

ANÁLISIS DE LA INFORMACIÓN GENEALÓGICA EN LAS UNIDADES GENÉTICAS DE CERDOS CC21 CUBANOS

ANALYSIS OF THE GENEALOGIC INFORMATION IN THE GENETIC UNITS OF CC21 CUBAN PIGS

Abeledo C.M.^{1*}, Reyes A.¹, Hernández S.¹, Santana I.¹, Acuña N.², Camino Y.¹

¹Departamento de Genética, Instituto de Investigaciones Porcinas, La Habana, Cuba: *cabeledo@iip.co.cu.

²Empresa Genética Porcina, La Habana, Cuba.

Keywords: Inbreeding; Porcine; Variability; Population.

Palabras clave: Consanguinidad; Porcino; Variabilidad; Población.

ABSTRACT

A total of 43.639 pedigree records of CC21 (Cuban synthetic breed) pigs of both sexes, born between 1993 and 2016 were analyzed in order to analyze the genealogic information from them. These were from El Jigüe (27978), Cienfuegos (7730) and La Unión (7931) in Cuba. The following parameters were computed using the ENDOG program: coefficient of inbreeding (F); average F per maximum and complete generations, equivalent to discrete generations, effective size (Ne), increase in inbreeding per maximum, complete and equivalent generations; and generation interval (GI). Variation in F per year, herd and gender was assessed by fitting a generalized mixed linear model using the GLIMMIX procedure of SAS/STAT. The mean F for the whole population was 2.81%, with an increase of F per maximum and complete generation of 0.16% and 0.93% respectively. Mean average relationship was 5.80%, and the Ne computed for the individuals used as breeders was 53.81. The herd and year of birth influenced the F significantly ($P < 0.001$), unlike the gender. Mean F in El Jigüe, Cienfuegos and La Unión were 3.49, 1.50 and 1.65 %, respectively. The F of the breeders was statistically lower than the ones of the whole population, showing differences ($p < 0.01$). The average GI was 1.87 years. The father-son and father-daughter pathways showed values of 1.73 and 1.75 years, respectively. Overall, the estimated values of F for the whole population of CC21 pigs in the three units analyzed were considered to be low. The individuals selected for reproduction had lower mean F than the whole population analyzed in the three genetic units.

RESUMEN

Se utilizaron 43.639 registros de cerdos CC21 (Raza sintética cubana) de ambos sexos, nacidos entre los años 1993 y 2016, correspondientes a las unidades el Jigüe (27978), Cienfuegos (7730) y la Unión (7931), con el objetivo de analizar la información genealógica de estos centros. Se calcularon los siguientes parámetros: coeficiente de consanguinidad (F), promedio por generaciones máximas, completas y equivalentes a generaciones discretas, tamaño efectivo (Ne), incremento de consanguinidad por generación máxima, completa y equivalente, así como el intervalo generacional (IG) utilizando el programa ENDOG. Se realizó un análisis de F por año, rebaño y sexo ajustando un modelo lineal generalizado mixto con ayuda del procedimiento GLIMMIX del SAS/STAT. La media de F en la población completa fue de 2,81 %, con un

incremento por generación máxima de 0,16 % y completa de 0,93 %. La relación media fue de 5,80 %, con un N_e de los animales utilizados como reproductores de 53,81. El rebaño y año de nacimiento influenciaron significativamente F ($P < 0.001$), no así el sexo. Los centros de El Jigüe, Cienfuegos y la Unión mostraron valores medios de F de 3,49, 1,50 y 1,65 % respectivamente. Los F de los individuos reproductores fue menor que la población completa mostrando diferencias ($p < 0.01$). El IG promedio fue de 1.87 años, las vías padre-hijo y padre-hija mostraron valores de 1,73 y 1,75 años, respectivamente. Se concluye que los F estimados para la población de cerdos CC21 para los tres centros fueron bajos. Los individuos reproductores mostraron los F más bajos con respecto a la población completa en las tres unidades genéticas de cerdos CC21.

INTRODUCCIÓN

Es conocido que en la conservación y mejora de poblaciones ganaderas es preciso mantener el máximo de variabilidad genética, minimizando el incremento de la consanguinidad (Guest, 2008). Esta aparece como una consecuencia derivada de la cría ganadera en poblaciones cerradas con un número pequeño de reproductores y pudiera afectar el rendimiento de los mismos, sobre todo los caracteres reproductivos y de adaptabilidad, que usualmente son los más sensibles. Los incrementos en la tasa de consanguinidad pueden conllevar depresión consanguínea (Carrillo *et al.*, 2010).

La raza sintética porcina CC21 se creó en Cuba a partir de las razas Duroc y Hampshire con el objetivo de ser empleada como línea paterna terminal en producción comercial. La población CC21 sintetiza las principales ventajas de las razas de que deriva (Diéguez 2002): alto crecimiento del Duroc y buen contenido magro del Hampshire. Y a su vez presenta un comportamiento reproductivo superior a las mismas (Diéguez *et al.*, 2004).

La cría en núcleo cerrado de la población de cerdos CC21 hace imprescindible la aplicación de medidas que controlen la consanguinidad a los niveles más bajos posibles, procurando mantener además una alta variabilidad genética. Teniendo presente lo anteriormente descrito, se propone como objetivo evaluar los niveles de endogamia en las unidades genéticas de cerdos de cerdos CC21 Cubanos.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se utilizaron los registros genealógicos de 43.639 cerdos CC21 de ambos sexos nacidos entre los años 1993 y 2016 correspondientes a las unidades El Jigüe (27978), Cienfuegos (7730) y La unión (7931) que formaron la relación de reproductores de los rebaños genéticos de esta raza y que no contenían los datos de los animales de las poblaciones parentales Duroc y Hampshire utilizados en la creación de la población sintética de estos cerdos. Es de resaltar que, en esta población, se ha llevado a cabo por más de 40 años la conservación y mejora de este genotipo. Estos tres centros se han mantenido bajo medidas de manejo similares a las aplicadas en los restantes centros genéticos del país. Estas medidas incluyen 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 según la Empresa Genética Porcina (2013).

Se calcularon los parámetros poblacionales: promedio del coeficiente de consanguinidad (F), promedios de generaciones máximas, completas y equivalentes, tamaño efectivo (N_e) de población base, incremento de consanguinidad por generación máxima, completa y equivalente, así como el intervalo generacional (IG). Toda la información genealógica fue analizada a través del programa ENDOG, versión 4.8 (Gutiérrez & Goyache, 2005). Se evaluó los F individuales

obtenidos a partir de las salidas del fichero (MiDef) por rebaño, sexo y año de nacimiento, estos tres últimos consideradas como variables independientes, las cuales se incluyeron como efectos fijos dentro del modelo. Para el procesamiento estadístico se utilizó un modelo lineal generalizado mixto según Wolfinger y O'Connell (1993), con ayuda del procedimiento GLIMMIX del SAS v. 9.3 (2013), como se muestra a continuación.

$$y_{ijklm} = \mu + R_i + I(R_i)_j + A_k + S_l + e_{ijklm}$$

Donde: y_{ijkl} : fue la f (μ) del valor esperado para el F según la función de enlace, μ : la media general, R_i : es el efecto fijo del i -ésimo rebaño, I_j el efecto aleatorio del j -ésimo individuo anidado al i -ésimo rebaño, A_k el efecto fijo del k -ésimo año de nacimiento, S_l el efecto fijo del l -ésimo sexo y e_{ijkl} error aleatorio debido a cada observación $NID \sim (0, s^2e)$. Una vez procesados los datos, y en caso de existir diferencia entre las medias, se aplicó la dócima de Tukey-Kramer (Kramer 1956), para la comparación múltiple de las medias de los mínimos cuadrados.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La tabla I muestra los resultados de los principales parámetros indicadores de la variabilidad genética, así como el coeficiente de consanguinidad medio por generación máxima y completa. La F fue de 2.81 % con un incremento de la consanguinidad por generación máxima de 0,16, valores estos que muestran niveles medios de la consanguinidad del rebaño, aspecto que puede estar dado por las propias características de la población que fueron descritas por Abeledo *et al.* (2017).

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

Indicadores	Valores
Número de animales	43.639
Promedio del coeficiente de Consanguinidad, %	2,81
Promedio de relación media, %	5,80
Promedio de generaciones máximas, %	14,49
Incremento de la consanguinidad por generación máxima, %	0,16
Tamaño de fundadores efectiva de la población	303,09
Promedio de generaciones completas	2,77
Incremento de la consanguinidad por generación completa, %	0,93
Tamaño efectivo de reproductores	53,81
Promedio de generaciones equivalentes	8,00
Incremento de consanguinidad por generación equivalente, %	0,56
Tamaño efectivo de reproductores	88,51

Por su parte, el trabajo de manejo desarrollado en estos centros, además de la calidad de la información y su control a la hora de establecer los planes de apareamiento, han permitido que estos incrementos no fueran superiores, lo cual coincide con lo descrito por Acuña (2016) en un estudio realizado en esta raza.

Los porcentos de F obtenidos, fueron inferiores a los referidos por Santana *et al.* (2012) y la Empresa Genética Porcina (2013), quienes consideran hasta un 3 %. Diéguez *et al.* (1996) agregaron que, en esta especie, aunque se ha fijado un 3 % a nivel nacional, no existe un valor límite como lo establecido para bovino de carne por Gallego *et al.* (2006) con un 5 %. No obstante, cabe destacar que la consanguinidad acumulada en un número grande de generaciones

no tiene porqué producir depresión consanguínea. Tal es el caso de situaciones en que ocurre o no depresión consanguínea con diferentes niveles de consanguinidad o incrementos de esta. Al respecto, Hubbard *et al.* (1988) investigaron la consanguinidad de las razas Duroc y Hampshire, encontrando que el 17 y 12 % respectivamente de los individuos eran consanguíneos, con una media general de 1.0 y 0.7 % para ambas razas. Norberg & Sorensen (2007) demostraron que con incrementos del 10 % del coeficiente de consanguinidad se afectaban los caracteres de peso al nacimiento y tamaño de camada. Otros estudios realizados por Blackburn & Welsh (2010) en cerdos Landrace, sometidas a altos niveles de cruzamiento, presentaron un 17,9 % de F, mientras que en las razas Berkshire, Duroc, Yorkshire y Hampshire los valores fueron de 12.3, 11.8, 8.0 y 6.8 % inferior a lo reportado por Tang *et al.* (2013) en cerdos Duroc, Landrace y Yorkshire de origen chino que presentaron endogamias de 0.21, 0.19 y 0.13 %.

Santana *et al.* (2013) y Acuña *et al.* (2015) agregaron que estos valores de F obtenidos en esta población, están dados por la estrategia de mantener la existencia de una buena estructura familiar en la población conformada por las ocho líneas y familias genealógicas creadas desde su fundación, así como garantizar nunca menos de 2 verracos por línea y 5 cerdas por familia, preferiblemente hijos de diferentes padres o madres, y la estimación mensual de los coeficientes de consanguinidad (o de parentesco entre las parejas a aparear).

Por su parte, el incremento de la F por generación completa fue de 0.93 %, inferiores al 1 % recomendado por Santana y Abeledo (2015) para este tipo de poblaciones cerradas en estudios 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 ΔF .

Es importante destacar, que se considera una generación completa cuando se conocen los 2n antepasados de un individuo, 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). Por otra parte, autores como Duchev *et al.* (2006) y Falconer & McKay (2006) refieren que entre los parámetros genéticos cuya variación se puede estudiar mediante herramientas genealógicas se destaca el tamaño efectivo de la población (N_e). Este es un parámetro clave en conservación y genética de poblaciones dada 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.

La tabla II muestra los resultados del análisis de varianza para el F que, como se puede apreciar, muestran diferencias con una probabilidad de ($P < 0.001$) para los efectos del rebaño y el año de nacimiento, no así para el sexo. Resultados superiores fueron obtenidos por Acuña (2016) y Abeledo *et al.* (2016) quienes evidenciaron en un estudio similar, pero solo en la unidad El Jigüe una media para la F de 3.26 %.

Tabla II. Resultado del análisis de varianza (*Results of the variance analysis*).

Fuente	GL	Pr > F
Rebaño	2	<,0001
Año de nacimiento	7	<,0001
Sexo	1	0,1789
Media		3,01

GL: Grados de libertad, *** ($p < 0.001$).

Los niveles de F por rebaño (ver tabla III), muestran los valores más altos de F con 3.49 % para la unidad El Jigüe, con respecto a la unidad Cienfuegos 1.50 % y la Unión 1.65 %.

Tabla III. Niveles de F por rebaño (Levels of F per herd).

Rebaño	No	Media
Jigüe	27.978	3,49 ^a ± 0,04
Cienfuegos	7.730	1,50 ^b ± 0,26
Unión	7.931	1,65 ^b ± 0,38

La figura 1 muestra las estimas de los F para los individuos reproductores y población completa correspondiente a cada uno de los rebaños.

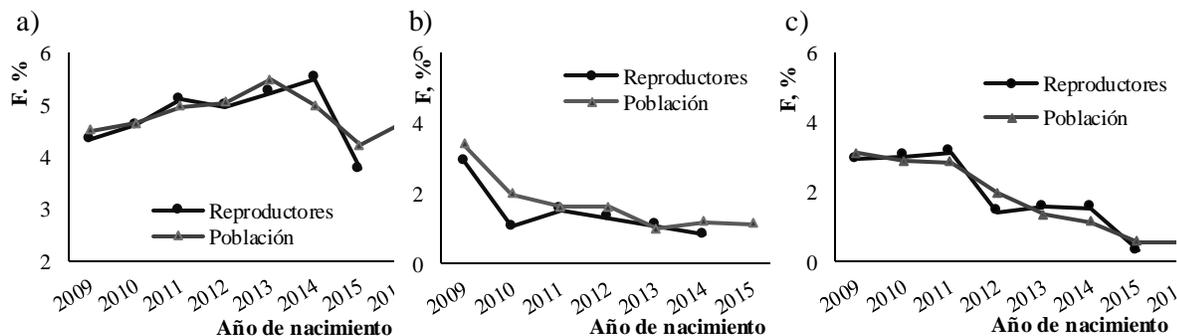


Figura 1. a) F por año de nacimiento para El Jigüe; b) F por año de nacimiento para la unidad Cienfuegos; c) F por año de nacimiento para la Unión (a) *F per year of birth for “El Jigüe” unit;* b) *F per year of birth for “Cienfuegos” unit);* c) *F per year of birth for “La Unión” unit).*

Como se puede observar, las estimas para los individuos reproductores y población completa mostraron diferencias significativas con los valores más bajos para los individuos reproductores que son dejados en los centros, lo cual puede estar dado no solo por la política de cubrir preferiblemente a coeficiente 0 % o menor de 1% y en caso extremo no mayor del 3%, sino por la existencia de todas y cada una de las 8 líneas y las 8 familias establecidas por la Empresa Genética Porcina (2013). Resultados similares sobre la estrategia fueron descritos por Acuña *et al.* (2015) quien agregó que los bajos niveles de F en esta raza pueden estar dados por el estricto control de la F, basado en el cálculo sistemático del coeficiente de parentesco por año, línea y familia, a través del sistema de todos contra todos y con apareamiento preferiblemente a coeficiente 0 %.

La tabla IV muestra los resultados del IG, así como la edad promedio de los padres al nacer los hijos según las cuatro rutas genéticas que expresan valores dentro del rango 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 coincidiendo con lo publicado por Tang *et al.* (2013). 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. Referido a la edad promedio de los padres al nacer sus hijos, las vías padre-hijas y padre-hijo mostraron las menores edades en comparación con las vías madre-hija, madre-hijo para los dos centros hijos de esta raza, resultados que coinciden con lo publicado por Abeledo *et al.* (2017) en esta misma raza en la unidad El Jigüe. El IG y la edad promedio entre los dos centros mostraron valores muy similares, lo que demuestra la gran estabilidad del trabajo genealógico,

donde la preparación constante de los especialistas y recursos humanos han sido la clave del éxito.

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

Vías	Cienfuegos				La Unión			
	IG		Edad		IG		Edad	
	N	media \pm EE	N	media \pm EE	N	media \pm EE	N	media \pm EE
Padre-hijas	40	1,78 \pm 0,49	2857	1,82 \pm 0,50	26	1,77 \pm 0,43	1932	1,74 \pm 0,40
Padre-hijos	226	1,85 \pm 0,49	2249	1,84 \pm 0,51	136	1,70 \pm 0,35	1436	1,72 \pm 0,39
Madre-hijas	18	1,68 \pm 0,77	2088	1,83 \pm 0,73	24	1,71 \pm 0,83	1908	1,96 \pm 0,78
Madre-hijos	150	1,70 \pm 0,74	1671	1,84 \pm 0,73	127	1,81 \pm 0,75	1497	1,94 \pm 0,77
Total	434	1,76 \pm 0,60	8865	1,83 \pm 0,62	309	1,75 \pm 0,59	6773	1,83 \pm 0,63

IG (Intervalo generacional, EE (error estándar). N (tamaño de muestra).

CONCLUSIONES

El coeficiente de consanguinidad estimado para la población de cerdos CC21 integrada por los tres centros evidencia un buen mantenimiento de la variabilidad genética.

Los individuos reproductores mostraron los niveles de endogamia más bajos con respecto a la población completa de las tres unidades genéticas de cerdos CC21.

BIBLIOGRAFÍA

- Abeledo C.M.; Santana Isabel.; Hernández Sonia.; Acuña Naivit.; Gutiérrez, M. & Brache Felicia. 2016. Parámetros poblacionales en cerdos CC21 cubanos a partir de su información genealógica. *Revista Computadorizada de Producción Porcina. Memorias del Simposio Internacional de Conservación de recursos Zoogenéticos*.
- Abeledo C.M.; Santana Isabel.; Hernández Sonia.; Acuña Naivit.; Gutiérrez, M.; Brache Felicia., Reyes A. & Camino Yusimy. 2017. Parámetros poblacionales en cerdos CC21 cubanos a partir de su información genealógica. *Actas Iberoamericanas de Conservación Animal* 9, 122-128.
- Acuña Naivit. 2016. Estimación de los niveles de endogamia en cerdos CC21 entre los años 2000 y 2014. Tesis presentada en opción al título Académico de Máster en Producción Porcina, mención Genética-Reproducción. 65 p.
- Acuña Naivid.; Abeledo C.M.; Santana Isabel.; Hernández Sonia.; Brache Felicia.; Gutiérrez M.; Ordaz J.; Castillo F. & H. Oliva 2015. Evaluación de los niveles de consanguinidad por año, línea y familia genealógica en la unidad genética el Jigüe. *VI Seminario Internacional Porcicultura 2015*. Memorias. ISBN 978-959-7208-24-2.
- Blackburn H.D. & Welsh C.S. 2010. Inbreeding levels in swine: Ramifications for genetic diversity. *The American Livestock Breeds Conservancy* 27:5-6.
- Carrillo J. & Siewerdt, F. 2010. Consequences of long – term inbreeding accumulation on pre weaning traits in a closed nucleus Angus herd. *Journal of Animal Science* 88, 87 – 95.
- 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. 2002. Algunos aspectos sobre el programa de cruzamientos del ganado porcino en Cuba. En: *XVIII Congreso Panamericano de Ciencias Veterinarias. Simposio*, 5 p. Ciudad de la Habana. Cuba.

- Diéguez F.J.; Arias T.; Santana I.; Trujillo G.; Toro Y.; Tosar M.; Rueda M.; Perdigón R.; Abeledo C.M.; Pérez I. & León E. 2004. Comportamiento productivo de los sementales porcinos en Cuba. Premio Ministerio de la Agricultura MINAG 25 p.
- Diéguez F. J.; Trujillo G.; Santana Isabel. & Arias T. 1996. Programas de cruzamientos del ganado porcino en Cuba. *ANAPOR* 154, 114-119.
- Duchev Z., Distl O. & Groeneveld E. 2006. Early warning system for loss of diversity in European livestock breeds. *Archiv.Anim. Breed.*, 49: 521-531.
- Empresa Genética Porcina 2013. Manual de procedimientos técnicos para los centros genéticos porcinos. Grupo de producción porcina. Empresa Genética Porcina. La Habana, Cuba: Ediciones. CIMA. ISBN: 978-959-7198-02-4. 74.
- Falconer D.S. & McKay T.F.C. 2006. *Introduction to Quantitative Genetics*, Longman, Harlow. V Edition.
- FAO 1998. Secondary guidelines for development of national farm animal genetic resources management plans: management of small populations at risk. FAO, Rome, Italy 219.
- Gallego J., Martínez R. & Moreno F. 2006. Índice de consanguinidad y caracterización fenotípica y genética de la raza bovina criolla Blanco Orejinegro. *Revista Corpoica* 7(1), 16-24.
- Guest B. 2008. Consanguinidad en bovinos. *Revista Angus*. 241, 54-44.
- Gutiérrez J. P. & Goyache, F. 2005. A note on ENDOG v4.8: a computer program for analysing pedigree information. *J. Anim. Breed. Genet.* 122, 172-176.
- Hubbard D. J., Kennedy B. W., Southood O. I. 1988. Inbreeding in Ontario purebred swine. In Center for Genetic. *Improvement of livestock*. Annual Research Report. 25 p.
- Kramer C. 1956. Extension of multiple range tests to group means with unequal numbers of replications. 307-310. Informe de investigación 12. USA: *Biometrics*.
- Norberg E. & Sorensen, A. 2007. Inbreeding trend and inbreeding depression in the Danish populations of Texel, Shropshire, and Oxford Down. *Journal of Animal Science* 85, 299 – 304.
- Santana Isabel. & 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 Isabel.; Abeledo C.M.; Diéguez F. & Gutiérrez, M. 2012. Programa de cruzamiento en la porcicultura cubana. *Boletín Técnico Porcino*. 18. abril. ISSN: 2077-4745.
- Santana Isabel.; Diéguez F.J.; Abeledo C.M.; Perdigón R.J.; Hernández Sonia.; Naivid Acuña.; Acosta M.J. & Gutiérrez M. 2013. La raza cubana CC21 y su empleo en la producción porcina de Cuba. *Revista Computadorizada de Producción Porcina*, 20 (4), 183-191.
- 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.
- SAS. 2013. SAS User's guide: Statistics. Version 9.1.3. De. SAS Institute. INC, Cary, N.C., USA.
- Wolfinger R. & Oconnell M. 1993. Generalized linear models: a pseudo-likelihood approach. *J. Statist. Computo Simul*, 48 (2), 233-243.