

VARIABILIDAD GENÉTICA EN EL CERDO PAMPA ROCHA DE URUGUAY**GENETIC VARIABILITY IN URUGUAY PAMPA ROCHA PIGS**

Montenegro M.^{1*}, Llambí S.¹, Castro G.¹, Barlocco N.³, Vadell A.³, Landi V.², Delgado J.V.², Martínez A.²

¹Área Genética, Facultad de Veterinaria. Universidad de la República. Uruguay. *mariadc.montengro@gmail.com

²Departamento de Genética, Universidad de Córdoba. España

³Facultad de Agronomía, Universidad de la República. Uruguay

Keywords:

Zoogenetic
resources
Molecular markers
Microsatellites

Palabras clave:

Recursos
zoogenéticos
Marcadores
moleculares
Microsatélites

Abstract

The DNA molecular markers are tools to study genetic variability. The microsatellites are the most used markers for this objective. In this paper we report the results obtained in the analysis of a panel of 25 microsatellites in 39 Pampa Rocha pigs. All loci were polymorphic, with a mean number of alleles of 5.72 ± 2.46 , average expected heterozygosity of 0.603 ± 0.199 and observed heterozygosity of 0.583 ± 0.208 . The value of Multilocus FIS was of 0.0475 and the 88% of the markers are in Hardy-Weinberg equilibrium.

Resumen

Los marcadores moleculares de ADN constituyen una herramienta para estudiar la variabilidad genética, siendo los microsatélites los más utilizados con este objetivo. En este trabajo se presentan los resultados obtenidos del análisis de un panel de 25 microsatélites en una muestra de 39 cerdos Pampa Rocha. Todos los loci estudiados resultaron polimórficos, con valores de 5.72 ± 2.46 para el número medio de alelos; 0.603 ± 0.199 para la heterocigosidad esperada media y de 0.583 ± 0.208 para la observada. El valor de F_{IS} Multilocus fue de 0.0475 y el 88% de los marcadores estudiados se encuentran en equilibrio de Hardy-Weinberg.

Introducción

Los cerdos Pampa Rocha son uno de los recursos zoogenéticos porcinos que posee la República Oriental del Uruguay. Estos cerdos presentan manto negro con seis puntos variables de pelaje blanco. Habitan naturalmente en el este del País, principalmente en el departamento de Rocha, en un ecosistema de bañados y esteros (Castro, 2007; Vadell et al., 1994). Los productores de Pampa Rocha resaltan la habilidad pastoril de estos animales. Las cerdas Pampa Rocha se caracterizan por su longevidad productiva y presentan buena producción de leche, lo cual es importante para la obtención de un buen número de lechones y un buen peso al destete (Vadell, 2007). Según la clasificación de la FAO (Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura), se encuentran en situación sin riesgo pero a preservar (más de 1000 reproductores) (Delgado, 2002). A partir del año 2002 la posibilidad de extinción de estos animales ha aumentado debido al descenso del número de pequeños productores de la región este del País. A esto se le suma la ausencia de políticas de organismos especializados que se dediquen a la conservación de esta raza. Una de las estrategias para la conservación de los recursos zoogenéticos, es la caracterización genética de los mismos. El uso de marcadores moleculares de ADN constituye una herramienta importante para cumplir con este objetivo. Los marcadores moleculares más utilizados hasta la actualidad en el estudio de la variabilidad genética son los microsatélites, los cuales son recomendados por la FAO para la caracterización genética en razas locales. El objetivo de este trabajo es realizar un primer análisis de la variabilidad genética del cerdo Pampa Rocha tipificando un panel de 25 microsatélites en una muestra de 39 individuos.

Material y métodos

Se analizaron 39 muestras de ADN de cerdos de la raza local Pampa Rocha con un panel de 25 microsatélites

(CGA, S0068, S0355, SW24, S0101, SW632, SW911, S0215, SW936, S0225, S0226, S0227, S0228, S0090, SW951, S0178, S0005, S0026, S0386, IGF1, SW72, SW857, S0155, SW240, S0002). Estos animales pertenecen a la Unidad de Producción de Cerdos del Centro Regional Sur (Facultad de Agronomía-UdelaR, Departamento de Canelones). La extracción de ADN se realizó a partir de muestras de pelo, mediante la técnica convencional con resina Chelex. Posteriormente se llevó a cabo la amplificación de los microsatélites en reacciones de PCR simples y múltiples. Para el genotipado de dichos marcadores se procedió a la secuenciación automática en un equipo ABI PRISM 377 (Applied Biosystems). Los datos obtenidos a partir del secuenciador automático se analizaron primariamente con el programa Genescan Analysis v.3.1.2, el cual proporciona información del tamaño de los fragmentos estudiados, y posteriormente se realizó el genotipado con el programa GENOTYPER 2.5. Se calculó el contenido de información polimórfica (PIC), número promedio de alelos, heterocigosidad observada y esperada mediante el programa MS Toolkit para Excel. El estadístico F_{IS} y la prueba de Equilibrio Hardy-Weinberg, se calcularon mediante el programa Genetix v. 4.02 (Belkhir y col., 2003).

Resultados y discusión

Todos los loci estudiados resultaron polimórficos, siendo S0386 y S0002 los microsatélites que presentaron el menor número de alelos (2), mientras los S0068 y SW240 fueron los marcadores con mayor número de variantes (10). El número medio de alelos fue de 5.72 ± 2.46 . Los valores de PIC oscilan entre 0.030 para S0386 y 0.819 para CGA. Diecisiete marcadores resultaron altamente informativos (PIC >0.5), siete medianamente informativos (PIC entre 0.25 y 0.5) y uno poco informativo: S0386 (PIC <0.25). La heterocigosidad esperada varió entre 0.030 para S0386 y 0.837 para el marcador CGA, con una media de 0.603 ± 0.199 . Para la heterocigosidad observada la variación fue entre 0.031 para S0386 y 0.875 para el microsatélite S0005, con una media de 0.583 ± 0.208 . El estadístico F_{IS} varió entre -0.115 para S0227 y 0.401 para el marcador S0002. Diecisiete marcadores presentan signo positivo, indicando exceso de homocigotas, y ocho presentan signo negativo, con un valor de F_{IS} Multilocus de 0.0475. El 88% de los marcadores estudiados se encuentran en equilibrio de Hardy Weinberg, mientras que tres loci (S0178, S0005 y SW72) no se encuentran en equilibrio ($p < 0.01$). El número medio de alelos encontrado en la presente muestra (5.72) es menor a lo reportado en el Criollo Cubano (8.2), en el Pelón Mexicano (7.07) y en los criollos del Nordeste argentino (9.25) (Pérez-Pineda, 2005; Canul et al., 2003; Revidati, 2008), pero mayor a los hallados en las variedades de cerdo Ibérico (exceptuando la variedad Negro Entrepelado), las razas Duroc Jersey y Chato Murciano (Martínez, 2001). En general existió una relación directa entre el número de alelos y el PIC. Los marcadores con mayor PIC presentan mayor número de alelos (CGA1, SW936, S0228, S0178, S0005). Tanto la heterocigosidad esperada como observada indican un alto grado de variabilidad, ya que esto se considera cuando los valores superan el 0.5. Este valor es similar a lo hallado previamente en cerdos criollos de Uruguay, los cuales también revelaron una gran variabilidad genética, con una H_e de 0,653 en 10 cerdos Pampa Rocha (Kelly et al., 2004), y de 0.590 en cerdos Mamellados (Castro et al., 2007). La heterocigosidad hallada en el presente análisis también se asemeja a las cifras encontradas en el Criollo Cubano ($H_e=0,653$), el Pelón Mexicano ($H_e=0,635$) y los criollos argentinos ($H_e=0,682$) (Pérez Pineda, 2005; Canul et al., 2005; Revidatti, 2009). En las razas Monteiro, Moura y Piau de Brasil se reportaron H_e de 0,573; 0,569 y 0,661 respectivamente (Sollero et al., 2008), siendo la H_e encontrada en los Pampa Rocha mayor a las dos primeras razas e inferior a la raza Piau. En cerdos ibéricos las H_e oscilan entre 0,439 para el Manchado de Jabugo y 0,567 para el Entrepelado (Martínez A., 2000). Los valores del F_{IS} multilocus señala un valor bajo de endogamia, pero con exceso de homocigotas. El alto porcentaje de marcadores en Equilibrio Hardy-Weinberg supone que las frecuencias alélicas de los individuos analizados se agrupan conformando una población homogénea.

Conclusiones

Los diferentes valores obtenidos para cuantificar la variabilidad genética, tales como el alto porcentaje de loci polimórficos, heterocigosidad esperada y observada, señalan una elevada variabilidad genética en la muestra de cerdos Pampa Rocha estudiada.

Agradecimientos

A la Agencia Nacional de Investigación e Innovación y a la Comisión Sectorial de Investigación Científica por el financiamiento. Al personal de la Unidad de Producción de Cerdos del centro Regional Sur (Facultad de Agronomía).

Bibliografía

- Canul M., Sierra A., Martínez A., Ortiz O., Delgado J.V., Vega-Pla J. & Pérez G. (2005). Caracterización genética del cerdo pelón mexicano mediante marcadores moleculares. *Arch. Zootec.* 54: 267-272.
- Castro G. (2007). Situación de los recursos genéticos porcinos locales en Uruguay. *Arch. Zootec.* 56(1): 783-788.
- Delgado J. (2002). Gestión genética de las poblaciones. Jornadas Iberoamericanas sobre la Mejora y Conservación de Razas Ganaderas Locales para el Desarrollo Rural Sostenible. Antigua-Guatemala: 12-37.
- Kelly L., Clop A., Vadell A., Nicolini P., Monteverde S., Amills M., Sanchez A. (2004). El cerdo Pampa-Rocha como recurso zoogenético en Uruguay. Marcadores Moleculares. *Veterinaria (Montevideo)*. 39(155-156): 15-16.
- Macedo F., Castro G. & Fernández G. (2008). Estudio preliminar de Componentes principales en características morfológicas y peso vivo de una muestra de cerdos mamellados del Uruguay. IX Simposio Iberoamericano sobre Conservación y Utilización de recursos Zoogenéticos: 225 -259. Mar Del Plata. Argentina
- Martínez A. (2001). Caracterización genética del cerdo Ibérico mediante marcadores moleculares. Tesis doctoral. Universidad de Córdoba, España. pp1-174.
- Pérez-Pineda E. (2005). Caracterización genética del cerdo Criollo Cubano utilizando marcadores moleculares. Tesis en opción al grado de Doctor en Ciencias Veterinarias. Universidad de Granma Cuba. Universidad de Córdoba España.
- Revidatti M.A. (2009). Caracterización de cerdos criollos del Nordeste Argentino. Tesis doctoral. Universidad de Córdoba, España. 1-260
- Sollero B., Paiva S., Faria D., Guimaraes S., Castro S., Egito A., Albuquerque M., Piovezan U., Bertani. & Mariante A. (2008). Genetic diversity of Brazilian pig breeds evidenced by microsatellite markers. *Livestock Science*. Artículo en prensa.
- Vadell A. (2007). Utilización de genotipos porcinos rústicos en sistemas de producción familiar. En: IX Encuentro de Nutrición y Producción en Animales Monogástricos, Montevideo, Uruguay.
- Vadell A., Barlocco N., Methol R., Vaselli M. & Castillos A. (1994). Diagnóstico de la producción porcina en el departamento de Rocha. PROBIDES/UDELAR. Uruguay: 44.