

# PARÁMETROS POBLACIONALES EN CERDOS CC21 CUBANOS A PARTIR DE SU INFORMACIÓN GENEALÓGICA

## POPULATION PARAMETERS IN CUBAN CC21 PIGS FROM THEIR GENEALOGICAL INFORMATION

Abeledo C.M.<sup>1\*</sup>, Santana I.<sup>1</sup>, Hernández S.<sup>1</sup>, Acuña N.<sup>2</sup>, Gutiérrez, M.<sup>1</sup>, Brache J.F.<sup>1</sup>, Reyes A.<sup>1</sup>, Camino Y.<sup>1</sup>

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

<sup>2</sup>Empresa Genética Porcina. La Habana, Cuba.

**Keywords:** Breeds; Inbreeding; Genetic; Biodiversity.

**Palabras clave:** Razas; Consanguinidad; Genética; Biodiversidad.

### ABSTRACT

The genealogical records of 24009 pigs (13394 females and 10615 males), born between 1993 and 2013 at the swine genetic nucleus "El Jigüe" were used in order to estimate population parameters for CC21 pigs. The analyzed population parameters were: effective number (Ne), inbreeding coefficient (F), inbreeding rate per generation ( $\Delta F$ ), inbreeding increase per complete generation and generational interval (GI) using the ENDOG Program. The effective number of boars and sows was 83.71. In the seventh generation, the (Ne) reached a value of 95.4. The mean relation average was 7.82 %. The mean F was 3.59 %, with an increase of F by maximum generation of 0.40. The effective size of the base population was 54.62. The father-daughters' way showed the higher GI with 1.98 years. The percent of the relationship mean showed and increment until 9.77 % values with an GI of  $1.88 \pm 0.05$  years. It was observed that having maintained all of the 8 lines and 8 genealogical families, as well as a covering with a coefficient zero or less than 1 % were the main strategies for maintaining low levels of F. It was concluded that the established strategies allow to get a low level of inbreeding in the population parameters despite the condition of closed nucleus.

### RESUMEN

Se utilizaron los registros genealógicos de 24009 individuos de ambos sexos (13394 hembras y 10615 machos), nacidos entre los años 1993 y 2013 y correspondientes al núcleo genético porcino el Jigüe con el objetivo de estimar los parámetros poblacionales de cerdos CC21. Como parámetro poblacional se consideró: número efectivo (Ne), coeficiente consanguinidad (F), tasa de consanguinidad por generación ( $\Delta F$ ), incremento de consanguinidad por generación completa e Intervalo Generacional (IG) los cuales fueron analizados a través del programa ENDOG. Se encontró que el tamaño efectivo de reproductores fue de 83,71. En la séptima generación el Ne alcanzó un valor de 95,4. El promedio de relación media fue de 7,82 %. La F media fue de 3,59 %, con un incremento de la F por generación máxima de 0.40. El tamaño efectivo de la población base fue de 54,62. La vía padre-hijas mostró el mayor IG con 1.98 años. El porcentaje de la media de parentesco presentó un incremento hasta valores de 9,77 % con un IG de  $1,88 \pm 0,05$  años. Se encontró que el mantenimiento de las 8 líneas y 8 familias genealógicas, así como la cubrición a coeficiente 0 % o menor de 1 % han sido las principales estrategias para mantener bajos niveles de F. Se concluye que con las estrategias establecidas los parámetros poblacionales muestran bajo nivel de consanguinidad pese su condición de núcleo cerrado.

### INTRODUCCIÓN

En la conservación y mejora de las poblaciones raciales es importante mantener bajos los niveles de consanguinidad por las consecuencias negativas que esta tiene sobre la productividad y eficiencia general de la explotación (Santana, 2001), máxime cuando se trata de pequeños rebaños o poblaciones cerradas. En tal sentido, la consanguinidad o endogamia se estima en términos de coeficientes calculados a partir del pedigrí

de los individuos. Este mide el aumento de la homocigosis en una población, lo que significa una disminución de la heterocigosis (Spike, 2009) que va aparejada de un incremento de la frecuencia de genes recesivos o deletéreos, siendo estos los principales efectos genéticos, unidos a la reducción de la variabilidad fenotípica dentro de líneas, así como el rendimiento productivo y reproductivo de los animales, fenómeno conocido como depresión consanguínea (Falconer & Mackay 1996). Por tanto, cuanto más cercano sea el parentesco entre dos animales que puedan llegar a aparearse, mayor será el porcentaje de consanguinidad en la progenie resultante (Ralls *et al.*, 2013). Por otra parte, la consanguinidad no afecta todas las características, ni a todas las poblaciones, con la misma intensidad, por lo que se requiere cuantificar sus efectos para casos particulares (Gutiérrez *et al.*, 2008). Para el análisis de estos fenómenos biológicos es importante conocer que el tamaño efectivo de una población ( $N_e$ ) es un parámetro clave en conservación y genética de poblaciones por su relación con la inversa de los incrementos de consanguinidad, las pérdidas de variabilidad genética debidas a deriva genética y sus posibilidades de adaptación a cambios ambientales (Falconer & Mackay, 1996). En este caso, la raza Cubana CC21, se creó con el objetivo de ser empleada como paterna terminal en la producción porcina comercial y cuenta con estatus oficial de raza porcina en Cuba bajo la resolución No PCN-41/96 de la Academia de Ciencias de Cuba y el Ministerio de la Agricultura. En ella se sintetizan las principales ventajas de las razas paternas existentes, como eran: el alto crecimiento del Duroc y el buen contenido magro del Hampshire, unido a un comportamiento reproductivo superior a las mismas (Diéguez *et al.*, 2004). Dadas las propias características del rebaño de fundación, y por su condición de centro núcleo, se hace imprescindible estimar no solo los niveles de endogamia, sino la aplicación de medidas que controlen la consanguinidad a los niveles más bajos posibles, además de mantener una alta variabilidad genética. Por tales motivos, se propone como objetivo de este trabajo estimar los parámetros poblacionales de cerdos CC21 partir de la información genealógica.

## MATERIAL Y MÉTODOS

El estudio se realizó con los registros genealógicos de 24009 cerdos CC21 de ambos sexos (13394 hembras y 10615 machos) que formaron la relación de reproductores del rebaño genético fundador "El Jigüe" entre los años 1993 y 2013. Es de resaltar que en esta población se ha llevado a cabo por más de 40 años la conservación y mejora de este genotipo, además de encontrarse incluida dentro del Programa Nacional de Cruzamiento Porcino (León *et al.*, 2000). Acorde a su función de producir animales de alto valor genético, la unidad cuenta con un plan de 260 cerdas y 26 verracos (EGP, 2013). Además, se ha mantenido bajo el mismo régimen de manejo que los demás centros genéticos porcinos del país, el cual incluye el empleo de la monta directa para las cubriciones, una alimentación a partir de piensos secos con las normas recomendadas por categorías, así como la aplicación de índices de desechos, pruebas de comportamiento en campo y selección (León *et al.*, 2000). Basado en el programa GENETICO para el cálculo del coeficiente de consanguinidad (Hernández & Gerardo, 1989) y a partir de la base de datos (registros genealógicos), se creó un fichero de pedigrí conformado por 24.009 individuos que contienen la identificación de los animales, así como la del padre y la madre de cada uno de ellos. Esta incluyó a todos los animales presentes, tuvieran registros o no. Cuando no se conocía la identificación de alguno de los padres de un animal, ésta se reemplazó con un cero. Como parámetros poblacionales, se calcularon: los promedios de generaciones máximas, completas y equivalentes, la consanguinidad media o endogamia media calculada (F), tamaño efectivo de población base, tasa de consanguinidad por generación ( $\Delta F$ ), porcentaje de individuos consanguíneos, incremento de consanguinidad por generación completa, tamaño efectivo de la población ( $N_e$ ) e Intervalo generacional (IG). Toda la información se analizó mediante el Programa ENDOG, versión 4.8 (Gutiérrez & Goyache, 2005).

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La tabla I muestra los resultados de los principales parámetros poblacionales como indicadores de la variabilidad genética. La F fue de 3,59 %, con un incremento de la consanguinidad por generación máxima de 0.40, valores estos que muestran niveles medios de F, aspecto que puede estar dado por las propias características de la población. Sin embargo, gracias al propio trabajo de manejo desarrollado en el centro,

además de la calidad y control de la información al establecer los planes de apareamiento, estos incrementos no fueron superiores a los obtenidos por Acuña (2016). No obstante, Goyache *et al.* (2003), refieren que el coeficiente de relación media sería un buen indicador para prevenir futuros aumentos de F en una población.

**Tabla I.** Consanguinidad media por generaciones (*Average inbreeding per generation*).

Indicadores	Valores
Promedio del coeficiente de consanguinidad, %	3,59
Tamaño de fundadores efectivos de la población	54,62
Promedio de relación media, %	7,82
Promedio de generaciones máximas, %	12,38
Incremento de la consanguinidad por generación máxima, %	0,40
Tamaño efectivo de reproductores	125,32
Promedio de generaciones completas	4,10
Incremento de la consanguinidad por generación completa, %	0,90
Tamaño efectivo de reproductores	55,72
Promedio de generaciones equivalentes	8,46
Incremento de consanguinidad por generación completa, %	0,60
Tamaño efectivo de reproductores	83,71

Por su parte, el incremento de la F por generación completa fue de 0,90 %, inferior a los recomendados (1%) para este tipo de población cerrada, según Santana & Abeledo (2015) en estudios similares realizados en Cuba y coincidiendo con lo reportado por la FAO (1998) donde, para el mantenimiento y mejora de las poblaciones conservadas, es deseable contar con un  $N_e$  mínimo de 50, equivalente al 1% de  $\Delta F$ . Es importante destacar, que se considera una generación completa cuando se conocen los 2<sup>º</sup> antepasados de un individuo ( $n$  es el número de antepasados conocidos en ascendencia), mientras que las generaciones máximas trazadas hacen alusión al número máximo de éstas que separan a un individuo de su ancestro más lejano (Gutiérrez & Goyache, 2005). En estudios más recientes, Blackburn & Welsh (2010) y Uimari & Tapio (2011) demostraron que la raza Landrace, sometida a altos niveles de apareamiento, presentó una F promedio del 17,9 %, mientras que en las razas Berkshire, Duroc, Yorkshire y Hampshire los promedios fueron de 12,3 %, 11,8 %, 8,0 % y 6,8 % respectivamente, resultados superiores a los encontrados en este estudio. Otros autores como Tang *et al.* (2013) encontraron niveles más bajos de F alrededor de 0,21 %, 0,19 % y 0,13 %, para las razas Duroc, Landrace y Yorkshire, lo cual puede estar dado por el sistema de explotación, pero no como en este genotipo, donde las posibilidades de introducción de nuevos genes que permitan disminuir los niveles de F son nulas.

**Tabla II.** Estadísticos descriptivos para los F (*descriptive stadigraphs for the F*).

Conceptos	Total	Por ciento	F %
Animales en el pedigrí	24009	100	3,59
Animales con grado de F < 3 %	7518	31,31	1,45
Animales con F ≥ 3 %	14536	60,54	5,15
Animales con F > 24 %	12	0,049	26,58
F máximo	1	0,004	30,34

F (Coeficiente de consanguinidad)

En un análisis descriptivo de los F en el rebaño (tabla II), se aprecia que la media de F en la población con todos los animales en el pedigrí fue de 3,59 %, mientras el 31,31 % de los animales con algún grado de F, mostró una F media de 1,45 %. El número de individuos con una F > 3 representó el 60,54 % de la población y solo alcanzó una F de 5,15 %, mientras el 0,004 % de la población constituyó un F máximo de 30,34 %. Estos resultados son superiores a los presentados por Santana *et al.* (1999) en cerdo Criollo cubanos de origen ibéricos quienes publicaron una F de 2,99 %. Farkas *et al.* (2007) a nivel internacional, estimaron que

los F fueron de 0,50 % para la raza Landrace Húngaro y 0,89 % en cerdos Large White, mientras otros valores máximos para la población completa y considerando solo los consanguíneos fueron obtenidos por Melka & Schenkel, (2010) en Canadá, con valores de F entre el 12 % y 18 % para las razas Hampshire y Lacombe. Tanto la F media, como el porcentaje de individuos emparentados se incrementó por generaciones completas como era de esperar (ver tabla III), mientras el Ne fue mayor entre las generaciones 6 y 7, lo que no está asociado con alguna introducción de nuevo material genético, solo el existente en los centros hijos de esta raza (Cienfuegos y la Unión) de los cuales esta unidad conforma la población base y establece el vínculo de sementales de diferentes líneas para mantener la estrategia de un plan de apareamiento con individuos que muestren una F lo más próximo a cero.

**Tabla III.** Consanguinidad media por generaciones completas (*average inbreeding per complete generation*)

Generación	Animales	F media,%	% Individuos Consanguíneos	Media parentesco medio, %	Número efectivo (Ne)
0	240	0			
1	902	0,74	37,80	2,55	67,5
2	2449	1,54	61,41	4,33	61,8
3	4648	2,49	95,78	5,58	52,3
4	5725	3,61	100	6,73	43,4
5	5576	4,63	100	7,92	47,1
6	3396	5,19	100	9,06	85,6
7	987	5,69	100	9,46	95,4
8	83	5,63	100	9,70	
9	3	5,35	100	9,77	

No obstante, la F media no disminuye, sino que tiende a incrementarse de generación en generación, resultados que coinciden con los obtenidos por Gutiérrez & Abeledo (2015). Al respecto Goyache *et al.* (2003), enfatizaron que el Ne es un parámetro que debe ser tomado en cuenta por su relación con la inversa de los incrementos de consanguinidad. En tal sentido, cuando el Ne es alto, muy probablemente se deba a sobrestimaciones, dadas las características del tamaño y formación de la población, según Welsh *et al.* (2010), quienes sugirieron que el Ne para una raza debe mantenerse por encima de 50 animales, lo cual coincide con estos resultados para la primera y segunda generación. Otras referencias sobre el particular se han formulado en rumiantes y, aunque su valor no puede ser comparado en dichos trabajos, se manifiesta la utilidad de dicho indicador en la estimación de la variabilidad genética de las poblaciones estudiadas (Goyache *et al.*, 2003).

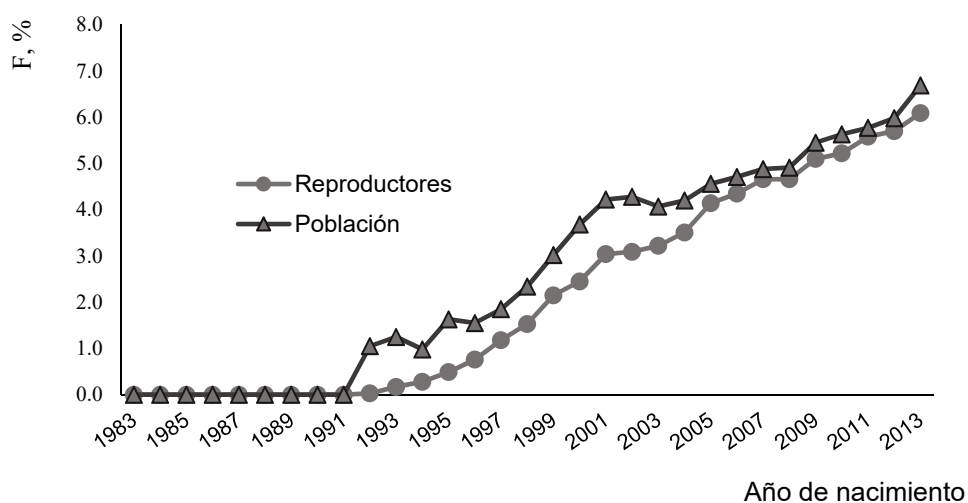
**Tabla IV.** Intervalos generacionales basados en la edad promedio de los padres al nacer sus hijos (*Generation interval obtained based on the average age of the parents at the birth of their selected offspring*).

Vías	Intervalo generacional (IG)			Edad		
	N	media ± EE	DE	N	media ± EE	DE
Padre-hijas	346	1,98 ± 0,07	1,23	8 218	1,71 ± 0,03	0,82
Padre-hijos	1 556	1,92 ± 0,14	0,66	7 798	1,72 ± 0,03	0,75
Madre-hijas	317	1,73 ± 0,08	1,41	8 289	1,87 ± 0,03	1,03
Madre-hijos	1 533	1,90 ± 0,16	0,70	7 851	1,92 ± 0,04	0,84
Total	3 752	1,88 ± 0,05	1,20	32 156	1,80 ± 0,01	0,88

DE (desviación estándar). EE (error estándar). N (tamaño de muestra).

Tanto el IG, como la edad promedio de los padres al nacer los hijos según las cuatro rutas gaméticas (tabla IV) muestran valores que pueden ser considerados como estándar para la especie, ya que estos se enmarcan generalmente de 1,5 hasta 2 años, lo que podría indicar un correcto manejo de los apareamientos hacia el

mayor uso de animales jóvenes como reproductores, además del no uso de sementales por periodos prolongados a través de los años, resultados que coinciden con lo sugerido por Tang *et al.* (2013). Sin embargo, Martínez *et al.* (2008) refieren que el valor medio de esa ruta es afectado en las razas autóctonas y criollas, donde el reemplazo de sementales es rápido debido al reducido número de individuos en las poblaciones. En este sentido, Cervantes (2008) agregó que las pérdidas de diversidad genética se producen a mayor velocidad cuando el IG es corto, lo cual aún no es una problemática en este rebaño a pesar de su condición de núcleo cerrado. En este sentido, según este autor, los menores IG están relacionados con un mayor progreso genético por unidad de tiempo, debido al estricto control del autorreemplazo de sementales, por otros de superior calidad genética, evitando la presencia de animales viejos dentro del rebaño, lo cual es una normativa en Cuba para todos los centros genéticos según la EGP (2013). Cabe aclarar que estos progresos obtenidos no son tan marcados como los obtenidos para otras razas a nivel internacional, dado entre varios aspectos por el mayor número de animales presentados a selección según Abeledo & Santana (2016). Sin embargo, en esta raza, teniendo en cuenta los promedios de los valores genéticos estimados a lo largo de estos años, se encontró un incremento anual de 3,20 g para el peso por edad y un decrecimiento anual de -0,12 mm en la grasa dorsal. La vía padre-hijas mostró un IG de 1,98 años, superior a la vía madre-hijas con 1,73 años, resultados inferiores a los obtenidos por Uimari & Tapio (2011) en cerdos Landrace con 1,93 años para la vía padre-hijas y 1,65 años para la vía madre-hijas, mientras Krupa *et al.* (2014) en la raza Duroc encontró un IG de 1,95 y 1,45 años para las vías padre-hijas y madre-hijas. Resultados similares fueron descritos por Welsh *et al.* (2010) en la línea Checo-grande Blanca con un promedio de 1,97 y 1,75 años para las vías padre-hijos y madre-hijas respectivamente, y el promedio de la población fue de 1,85 años, inferior a los obtenidos en este estudio, de 1,88 años.



**Figura 1.** Niveles de consanguinidad por año (*Levels of consanguinity per year*).

En la figura 1 se ilustra el comportamiento de los F a través de los años. A partir de 1993, se evidenció un incremento lineal de la F media en la medida que transcurrieron los años, tanto en la población completa como en la relacionada con los progenitores, considerando la generación 0 como población base. Por tales motivos desde 1983 hasta 1992 los valores de F son iguales a cero, coincidiendo con lo encontrado por Gutiérrez & Abeledo (2015) y Santana & Abeledo (2015). En una primera etapa el incremento es mínimo hasta el año 1993, seguido de una segunda etapa, donde se alcanzan los niveles más altos de F hasta mediados de 2013, lo que ratifica su condición de población cerrada al no existir introducción de nuevos genes desde su fundación en 1990. Uno de los aspectos que puede estar contribuyendo con estos bajos incrementos de la F en el rebaño, puede estar dado por la estrategia de mantener la existencia de las ocho líneas y familias genealógicas creadas desde su fundación, con el sostenimiento de nunca menos de dos verracos por línea y cinco cerdas por familia, preferiblemente hijos de diferentes padres o madres. Así

mismo el cálculo sistemático del coeficiente de parentesco por año, línea y familia genealógica, a través del sistema de todos contra todos y con apareamiento preferiblemente a coeficiente 0 % o menor de 1%.

## CONCLUSIONES

Se confirman los bajos F de la población, así como se evidencia una sana variabilidad genética a partir de los niveles de consanguinidad del rebaño de cerdos CC21.

El programa de apareamiento realizado en el núcleo en cuestión genera una buena respuesta en el control de la endogamia en una población con bajo Ne, en situación de conservación.

## BIBLIOGRAFÍA

- Abeledo C. M. & Santana I. 2016. Improvement program and conservation of swine genetic resources in Cuba. In: *V Congreso Internacional sobre Mejoramiento Animal*, Hotel Habana Libre, La Habana, Cuba.
- Acuña Naivid. 2016. Evaluación de la variabilidad genética y los niveles de endogamia en el rebaño núcleo CC21 entre los años 2000 y 2014. *Tesis presentada en opción al título Académico de Master en Producción Porcina, mención Genética-Reproducción*, 67.
- Blackburn H.D. & Welsh C.S. 2010. Inbreeding levels in swine: Ramifications for genetic diversity. *The American Livestock Breeds Conservancy* 27, 5-6.
- Cervantes I., Molina A., Goyache F., Gutiérrez J. P., & Valera M. 2008. Population history and genetic variability in the Spanish Arab horse assessed via pedigree analysis. *Livestock Science* 113, 24-33.
- Diéguez F.J., Arias T., Santana I., Trujillo G., Toro Y., Tosar M., Rueda M., Perdígón R., Abeledo C.M., Pérez I. & León E. 2004. Comportamiento productivo de los sementales porcinos en Cuba. *Premio MINAGRI 2004*, 25.
- EGP. 2013. Manual de procedimientos para los centros genéticos porcinos. La Habana, EDIPOR 23-26.
- Falconer D. & Mackay T. 1996. Introduction to Quantitative Genetics. Harlow: Longman.
- FAO. 1998. Secondary guidelines for development of national farm animal genetic resources management plans: management of small populations at risk. FAO, Rome, Italy 219.
- 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.
- 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.
- Gutiérrez M. & Abeledo C.M. 2015. Estudio de la variabilidad genética en un rebaño de cerdas CC21. In: *V Congreso Internacional de Producción Animal Tropical 2015*. La Habana. Cuba.
- Gutiérrez J.P., Cervantes I., Molina A., Valera M., Goyache, F. 2008. Individual increase in inbreeding allows estimating realized effective sizes from pedigrees. *Genetic Selection Evolution* 40, 359-378.
- Gutiérrez J. & Goyache F. 2005. A note on ENDOG: a computer program for analyzing pedigree information. *Journal Animal Breeding Genetic* 122, 172-176.
- Hernández A. & Gerardo Lourdes. 1989. GENETICO. Un programa de cálculo para Centros Genéticos. In: *Fórum ANIR IIP R 1:2*.
- Krupa E., Žáková E. & Krupová Z. 2014. Evaluación de la endogamia y la variabilidad genética de las Cinco Razas cerdo en la República Checa.
- León E., Guerra D., Diéguez F.J. & Santana I. 2000. Tendencia de Parámetros Genéticos en un núcleo de cerdos CC21 Cubanos. *Revista ANAPORC* 200,120-134.
- Martínez R. A., García D., Gallego J. L., Onofre G., Pérez J. & Cañón J. 2008. Genetic variability in Colombian Creole cattle populations estimated by pedigree information. *Journal of Animal Science* 86, 545-552.
- Melka M.G. & Schenkel F. 2010. Analysis of genetic diversity in four Canadian swine breeds using pedigree data. *Canadian Journal of Animal Science* 90, 31-340.
- Ralls K., Frankham R. & Ballou J. 2013. Inbreeding and Outbreeding. *Encyclopedia of Biodiversity* 2. Ed. Oxford, UK.
- Santana I. & Abeledo C.M. 2015. Impacto del Programa genético cubano en la producción porcina entre los años 1970 y 2013. In: *VI Seminario Internacional Porcicultura 2015*. La Habana. Cuba. ISBN 978-959-7208-24-2.
- Santana I. 2001. Conservación y mejora del cerdo Criollo cubano. *Revista Computadorizada de Producción Porcina* 8(1), 5-22
- Santana I., Trujillo G. & Agüero L. 1999. Análisis de la consanguinidad y la estructura genealógica en un rebaño de cerdos Criollo. *Revista Computadorizada de Producción Porcina* 6(1), 8-12.

- Spike P. 2009. Applied Animal Breeding. Laboratory Manual. 1ra ed. Iowa: Animal Science Department. Iowa State University. 268 p.
- Tang G.Q., Xue J., Lian M.J., Yang R.F., Liu T.F., Zeng Z.Y., Jiang A.A., Jiang Y.Z., Zhu L., Bai L., Wang Z. & Li X.W. 2013. Inbreeding and genetic diversity in three imported swine breeds in china using pedigree data. Asian Australas. *Journal of Animal Science* 26, 755–765.
- Uimari P. & Tapio, M. 2011. Extent of linkage disequilibrium and effective population size in Finnish Landrace and Finnish Yorkshire pig breeds. *Animal Science*. Mar 89 (3), 609-14.
- Welsh C.S., Stewart T.S., Schwab C. & Blackburn H.D. 2010. Pedigree analysis of 5 swine breeds in the United States and the implications for genetic conservation. *Journal of Animal Science* 88, 1610–1618.