

Caracterización genética y fenotípica de una población de cerdo pelón mexicano

Ramírez-Reyes, J.M.¹; García-Robles, E.¹; Medellín-Cazares, A.¹; Osorto-Hernández, W.² y Domínguez-Viveros, J.¹

¹Facultad de Zootecnia y Ecología. Universidad Autónoma de Chihuahua. Chihuahua. México.

²Asociación Mexicana Especializada en Cerdos Criollos.

PALABRAS CLAVE

Análisis de pedigrí.
Consanguinidad.
Conservación.
Pruebas de paternidad.
Recursos zoogenéticos.

ADDITIONAL KEYWORDS

Conservation.
Inbreeding.
Paternity tests.
Pedigree analysis.
Zoogenetic resources.

INFORMATION

Cronología del artículo.
Recibido/Received: 22.04.2019
Aceptado/Accepted: 12.07.2020
On-line: 15.10.2020.
Correspondencia a los autores/Contact e-mail:
iodominguez@uach.mx.

INTRODUCCIÓN

Las principales especies pecuarias en América Latina y El Caribe procedentes de la península Ibérica han evolucionado en ambientes diversos y adversos, lo que sugiere que los animales criollos poseen genes para adaptación en frecuencias distintas a las razas exóticas (Núñez-Domínguez et al., 2016). El cerdo criollo mexicano (CCM) representa una población porcina local, que llevaron los españoles al continente americano con origen a partir de cuatro razas: Céltica, Ibérica, Napolitana y Asiática; sin embargo, existen restos óseos y estudios con carbono radioactivo que se remontan antes de la llegada de los españoles, lo que hace suponer su existencia autóctona (Flores y Agraz, 1986; Morales

et al., 1998). En el contexto del CCM existen tres subpoblaciones: cerdo pelón mexicano, cuino y pata de mula (Lemus, 2008), las cuales se han reportado en riesgo de extinción en el marco del primer informe de la FAO sobre los recursos zoo genéticos a nivel mundial (SAGARPA, 2007). Son animales de gran rusticidad, distribuidos en diversas zonas ecológicas con ambientes extremos, explotación en condiciones de traspatio con poca o nula tecnificación, presentan alta resistencia natural a enfermedades, con características benéficas y robustas para la alimentación humana (Flores y Agraz, 1986; Lemus y Alonso, 2005); lo antes descrito, sumado a otras variables, le confieren al CCM rasgos genéticos particulares y únicos como un recurso genético valioso, que puede ser utilizado en programas de mejoramiento

RESUMEN

En cerdo pelón mexicano se analizó el pedigrí ($n = 305$), 16 variables morfológicas (VARMOR; $n = 201$) y 74 marcadores genéticos (SNP; $n = 107$) de uso en pruebas de paternidad. Se calculó: ancestros fundadores; tamaño efectivo (N_e); consanguinidad; intervalo generacional (IG); estadísticos F de Wright (FST, FIS y FIT). Las VARMOR fueron: longitud de cabeza, ancho de cabeza, longitud de hocico, ancho de hocico, longitud de oreja, ancho de orejas, distancia entre orbitales, altura a la cruz, ancho de pecho, circunferencia de pecho, longitud de cuello, ancho de cuello, perímetro de caña, longitud de cuerpo, ancho de pelvis, perímetro abdominal; se analizaron con el modelo mixto: $y = \mu + si + gj + \beta_1 + \beta_2 + mad + \epsilon$, donde: y , variable respuesta; μ , media; si , sexo; gj , granja; β_1 y β_2 , lineal y cuadrático de la covariable edad del individuo; mad , efecto aleatorio de la madre; ϵ , residuales. Con la matriz de correlaciones se realizó un análisis de componentes principales. En los SNP se estimó el contenido de información polimórfica (PIC) y sus componentes, así como las probabilidades de no exclusión combinada (PNE). $N_e = 92.10$; ancestros que explican el 50% del pedigrí = 7; porcentaje de animales consanguíneos = 2.3%; consanguinidad promedio = 0.11%; IG promedio = 1.69 años. FST = 7%; FIS y FIT de -0.083 y -0.006, respectivamente. El mad explicó, en promedio, el 54.3% de la variabilidad. Para PIC, el promedio fue de 0.266 con valores en el intervalo de 0.018 a 0.375; las PNE fueron en el intervalo de 0.007 a 3.1E-22.

Genetic and phenotypic characterization of a mexican hairless pig population

SUMMARY

In Mexican hairless pig analyzed the pedigree ($n = 305$), 16 morphological variables (VARMOR, $n = 201$) and 74 genetic markers (SNP, $n = 107$) for use in paternity tests. Was calculated: founder ancestors; effective size (N_e); inbreeding; generational interval (IG); Wright F statistics (FST, FIS and FIT). The VARMOR were head length, head width, snout length, snout width, ear length, width of ears, distance between orbitals, height at the cross, chest width, chest circumference, neck length, neck width, cane perimeter, body length, pelvic width, abdominal perimeter; analyzed with the mixed model: $y = \mu + si + gj + \beta_1 + \beta_2 + mad + \epsilon$; where: y , response variable; μ , mean; si , sex; gj , farm; β_1 and β_2 , linear and quadratic of the covariate age of the animal; mad , random effect of the mother; ϵ , residuals. With the correlation matrix, a principal component analysis was carried out. For the SNPs, the polymorphic information content (PIC) and its components were estimated, as well as the probabilities of non-exclusion combined (PNE). $N_e = 92.10$; ancestors that explain 50% of the pedigree = 7; percentage of inbreeding animals = 2.3%; average inbreeding = 0.11%; average IG = 1.69 years. FST = 7%; FIS and FIT of -0.083 and -0.006, respectively. Mad explained, on average, 54.3% of the variability. For PIC, the average was 0.266 with values in the interval of 0.018 to 0.375; the PNE were in the interval of 0.007 to 3.1E-22.

genético con base en selección, o a través de cruzamiento con razas especializadas.

Como recurso genético forma parte de la diversidad biológica, con sus componentes de tiempo y espacio; está sujeto a cambios por efecto de las fuerzas evolutivas y las normas de genética de poblaciones, desde el punto de vista económico tiene los valores de uso y opción. El valor de uso se determina por los beneficios en productos o servicios que aporta el recurso genético; el valor de opción está definido por el papel o aporte del recurso genético en la estabilidad del ecosistema (Segura-Correa y Montes-Pérez, 2001). No obstante, los principales problemas a los que se enfrentan los recursos genéticos animales son: disminución de la diversidad genética dentro de razas; la desaparición de razas locales a través de la introducción de razas exóticas; y, los cambios en climas extremos o ambientes hostiles (FAO, 2010).

La Asociación Mexicana Especializada en Cerdos Criollos (AMECC) se fundó con el objetivo de promover e impulsar la conservación, el mejoramiento genético y la comercialización del cerdo pelón mexicano (CPM). La AMECC tiene el reconocimiento oficial de la SAGARPA; a través del reglamento técnico (SAGARPA, 2013) se definen y describen los formatos y procedimientos para la identificación, registro y organización de los datos productivos y genealógicos del CPM. No obstante, para el diseño e implementación de un programa de conservación y mejoramiento genético se debe considerar: un análisis demográfico a través del pedigrí, para caracterizar a los ancestros fundadores y su contribución a la diversidad genética, así como su evolución a través de las generaciones; caracterización y análisis de la variación fenotípica, para la conformación del patrón racial y definir los criterios y objetivos de selección; y, análisis de la diversidad genética con base en marcadores genéticos, para definir el panel de marcadores a utilizar en las pruebas de paternidad y asignación racial; siendo estos puntos los objetivos del presente estudio.

MATERIAL Y MÉTODOS

ANÁLISIS DEL PEDIGRÍ

Con la base de datos del registro genealógico de la AMECC se integró un pedigrí con 305 individuos, distribuidos en 26 granjas ubicadas en los estados de Yucatán, Campeche y Quintana Roo; la población de este pedigrí conforma la población base del CPM para su reproducción y crecimiento como raza. Con el software ENDOG (Gutiérrez y Goyache, 2005) se estimaron los parámetros de poblaciones: ancestros fundadores y su aportación porcentual al pedigrí; tamaño efectivo (N_e), como indicador de la evolución de la población y sus niveles de consanguinidad; el intervalo generacional (IG) en años, definido como la edad promedio de las crías, cuando a su vez se convierten en padres, a través de cuatro canales: IG1 = padre – hijo, IG2 = padre – hija, IG3 = madre – hijo e IG4 = madre – hija; y, estadísticos F de Wright (F_{ST} , F_{IS} y

F_{IT}), como una descripción de la diversidad genética de la población.

VARIABILIDAD FENOTÍPICA

Para la definición del patrón racial, se tomaron 16 variables morfométricas (VARMOR; Revidatti et al., 2005; Martínez et al., 2016; Sierra-Vásquez et al., 2016) en 201 individuos (79 machos y 122 hembras) distribuidos en doce granjas. Las VARMOR fueron: LCAB, longitud de cabeza; ACAB, ancho de cabeza; LHOC, longitud de hocico; AHOC, ancho de hocico; LORE, longitud de oreja; AORE, ancho de orejas; DORB, distancia entre orbitales; CRUZ, altura a la cruz; APEC, ancho de pecho; CPEC, circunferencia de pecho; LCUE, longitud de cuello; ACUE, ancho de cuello; PCAN, perímetro de caña; LCPO, longitud de cuerpo; APEL, ancho de pelvis; PABD, perímetro abdominal. Las VARMOR se analizaron con el modelo mixto: $y = \mu + s_i + g_j + \beta_1 x + \beta_2 x^2 + mad + \varepsilon$; donde: y , variable dependiente correspondiente a cada VARMOR; μ , media general; s_i , i – ésimo efecto de sexo; g_j , j – ésimo efecto de granja; β_1 y β_2 , coeficientes de regresión lineal y cuadrático asociados a la covariable edad del individuo; x y x^2 , efecto lineal y cuadrático de la covariable edad del individuo; mad , efecto aleatorio de la madre; ε , efectos aleatorios de residuales. Posteriormente, para evaluar la capacidad de las variables morfométricas para caracterizar el CPM en diversos estratos y definir el patrón racial, con base en la matriz de correlaciones se realizó un análisis multivariado de componentes principales (ACP; Jackson, 1991; Jolliffe, 2002). Los análisis se realizaron con el software para análisis estadísticos SAS (SAS, 2005).

ANÁLISIS CON MARCADORES GENÉTICOS (MG)

Se tomó muestra de ADN en 107 individuos, el laboratorio GeneSeek realizó la genotipificación para 74 marcadores de tipo SNP propuestos para pruebas de paternidad en porcinos (Rohrer et al., 2007; Harlizius et al., 2011); para cada marcador se evaluó el desequilibrio Hardy-Weinberg (HW) con la prueba de χ^2 – cuadrada y el desequilibrio de ligamiento (DL) con base en la correlación (r^2) entre frecuencias a través de MG. La r^2 fluctúa de cero a uno, valores alrededor de cero indican ausencia de DL y segregación independiente, conforme aumentan hacia la unidad es suposición de asociación no aleatoria entre locus (Goudet, 1995; Waples 2006); si $r^2 \geq 0.50$ se descartaron los MG por DL. Con el software Cervus (Kalinowski et al., 2007), se estimó el contenido de información polimórfica, heterocigocidad observada y esperada (retirando los MG con desequilibrio HW y DL), como un indicadores de la diversidad genética; además, se estimó las probabilidades de no exclusión por MG y total combinada bajo cinco escenarios. Los 74 marcadores genéticos analizados fueron (MARC00): 2500, 12087, 14344, 15385, 20951, 21307, 22388, 25520, 26950, 28812, 29459, 29888, 30180, 30522, 30899, 31610, 32048, 34983, 35863, 35886, 36708, 37294, 37295, 40061, 41890, 43859, 44793, 45269, 49963, 50287, 50788, 52461, 52559, 52855, 53715, 57599, 58294, 58847, 59303, 60657, 60957, 63986, 64308, 64312, 66508, 67107, 70868, 70952, 71223, 71898, 74362, 74610,

75587, 76403, 77362, 83543, 85717, 85722, 88091, 89437, 89489, 89921, 91567, 92163, 92955, 93055, 94480, 94560, 96049, 102878, 112888, 112924, 113081, 115474.

RESULTADOS

En parámetros de poblaciones: $N_e = 92.10$; número de ancestros que explican el 50% del pedigrí = 7; porcentaje de animales consanguíneos = 2.3; consanguinidad promedio = 0.11%; los IG fueron, $IG_1 = 1.46$, $IG_2 = 1.70$, $IG_3 = 1.94$ e $IG_4 = 1.67$. El estadístico F_{ST} como porcentaje de la diversidad genética que se debe a la existencia de subpoblaciones en forma de líneas genéticas, presentó un valor de 7%. Los resultados para los estadísticos F_{IS} y F_{IT} fueron de -0.083 y -0.006, respectivamente.

Los resultados del análisis estadístico se presentan en la **Tabla I**; el efecto aleatorio de la madre explicó en promedio el 54.3% de la variabilidad total de las VARMOR. La edad del individuo fue significativa ($P < 0.05$) en las variables analizadas, con excepción de LCUE y PCAN.

Con estos resultados, para cada VARMOR se generó una función lineal de segundo orden con pendiente positiva en la fase inicial y pendiente negativa en la fase cuadrática, obteniendo el punto de inflexión a través de la primera derivada (**Tabla II**); el cual se puede asociar o interpretar como la edad adulta donde

la población de CPM alcanza el valor máximo. En la **Tabla II** se presentan los estadísticos descriptivos de las VARMOR evaluadas. Por desequilibrio HW ($P < 0.05$) se descartaron 4 MG; con el resto se obtuvieron 2415 r^2 , con un promedio de 0.218 en un intervalo de 0.15 a 0.29, este resultado se puede asociar con ausencia de DL. En la **Tabla III** se presentan los estadísticos descriptivos para los indicadores de diversidad genética y heterocigocidad; las probabilidades de no exclusión combinada oscilaron de 0.007 a 3.1×10^{-22} a través de los cinco escenarios (**Tabla III**).

El ACP mostró una diferenciación a través de tres grupos, con una separación conforme se incrementa el tamaño de los individuos evaluados; en la **Figura 1** se grafica la relación del primer componente con respecto a los componentes dos, tres y cuatro; los cuatro componentes explicaron el 92.8% de la variabilidad total.

El primer componente presentó signo positivo en todas sus coordenadas, lo cual se atribuye a la alta correlación positiva a través de las variables, puede interpretarse como un promedio ponderado y un factor global de tamaño (Jackson, 1991); los componentes dos al cuatro (**Figura 1**) se pueden interpretar como factores de forma, contienen coordenadas positivas y negativas que contraponen conjuntos de variables y dan forma a la población de estudio. Las variables ACAB, APEC, CPEC, LCUE, ACUE, LCPO, APEL y PABD presentaron signo negativo en las coordenadas

Tabla I. Resultados del análisis estadístico, con base en un modelo mixto, para variables morfológicas en cerdo pelón mexicano (Results of statistical analysis, based on a mixed model, for morphological variables in Mexican pelón pork).

Item [†]	SX [§]	GR [§]	ED1 [§]	ED2 [§]	*MAD	INT [‡]	PD1 [‡]	PD2 [‡]	PI [‡]
LCAB	<0.01	0.87	<0.01	<0.01	50.1	23.59	0.76	-0.011	36.2
ACAB	<0.01	<0.01	<0.01	<0.01	52.2	45.98	2.21	-0.037	29.8
LHOC	<0.05	0.23	<0.01	<0.01	65.2	9.23	0.65	-0.011	29.6
AHOC	<0.01	<0.01	<0.01	<0.01	38.7	28.39	1.08	-0.018	30.1
LORE	0.56	0.39	<0.01	<0.01	35.6	10.80	0.59	-0.011	27.2
AORE	0.63	<0.01	<0.01	<0.05	66.1	10.46	0.25	-0.004	32.0
DORB	<0.05	0.05	<0.01	<0.01	59.9	7.58	0.21	-0.003	34.5
CRUZ	<0.01	0.35	<0.01	<0.01	81.4	40.95	1.73	-0.027	32.1
APEC	<0.01	<0.01	<0.01	<0.05	42.4	18.30	0.59	-0.009	32.5
CPEC	<0.05	<0.01	<0.01	<0.01	75.5	69.10	3.18	-0.052	30.6
LCUE	<0.05	<0.05	<0.05	0.37	34.3	8.36	0.13	-0.001	67.0
ACUE	0.10	<0.01	<0.01	<0.05	73.7	54.37	2.05	-0.032	32.1
PCAN	0.18	<0.05	0.06	0.24	34.7	13.70	0.32	-0.004	40.6
LCPO	0.80	<0.05	<0.01	<0.01	78.7	58.54	3.78	-0.066	28.6
APEL	0.36	<0.01	<0.01	<0.01	48.0	12.14	0.60	-0.009	33.3
PABD	0.91	0.08	<0.01	<0.01	55.9	53.41	4.05	-0.073	27.7

[†]Item: LCAB, longitud de cabeza; ACAB, ancho de cabeza; LHOC, longitud de hocico; AHOC, ancho de hocico; LORE, longitud de oreja; AORE, ancho de orejas; DORB, distancia entre orbitales; CRUZ, altura a la cruz; APEC, ancho de pecho; CPEC, circunferencia de pecho; LCUE, longitud de cuello; ACUE, ancho de cuello; PCAN, perímetro de caña; LCPO, longitud de cuerpo; APEL, ancho de pelvis; PABD, perímetro abdominal. [§]Valores de probabilidad (pvalue) para los efectos de sexo (SX), granja (GR), covariable lineal y cuadrática (ED1 y ED2) de edad del individuo en meses. ^{*}MAD, efecto aleatorio materno, como porcentaje de la varianza total. [‡]Intercepto (INT), pendiente lineal (PD1), pendiente cuadrática (PD2) y punto de inflexión (PI) asociados a la covariable edad del individuo.

Tabla II. Estadísticos descriptivos (cm) de las variables morfológicas evaluadas en cerdo pelón mexicano (Descriptive statistics (cm) of morphological variables evaluated in Mexican pelón pork).

Item	sx	Med ± ee	CV (%)	Item	sx	Med ± ee	CV (%)
LCAB	H	28.26±0.84	24.02	APEC	H	16.18±0.91	37.71
	M	31.17±0.82	23.42		M	21.36±0.88	31.40
ACAB	H	55.99±1.58	27.57	CPEC	H	82.91±3.02	32.02
	M	60.86±1.54	24.99		M	89.79±3.03	28.81
LHOC	H	12.41±0.50	30.56	LCUE	H	9.54±0.40	22.80
	M	13.85±0.50	28.87		M	9.17±0.38	25.01
AHOC	H	28.51±1.06	27.80	ACUE	H	62.62±2.49	30.18
	M	32.81±1.03	23.45		M	66.88±2.48	27.70
LORE	H	13.66±0.67	27.72	PCAN	H	12.71±0.83	30.69
	M	14.07±0.65	24.32		M	13.93±0.80	25.36
AORE	H	11.01±0.38	22.84	LCPO	H	89.97±2.56	26.90
	M	11.19±0.37	22.02		M	90.60±2.58	27.95
DORB	H	7.96±0.28	20.72	APEL	H	12.84±0.71	40.49
	M	8.62±0.28	19.37		M	13.54±0.69	32.18
CRUZ	H	54.37±1.42	26.17	PABD	H	81.93±4.37	34.55
	M	58.38±1.44	26.27		M	81.46±4.28	29.08

LCAB, longitud de cabeza; ACAB, ancho de cabeza; LHOC, longitud de hocico; AHOC, ancho de hocico; LORE, longitud de oreja; AORE, ancho de orejas; DORB, distancia entre orbitales; CRUZ, altura a la cruz; APEC, ancho de pecho; CPEC, circunferencia de pecho; LCUE, longitud de cuello; ACUE, ancho de cuello; PCAN, perímetro de caña; LCPO, longitud de cuerpo; APEL, ancho de pelvis; PABD, perímetro abdominal; sx, sexo (H: hembras; M: machos) Med ± ee, media ± error estándar; CV, coeficiente de variación en porcentaje.

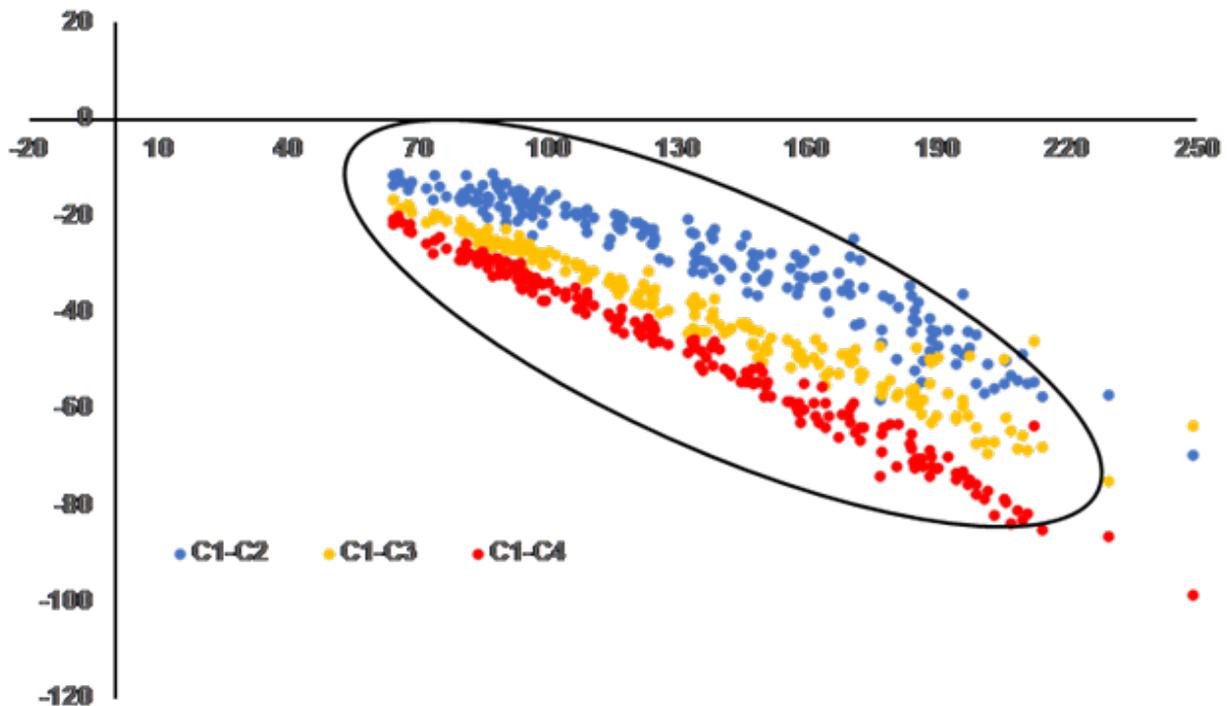


Figura 1. Representación gráfica de la relación del componente uno (C1) vs los componentes dos al cuatro (C2, C3 y C4), producto del análisis de componentes principales en variables morfológicas en cerdo pelón mexicano (Graphical representation of the ratio of component one (C1) vs components two to four (C2, C3 and C4), product of the analysis of main components in morphological variables in Mexican pelón pork).

Tabla III. Estadísticos descriptivos para indicadores de diversidad genética y probabilidades de no exclusión, a través de marcadores genéticos (SNP) utilizados para pruebas de parentesco en cerdo pelón mexicano (Descriptive statistics for indicators of genetic diversity and probabilities of non-exclusion, through genetic markers (SNPs) used for kinship tests in Mexican pelón pig).

Ítem	HO	HE	PIC	NE1P	NE2P	NEPP	NEI	NESI	F(null)
Media	0.326	0.331	0.266	0.936	0.867	0.790	0.532	0.718	0.008
Mediana	0.341	0.355	0.291	0.938	0.855	0.770	0.481	0.694	0.000
Mínimo	0.019	0.019	0.018	0.875	0.813	0.719	0.375	0.594	-0.110
Máximo	0.579	0.502	0.375	1.000	0.991	0.982	0.963	0.982	0.132
Desv-Est	0.142	0.139	0.098	0.043	0.049	0.068	0.155	0.108	0.052
Prob. total				0.007	2.3E-05	2.0E-08	3.1E-22	1.0E-11	

HO, heterocigocidad observada; HE, heterocigocidad esperada; PIC, contenido de información polimórfica; NE1P, probabilidad de no exclusión para un padre candidato; NE2P, probabilidad de no exclusión para un padre candidato, dado el genotipo de un padre conocido del sexo opuesto; NEPP, probabilidad de no exclusión para un par de padres candidatos; NEI, probabilidad de no exclusión para la identidad de dos individuos no relacionados; NESI, probabilidad de no exclusión para la identidad de dos hermanos; F(null), estimación de frecuencias alélicas cuando un alelo nulo está presente. Prob. total, probabilidad de no exclusión combinada con base en el total de SNP. Desv-Est, desviación estándar.

de los componentes dos al cuatro, definiendo la forma de los individuos y su tendencia a través del tamaño.

DISCUSIÓN

El monitoreo de la estructura poblacional, la consanguinidad, el N_e e IG a través del pedigrí permite prevenir pérdidas de diversidad genética particularmente en poblaciones bajo procesos de conservación. Estimaciones de IG superiores a 2.4 años fueron publicadas por Posta et al. (2016) en cerdos criollos; asimismo, Tang et al. (2013) y Welsh et al. (2010) reportaron IG en el intervalo de 1.60 a 2.07 años en razas especializadas (Duroc, Hampshire, Landrace, Yorkshire) utilizadas en producción intensiva.

En el modelo de una población ideal, la tasa de consanguinidad esperada ($\Delta F = 1/2N_e$) se define como la tasa de pérdida de la heterocigocidad, asociado al descenso de la diversidad genética y es un parámetro crucial que mide el riesgo de una población bajo esquema de conservación (Bertorelle et al., 2009); para el CPM, la ΔF por generación según fundadores es del 0.54%. El F_{IS} mide la reducción media de heterocigocidad debido a apareamientos no aleatorios, da una medida del nivel de endogamia dentro de subpoblaciones; el F_{IT} mide la desviación de las frecuencias esperadas de heterocigotos respecto a las observadas del conjunto de la población; los parámetros F_{IS} y F_{IT} presentan valores positivos cuando hay un déficit de heterocigotos y valores negativos cuando hay gran cantidad de heterocigotos (Jordana et al., 1992; Domínguez-Viveros et al., 2014).

Las VARMOR están relacionadas con el crecimiento y la productividad del CPM, por su naturaleza las fuentes de variación están definidas por los efectos genéticos y ambientales, atribuibles al individuo y a la madre. Los efectos de sexo, granja y edad del individuo están asociados a efectos ambientales; los efectos maternos como proporción de la variabilidad total definen el índice de constancia, el cual mide la correlación entre medidas repetidas a través de la vida de la madre (Van Vleck et al., 1987). Con base en los resultados de la **Tabla II**, la población de CPM evaluada tiende a ser de

menor tamaño o dimensión corporal a las poblaciones de cerdos criollos evaluadas por Pérez et al. (2015), Martínez et al. (2016) y Sierra-Vásquez et al. (2016). En el ACP, cuando las variables están tipificadas la nube de puntos se puede describir a partir de una elipse (**Figura 1**) de concentración situada a partir de un ángulo de 45° sobre el eje de las abscisas, donde el largo o la extensión de la elipse con respecto a la reducción del ancho en dirección perpendicular, representa la dependencia entre variables; además, con la elipse y la prueba de Hotelling se establece un área de tolerancia al 95% (Jackson, 1991; Jolliffe, 2002); en la **Figura 1**, se exhibe una distribución de puntos dentro de un área al 95% de confianza con base en el planteamiento de Hotelling.

La diversidad genética es el principal componente de la biodiversidad, permite evaluar los riesgos y las capacidades de respuesta de las poblaciones; se basa en las variaciones heredables, dentro y a través de poblaciones, se deriva de los procesos evolutivos que operan sobre esas variaciones (Piñero et al., 2008). El potencial de un MG para su uso en pruebas genéticas depende del HW y DL, así como la variabilidad genética expresada; en poblaciones de CPM se han realizados estudios de caracterización genética con base en MG de tipo microsatélite (Lemus-Flores et al., 2001; Canul et al., 2005). En otras poblaciones de cerdos criollos también han evaluado la variabilidad genética con fines de conservación y mejora genética utilizando MG de tipo microsatélites (Jimenez et al., 2017; Margeta et al., 2018; Rocha et al., 2018); todos los trabajos afines coinciden en la necesidad de implementar programas de conservación con el objetivo de proteger la variabilidad genética. En las pruebas de paternidad las probabilidades de exclusión y no exclusión están en función de las frecuencias alélicas en los progenitores y sus probabilidades de transmisión a la progenie. La probabilidad de no exclusión expresa las frecuencias de todos los progenitores que contienen un alelo que coincida con los alelos presentes u obligados en la progenie; para cada progenie – progenitor si hay coincidencia en un alelo a través de cada locus, el progenitor no puede ser excluido como posible padre; por otro lado, para cualquier locus, si no hay coincidencia alguna en los

alelos que porta el progenitor *vs* los alelos que porta la progeñie, el progenitor es totalmente excluido como posible padre. En estudios afines, los resultados en la definici3n de un panel de SNP para pruebas de paternidad se han reportado en t3rminos de probabilidades de exclusi3n (PEX); Rohrer et al. (2007) en cinco razas comerciales con un panel de 60 SNP reportaron PEX en el intervalo de 0.98568 a 0.99998; Harlizius et al. (2011) reportaron PEX de 0.9943 y >0.9999 con paneles de 40 y 120 SPN, respectivamente; Bouzada et al., (2009) con 21 MG de tipo microsat3lites publicaron PEX de 0.999999.

CONCLUSI3N

En la poblaci3n evaluada, el panel para pruebas de paternidad queda conformado por 70 SNP. La variabilidad gen3tica estimada con el an3lisis del pedigr3 y marcadores gen3ticos, sustentan el crecimiento y desarrollo de la poblaci3n de cerdo pel3n mexicano en el marco de un programa de conservaci3n y mejoramiento gen3tico.

Las variables morfol3gicas presentan variaci3n fenot3pica, sus relaciones y dimensiones conforman el patr3n racial; pueden ser consideradas como criterios u objetivos de selecci3n y en otros estudios separar las fuentes de variaci3n gen3ticas y ambientales atribuidas al individuo y/o a la madre.

AGRADECIMIENTOS

Se agradece al Consejo Nacional de los Recursos Gen3ticos Pecuarios y a la Asociaci3n Mexicana Especializada en Cerdos Criollos, por los recursos econ3micos y las facilidades para realizar el presente estudio. Se agradece al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnolog3a por las becas otorgadas a tres autores.

BIBLIOGRAF3A

- Bortorelle, G, Bruford, M, Hauffe, H, Rizzoli, A & Vernesi, C 2009, 'Population Genetics for Animal Conservation (Conservation Biology)', Cambridge University Press, UK. 396 p.
- Bouzada, JA, Lozano, JM, Mayoral, T, Anadon, E & G3mez-Tejedor, C 2009, 'Identificaci3n gen3tica y control geneal3gico en la especie porcina mediante microsat3lites de ADN', *Archivos de Zootecnia*, vol. 58, pp. 557-560.
- Dom3nguez-Viveros, J, Ortega-Guti3rrez, J3, Rodr3guez-Almeida, FA & C3rdenas-Rivera J3 2014, 'Variabilidad gen3tica en ganader3as de lidia mexicanas a partir de la informaci3n del registro geneal3gico', *Acta Zool3gica Mexicana ns*, vol. 30, pp. 610-616.
- FAO 2010, 'Estrategias de mejora gen3tica para la gesti3n sostenible de los recursos zoo gen3ticos', Directrices FAO: producci3n y sanidad animal. No 3, Roma, Italia. 168 p.
- Flores, MJA & Agraz, AAG 1986, 'Ganado Porcino'. 3.ª edici3n. Editorial Limusa. M3xico 960 p.
- Goudet, J 1995, 'FSTAT: A computer program to calculate F-Statistics', *Journal of Heredity*, vol 86, pp. 485-486.
- Guti3rrez, JP & Goyache, F 2005, 'A note on ENDOG: a computer program for analysis pedigree information', *Journal Animal Breeding Genetic*, vol. 122, pp. 172-176.
- Harlizius, B, Lopes, MS, Duijvesteijn, N, van de Goor, LHP, van Haeringen, WA, Panneman, H, Guimaraes, SEF, Merks, JWM & Knol, EF 2011, 'A single nucleotide polymorphism set for paternal identification to reduce the cost of trait recording in commercial pig breeding', *Journal of Animal Science*, vol. 89, pp. 1661-1668.

- Jackson, JE 1991, 'A user's guide to principal components', Wiley series in probability and mathematical statistics. John Wiley & Sons. USA. 60 p.
- Jim3nez, AP, Albarracin, M & Estupi3an 2017, 'Variabilidad gen3tica del cerdo Congo Santandereano mediante marcadores microsat3lites', *Archivos de Zootecnia*, vol. 66, pp. 599-602.
- Jolliffe, IT 2002, 'Principal component analysis', Springer. USA. 518 p.
- Jordana, J, Piedrafita, J, Sanchez, A & Puig P 1992, 'Comparative F statistics analysis of the genetic structure of ten Spanish dog breeds', *Journal of Heredity*, vol. 83, pp. 367-74.
- Kalinowski, ST, Taper, ML & Marshall, TC 2007, 'Revising how the computer program CERVUS accommodates genotyping error increases success in paternity assignment', *Molecular Ecology*, vol. 16, pp. 1099-1106.
- Lemus, C 2008, 'Diversidad gen3tica del cerdo criollo mexicano', *Revista Computarizada de Producci3n Porcina*, vol. 15, pp. 33-40.
- Lemus, FC & Alonso, MLS 2005, 'El cerdo pel3n mexicano y otros cerdos criollos', Universidad Aut3noma de Nayarit. M3xico. 254 p.
- Lemus-Flores, C, Ulloa-Arvizu, R, Ramos-Kuri, M, Estrada, FJ & Alonso RA 2001, 'Genetic analysis of Mexican hairless pig populations', *Journal of Animal Science*, vol. 79, pp. 3021-3026.
- Margeta, P, Gvozdanovic, K, Kusec, DI, Radisic, Z, Kusec, G & Margeta V 2018, 'Genetic analysis of Croatian autochthonous pig breeds based on microsatellite markers', *Archivos de Zootecnia*, vol. 66, pp. 13-16.
- Mart3nez, VG, Rom3n, SIP, V3lez, AI, Cabrera, ET, Cant3, AC, de la Cruz, LC, Duran, MA, Maldonado, JAJ, Mart3nez, FES, R3os, AU, Vega, VEM & Ruiz, FJL 2016, 'Morfometria del cerdo de traspatio en 3reas rurales de M3xico', *Revista Mexicana de Ciencias Pecuarias*, vol. 7, pp. 431-440.
- Morales, AR, Ulloa, RA, Salmer3n, FS, Huerta, BL, Sim3n, JM, Leguina JI, Gayosso, A, M3ndez, D, Rubio MS & Lemus, CF 1998, 'El Cerdo Criollo Mexicano', *In: Memoria del Segundo Foro de los Recursos Gen3ticos: Ganado Criollo*. Chihuahua, M3xico. pp. 67-72.
- N3ñez-Dom3nguez, R, Ram3rez-Valverde, R, Saavedra-Jim3nez, IA & Garc3a-Muñiz JG 2016, 'La adaptabilidad de los recursos zoogen3ticos criollos, base para enfrentar los desaf3os de la producci3n animal', *Archivos de Zootecnia*, vol. 53, pp. 461-468.
- P3rez, F, Sierra, AC, Canul, MA, Ortiz, JR, Boj3rquez, CJ, Rodr3guez, JC & Tamayo-Canul, J 2015, 'Caracterizaci3n etnol3gica del cerdo pel3n en el estado de Yucat3n, M3xico', *Actas Iberoamericanas de Conservaci3n Animal*, vol. 6, pp. 443-451.
- Piñero, D, Barahona, A, Eguiarte, L, Rocha, AO & Salas, RL 2008, 'La variabilidad gen3tica de las especies: aspectos conceptuales, sus aplicaciones y perspectivas en M3xico', *In Capital natural de M3xico, vol. 1: Conocimiento actual de la biodiversidad*. CONABIO. M3xico. pp 415-435.
- Posta, J, Szab3, P & Koml3si, I 2016, 'Pedigree analysis of Mangalica pig breeds', *Annals Animals Science*, vol. 16, pp. 701-709.
- Revidatti, MA, Delgado, JV, Capellari, A & Prieto, PN 2005, 'Estudio morfoestructural preliminar de una poblaci3n porcina en la provincia de corrientes en Argentina', *Archivos de Zootecnia*, vol. 54, pp. 227-232.
- Rocha, JF, Mart3nez, R & Abuabara Y 2018, 'Genetic diversity of three indigenous pig breeds in Colombia', *Genetic and Molecular Research*, vol. 17, pp. 1-9.
- Rohrer, GA, Freking, BA & Nonneman, D 2007, 'Single nucleotide polymorphisms for pig identification and parentage exclusion', *Animal Genetics*, vol. 38, pp. 253-258.
- SAGARPA 2007, 'Informe sobre la situaci3n de los recursos gen3ticos pecuarios de M3xico', Secretaria de Agricultura, Ganader3a, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentaci3n. M3xico. 50 p.
- SAGARPA 2013, 'Reglamento t3cnico de la asociaci3n mexicana especializada en cerdos criollos', Secretaria de Agricultura, Ganader3a, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentaci3n. M3xico. 50 p.
- SAS 2005, 'SAS/STAT User's Guide (Release 9.0)', Cary NC, USA: SAS Inst. Inc. 516 p.
- Segura-Correa, JC & Montes-P3rez, RC 2001 'Razones y estrategias para la conservaci3n de los recursos gen3ticos animales', *Revista Biom3dica*, vol. 12, pp. 196-206.

- Sierra-Vásquez, AC, Ortiz-Ortiz, JR, Bohórquez-Cat, JC, Canul-Solís, MA, Tamayo-Canul, JR, Rodríguez-Pérez, JC, Sangines-García, JR, Magaña-Magaña, MA, Montes-Pérez, RC & Segura-Correa, JC 2016, 'Conservación y uso sustentable del cerdo pelón en Yucatán', *Quehacer Científico en Chiapas*, vol. 11, pp. 13-28.
- Tang, GQ, Xue, J, Lian, MJ, Yang, RF, Liu, TF, Zeng, ZY, Jiang, AA, Jiang, YZ, Zhu, L, Bai, L, Wang, Z & Li, XW 2013, 'Inbreeding and genetic diversity in three imported swine breeds in China using pedigree data', *Asian Australas Journal Animal Science*, vol. 26, pp. 755-765.
- Van Vleck, LD, Pollak, EJ & Oltenacu, EB 1987, 'Genetics for the animal science', WH Freeman, New York. USA. 391 p.
- Waples, RS 2006, 'A bias correction for estimate of effective population size base on linkage disequilibrium at unlinked loci', *Conservation Genetics*, vol 7, pp. 167-184.
- Welsh, CS, Stewart, TS, Schwab, C& Blackburn, HD 2010, 'Pedigree analysis of 5 swine breeds in the United State and the implications for genetic conservation', *Journal of Animal Science*, vol. 88, pp. 1610-1618.