

El cerdo Pampa-Rocha como recurso zoogenético en Uruguay. Marcadores Moleculares

Kelly, L.¹; Clop, A.²; Vadell, A.³; Nicolini, P.¹; Monteverde, S.³; Amills, M.²; Sanchez, A.²

RESUMEN

Los orígenes del Pampa-Rocha aun son desconocidos, pero se considera que podrían ser producto de los cerdos introducidos por los colonizadores y de las razas Poland China y Berkshire (1900 y 1920). Nuestro objetivo es estudiar su variabilidad genética mediante marcadores moleculares y determinar el origen Asiático o Europeo de las líneas maternas que intervinieron en su formación. Se amplificaron 10 animales con 9 microsátélites (MS) recomendados por FAO para estudios de diversidad. Además, se amplificaron y secuenciaron 6 muestras para una región de 131pb del gen *citocromo B (CytB)* del ADN mitocondrial (ADN mit), cuyos haplotipos permiten determinar su origen europeo y/o asiático. El promedio del número de alelos de los microsátélites es de 4,55 y el Índice de Heterocigosidad (IH) de 0,653. De acuerdo a la cantidad de alelos que se observa para los MS, se concluye que la población presenta un elevado polimorfismo. En cuanto a los haplotipos del ADN-mit, 4 animales presentan el haplotipo europeo E1 y 2 el haplotipo asiático A1, por lo cual el origen de esta raza podría ser a partir de razas europeas que tuvieron introgresión con razas asiáticas.

Palabras clave: marcadores moleculares, variabilidad suinos Pampa.

SUMMARY

The origin of Pampa-Rocha pig breed still remains to be elucidated, but it is believed that it might have resulted from the crossbreeding of pigs introduced during the Spanish colonization (1500) and other British and American breeds such as Poland China and Berkshire. This crossbreeding event took place in the 1900-1920 period. The objective of this work is to study the genetic variability of Pampa-Rocha by means of molecular markers, as well as to determine the original breeds involved in the formation of this Uruguay autochthonous breed. Ten animals were typed for 9 microsattellites (MS), recommended by the FAO for performing diversity studies. In addition, 6 animals were sequenced for a 131 bp region of the *cytochrome B (CytB)* gene of the mitochondrial DNA (mit DNA). Cytochrome B haplotypes allow to determine the European and/or Asian origin of pig breeds. The mean number of MS alleles was 4,55 and the Heterozygosity Index (HI) was 0,653. According to the number of MS alleles observed, it is concluded that the studied Pampa-Rocha population presents a high level of polymorphism. Regarding to Pampa-Rocha breed formation, its most probable origin might have been from european breeds, some of them introgressed with asian breeds, as shown by maternal mitDNA.

Keywords: molecular markers, swine Pampa variability.

INTRODUCCIÓN

La raza Pampa-Rocha (PR) es una población de cerdos adaptada al ecosistema de bañados del Este del país, zona que es reserva mundial de la biósfera. Se considera que el PR podría ser producto de los cerdos introducidos por los colonizadores y de las razas Poland China y Berkshire. Los cerdos de la raza PR son criados como principal rubro productivo de esa región por pequeños productores familiares, siendo la única raza criolla del país (7). La caracterización productiva a campo ha identificado buenos

parámetros reproductivos (5 y 6) y productivos (1). Dadas estas características se considera un recurso zootécnico que es de gran importancia conservar y estudiar con el fin de realizar un aporte al desarrollo sostenible de la región.

Nuestro objetivo es estudiar su variabilidad genética mediante marcadores moleculares y determinar el origen Asiático o Europeo de las líneas maternas que intervinieron en su formación. por ser ampliamente usados para realizar este tipo de estudios (2,4).

MATERIALES Y MÉTODOS

Las muestras pertenecen al Centro Regional Sur de la Facultad de Agronomía, las cuales son representativas de diferentes regiones donde se cría el PR: Norte (Paso Barranca, Lascano, Cebollati), Sur (Valizas y Castillo) y cruza de estas zonas. Se extrajo DNA de pelo y se amplificaron, mediante la técnica de reacción en cadena de la polimerasa (PCR) y en un total de 10 animales, 9 microsátélites (CGA, SO155, SO225, SO226, SW24, SW72, SW240, SW632, SW911) recomendados por FAO

¹ Área Genética. Facultad de Veterinaria. Lasplacas 1550. UDELAR. Uruguay. E mail: gokelly@adinet.com.uy ² Facultad de Veterinaria. Universidad Autónoma de Barcelona. España.

³ Facultad de Agronomía. UDELAR. Uruguay.

(www.toulouse.inra.fr/lgc/pig/panel.htm). Se seleccionaron 6 muestras de diferente origen materno para analizar los haplotipos del gen citocromo B mitocondrial (*CytB*). Para ello se amplificó una secuencia de 131 pb que contiene 4 polimorfismos de un sólo nucleótido localizados en las posiciones: 47 (T/C), 49 (G/A), 52 (C/T) and 56 (G/A) pb del producto de PCR (posiciones 15036, 15038, 15041 y 15045pb de ADNmit del cerdo). Los haplotipos E1 (TGCG) y E2 (TGTG) son europeos, mientras que el A1 (CATA) y el A2 (CATG) son asiáticos (2). La técnica y los cebadores utilizados para el análisis del *CytB* es la descrita por Clop y col. (2). La secuenciación del producto amplificado se realizó con el kit de reacción BigDye Terminator Cycle Sequencing v2.0 Ready Reaction (Applied Biosystems, Foster City, CA) en un secuenciador automático de Applied Biosystems.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El promedio del número de alelos de los microsatélites fue de 4,55 y el Índice de Heterocigosidad fue de 0,653 con un rango de 0,329 (S0225) a 0,755 (S0226). Teniendo en cuenta el pequeño tamaño de la muestra, se observó un elevado polimorfismo ya que si la comparamos con 8 subpoblaciones de Cerdo Ibérico (4)

los cuales presentaron un promedio de alelos de 5,84 a 3,44 y un IH menor al de nuestra raza (0,6413 a 0,4634). En cuanto a los haplotipos del DNAmít, 4 animales presentaron haplotipo europeo (E1) y 2 haplotipo asiático (A1). Por lo tanto, su origen materno podría ser europeo y asiático ya que se ha identificado el haplotipo más frecuente en cerdos salvajes y domésticos europeos y el haplotipo característico de las razas asiáticas como el Jabalí de Japón y la raza Meishan de China (2, 3). Este fenómeno también se describe en las razas Large White, Landrace, Berkshire, Duroc (3) y en el cerdo Negro de Islas Canarias (2), lo que indicaría la participación de razas asiáticas en su formación. Por lo tanto, la procedencia del haplotipo asiático en PR podría provenir ya sea de las cruza con Poland China o del cerdo Negro de las Islas Canarias que habría sido introducido en la época de la colonización ibérica.

Con el fin de analizar si los PR del Sur eran una subpoblación diferente a la del Norte se determinaron los alelos de MS que eran compartidos por animales procedentes de ambas regiones, observándose que 7 de los 9 MS presentaron alelos en común. Por otro lado, al existir los dos tipos de haplotipos del ADN mit en animales pertenecientes a las diferentes

regiones, se considera que probablemente haya existido intercambio de madres entre ellas o que sean de un mismo origen. Sin embargo al observarse que 3 alelos se presentaron solamente en los animales cruza Norte-Sur, probablemente la muestra no fue lo suficientemente grande como para detectar su procedencia y por lo tanto no sería representativa de las diferencias genéticas que existen entre los PR de estas dos regiones. Por lo cual, para determinar si son dos subpoblaciones diferentes habría que ampliar la muestra.

CONCLUSIONES

- 1.-La población presenta una gran variabilidad genética de acuerdo al número promedio de alelos presentados (5, 84) y el IH (0.6413).
- 2.-El origen más probable del PR serían las razas europeas, algunas de las cuales estarían introgresadas con razas chinas, según los haplotipos del DNAmít (E1, A1).
- 3.-Probablemente no existirían diferencias entre los animales del Norte y del Sur ya que 7 de los 9 microsatélites presentaron alelos comunes, pero para determinar si son dos subpoblaciones habría que ampliar la muestra.

Referencias bibliográficas

- (1) Barlocco N.; Gómez A.; Vadell A.; Franco J.; Aguiar T. (2002b). Caracterización productiva del cerdo Pampa Rocha. Período de engorde. III Simposio Iberoamericano de Conservación de Recursos Zoogenéticos locales en el desarrollo rural sostenible. Montevideo. II.13.
- (2) Clop C., Amills M., Fernández A., Capote J., Noguera J.L., Ramón M.M., Kelly L., Kijas J., Andersson L, Sánchez A. (2004). Identification of *cytochrome B* haplotypes in six Spanish autochthonous and commercial pig breeds and inference of their Asiatic or European origin. Genet. Sel. Evol. 36: 97-104
- (3) Giuffra E.; Kijas J.M.; Amarger V.; Carlborg O.; Jeon J.T.; Andersson L. (2000). The origin of the domestic pig: independent domestication and subsequent introgression. Genetics. 154: 1785-1791.
- (4) Martínez A.M.; Delgado J.V.; Rodero A.; Vega-Pla J.L. (2000). Genetic structure of the Iberian pig breed using microsatellites. Anim. Genetics.31:295-301.
- (5) Monteverde S. (2001). Producción de leche de cerdas criollas Pampas y Duroc en un sistema a campo. Tesis Ing. Agr. Facultad Agronomía, Montevideo, Uruguay. 57p.
- (6) Vadell A.1999. Producción de cerdos a campo en un sistema de mínimos costos. *En*: V Encuentro sobre nutrición y producción de animales monogástricos. Maracay, Venezuela. 54-67.
- (7) Vadell A.; Barlocco N.; Methol R.; Vaselli M.; Castillo A. (1996). Diagnóstico de la producción porcina en el departamento de Rocha. Facultad de Agronomía, PROBIDES. 40p.