

# ESTIMACIÓN DE LOS NIVELES DE ENDOGAMIA EN EL CENTRO GENÉTICO NÚCLEO DEL CERDO CRIOLLO CUBANO. ANÁLISIS DEL PERÍODO 2007-2015

ESTIMATION OF THE INBREEDING LEVELS IN THE NUCLEUS GENETIC HERD OF CUBAN CRIOLLO PIG. ANALYSIS IN THE 2007-2015 PERIOD

Santana I.M.\* , Abeledo C.M., Sánchez N.

Grupo de Genética, Instituto de Investigaciones Porcinas, La Habana. Cuba. \*isantana@iip.co.cu.

---

**Keywords:** Inbreeding; Genetic variability; Cuban criollo pigs.

**Palabras clave:** Endogamia; Variabilidad genética; Cerdo Criollo cubano.

---

## ABSTRACT

Aimed at keeping the control on the levels of endogamy (F) in the genetic nucleus of Cuban criollo pigs, there was used the pedigree file of the 2007-2015 period. It was conformed by 561 individuals (119 males and 442 females, distributed into 12 lines and 10 genealogic families). The analysis was conducted by means of the ENDOG Program, version 4.8. There were calculated per complete generation: the effective size of the base population; the expected endogamy according to the representation of the founders, %; calculated average endogamy, %; average of complete generations; increase of inbreeding per complete generation ( $\Delta F$ ), %; and generation interval. It was conducted a descriptive statistical analysis to determine the proportions of individuals with different degrees of F, and it was applied a variance analysis by means of the PROC MIXED of SAS, version 9.3. The individual was considered to the random effect, and the fixed effects were gender, year of birth, line and family. Average F and rate of endogamy ( $\Delta F$ ) per complete generation were low: 0,39 and 0,92 %. The analysis of ancestors showed an effective size of the founders' population of 95,45, conformed by 21,14 % of males and 78,86 % of females. The generation interval showed a high average of 2.16 years, superior for the mother-daughter (son) way, compared to the father-daughter (son). Year of birth and sire line were the only significant effects. The levels of endogamy were low, with no danger of narrowing the parentage window, given the high opening of genealogic lines and families. This aspect must be followed and it demands a deeper study for a longer period

---

## RESUMEN

Encaminado a mantener el control de los niveles de endogamia (F) en el núcleo genético del cerdo Criollo cubano, se utilizó el fichero pedigrí del período 2007-2015, integrado por 561 individuos, 119 machos y 442 hembras, distribuidos en 12 líneas y 10 familias genealógicas. El análisis se efectuó a través del Programa ENDOG, versión 4.8, calculándose por generación completa: el tamaño efectivo de la población base; endogamia esperada según representación de fundadores, %; endogamia media calculada, %; promedio de generaciones completas; incremento de consanguinidad por generación completa ( $\Delta F$ ), %; y el intervalo generacional. Se realizó un análisis estadístico descriptivo para determinar las proporciones de individuos con diferentes grados de F y se aplicó un análisis de varianza a través del PROC MIXED del SAS, versión 9.3, siendo el individuo efecto aleatorio y efectos fijos el sexo, año de nacimiento, línea y familia. La F media y la tasa de endogamia ( $\Delta F$ ) por generación completa fueron bajas: 0,39 y 0,92 %. El análisis de los ancestros, mostró un tamaño efectivo de población de fundadores de 95,45 e integrado por 21,14 % de machos y 78,86 % de hembras. El intervalo generacional mostró una media alta de 2.16 años, superior en las vías madre hija(o) con respecto a padre hijo(a) Sólo fueron significativos los efectos año de nacimiento y línea paterna. Se mantienen bajos los niveles de endogamia sin peligro de estrechamiento del parentesco, dada la alta apertura de líneas y familias genealógicas, aspecto que debe profundizarse y cuidar en un período más prolongado.

---

## INTRODUCCIÓN

El programa de conservación de una raza en peligro de extinción debe considerar como punto de partida y elemento fundamental la formación y mantenimiento de poblaciones de pureza (Santana, 2013). Con más de 20 años de desarrollo, el Programa del Cerdo Criollo Cubano Patrimonio Zoogenético Nacional ha seguido este principio, con sus particularidades, a saber: el mantenimiento de un rebaño genético “certificado”, además de pequeños cotos de reserva genética (CRG) dispersos en todo el país. Esto ha requerido un complejo trabajo de reemplazo e intercambio de reproductores para conjurar los peligros del estrechamiento del parentesco (Abeledo *et al.*, 2014).

Las poblaciones criollas puras cubanas, relativamente pequeñas y vinculadas al sector campesino y la crianza natural, confrontan el estrechamiento del parentesco y los peligros de la endogamia, y en éstas se ha aplicado la política de control de la endogamia bajo un plan empírico de apareamiento de mínimo parentesco, asumiendo como poblaciones “no consanguíneas” aquellas en las que no hay aparición de defectos hereditarios o disminución de los indicadores (Vanwyk *et al.*, 2009). Esto es igualmente válido para el centro genético ubicado en el sector estatal (Diéguez y Roque, 2012), único grupo genético certificado en Cuba y punto de partida del programa del cerdo criollo. Contribuir a su conservación a través del monitoreo sistemático de los niveles de endogamia y adecuada variabilidad genética es el objetivo del presente estudio.

## MATERIALES Y MÉTODOS

El estudio se realizó en el centro genético Criollo "San Pedro", que pertenece a la Empresa Nacional Genética Porcina y está ubicado en la occidental provincia de Artemisa. Con una masa promedio de 130 reproductoras, en éste se emplea el mismo régimen de manejo de los rebaños genéticos porcinos en Cuba, es decir: condiciones estabuladas, alimentación basada en concentrados, monta directa para las cubriciones y prueba de comportamiento en campo, de acuerdo al Manual de Procedimientos Técnicos para los Centros Genéticos Porcinos en Cuba (EGP, 2013), que incluye algunas particularidades para esta raza, como son indicadores productivos propios y el uso de áreas de pastoreo para las cerdas gestantes.

Para el presente estudio se utilizaron los registros genealógicos de 842 individuos de ambos sexos que integraron la plantilla de reproductores entre los años 2007 y 2015. De los individuos utilizados inicialmente se descartaron 281 por problemas genealógicos, y al final el fichero pedigrí quedó conformado por 561 individuos, de ellos 119 machos y 442 hembras. Estos a su vez se encontraban distribuidos en 12 líneas y 10 familias genealógicas, que correspondieron a grupos filiales de padres y madres, respectivamente.

El análisis se efectuó a través del Programa ENDOG, versión 4.8 (Gutiérrez y Goyache, 2005). Se calcularon por generación completa los indicadores: tamaño efectivo de la población base (población de fundadores); endogamia esperada según representación de fundadores, %; endogamia media calculada, %; promedio de generaciones completas; incremento de consanguinidad por generación completa ( $\Delta F$ ), %; y el intervalo generacional.

Con el objetivo de profundizar en el comportamiento de los coeficientes de consanguinidad (F) y la influencia en los mismos de determinados efectos, se realizó además un análisis estadístico descriptivo para determinar las proporciones de individuos con algún grado de F por encima del 3 % y del 15 % de consanguinidad, y se aplicó un análisis de varianza a través del PROC MIXED del SAS, versión 9.3 (SAS, 2013), donde el individuo fue el efecto aleatorio y el sexo, año de nacimiento, línea y familia los efectos fijos.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El resumen de la endogamia media por generaciones completas se presenta en la tabla I. El tamaño efectivo de la población de fundadores ( $N_e$ ) fue 95.45, de ellos 54,06 ancestros que dieron origen a la población de referencia, con lo señalado por FAO, (2010) e igualmente resultan bajas la endogamia media obtenida (0,39 %), ya la tasa de endogamia ( $\Delta F = 0.92\%$ ) por generación completa. Estos parámetros son inferiores a los obtenidos por Santana *et al.* (2006) y Abeledo *et al.* (2014) en un estudio anterior en este mismo centro rebaño. Estos autores encontraron valores de F de 1.74 %, con una  $\Delta F$  de 1.42 % por generación completa entre los años 1993 y 2006 (4978 cerdos) y 2009 al 2013 (2357 cerdos), lo que demuestra que, en el período

estudiado, los niveles de endogamia son bajos y no hay pérdida importante de variabilidad genética en esta población. Así mismo, Casellas *et al.* (2011) en la raza Landrace y Yorkshire obtuvieron valores de F igual a 1.2 y 1.4 %, respectivamente. La endogamia media obtenida en este estudio (0.39 %) resulta inferior al 3 %, recomendado en Cuba para los rebaños criollos de los cotos de reserva genética (Santana, 2010), lo que está dado por la introducción periódica en este rebaño de nuevos sementales y reproductoras, en la mayoría de los casos no tienen ningún parentesco y procedentes de poblaciones no mejoradas de los CRG y criadores independientes.

**Tabla I.** Resumen de la consanguinidad media por generaciones completas (*Summary of average inbreeding per complete generations*).

Indicadores	Valores
Número total de animales	561
Población base (al menos un padre desconocido)	234
Población base actual (un solo padre conocido medio fundador)	194.0
Tamaño efectivo de la población base (población de fundadores)	95.45
Endogamia esperada según representación de fundadores, %	0.52
Consanguinidad media o endogamia media, %	0.39
Promedio de generaciones completas	0.73
Incremento de consanguinidad por generación completa, %	0.92

Los estadísticos descriptivos para los F, (tabla II) muestran que el 3.92 % de los animales de esta población exhibieron algún grado de consanguinidad ( $F = 10.38$  %), mientras que el F máximo fue 25 % (1.78 % de la población). Se confirmó que la F media de la población fue 0.39 %, y en los individuos con más de 3 % fue 12.50 %, que representaron el 3.03 % de la población. Estos valores son inferiores a los reportados por Santana *et al.* (1999), 2.99 %, con información previa de este mismo rebaño criollo. Los estudios de Farkas *et al.* (2007) reportaron coeficientes de endogamia entre 0.50 % y 0.89 % para la raza Landrace Húngaro y cerdos Large White. Rangos mayores para la población completa, y considerando solo los consanguíneos, fueron descritos por Melka y Schenkel (2010) en Canadá paralas razas Hampshire y Lacombe, con un 18 y 12%, respectivamente. Valores superiores han sido estimados por Welsh *et al.* (2010), en las razas Duroc y Landrace, con un 6 y 8 % para la población completa. Tang *et al.* (2013) estimaron consanguinidades superiores a las de este estudio en cerdos Hampshire y Berkshire (10 y 20 % de animales consanguíneos, respectivamente). Estudios publicados por Uimari y Tapio (2011) muestran en las razas Berkshire, Duroc, Yorkshire y Hampshire valores de F: 12.3, 11.8, 8.0 y 6.8 %, respectivamente. En todos los casos superiores al encontrado en este estudio.

**Tabla II.** Estadísticos descriptivos para los coeficientes de consanguinidad (F) (*Descriptive stadigraphs for F*)

Conceptos	Total	Proporción	F%
Animales en el pedigrí	561	100	0.39
Animales con algún grado de F	22	3,92	10.38
Animales con $F > 3\%$	17	3,03	12.50
Animales con $F > 15\%$	3	1.78	25.0

Los resultados del análisis de varianza para los niveles de endogamia (tabla III), muestran que sólo fueron significativos ( $P \leq 0.001$ ) los efectos del año de nacimiento y la línea genealógica. Las diferencias entre años se debieron a que del año 2007 al 2011 las F fueron cero debido a la repoblación del centro, tras haber sido afectado por cólera porcino (Santana y Abeledo, 2015). Luego tiende a crecer, y en el año 2013 se obtuvo un máximo de 1.91 % para la población completa y 15.71 % para los animales consanguíneos. En el período 2013-2015 hay una menor incorporación de genes nuevos en la población, así como se dejan en el rebaño algunos animales con F relativamente alta, en función de completar los grupos filiales, o grupos

genealógicos deficitarios (línea o familia genealógica), aunque los apareamientos se realizaban como norma hasta un máximo de 3 %, que coinciden con lo descrito por Santana et al., (2006). Estudios similares de Tang et al. (2013) en las razas Duroc, Landrace y Yorkshire, hallaron que la endogamia anual fue 0.21, 0.19 y 0.13 %, respectivamente. Blackburn y Welsh (2010), sugieren que el aumento en la consanguinidad menor a 0.5 % por año es admisible en programas de mejoramiento genético. En este caso, los niveles de F en la población bajo estudio fueron bajos.

**Tabla III.** Resultados del análisis de varianza para la Fx (*Results of the variance analysis for Fx*).

Fuente de variación	g.l	Fx	
		Valor de F	Sig
Año de nacimiento	8	4,62	***
Sexo	1	0.38	ns
Línea genealógica	11	3,59	***
Familia genealógica	9	1.06	ns

g.l (grados de libertad), Sig (Nivel de significación)

La significativa influencia de la línea (grupos filiales de padres) obtenida en este estudio, coincide con los resultados de otros autores para este propio centro y raza (Sánchez, 2013; Abeledo, 2012; Brache et al., 2010; Santana et al., 2006; Santana et al., 1999). Ésta confirma la mayor influencia de los padres o líneas en los niveles de endogamia del rebaño en cuestión, lo que se apoya en el hecho de que en la práctica productiva hay un mayor número de grupos maternos distribuidos para su apareamiento entre las diferentes líneas (Santana, 2013).

Los resultados de los intervalos generacionales en las diferentes vías se presentan en la tabla IV. Así, la edad media de los padres al nacimiento de los hijos mantenidos para para la reproducción resultó relativamente alta, superior a un año en todos los casos, lo que responde a las características de esta raza de menor crecimiento que los cerdos especializados (Santana et al., 2006), así como que el trabajo genético fundamental se ha dirigido a la conservación (Santana et al., 2013). Además, influyen en esto las sub poblaciones no mejoradas de las que se nutrió el rebaño en su formación. El mayor intervalo fue para la vía madre (o sea, madre-hija), del mismo modo que la menor fue la vía padre-hijo. Esto puede explicarse en buena parte porque la tasa de reemplazo fue superior en los sementales, además de que en estos se aplica una mayor intensidad de selección (EGP, 2013; Diéguez y Roque, 2012).

**Tabla IV.** Intervalo generacional para diferentes vías (*Generation interval for different ways*).

Vías	n	Edad Media	DE	EE±
Padre-Hijo	62	1.68	0.69	0.08
Padre- Hija	291	1.76	0.63	0.03
Madre-Hijo	70	2.46	1.11	0.13
Madre-Hija	310	2.56	1.25	0.07
Total	733	2.16	1.067	0.04

n (tamaño de muestra), DE (desviación estándar), EE (error estándar).

El sistema de apareamiento empleado en esta población por grupos de líneas y familias menos emparentados y la estrategia de incorporar con relativa frecuencia sementales de poblaciones no relacionadas, además de análisis poblaciones periódicos, ha representado niveles de endogamia bajos, lo cual es muy importante en rebaños pequeños como el presentado aquí. No obstante, los nuevos animales incorporados, procedentes en su inmensa mayoría de poblaciones con bajo o ningún trabajo genético, pueden comprometer la mejora, y es algo en lo que hay que trabajar con mayor profundidad para optimizar lo más posible la relación conservación- mejora.

## CONCLUSIONES

Los niveles de consanguinidad esperados y calculados, según la representación de los fundadores, fueron bajos, dada la alta introducción de genes y apertura de nuevas líneas y familias genealógicas, aspecto en que es preciso profundizar y cuidar en un período más prolongado.

## BIBLIOGRAFÍA

- Abeledo, C. M. (2012). Importancia del control genealógico y el número de registros en la estimación del valor genético en cerdos. En: *IV Seminario internacional de porcicultura tropical 2012*. Centro de convenciones de Cojímar. La Habana Cuba.
- Abeledo, C., Guerra, D. y González, D. (2008). Consanguinidad en cerdos CC21. *Revista Computadorizada de Producción Porcina*, 15 (3), 10-15.
- Abeledo, C., Santana, I. y Ly, J. (2014). Gestión de 20 años en la conservación del cerdo criollo cubano. *Actas Iberoamericanas de Conservación Animal (AICA)*, 4 (1), 44-46.
- Blackburn, H. y Welsh, C. (2010). Inbreeding levels in swine: Ramifications for genetic diversity. *The American Livestock Breeds Conservancy*, 27, 5-6.
- Brache, F., Abeledo, C., Agüero, L., Molina, L., Palacio, M., Santana, I., Hernández, S., Gutiérrez, M. y Morales, Y. (2010). Efecto de la línea del padre y de la madre en los niveles de consanguinidad de un rebaño de cerdos criollos cubanos. *VI Seminario Internacional Porcicultura Tropical. La Habana, Cuba*.
- Casellas, J., Caja, G., Ferret, A. y Piedrahita, J. (2011). *Journal of Animal Science*. *Journal of Animal Science* [en línea]. 85. Disponible en: [www.janimsci.com](http://www.janimsci.com) [Consulta: 10 febrero 2016].
- Diéguez, F. y Roque, R. (2012). Cincuenta años de la genética porcina en Cuba. En: *V Seminario Internacional de Porcicultura Tropical*. La Habana, Cuba:
- Empresa Genética Porcina EGP. (2013). Manual de procedimientos técnicos para los centros genéticos porcinos. La Habana, Cuba: CIMA. p. 74. ISBN 978-959-7198-02-4.
- FAO (2010). La situación de los recursos zoogenéticos mundiales para la alimentación y la agricultura. Disponible en <http://www.fao.org/docrep/011/a1250s00.htm>
- Farkas, J., Curik, I., Csató, L., Csörnyei, Z., Baumung, R. y 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.
- Gutiérrez, J. y Goyache, F. (2005). A note on ENDOG: a computer program for analyzing pedigree information. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 122:172-176.
- Melka, M. y Schenkel, F. (2010). Analysis of genetic diversity in four Canadian swine breeds using pedigree data. *Journal of Animal Science*, 90, 331-340.
- Sánchez, N. (2013). Evaluación de algunos factores no genéticos que afectan el comportamiento de rasgos productivos en cerdos criollos cubanos. La Habana, Cuba: *Universidad Agraria de La Habana (UNAH)*. p. 23.
- Santana, I. (2010). Cerdo Criollo. *Sus Scrofa Meridionalis*. Capítulo XII: 109-113. En: *Cotos de Reserva Genética*. Editorial Asociación Cubana de Producción Animal (ACPA). 149 p.
- Santana, I. (2013). El cerdo criollo de Cuba. Recuento y actualidad. In: *IV Congreso Internacional de Producción Animal Tropical*. La Habana, Cuba. Taller, Mejoramiento y conservación de Recursos Zoogenéticos. RG-62. nov. 21 2013.
- Santana, I. y 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: Ministerio de la Agricultura (MINAGRI).
- Santana, I., Trujillo, G. y Agüero, L. (1999). Análisis de la consanguinidad y la estructura genealógica en un rebaño de cerdos criollos. *Revista Computadorizada de Producción Porcina* [en línea]. 6 (1). Disponible en: [www.produccion-animal.com.ar](http://www.produccion-animal.com.ar) [Consulta: 16 febrero 2016].
- Santana, I. y Abeledo, C.M. (2005). Buscando el sitio del cerdo Criollo Cubano. In: *Primer I Congreso Internacional de Producción Animal Tropical*. San José de las Lajas, versión electrónica disponible en disco compacto ISBN 959-7164-67-1.
- Santana, I.; Abeledo, C., Guerra, D., Diéguez, F., Hernández, S. y Brache, F. (2006). Estimación de la consanguinidad en cerdos CC21 entre los años 1993 y 2005 mediante la metodología BLUP Modelo Animal. En: *II Seminario Internacional Porcicultura Tropical. La Habana, Cuba*
- SAS, Institute. 2013. SAS.v.9.3 (DVD). Carolina del Norte, Estados Unidos. Disponible en: <http://www.SAS.com/offices/europe/spain>.

- Tang, G., Xue, J., Lian, M., Yang, R., Liu, T., Zeng, Z., Jiang, A., Jiang, Y., Zhu, L., Bai, L., Wang, Z. y Li, X. (2013). Inbreeding and genetic diversity in three imported Swine breeds in China using pedigree data. *Asian-Australasian Journal of Animal Science*, 26 (6), 755-65.
- Uimari, P. y Tapio, M. (2011). Extent of linkage disequilibrium and effective population size in Finnish Landrace and Finnish Yorkshire pig breeds. *Animal Science*, 89 (3), 609-623.
- Vanwyk, J., Fair, M. y Cloete, S. (2009). Case study: The effect of inbreeding on the production and reproduction traits in the Elsenburg Dormer sheep stud. *Livestock Science*, 120, 218-224.
- Welsh, C., Stewart, T., Schwab, C. y Blackburn, H. (2010). Pedigree analysis of 5 swine breeds in the United States and the implications for genetic conservation. *Journal of Animal Science*, 88 (5), 1610-1618.