et al.* (2003) quienes informaron 2.99 % en esta misma raza. Farkas *et al.* (2007) reportaron en sus estudios, coeficientes de endogamia entre 0.50 % y 0.89 % en la raza Landrace Húngaro y cerdos Large White. Sin embargo, Melka y Schenkel (2010) en Canadá en las razas Hampshire y Lacombe publicaron resultados para la población completa y considerando solo los consanguíneos en un 18 % y 12 % respectivamente. La selección de reproductores por AR (tabla III) muestra que de una población de 233 reproductores activos fueron elegidos 209 animales con menor parecido genético entre sí, al ser este una medida que manifiesta la singularidad de un individuo dentro del conjunto de animales a considerar. Por lo que un bajo valor indica el poco emparentamiento entre los animales de la

población; lo que nos permite escoger aquellos reproductores con menor parecido genético o F entre si coincidiendo, lo cual fue planteado por Alfonso (2017).

**Tabla III.** Selección de reproductores por Coeficiente de relación de parentesco medio. (*Selection of breeders by Coefficient of relationship of mean kinship*).

Aspectos	Total	%
Población activa	233	100
Sementales activos	14	6
Reproductoras activos	219	94
Reproductores activos seleccionados	210	90
Sementales activos seleccionados	12	5
Reproductoras activas seleccionadas	198	85
Fiabilidad ( %PC5)		99

El total de reproductoras por semental seleccionados se muestra en la tabla IV. Lo que demuestra que con una población con 210 individuos seleccionados anteriormente bajo los principios de máxima representatividad y mínimo de parentesco. Se pueden retirar el 10 % de los reproductores con valores más altos de F.

**Tabla IV.** Resumen de reproductoras por semental según criterio de Coeficiente de parentesco medio (fxy) (Summary of breeder sows per stud boar according to the criteria of Mean kinship coefficient).

Individuos	Total de reproductoras x semental	% de reproductoras x semental
154289	157	80
155023	187	95
166139	193	98
155815	189	96
156139	195	99
166263	167	85
166277	181	92
166571	177	90
166667	169	86
166649	171	87
166819	187	95
167499	193	98
Promedio	181	
Fiabilidad(DPM)		96

Así mismo, se alcanzó una correspondencia media de 181 reproductoras por semental. Lo que significó que mantener animales con AR bajos, se comparte un porcentaje pequeño de genes con el resto de la población, por lo que será fácil encontrar individuos con los que pueda aparearse sin crear consanguinidad en los futuros reproductores concordando con lo descrito por Goyache *et al.*, (2003).

## CONCLUSIONES

Se evidencio que los índices de endogamia en este rebaño genético criollo cubano fueron bajos.

Se demostró que se puede mantener como estrategia de conservación el criterio de máxima representatividad y mínimo de parentesco.

## BIBLIOGRAFÍA

- Abeledo C., Santana I. & Ly J. 2014. Gestión de 20 años en la conservación del cerdo criollo cubano. *Actas Iberoamericanas de Conservación Animal (AICA)*, 4 (1), 44-46.
- Alfonso L. 2017. Manual GGPob: gestión genética de poblaciones pequeñas. España: UPNA. p. 35.
- ACPA. 2010. Cotos de Reserva Genética [en línea]. La Habana. Disponible en: [www.produccion-animal.com.ar](http://www.produccion-animal.com.ar) [Consulta: 22 abril 2017].
- Cole J.B. 2012. A Manual for use of PyPedal: A software package for pedigree analysis. Animal Improvement Programs Laboratory, Agricultural Research Service, *United States Department of Agriculture*.
- EGP. 2013. Manual de procedimientos para los centros genéticos porcinos. La Habana, EDIPOR 23-26.
- Farkas J., Curik I., Csató L., Csörnyei Z., Baumung R. & Nagy I. 2007. Bayesian inference of inbreeding effects on litter size and gestation length in Hungarian Landrace and Hungarian Large White pigs. *Livestock Science*, 112, 109 - 114.
- GGPob v. 1.0. 2017. Gestión de Genética de Poblaciones Pequeñas. *De Leo Alfonso ETSIA-UPNA*, España.
- Goyache F., Gutiérrez J. & Fernández I. 2003. Pedigree information to monitor genetic variability of endangered populations: The Xalda sheep breed of Asturias as an example. *Journal of Animal Science*, (24), 95-103.
- León E., Guerra D., Diéguez F. & Santana I. 2000. Tendencia de Parámetros Genéticos en un núcleo de cerdos CC21 cubanos. *Revista ANAPORC*, 200, 120-134.
- Melka M. & Schenkel F. 2010. Analysis of genetic diversity in four Canadian swine breeds using pedigree data. *Journal of Animal Science*, 90, 331-340.
- Santana I., Macías M., Ly J., Pires R. & González C. 2003. Valoraciones y proyecciones en torno a la crianza tradicional del cerdo Criollo cubano en zonas de montaña y pre montaña de la provincia de Pinar del Río. En: III Encuentro Latinoamericano de Especialistas en Producción Porcina a Campo Argentina. Argentina: Grupo de Producción Porcina.
- Santana I., Abeledo C., Roque R. & Agüero L. 2010. Variabilidad genética y consanguinidad en un rebaño genético del cerdo criollo cubano [en línea]. IIP. Disponible en: [www.cerdos-consanguinidad.com](http://www.cerdos-consanguinidad.com) [Consulta: 01 marzo 2017].
- Santana I. & Abeledo C. 2015. Impacto del Programa genético cubano en la producción porcina entre los años 1970 y 2013. En: *VI Seminario Internacional Porcicultura 2015*. Cuba: MINAGRI.
- VanRaden P.M. 2005. Inbreeding adjustments and effect on genetic trend estimates. *Interbull Bulletin* 33, 81-84.