

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE BAJA CALIFORNIA
INSTITUTO DE INVESTIGACIONES EN CIENCIAS VETERINARIAS

MAESTRÍA EN CIENCIAS VETERINARIAS



**ANÁLISIS POBLACIONAL MOLECULAR CON GENES CANDIDATOS
ASOCIADOS A CARACTERÍSTICAS DE CRECIMIENTO Y CALIDAD DE LA
CARNE EN CERDOS PELÓN MEXICANO, CUINO Y YORKSHIRE**

TESIS

**COMO REQUISITO PARCIAL PARA OBTENER EL GRADO DE
MAESTRO EN CIENCIAS VETERINARIAS**

PRESENTA:

M. V. Z. ALEJANDRO ANTONIO GONZÁLEZ SARABIA

MEXICALI, B. C., MÉXICO

OCTUBRE DE 2011

Análisis poblacional molecular con genes candidatos asociados a características de crecimiento y calidad de la carne en cerdos Pelón Mexicano, Cuino y Yorkshire. Tesis presentada por Alejandro Antonio González Sarabia como requisito parcial para obtener el Grado de Maestro en Ciencias Veterinarias, que ha sido aprobada por el Comité Particular indicado:

Dr. Alberto Barreras Serrano
Director Principal

Dr. Clemente Lemus Flores
Asesor

Dr. Fernando Figueroa Saavedra
Asesor

Dr. Eduardo Sánchez López
Asesor

Lugar y Fecha

CONTENIDO	Pág.
INTRODUCCIÓN.....	1
REVISIÓN DE LITERATURA.....	4
Características a considerar de los grupos genéticos en Nayarit.....	4
Diversidad genéticas de las razas.....	12
Diversidad genética de los cerdos criollos mexicanos y comerciales.....	13
Marcadores moleculares de DNA	16
Marcadores moleculares para la selección de de calidad de la carne.....	17
Genes candidatos.....	19
Gene 2,4-dyenoyl-coA-reductase (DECR).....	19
Polimorfismo.....	19
Halotano.....	20
Polimorfismo.....	21
Heart fatty acid proteína (H-FABP).....	21
Polimorfismo.....	23
Leptina.....	24
Polimorfismo.....	25
Hormona sensitiva de la lipasa (LIPE).....	26
Polimorfismo.....	26
Melanocortin 4 Receptor (MCR4).....	26
Polimorfismo.....	27
Myogenin.....	28
Polimorfismo.....	29
Rendement Napole (RN).....	29
Polimorfismo.....	30

LITERATURA CITADA	32
ARTICULO PUBLICADO.....	49

INTRODUCCIÓN

La porcicultura en México es una actividad que se encuentra en los primeros tres lugares de importancia en el ramo pecuario, teniendo la producción en traspatio o rural un gran interés a nivel de autoconsumo (Rojas, 1994).

Las poblaciones de cerdos criollos en México son descendientes de los cerdos criollos traídos por los españoles en la colonia. Fueron transportados por órdenes de cortes en el año 1522 provenientes de las islas de Cuba, Jamaica, Santo Domingo y Puerto Rico. El ganado porcino se multiplico en grandes cantidades por reproducción natural. Se necesitaba poco espacio, el maíz como alimento era barato y abundante (Mateyzanz, 1965). Dentro de las poblaciones de cerdos en México se reconocen tres tipos de cerdos domésticos por el Domestic Animal Diversity Information System (DAD-IS) de la Organización para la Alimentación y Agricultura de las Naciones Unidas (FAO) (<http://www.fao.org/dad-is/index.htm>): el Virich o Cerdo Pelón Mexicano (CPM), el Cerdo Cascote o Pata de Mula (PM) y el Cuino (FAO, 1994).

El Cerdo Criollo Mexicano y dentro de este el tipo Pelón Mexicano, representa una población porcina endémica que se localiza en las costas y el sureste mexicano, comprendiendo los Estados de Oaxaca, Sur de Veracruz, Tabasco, Chiapas, Campeche, Quintana Roo, Yucatán y algunos estados hacia el norte, como Nayarit, Jalisco (Flores, 1977; Tello y Cisneros, 1990; Lemus-Flores et al., 1999).

El estudio y preservación de los recursos genéticos locales es urgente, antes de que sea demasiado tarde. Debido a la introducción de razas mejoradas de cerdos en explotaciones porcinas, el CPM está en peligro de ser absorbido hasta la extinción, por lo que la F.A.O. lo considera como casi extinto, debiendo considerarse que su germoplasma es un patrimonio no renovable (F.A.O. 1994; Loftus y Scherf, 1992).

Se tienen estimaciones de que aproximadamente un 25 - 35% de la población total de cerdos a nivel mundial podría estar constituido por razas locales. Dichas razas en muchos casos no están bien definidas ni caracterizadas, pero indudablemente constituyen una gran base para los programas de cruzamiento (F.A.O. 1994; Pathiraja, 1987).

El CPM fue el único criado en México hasta finales del siglo pasado. En la actualidad sin datos precisos, el número de este tipo de cerdos es menor del 30% del total de la población porcina, considerada hasta 1993 en 11 millones de cerdos (F.A.O, 1993; Flores, 1978).

El CPM es un animal que se ha orientado a la producción de grasa por el tipo de alimentación a la que ha sido sometido, aunque de acuerdo con un estudio al respecto (Cárdenas, 1966) concluye por las medidas corporales e índices zoométricos obtenidos en su estudio, que el CPM es de tipo longilíneo y su conformación los hace aptos para la producción de carne (Lemus-Flores et al., 1999; Hernández y Hernández, 1999). Sin embargo, en general los diferentes estudios realizados con el CPM, no le dan oportunidad ante el cerdo moderno, considerando a esta raza como no mejorada y sin atributos comerciales, reconociendo que de manera natural se ha seleccionado a las distintas condiciones ecológicas nacionales, que incluyen factores infecciosos y nutricionales (Salinas, 1996).

Existen estudios genéticos en cerdos comerciales que indican que se ha ejercido una presión de selección muy intensa, de tal forma que la variabilidad genética en las poblaciones comerciales se ha reducido notablemente. Esta reducción en los germoplasmas de cerdos de líneas comerciales resalta aún más la importancia de las variedades nativas de cerdos como el Pelón Mexicano, ya que pueden representar reservorios genéticos respecto a factores de resistencia natural a diversas enfermedades y factores de tolerancia a condiciones climáticas extremas, que podrían enriquecer en un futuro el germoplasma comercial del cerdo (Nájera, 1989).

Objetivo General

Comparar la diversidad y variación genética entre cerdos Pelón mexicano, Cuino y Yorkshire para genes candidatos que se relacionan con características de crecimiento y calidad de la carne empleando la técnica PCR-RFLP.

Objetivos Específicos

Estandarizar las técnicas para el diagnóstico de frecuencias fenotípicas con genes candidatos asociados a características de crecimiento y calidad de la carne con cerdos Pelón mexicano, Cuino y Yorkshire con técnica PCR-RFLP.

Identificar genotipos y realizar un análisis de frecuencias génicas, genotípicas y diversidad genética con genes candidatos asociados a características de crecimiento y calidad de la carne con cerdos Pelón mexicano, Cuino y Yorkshire con técnica PCR-RFLP.

Determinar las distancias genéticas entre las poblaciones de Cerdos Pelón mexicano, Cuino y Yorkshire.

REVISIÓN DE LITERATURA

Características a considerar de los grupos genéticos en Nayarit

En la producción porcina rural mexicana destaca la explotación en forma extensiva del Cerdo Pelón Mexicano (CPM), basada en un sistema tradicional de manejo que permite el aprovechamiento de los recursos naturales, que ha permanecido a través del tiempo gracias a la adaptabilidad de esta raza a las condiciones ambientales de su entorno, su alta resistencia a enfermedades y a las características particulares de los productos alimenticios que de ella se derivan (Spilbury, 1998.).

Estos animales son criados en comunidades rurales en explotaciones en pequeña escala de tipo familiar (traspatio), en las cuales se han cruzado con las poblaciones locales, por lo que no se puede hablar de una raza pura, aunque conservan una elevada proporción de sus características fenotípicas (Cárdenas, 1966; Cabello, 1969).

En el Estado de Nayarit al CPM se le localiza en ejidos y en comunidades rurales de varios municipios, principalmente de Huajicori, Acaponeta y Rosamorada. Este cerdo se explota con un bajo nivel tecnológico y escasos controles sanitarios, por lo que su producción ocurre básicamente en la periferia de poblados pequeños aprovechando los desperdicios domésticos generados en el núcleo familiar (Lemus, 1999; Rico et al., 2000).

El CPM en las comunidades rurales contribuye a mejorar la dieta del campesino y le proporciona un ingreso adicional al ser engordados para su venta, contribuyendo de esta manera a la economía familiar (González, 1974; Spilbury, 1998; Lemus et al, 1999). Sus productos cárnicos son de excelente calidad, por su facilidad para industrializar y conservarse en buen estado por mucho tiempo, lo que permite su exportación (Lemus, 1999).

Los cerdos poseen características biológicas importantes económicamente que contribuyen a la eficiencia productiva de las empresas porcinas, sin embargo no todos los cerdos tienen el mismo potencial de producción por lo que es muy importante identificar esas diferencias entre los animales que permitan seleccionar padres que tengan una mayor probabilidad de transmitir sus características de comportamiento superior a su descendencia. Los cerdos criollos locales filogenéticamente se encuentran separados genéticamente separados de los modernos, situación que sugiere que así se han conservado a pesar de la falta de programas sistematizados de mejora genética. Por otro lado los cerdos modernos se encuentran cercanos, señalándose que comparten gran parte de sus genes y que los programas de selección de los que han sido objeto, les acerca mas entre razas (Lemus, 2001; Martínez y Fraustro, 1943).

La mayoría de los cerdos presentan una prolificidad relativamente baja, lechones de bajo peso al nacer, un crecimiento lento y mayor deposición de grasa dorsal. Tiene grandes ventajas para la producción de carne en áreas rurales de los países en desarrollo, entre las cuales se encuentran: tamaño, rusticidad, bajo costo y el capital para su explotación es bajo, la importancia de estos cerdos en las comunidades rurales es doble, por un lado mejorar la dieta del campesino o criador y por otro son engordados para venderse (Lemus et al., 2001).

El cerdo a nivel rural no solo es una fuente de proteína sino de grasa animal (Rico et al., 2000).

El hecho de carecer de pelo los hace más resistente a la infestación de ectoparásitos (como piojos) que son comunes en las zonas donde este animal se desarrolla. Al parecer la ausencia de pelo llamada alopecia, es dominante ya que esta manifestación fenotípica no ha desaparecido a pesar del entrecruzamiento con cerdos modernos, se reporta que el 80% de las crías que nacen de vientres CPM son pelones (Rojas, 1994; Salinas, 1996). Los cerdos criollos se cree que tienen resistencia a parásitos, algunas enfermedades virales y bacterianas, y presentan una inmunidad natural. Al cerdo Criollo

Mexicano, por lo regular no se le aplica ningún tipo de prevención contra enfermedades más comunes y se cree que presentan alta resistencia a las enfermedades de manera natural (Kato, 1995; Lemus et al., 1999).

Dentro de la producción porcina en nuestro país se encuentra la explotación del cerdo pelón mexicano (CPM). El CPM tiene la cabeza y cara rectilínea, orejas de tamaño mediano caídas hacia los ojos y semierectas, dorso un tanto rectilíneo con ancas completamente caídas, el cuerpo esta parcial o totalmente desprovisto de pelo, su color es grisáceo y son de talla mediana, teniendo una alzada de 57-76 cm, una longitud total del cuerpo en adultos entre 1.4 y 1.5 m con un peso de 150 a 170 Kg, por su color de piel no se observan casos de foto sensibilización o eritema solar como en las razas de color claro (Panepino et al., 1978; Flores, 1992; Hernández y Hernández, 1999).

Al parecer hay una marcada dominancia de los genes que da la piel sin pelo y se han visto casos de que no han sido tan mezclados, que la primera generación llega a dar más de 80% de crías que nacen sin pelo. Para la obtención de líneas puras, sería necesario llevar a cabo cruza consanguíneas; esto se logra buscando ejemplares que hayan dado un mínimo de 50% de crías lampiñas lo más recientemente posible; continuando con la consanguinidad, se eliminarían aquellos que no reúnan las características deseadas, hasta que los animales cruzados no tengan ningún descendiente con pelo. Esta carencia de pelo en la piel, facilita su limpieza en la matanza, ahorrándose en parte el trabajo que representa el pelado, basta un poco de agua caliente para que la cutícula que cubre la piel se desprenda con facilidad (Robles, 1967; Salinas, 1996).

La principal causa de baja productividad del cerdo criollo es de tipo genético, por la falta sistemática del uso de la heterosis con el fin de mejorar las características de las razas criollas, dependiendo del sistema de cruzamiento y de las razas a introducir para incrementar la productividad de los cerdos criollos cruzados enfocados a la prolificidad y la precocidad, aunque se corre el riesgo de perder características como la rusticidad, fertilidad o habilidad materna

(Davendra y Fuller, 1979; Pathiraja, 1986; Nicholas, 1990).

El cerdo moderno a través de 100 años ha sido seleccionado para mejorar su producción, lo que le ha permitido acercarse a la definición ideal del cerdo moderno enunciada anteriormente; “tipo magro, con una proporción adecuada de grasa, que llegue en forma rápida y económica al peso de sacrificio, que produzca los mejores porcentajes de los principales cortes: jamón, lomo y hombros” (Berruecos, 1972; Trujillo y Flores, 1988). Es necesario hacer notar que no existen razas superiores o sobresalientes para todas las características, sino sólo líneas superiores, por lo tanto la definición del cerdo ideal actual sería: aquel tipo magro con una proporción adecuada de grasa que llegue en forma rápida y económica al peso de sacrificio y que produzca los mejores porcentajes de los principales cortes: jamón, lomo y hombros (Barruecos, 1972; Trujillo y Flores, 1988).

Métodos Moleculares

En esta nueva era de la genética molecular existen métodos moleculares para el análisis de la variación genética que nos permiten identificar individuos, estas técnicas para la manipulación experimental de fragmentos de ácido desoxirribonucleico (ADN) se usan ampliamente para el estudio de variación genética en poblaciones naturales y se aprovechan de los rasgos únicos de la estructura del ADN y su replicación; para lograr esto se requiere de tener familiaridad con estos métodos para entender como se usan e identificar diferentes tipos de polimorfismo genético (Teals et al., 1994).

Gracias a las técnicas de biología molecular, como la técnica de reacción en cadena de polimerasa (PCR, por sus siglas en inglés, Polymerase Chain Reaction), que amplifica el ADN mitocondrial y analiza las reacciones filogenéticas mediante endogramas que permite evaluar las distancias genéticas existentes en las poblaciones animales, en este caso de distintas variedades de cerdos criollos, se sabe que tienen un origen diverso, ya que dos de los aplotipos encontrados son similares a las razas asiáticas (Satsuma y

Vietnamita) y cinco se denominaron de origen europeo (Huerta et al ., 1999; Lemus et al., 1999;2001).

El polimorfismo del ADN puede ser detectado con una variedad de técnicas, entre las más comunes está la PCR y el polimorfismo en la longitud de los fragmentos de restricción (RFLP), que auxiliados con electroforesis con geles de agarosa y acrilamida se puede identificar que genotipo tiene cada individuo en el caso de una mutación; estas técnicas tienen la ventaja que se pueden realizar en laboratorios no muy sofisticados (Barker, 1994).

Reacción en cadena de la Polimerasa: la técnica de PCR; amplifica más de un millón de veces el ADN obtenido a partir de una región seleccionada del genoma, siempre y cuando se conozca una parte de la secuencia de nucleótidos. Ofrece una alternativa a la clonación basada en vectores como medio de generar numerosas copias de ADN a partir de muestra simple (Teals et al., 1994).

Como un método en común de verificación del resultado de estos marcadores moleculares, se utiliza la electroforesis que consiste en una mezcla de moléculas ionizadas, con carga eléctrica neta colocada en un campo eléctrico, experimentando una fuerza de atracción hacia el polo de carga opuesta, genéticamente (ADN) al transcurrir cierto tiempo las moléculas cargadas positivamente se desplazarán hacia el cátodo (el polo negativo) y aquellas cargadas negativamente se desplazarán hacia el ánodo (el polo positivo). El movimiento de las moléculas se determina por dos fuerzas adicionales; la fricción con el solvente dificultará este movimiento (es decir, al moverse los solutos chocarán con las moléculas de solvente que están en su camino), lo que genera una fuerza que se opone al movimiento; por otro lado, las moléculas tienden a moverse en forma aleatoria debido a la energía cinética propia denominada difusión. La energía cinética de las moléculas aumenta con la temperatura, por ello a mayor temperatura mayor difusión. Dando origen a la genotipificación (Griffiths et al., 1999).

La PCR, ofrece una alternativa a la clonación basada en vectores como medio de generar numerosas copias de ADN a partir de una muestra simple, esta técnica imita la forma en que el ADN se replica de forma natural en el interior de la célula, esta tecnología se utiliza para sintetizar *in vitro* fragmentos específicos de ADN con la finalidad de detectar una secuencia o gen de interés en el genoma (Soberon, 2000; Valadez y Günter, 2000).

La reacción se lleva a cabo en una serie de ciclos cada uno de los cuales incluye tres fases o pasos:

Desnaturalización: para que comience la reacción es necesario que el ADN molde se encuentre en forma de cadena sencilla. Esto se consigue aplicando temperaturas de 90 a 95°C que producen la ruptura de los puentes de hidrógeno intercatenarios y por lo tanto la separación de ambas cadenas. Para conseguir la completa separación de las hebras de toda la muestra esta temperatura debe mantenerse unos minutos. Si el ADN solo se desnaturaliza parcialmente éste tenderá a renaturalizarse rápidamente, evitando así una eficiente hibridación de los primers y una posterior extensión.

Hibridación (fase de alineamiento o de reconocimiento): una vez que el ADN está desnaturalizado se disminuye la temperatura hasta un rango comprendido entre los 40 y 60°C para que se pueda producir la unión de los primeros a las secuencias flanqueantes del fragmento que se va a amplificar. La temperatura de fusión o alineamiento (T_M "temperatura meelting") depende de varios factores y es relativamente específica para cada primer (moléculas iniciadoras). Cada molécula iniciadora llamada primer requiere una serie de estudios experimentales para determinar su temperatura de alineación idónea, si la temperatura es muy alta no se producirá una unión completa.

Extensión: durante este paso la enzima *Taq* polimerasa incorpora nucleótidos en el extremo 3' del primer utilizando como molde la cadena previamente desnaturalizada. La temperatura que se utiliza en esta fase es de 72°C, donde la *Taq* polimerasa alcanza su máxima actividad. Una extensión de 20 segundos es suficiente para fragmentos menores de 500pb, y 40 segundos

para fragmentos por encima de 1200pb (Soberon, 2000; Valadez y Günter, 2000 Boom, 2004).

Esta técnica fue patentada en 1985 y se ha venido utilizando con bastante éxito en diferentes campos del conocimiento, ha invadido de tal forma la Biología Molecular, que hoy en día es muy difícil imaginar esta ciencia sin ella. En 1993, Kary Mullis recibió por este descubrimiento el Premio Nóbel de Química (Boom, 2004). La PCR tiene varios requerimientos, entre los cuales es indispensable un molde de ADN, primers, enzima ADN polimerasa resistente a fluctuaciones de temperatura, mezcla de desoxirribonucleotidos trifosfatos (dATP, dCTP, dGTP y dTTP), amortiguador apropiado y un equipo llamado termociclador que tiene la capacidad de cambiar las temperaturas dependiendo del ciclaje programado (Arredondo, 1993; Soberon, 2000; Valadez y Günter, 2000).

Polimorfismo de la longitud de los fragmentos de restricción (RFLP)

Los marcadores de ADN son secuencias genómicas localizadas en un mismo locus pero que difieren en su secuencia de bases nitrogenadas. Esas variaciones son consecuencia de varios eventos de mutaciones que se manifiestan en los genomas que se comparan. Para detectar alguna de estas mutaciones se utiliza la técnica de RFLP (Valadez y Günter, 2000).

Esta tecnología utiliza enzimas de restricción (endonucleasas) para fragmentar la molécula de ADN, detectando el polimorfismo a través del número y tamaño de los fragmentos. Cada una de las endonucleasas (actualmente se conocen más de 1500) reconocen y cortan solamente una secuencia específica de bases nitrogenadas en el ADN, siempre y cuando estas no estén protegidas (metiladas). El propio cromosoma bacteriano esta protegido con dicho proceso de metilación en los sitios que reconocen las endonucleasas que la misma bacteria produce, por lo que no es afectado. Cualquier otro ADN que no estuviera metilado, podría ser reconocido y cortado en fragmentos de longitud definida y cualquier mutación dentro de esos sitios, podría cambiar el patrón del fragmento y permitir que se detecte un RFLP al comparar dos o mas genomas (

Rothschild, 2003a; Sánchez, 2003; Valadez y Günter, 2000).

Para la detección de RFLPs, en primer lugar es necesario aislar el ADN del organismo de interés, purificarlo y cortarlo con una o más endonucleasas de restricción. Los fragmentos resultantes se separan en un gel de agarosa por electroforesis. El fragmento específico de ADN se hará visible con autorradiografía, luminografía o quimioluminiscencia (Sambrook et al., 1994; Valadez y Günter, 2000).

Electroforesis: una vez amplificado el ADN, los fragmentos resultantes son separados en función de su tamaño por medio de un proceso denominado electroforesis, que consiste en separar fragmentos de ADN en función de su tamaño al aplicar una corriente eléctrica a un gel en el interior del cual se ha introducido una mezcla de fragmentos (Anderson et al., 1994). Estos comienzan a moverse desde el polo negativo al polo positivo de tal modo que los fragmentos más pequeños se mueven más rápido que los más grandes. Cuando la corriente cesa, los fragmentos de ADN se han distribuido a lo largo del gel, situándose los más pequeños más cerca del polo positivo, adoptando una apariencia similar a un código de barras. Cada barra contiene un fragmento de ADN de un tamaño determinado (Sambrook et al., 1994; Rothschild, 2003a).

Los marcadores moleculares son regiones de ADN mapeados en un locus específico capaces de identificar los genes que codifican para características cuantitativas (Lande y Thompson, 1990; Rosas y Ávila, 1999; Sánchez, 2003). Estos no se ven afectados por variaciones ambientales ni de desarrollo, muestran la base de la variación de los individuos, permiten seleccionar regiones concretas dentro de la molécula de ADN para estudios determinados, el número de polimorfismos detectables es teóricamente ilimitado, permite analizar tanto la información que se expresa como la que no (Jiménez y Collada, 2000).

En investigaciones recientes se ha demostrado que muchos genes se asocian con características de interés económico y que el uso de marcadores genéticos tiene valor para medir relaciones entre las razas. La caracterización

de razas porcinas a nivel molecular debe ser utilizada en programas de selección asistida por marcadores genéticos de ADN (Ramos et al., 2003; Rothschild, 2003ab; Sambrook, et al., 1994). Recientes descubrimientos en genética humana y biología molecular han llevado al desarrollo de útiles mapas genéticos en cerdos. Varios loci de rasgos cuantitativos (QTL) examinan y analizan genes candidatos que han identificado regiones importantes en el cromosoma y genes individuales asociados con rasgos de características económicas importantes. En cerdos, se han identificado QTLs para crecimiento y grasa dorsal, calidad de la carne, reproducción y resistencia a enfermedades (Rothschild, 2003b). Algunos de los genes candidatos que se han identificado para crecimiento y grasa dorsal son el melanocortin 4 receptor (Ciobanu et al., 2001), Leptina y receptor de la leptina (Vincent et al., 1997), para calidad de la carne el halotano (Rodríguez, 2004) y el rendement napole (Rothschild, 2003b), para resistencia a enfermedades el alpha 1-2 fucosyltransferasa (Meijerink et al., 1997; Vögeli et al., 1996) y resistencia natural asociada al macrófago de la proteína 1 (Rothschild, 2003b; Sun et al., 1998; Tuggle et al., 1997) y para tamaño de la camada el estrógeno receptor (Linville et al., 2001; Short et al., 1997), retinol binding protein 4 (Linville et al., 2001; Rothschild, 2003b), prolactina y receptor de la prolactina (Drogemuller et al., 2001; Birgitte et al., 2003; Korwin et al., 2003).

En cerdos, se han identificado genes asociados con características cuantitativas o QTLs, para crecimiento y grasa dorsal, calidad de la carne, entre otros (Rothschild, 2003). Algunos de los genes candidatos que se han identificado para crecimiento y grasa dorsal son: receptor de melanocortin 4 (Ciobanu et al., 2001), Leptina y receptor de la leptina (Vincent et al., 1997; Zhi-Hua and Gibson, 1998). Para calidad de la carne el halotano (Rodríguez, 2004) y el rendemen napole (Rothschild, 2003).

Diversidad genética de las razas

La diversidad de los animales de granja se encuentra amenazada, durante los últimos siete años sean extinguido una raza de ganado domestico al

mes. Además el informe puntualiza que entre las razas de alto rendimiento mas utilizadas. La diversidad genética dentro de esa misma raza se ve amenazada por el uso de un reducido número de sementales para el mejoramiento (FAO. 2007).

Los datos de los últimos informes sobre “situación de los recursos zoogenéticos mundiales para la alimentación y la agricultura” de la FAO indica que la rápida expansión de la ganadería industrial a gran escala la cual se basa en la utilización de animales de gran rendimiento que se crían de forma intensiva para tener productos uniformes y que utiliza un reducido numero de razas, esta amenazando gravemente la diversidad de los animales de granjas a nivel mundial. Desde a mediados del siglo XX son unas pocas razas de gran rendimiento generalmente de origen europeo las que sean extendido por todo el mundo en detrimento de las razas tradicionales, como los cerdos large white, duroc y landrace (FAO. 2007). Un alto porcentaje de las razas domesticas que proveen de alimentos a la humanidad están en peligro de extinción. Las razas indígenas poseen comúnmente rasgos valiosos tales como adaptación a condiciones difíciles, incluyendo tolerancia a enfermedades parasitarias e infecciosa, sequía y calidad alimenticia pobre (CVID, 2003; Sierra et al., 2005).

Por lo tanto el rescate y aprovechamiento de recursos genéticos nativos como el cerdo criollo mexicano podría ser un espécimen fructífero de investigación por muchos años. En México recientemente séle ha dado un impulso importante al estudio de los recursos genéticos animales, toda ves que sea comprendido la relevancia de las variantes genéticas tan extensas, pero tan pobremente caracterizadas, mas a un cuando se trata de poblaciones criollas o nativas (Sierra, et al., 2005).

Diversidad genética de los cerdos criollos mexicanos y comerciales

México es un país mega diverso, sin embargo presenta la amenaza de perder parte de su riqueza biológica, por no contar con estudios sistemáticos que permitan definir la diversidad de sus recursos. El cerdo Pelón representa una población semidomesticada que se localiza en el Golfo y Pacífico

mexicano; en el estado de Yucatán todavía se le puede encontrar en comunidades muy alejadas, sin embargo, en las últimas tres décadas ha sido desplazado de la mayor parte de su sistema tradicional de producción y sus inventarios han disminuido fuertemente, debido a la constante introducción de razas selectas en las explotaciones porcícolas, a tal grado que se encuentra en peligro de ser absorbido hasta la extinción, a pesar de ser un recurso con gran rusticidad que podría aprovecharse en un futuro inmediato. Se plantean las estrategias de actuación para garantizar la conservación genética de la raza (Sierra et al., 2005). En México recientemente se le ha dado un impulso importante al estudio de los recursos genéticos animal, toda vez que se ha comprendido la relevancia de las variables genéticas tan extensas pero tan pobremente caracterizadas, más aun cuando se trata de poblaciones criollas o nativas (Sierra et al., 2005).

El cerdo criollo Mexicano fue reportado por la FAO como un cerdo en peligro de extinción y es una especie poco valorada se cree que este animal fue introducido en México en tiempo de la conquista y que de forma natural ha sobrevivido a distintas condiciones ecológicas, incluyendo factores infecciosos y limitaciones nutricionales además alta resistencia a enfermedades. La principal causa de la baja productividad del cerdo criollo es de tipo genético por la falta sistemática del uso de heterosis con el fin de mejorar las características de las razas criollas dependiendo del sistema de cruzamiento y de las razas a introducir para incrementar la productividad de los cerdos criollos cruzados enfocados a la prolificidad y la precocidad, aunque se corre el riesgo de perder características como la rusticidad, fertilidad o habilidad materna. Entre los tres tipos de cerdos criollos, el cerdo pelón mexicano, es el más abundante, siguiendo el cerdo cuino que probablemente fue introducido por embarcaciones de china que comerciaban con México en el siglo XVI; el menos abundante es el llamado pata de mula.

El cerdo criollo mexicano fue reportado por la FAO como un cerdo en peligro de extinción (FAO, 2000). Es una especie poco valorada, se cree que

fue introducida a México en tiempos de la conquista, que de forma natural a sobrevivido a distintas condiciones poco tecnificadas, aprovechando tubérculos, forrajes y subproductos agrícolas; se le reconoce su capacidad para producir grasa corporal y la captación a condiciones locales. La mayoría de los cerdos presentan una prolificidad relativamente baja, lechones de bajo peso al nacer, un crecimiento lento y mayor deposición de grasa dorsal. Tiene gran ventaja para la producción de carne en áreas rurales de los países en desarrollo, entre los cuales se encuentran: tamaño, rusticidad, bajo costo y el capital para su explotación es bajo, la importancia de este cerdo en las comunidades rurales es de doble, por un lado mejora la dieta del campesino o criador y por otro son engordados para venderse (Lemus et al., 2001).

Las principales causas de baja productividad del cerdo criollo es de tipo genético, por la falta sistémica del uso de la heterosis con el fin de mejorar las características de la raza criolla, dependiendo del sistema de cruzamiento y de las razas criollas a introducir para incrementar la productividad de los cerdos criollos cruzados enfocados a la prolificidad y la precocidad, aun que se corre el riesgo de perder características como la rusticidad, y fertilidad o habilidad materna. En México el cerdo pelón Mexicano es el más abundante, siguiendo el cerdo cuino que probablemente fue introducido por embarcaciones de china que comercializaban en México en el siglo XVI el menos abundante es el pata de mula (Vázquez, 1986).

Empleando marcadores genéticos como grupos sanguíneos y polimorfismos de proteínas, la diversidad genética medida como H en Duroc fue de 0.33, Hampshire 0.35, Landrace 0.37, y Large White 0.38; encontrando en los dendogramas, empleando las distancias estándar de Nei, que los cerdos Landrace y Large White están cercanos continuos al Duroc, siendo el Hampshire el mas distante (Cepica et al., 1995).

Ferdholm et al. (1993) anteriormente a los estudios de Cepica et al. (1995) reportaron, usando 24 loci polimorfismos, que la raza Large White (n=22) la H fue la mas alta con 0.58, seguida de la Landrace (n=22) 0.51, Duroc (n=210 0.48 y 0.46 para Hampshire.

La variación genética en las poblaciones criollas en México, Cuba como en España, se ha encontrado que es más alta que los cerdos comerciales. Los cerdos criollos locales filogenéticamente se encuentran separados genéticamente de los cerdos modernos, situación que sugiere que así se a conservado a pesar de la falta de programas sistematizados de mejora genética (Martínez et al., 2000; 2005; Lemus et al, 2001; Canul et al., 2005).

Marcadores moleculares de DNA: son regiones de ADN mapeados en un locus específico capaces de identificar los genes que codifican para características cuantitativas (Lande, 1990; Rosas y Ávila, 1999), éstos no se ven afectados por variaciones ambientales ni de desarrollo, muestran la base de la variación de los individuos, permiten seleccionar regiones concretas dentro de la molécula de ADN para estudios determinados, el número de polimorfismos detectables es teóricamente ilimitado, permite analizar tanto la información que se expresa como la que no (Jiménez y Collada, 2000). Se han determinado marcadores moleculares que son segmentos de ADN que tienen una ubicación física y espacial que puede ser relativamente fácil de identificar en un cromosoma y la ganancia mayor estriba en que se puede rastrear su herencia (Drogemuller y Hamann, 2001).

En términos generales podemos afirmar que el uso de los marcadores moleculares requiere necesariamente de la tecnología de Reacción en cadena de la polimerasa y es verificada a través de la electroforesis en gel de agarosa o poliacrilamida (Rothschild, 2003).

En investigaciones recientes se ha demostrado que muchos genes se asocian con características de interés económico (Rothschild y Plastow, 1999; Ramos et al., 2003; Rothschild, 2003a) y que el uso de marcadores genéticos tiene valor para medir relaciones entre las razas (Rothschild, 2003a). La caracterización de razas porcinas a nivel molecular debe ser utilizada en programas de selección asistida por marcadores genéticos de ADN (Ramos et al., 2003; Rothschild, 2003b).

Recientes descubrimientos en genética humana y biología molecular han llevado al desarrollo de útiles mapas genéticos en cerdos. Varios loci de rasgos cuantitativos (QTL) examinan y analizan genes candidatos que han identificado regiones importantes en el cromosoma y genes individuales asociados con rasgos de características económicas importantes. En cerdos, se han identificado QTLs para crecimiento y grasa dorsal, calidad de la carne, reproducción y resistencia a enfermedades (Rothschild, 2003b). Algunos de los genes candidatos que se han identificado para crecimiento y grasa dorsal son el melanocortin 4 receptor (Ciobanu et al., 2001), Leptina y receptor de la leptina (Vincent et al., 1997; Zhi-Hua and Gibson, 1998), para calidad de la carne el halotano (Rodríguez, 2004) y el rendemen napole (Rothschild, 2003b), para resistencia a enfermedades el alpha 1-2 fusosyltransferasa (Vögeli et al., 1996; Meijerink et al., 1997) y resistencia natural asociada al macrófago de la proteína 1 (Tuggle et al., 1997; Sun et al., 1998; Rothschild, 2003b) y para tamaño de la camada el estrógeno receptor (Short et al., 1997; Linville et al., 2001), retinol binding protein 4 (Linville et al., 2001; Rothschild, 2003b), prolactina y receptor de la prolactina (Vincent *et al.*, 1998a, b; Drogemuller et al., 2001; Birgitte et al., 2003).

Marcadores moleculares para la selección de calidad de la carne

En la actualidad, con los avances tecnológicos de la biología molecular e ingeniería genética, han surgido otros métodos más precisos para realizar la selección genética de los animales más productivos. La capacidad de generar mapas genéticos de las diferentes especies permite que su genoma completo sea evaluado (Sánchez, 2003); de esta manera se han identificado marcadores moleculares los cuales son regiones de ADN capaces de identificar en los cromosomas los genes que codifican para características cuantitativas.

Un marcador genético es un segmento de ADN con una ubicación física identificable en un cromosoma y cuya herencia se puede rastrear. Un marcador puede ser un gen, o puede ser alguna sección del ADN sin función conocida. Dado que los segmentos del ADN que se encuentran contiguos en un cromosoma tienden a heredarse juntos, los marcadores se utilizan a menudo

como formas indirectas de rastrear el patrón hereditario de un gen que todavía no ha sido identificado, pero cuya ubicación aproximada se conoce. Un marcador molecular monomórfico es invariable en todos los organismos estudiados, pero cuando presenta diferencias en el peso molecular, actividad enzimática, estructura, o sitios de restricción, se dice que es polimórfico. Los marcadores se usan para el mapeo genético como el primer paso para encontrar la posición e identidad de un gen (Montaldo y Meza, 1998, Drogemuller y Hamann, 2001).

Los avances de la biología molecular, han aportado una clase de marcadores genéticos que permiten visualizar diferencias tangibles entre las secuencias homologas del ADN de los organismos. Estas diferencias resultan de cambios entre los pares de bases que conforman esta molécula. Este tipo de marcadores detecta variaciones directas a nivel de ADN y tienen ventajas tales como el hecho de ser dominantes o codominantes, de desarrollarse de manera estable, de carácter de efectos pleiotrópicos y de no estar sujetos al ambiente en donde se desarrolla el organismo en estudio (Rothschild, 2003; Korwin, et al., 2003).

Varios estudios han demostrado relaciones entre las variantes de genes y el comportamiento fenotípico en diversas características en varias especies animales. Estos estudios han alentado la idea de agregar la información genotípica a la información fenotípica para aumentar o acelerar la respuesta a la selección de los métodos tradicionales, lo cual se conoce como selección asistida por medio de marcadores moleculares (Montaldo, Meza, 1998; Rothschild, 2003).

Cuando varios marcadores moleculares se asocian inequívocamente con un rasgo genético, se dice que forman un QTL (loci de rasgos cuantitativos). Varios QTLs examinan y analizan genes candidatos que han identificado regiones importantes en el cromosoma y genes individuales asociados con rasgos de características económicas importantes. Así, QTLs para crecimiento y grasa, calidad de carne y caracteres reproductivos han sido identificados en diversas regiones del genoma porcino. Algunos de los genes candidatos que se

han identificado para crecimiento y grasa dorsal son el receptor 4 del melanocortin, Leptina y receptor de la leptina. El ya ampliamente conocido gen del Halotano, Los efectos de este gen la producción son importantes, al señalarse que disminuyen los rendimientos y que daña la calidad de la carne, ocasionando la condición de la carne de pálida, blanda y exudativa (Vincent, et al., 1997).

Las técnicas que permiten la detección de la variabilidad genética directamente al nivel del ADN son los polimorfismos de longitud de los fragmentos amplificados (AFLP), los amplificados polimorficos de ADN al azar (RAPD), los microsatélites y los polimorfismos de la longitud de los fragmentos de restricción (RFLP). Todas estas técnicas moleculares implican la tecnología de la Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR). Tales técnicas son verificadas a través de la electroforesis en gel de agarosa o poliacrilamida (Rothschild, 2003).

Genes candidatos

Gene 2,4-dienoyl-CoA-reductase (DECR)

Es una enzima mitocondrial que regula en la β -oxidación cataliza la reducción por trans-2-cis-4-dienoyl-coA a 3-enoyl-coA (Davoli et al., 2002; Amills et al., 2005). El cual se encarga decodifica una enzima que participa en el camino de la β -oxidación catalizando la reducción de trans-2-cis-4-dienoyl-CoA a -3-enoyl-CoA (Roe et al., 1990). Se localiza en el cromosoma 4 (SSC4q21-q23, SSCq11-q16 y SSCq15-q16, respectivamente), (Clou et al., 2002; Davoli et al., 2002; Roberta et al., 2006).

Polimorfismo: la lineación de la secuencia del gen DECR1 en cerdos pertenece al polimorfismo en el exón 2 (posición 181 la secuencia de código) cambia una G por C. además se encontró un segundo polimorfismo en el exón 5 (posición 458 por la secuencia del código) cambia una G por una C (Davoli et al., 2002; Amills et al., 2005).

La deficiencia de la enzima en humano tiende a ser asociado con la presencia de 2-trans-4-cis-decadienoylcarnitine, produce un metabolismo

completo por la oxidación del ácido linoléico en orina y sangre afectando al paciente. El gen DECR1 se asocia con la variación fenotípica de canal y toma de comida. El exón 2 y 5 son polimorfismos asociados a crecimiento, color de músculo y pH. (Davoli et al., 2002; Amills et al., 2005). Existen tres genotipos AA (mutante) con 133 pb, AB con bandeos de 133- 70-63 pb y BB (normal) on bandeo de 70-63 pb. El alelo favorable es AA el cual proporciona menor deposición de grasa y mayor crecimiento (Davoli et al., 2002).

Halotano

El gen halotano es conocido como el gen de susceptibilidad al síndrome del estrés porcino también conocido como hipertermia maligna y origina la carne pálida, suave y exudativa (Topel et al., 1967). El síndrome de estrés porcino es un estado fisiopatológico con desarrollo de graves consecuencias, pues afecta la calidad de la carne y subproductos y en ciertos casos origina la muerte. Los síntomas son carne pálida suave y exudativa así como muerte súbita estas reacciones son resultados de actividades que producen estrés o actividades físicas intensas, como el transporte, calor ambiental excesivo o la copula (Rojas et al., 2005).

El gen de Halotano produce contracciones musculares, hipermetabolismo y elevación de la temperatura corporal (Rojas et al., 2005).

La carne pálida, blanda y exudativa fue descrita por primera vez en Paris a finales del siglo XIX. Desde 1960 el gen de Halotano a sido estudiado cerca, la asociación que desarrollo por PSE (Yu Gao et al., 2007). En el caso de la carne Hal positiva (Nn y nn), el pH a los 45 min post mortem es menor, y llega a ser hasta de 5.5. Esto se debe a un incremento en el metabolismo causado por el estrés, lo que da lugar a una disminución muy rápida del pH (Maddock et al., 2002; Van Oeckel y Warnants, 2003). Como consecuencia, la carne presenta una baja capacidad de retención de agua y un color más pálido (Hamilton et al., 2000; Maddock et al., 2002; Van Oeckel y Warnants 2003). Además, en la granja existen pérdidas por muertes súbitas de los animales homocigotos recesivos y positivos al gen.

El gen de halotano se localiza en el cromosoma 6 (Fuji et al., 1991; Yu Gao et al., 2007). Su mutación origina el cambio de una pirimidina por otra en el ADN (citosina por timina: transición C/T) en el nucleótido 1843 del gen ryr-1 (Rojas et al., 2005).

Polimorfismo: esta susceptibilidad ha sido asociada a una mutación en la posición 1843 de la secuencia de ADN del gen receptor para la rianodina (Ryr 1) del cerdo donde se presenta una sustitución de una citosina por una timina. Esta sustitución, provoca un defecto al cambiar una arginina por una cisterna en la posición 615 de la proteína receptora de la Ryr1 que funciona como canal de calcio en el retículo sarcoplásmico (Fuji et al., 1991; Houde y Pommier, 1993). Existe evidencia que la enfermedad es causada por una mutación en el gen del canal de salida de calcio del músculo esquelético, la mutación causa una apertura hipersensitiva del canal de calcio impide que se cierre (Rojas et al., 2005; Yu Gao et al., 2007).

La hipertermia maligna esta asociada a los cerdos con alto contenido de carne magra (Noguera y Piedrahita, 1992).

El gen RYR1 es autosómico recesivo de penetrancia incompleta, tiene el alelo dominante N (alelo favorable) y el alelo recesivo n (Fuji et al. 1991). La carne de los animales con genotipos nn para el gen RYR1, es de baja calidad y se caracteriza por una rápida caída de pH post-mortem, presenta color pálido, escasa rigidez y poca retención de agua (Noguera y Piedrahita, 1992).

Los animales portadores del gen de halotano tienen algunas ventajas en comparación con los animales negativos, incluyendo una mejor eficiencia alimenticia, mayor rendimiento de la canal y mayor rendimiento de carne magra sin embargo presenta menor color muscular y menor capacidad de retención de agua, lo que disminuye la calidad de la carne (Leach, 1996).

Heart Fatty Acid Binding Protein (H-FABP)

Se presenta en muchos tejidos pero particularmente en músculo cardiaco, esquelético y glándula mamaria láctea, que se relaciona con el

transporte intracelular de ácidos grasos en músculos esqueléticos y desempeña un papel importante en el metabolismo de lípidos (Gerbens et al., 1999; 2000; Ovilo et al., 2002).

Los genes de la familia H-FABP (Fatty Acid Binding Proteins) codifican para proteínas relacionadas con el transporte intracelular de ácidos grasos desde la membrana plasmática a sus lugares de oxidación o de síntesis de triglicéridos y fosfolípidos (Gerbens et al., 1999; 2000; 2001).

Los estudios realizados por Gerbens et al., (1997) marcaron el inicio de la detección de polimorfismos del gen H-FABP en cerdo mediante la realización de la técnica PCR-RFLP. Desde 1972 existen antecedentes de estudios in vitro de una proteína ligadora de ácidos grasos encontrada en el cito sol celular de diferentes tejidos (Ockner et al., 1972; Nechtelbergen et al., 2001).

En humanos los primeros estudios realizados mediante RT-PCR, clonación secuenciación de los dos tipos de cDNA de H-FABP presentes en riñones y conocidos previamente como los tipos A y B (Maatman et al., 1992), y se utilizó cDNA del gen H-FABP fue posicionado en el mapa mediante FISH en el cromosoma 1p31-p33 (Troxler et al., 1993). Los genes de la familia H-FABP codifican para proteínas relacionadas con el transporte intracelular de ácidos grasos desde la membrana plasmática a sus lugares de oxigenación o de síntesis de triglicéridos y fosfolípidos. Esta proteína modula la concentración intracelular de ácidos grasos y por lo tanto intervienen en la regulación de metabolismo lipídico, por lo que sus genes se consideran candidatos para caracteres de engrasamiento y calidad de la carne. El gen H-FABP su función es regula el metabolismo de los ácidos grasos para la síntesis y liberación de energía (Verkamp, 1995).

Estas proteínas modulan la concentración intracelular de ácidos grasos y por lo tanto intervienen en la regulación del metabolismo lipídico, por lo que sus genes se consideran candidatos para caracteres de engrasamiento y calidad de carne (Gerbens et al., 1999; 2000; 2001).

Es una proteína de 15 kDa, el gen H-FABP porcino fue posicionado en el

mapa en el cromosoma 6 dos panales de células híbridas somáticas cerdo/roedor. El gen presenta una estructura constituida por una región 5' UTR de 330 pb, 4 exones (72, 147, 102 y 51pb respectivamente), 3 intrones (4,2, 2,5, y 1,5 kb respectivamente), y una región 3' UTR de 200 pb. El gen codifica una proteína de 134 aminoácidos (Gerbens et al., 1997).

Las sustitución nucleoticas C1489T y C1811G de la secuencia del gen H-FABP (intron 2) (genbank Y16180) permite diferenciar entre los alelos A/a y D/d, respectivamente la sustitución de T1324C de la región 5' UTR del gen (Genbank X98558), permite diferenciar los alelos. Inicialmente el gen fue aislado de fago λ positivo para el gen H-FABP mediante hibridación en placas. Posteriormente el H-FABP fue amplificado mediante PCR, y mediante la enzima de restricción Hae III, fueron localizados varios sitios polimórficos en las razas Landrace, Duroc, Yorkshire, Hampshire, Meishan, Pietrain y jabalí (Gerbens et al., 1998). Se localiza en el cromosoma 6 (Gerbens et al., 1999; 2000). Se localizan en clúster en mamíferos y se postula que la ratón o el contenido absoluto de H-FABP en el tejido adiposo podrían ser críticos para el funcionamiento celular (Maeda et al., 2003).

Los polimorfismos regulan o expresa la grasa intramuscular (Ovilo et al., 2002).

Polimorfismo: esta asociado con el contenido de grasa intramuscular (Nechtelbergen et al., 2001). Los polimorfismos en este lugar geométrico en el cromosoma 6 se han asociado a rasgos de gordura en la casta del Duroc y del mestizo Meishan (Gerbens et al., 1999; 2000; 2001; Cristina et al., 2002). Ratones doble-deficientes FABP4 mostraron una reducción del crecimiento y de más del 20% de la grasa corporal (que se acentuaba con una dieta de alto contenido graso), mostrando la gran relevancia que estos genes tienen en el metabolismo graso (Maeda et al., 2005).

El genotipo favorable es el AA proporcione menor grasa intramuscular y menor ph. La frecuencia del alelo AA que es el deseable porque favorece lo magro en los cerdos y el alelo desfavorable que esta relacionado con gordura el alelo B indeseable, por predisponer la acumulación de tejido graso

(Nechtelbergen et al., 2001).

Leptina

La leptina es una hormona secretada por las células adiposas en respuesta al estado nutricional, posiblemente a la insulina y a los glucocorticoides y es transportada mediante el torrente circulatorio hasta el sistema nervioso central que juegan un rol importante en la supresión del apetito en el cerdo a través de la acción en el hipotálamo; puede afectar el comportamiento alimenticio salud animal y reproducción. Estudios en cerdo han demostrado que la leptina disminuye el consumo de alimento que regula peso, grasa del cuerpo y el balance energético, (Baile., 2000; Ramsay y Richards., 2004).

La regulación del peso corporal mediante el aumento de del metabolismo basal y el gasto energético implica una estrecha comunicación entre el tejido adiposo y la zona del hipotálamo involucrada en el control de la ingesta y la actividad metabólica celular (White et al., 1997; Matsuda et al., 1999).

La expresión de la leptina esta estrechamente relacionada con el incremento de la grasa corporal (Mc Neel et al., 2000). La leptina se describió por primera vez en 1994, en que Friedman clonó el gen *ob* en el ratón y su homólogo humano e identificó su producto proteico y esta fue el primer gen identificado en ratones obesos (Barb et al., 2001).

El receptor del hipotálamo recibe la señal de la leptina y controla la homeostasis de energía a través del balance entre las actividades de los neurotransmisores GLP-1 (suprimiendo el apetito) y NP-Y (estimulando el apetito) es el primer sitio de acción por los receptores de Leptina localizados en áreas del hipotálamo asociado con el control del apetito, reproducción y crecimiento. Que es sintetizado por el tejido adiposo. Tiene impacto en la ingesta, procesos neuroendocrinos e inmunológicos. La Leptina fue el primer gen identificado en ratones obesos *ob/ob* (Albar et al., 1998; Barb et al., 2001).

La leptina estimule la secreción de la hormona luteinizante y hormona de crecimiento (Baratta et al., 2002) en cerdas jóvenes prepuberales o puerkas de ciclo *in vitro* e *in vivo*. Los componentes de la neuroendocrinología que regula la

secreción del GnRH y la LH son funcionales y sensibles a la leptina antes del inicio de la pubertad (Bard et al., 2004; Ramsay et al., 2004).

En condiciones de ayuno la leptina disminuye drásticamente. Con una reducción del 10% del peso corporal se observa una reducción de un 53% de los niveles de leptina en suero, y con un incremento del 10% del peso corporal, incrementa 300% los niveles de leptina en suero (Houseknecht et al., 1998). Resultados similares relacionados con la cantidad de leptina en suero fueron confirmados en cerdas con elevado contenido de grasa dorsal por Estienne et al., (2000).

La Leptina. Es una hormona de 146 aminoácidos que se produce a partir de un precursor de 167 aminoácidos con una secuencia señal de 21 aminoácidos que se separan antes de que la leptina pase a sangre. Tiene un peso molecular de 16 KD y estructura terciaria con un conjunto de cuatro hélices similar a las cito quinas clase I (Stephens et al., 1995; Houseknecht et al., 1998;).

Se localiza en el cromosoma 18, donde existe una mutación cambiándose una C por una T y que puede ser identificada con la técnica PCR-RFLP por medio de la digestión con la enzima HINF1 (Stratil et al., 1997).

Polimorfismo: un polimorfismo de C538T era el punto de ebullición detectado 33 pares de bases del codón de la traducción (TGA). Un polimorfismo común A19G fue identificado en el exón sin traducir (Martti et al., 1998).

Asociaciones de polimorfismos moleculares dentro del exón 2 (Buchanan et al., 2002; Nkrumah et al., 2004; Schenkel et al., 2005).

Schenkel et al., (2005) divulgaron la asociación significativa de dos polimorfismos del nucleótido (SNPs) en el exón 2 de leptina con la producción de grasa y grasa subcutánea (a partir de la disección de la costilla de 4 huesos). El polimorfismo T3469C de Leptina puede ser asociado con consumo de alimento y características de crecimiento en cerdos Landrace (Kennes et al., 2001).

El alelo favorable es el alelo AA se relaciona con calidad de la carne. El alelo indeseable es el alelo BB se relaciona (Szydlowski et al., 2004).

Hormona Sensitiva de la Lipasa (LIPE)

La Hormona Sensitiva de la Lipasa (LIPE) juega un papel importante en la movilización de los ácidos grasos como controlador de la hidrólisis de los triglicéridos en tejidos adiposos. Esto se muestra en muchos tejidos y ha sido sugerida para mediar la lipólisis intramuscular por una cooperación regulada con lipoproteína de la lipasa (Oscai et al., 1990). Su función es cerrar el canal de lanzamiento del sitio de calcio, una región estudiada extensamente debido a la presencia de una hipertermia maligna porcina. La grasa dorsal (Minkema et al., 1976), la inclinación y el contenido de grasa en los músculos del cerdo (Simpson y Webb, 1989) son asociados con esta región de cromosomas. Por lo tanto la importancia de LIPE en el metabolismo de la grasa permite sugerirlo como candidato para estos importantes rasgos de producción (Otsu et al., 1991). El gen porcino LIPE ha sido localizado en el cromosoma 6 p 1.1 q 1.2 (Gu et al., 1992).

Polimorfismo: el gen LIPE presenta en el cerdo un sitio de variación polimórfica al cambiar un nucleótido Guanina por Timina, resultando como consecuencia el cambio del aminoácido Glutámico por Aspártico en la proteína lipasa, que puede ser identificada por el corte con la enzima *AluI*; la presencia del corte indica la frecuencia de genotipos con nucleótido Guanina (normal); la frecuencia reportada en poblaciones de cerdos de las razas Chinese Meishan X Large White fueron de 0.77 y del 0.23 para los alelos normal y mutante respectivamente (Harbitz et al., 1999). La mutación (alelo A) o sea el cambio de Guanina por Timina afectaría la calidad de la canal al ser LIPE importante en el metabolismo de la grasa sugiriéndolo Otsu et al., (1991) como un gen candidato para estos importantes rasgos de producción.

Melanocortin 4 receptor (MCR4)

Los receptores de este gen se expresa virtualmente en todas las regiones del cerebro de mamíferos preferentemente en las regiones hipotalámicas y juegan un papel importante en la homeostasis de la energía por lo que incide en el consumo de alimentos (obesidad) y la regulación del

crecimiento (Jokubka et al., 2006; Kim et al., 1999). El gen MCR4 es implicado en la regulación de energía en el organismo y la genética básica por obesidad en humanos y ratón (Ovilo et al., 2005; Jokubka et al., 2006; Houston et al., 2004).

Se encuentra localizado en el cromosoma 1 del cerdo que influyen en fenotipos relacionado de obesidad y su posición es SSC1q22-27, cambia un nucleótido G por A (Houston et al., 2004; Stachowiak et al., 2005; Jokubka et al., 2006).

Polimorfismo: para su estudio, diversos investigadores han amplificado fragmentos de MCR4 con la metodología de PCR y cortado con la enzima de restricción Taq I que reconoce la secuencia (T↓CGA) encontraron polimorfismos dialelicos (Chen et al., 2004).

El polimorfismo para este gen esta dado por una mutación en el aminoácido 298 donde el ácido aspártico (GAU) de la proteína MCR4 cambia por una aspargina (AAU) (Asp 298) (Houston et al., 2004; Ovilo et al., 2005; Jokubka et al., 2006).

El polimorfismo en este gen lo asociaron Stachowiak et al., (2005), con el crecimiento y la obesidad en cerdos Large White, Landrace Polaco y algunas líneas sintéticas y encontraron una alta correlación del alelo favorable con una elevada ganancia diaria de peso y bajos niveles de grasa intramuscular en los cerdos Landrace Polacos; a diferencia de los Large White donde se incremento estos niveles (Chen et al., 2004; Houston et al., 2004; Dekkers y Rothschild, 2007).

Asociándose esta mutación con mayor grasa dorsal, mayor crecimiento y consumo de alimento (Kim et al., 1999; Kim et al., 2000b). Kim et al., 2000a también asocio la mutación con mayor grasa dorsal semejante a los resultados que se han tenido en varios casos de obesidad humana Huston et al., 2004; Ovilo et al., 2005) también señala que los homocigotos mutantes tuvieron mayor grasa dorsal, mayor ganancia diaria y mayor consumo de alimento diario.

Genotipos MC4R se asoció significativamente con gordura, con la tasa del crecimiento, y con los rasgos de la toma de comida. Otras investigaciones

asocian a la mutación con mayor grasa dorsal semejantes a los resultados que se han obtenidos en varios casos de obesidad humana (Houston et al., 2004).

Se identificó que el alelo mutante Asn 298 del gen de melanocortin cambia un nucleótido G por A y se asoció significativamente con aumento de ganancia diaria de peso, el porcentaje de carne y mayor espesor de la grasa dorsal (Stachowiak et al., 2005; Jokubka et al., 2006). Diversas investigaciones han demostrado que el alelo normal produce menor cantidad de grasa dorsal, una tasa de crecimiento mas lento y menor consumo de alimento; en contraste al alelo mutante incrementa la cantidad de grasa dorsal, el consumo de alimento y el crecimiento mas acelerado (Kim et al., 2000).

Los alelos denominados A y B, denominados el alelo A como el normal (elevada ganancia de peso y bajos niveles de grasa intramuscular) y el alelo B como el mutante (Kim et al., 2000; Ciobanu et al., 2001; Chen et al., 2004).

Myogenin

La expresión del gen de Myogenin intercede en una potencial proliferación de mioblastos y regula las diferenciaciones de cada uno de los núcleos de mioblastos dentro de las fibras musculares. De este modo el genotipo de Myogenin podría desarrollarse para la variación en el número de fibras musculares formadas, dando lugar a la variación en la masa muscular y originando carne magra. También marca el fin de la proliferación de mioblastos, de este modo cuando el Myogenin es expresado, las fibras del músculo desarrollan los mioblastos previamente formados. Las mutaciones interrumpen la función normal de la proteína en el ganado al parecer el gen de la Miostatina es la causa del genotipo de doble músculo (Grobet et al., 1997; Somillon et al., 1997; Te Pas et al., 1999).

Por lo tanto, la diferente función de la expresión de Myogenin podría tener una mayor influencia en el número de fibras musculares en el desarrollo durante la miogénesis (Te Pas et al., 1999).

El gen de Myogenin se localiza en el cromosoma 9 del cerdo, su posición es 9q2.1-q2.6, el tamaño del gen es de 6,511 pb y se utilizan para amplificación

1,644 pb (Méndez et al., 1997; Ernst et al., 1998), la enzima *MspI* en muestras de PCR-RFLP produce dos alelos, el alelo A indigerido y el alelo B digerido (Somillon et al., 1997; Te Pas et al., 1999).

Polimorfismo: en el cerdo el gen myogenin expresa un locus asociado con peso al nacimiento, considerado crecimiento, inclinación del peso, en 200 d y espesor de la grasa (te Pas et al., 1999). Una mutación normal en la proteína trastorna la función del mioblasto en el ganado, el gen causa el doble fenotipo. Por mucho aparte el gen pasado afecta el número de miofibrillas. Trastornó por el gen de myogenin, además afecta el número de miofibrillas (Te Pas et al., 1999).

Méndez y colaboradores (1997), reportaron una frecuencia de 0.11 para el alelo A; Ernst et al., (1998) 0.42 para el mismo alelo y Te Pas et al., (1999) 0.55 para el alelo A, sugiriendo todos ellos que el alelo B era el favorable, al encontrar que los genotipos BB presentaron mejores incrementos de peso al nacer, peso final, mejor porcentaje de crecimiento y lomo sin afectar la grasa dorsal (Te Pas et al., 1999). El alelo favorable es el mutante (BB) se asocia con mejor calidad de la canal.

Rendement Napole (RN)

El gen expresa rasgo de concentración de la glucosa + de glucose-6-phosphate (G-6-P) en jugo de la carne según lo descrito por Lundström; Enfält (1997).

A finales de los 80, Naveau et al., (1986) clasificaron el gene del RN como gene importante porcino en la casta de Hampshire. Más adelante, dos alelos (el RN^- dominante y el rn^+ recesivo) en el lugar geométrico PRKAG3 (RN). La capacidad de retención de agua de la carne disminuye en la medida que se tiene valores de pH bajos. Esto se debe a que la mayoría de las proteínas miofibrilares alcanzan su punto isoeléctrico y pierden la capacidad de ligar agua (Martínez-Quintana et al., 2006). Este gen se ubica en el cromosoma 15 del cerdo (Milan et al., 1995, 2000; YU Gao et al., 2007). El gen RN tiene una secuencia SSC 15q2.4-2.5 por medio de marcadores SW2053y SW936

(Martínez-Quintana et al., 2006; YU Gao et al., 2007).

Polimorfismo: es una mutación en el gen PRKAG3 el cual codifica para la subunidad gama de la proteína cinasa activada por AMP (AMPK 3). Esta mutación se debe a una sustitución de una arginina (R) por una glutamina (Q) en la posición número 200 de la secuencia de dicha proteína (R200Q) y sólo se ha detectado en cerdos con algún componente de la raza Hampshire (Milan et al., 2000, Martínez-Quintana et al., 2006).

El gen RN (Naveau, 1986) ha sido asociado con la acidez de la carne de cerdo y fue llamado Rendimiento Napole debido a que provoca una disminución en el rendimiento tecnológico de la carne (Fernández y Monin, 1994). Está asociado a un contenido elevado de glucogeno en el sarcoplasma brota en el compartimento del lisoma por células del músculo glicolítico (YU Gao et al., 2007).

El pH más bajo en portadores de RN^- fue asociado a valores más altos y a WHC inferior (Lundström, y de la reflexión de Andersson; Hansson, 1996; Enfält et al., 1997a; Le Roy et al., 2000), determinado especialmente como producción tecnológica disminuida (Le Roy et al., 2000). Calidad sensorial mejorada de la carne en términos de fuerza de esquila más baja (Lundström, y de Andersson; Hansson, 1996; van Laack, y de Stevens; 2001) y una carne más blanda (Jonsäll, y de Johansson; Lundström, 2000; Miller et al., 2000; Josell, y de Linda; Tornberg, 2003) y una carne más jugosa (Tornberg, 2003) en la evaluación del panel sensorial fue encontrado en carne de los portadores de RN^- .

El alelo dominante de RN^- se sabe para aumentar la carne magra el contenido (Enfält et al., 1997a), reduce la calidad tecnológica de la carne (Lundström, y de Andersson; Hansson, 1996) y mejora la calidad sensorial de la carne (Jonsäll, y de Johansson; Lundström, 2000). Los rasgos tecnológicos perjudiciales de la calidad de la carne eran demostrado para ser relacionado con un contenido más alto del glicógeno del músculo en portadores de RN^- post mortem (Estrade, y de Vignon; Monin, 1993; Estrade et al., 1993) y disminución prolongada del pH a los niveles de cerca de 5.4 (Le Roy et al.,

1990, Lundström, y de Andersson; Hansson, 1996; Lundström et al., 1998; Gariépy et al., 1999; Nilzén et al., 2001).

La carne que portaba el alelo RN⁻ presentó un pH final más bajo y mayor pérdida por goteo que la carne de animales libres de este alelo sin un efecto marcado en el color. La carne de animales Nn presentó un pH45 menor que la carne de los animales libres de la mutación (NN). Se concluyó que existe una incidencia importante de cerdos con el alelo RN⁻ que está relacionado con carne ácida (Martínez-Quintana et al., 2006).

LITERATURA CITADA

- Albar, J. P., F. Roncal., F. González., and B. de G. 1998. Memoria 1997-1998. Caracterización de las interacciones leptina-receptor de la leptina. Cwentro nacional de la biotecnología, campus Universitario Autónoma Centro Blanco, Madrid, p 157.
- Amills, M., O. Vidal., L. Varona., A. Toma., s, M. Gil., A. Sanchez., and J. L. Noguera. 2005. Polymorphism of the pig 2,4-dienoyl CoA reductase 1 gene (DECR1) and its association with carcass and meat quality traits¹. J. Anim. Sci. 83:493–498.
- Andersson, L., C. S. Haley., H. Ellegren., S. A. Knott., M. Johansson., K. Andersson., L. Andersson-Eklund., I. Edfors-Lilja., M. Fredholm., I. Hansson., J. Hakansson., and K. Lundstrom. 1994. Genetic mapping of quantitative trait loci for growth and fatness in pigs. Science 263: 1771–1774.
- Arredondo P. R. 1993. La reacción en cadena de la polimerasa, PCR: un impacto reciente en la biología molecular. Universidad Nacional Autónoma de México. México, D.F.
- Baile, C. A., M. A. Della-Fera, and R. J. Martin. 2000. Ann. Rev. Nutr. 20 : 105-127.
- Baratta, M., R. Saleri., G. L. Mainardi., D. Valle., A. Giustina., And C. Tamanini. 2002. Leptin regulates GH gene expression and secretion and nitric oxide production in pig pituitary cells. Endocrinology 143, 551–557.
- Bard C. R. H., G. J. Ausman., and K. L. Housseknecht. 2001. Biology of leptin in the pig. Domestic animal endocrinology 21:297-317.
- Bard, C. R., J. B. Barret., and R. R. Kraeling. 2004. Role of leptin in modulating the hypothalamic-pituitary axis and luteinzing hormone secretion in the prepuberal gilt. Domestic Animal endocrinology. Vol. 26 (3): 210-214.
- Barker, J. S. F. 1994. A global protocol for determining genetic distances among domestic livestock breeds. 5th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production. 21: 501-516.

- Benito, H. J., M. C. Menaya., C. C. Vázquez., C. J. García., and C. J. L. Ferrera. 1997. Explotación del Cerdo ibérico: La montanera. Dirección General de Producción, Investigación y Formación Agraria. Consejería de Agricultura y Comercio. España.
- Berruecos, J. A. 1972. Mejoramiento Genético del Cerdo. Primera edición. Editorial Arana, México, D.F.
- Birgitte T. T. M., J. G. Evans., and T. Van Der Lende. 2003. Components of litter size in gilts with different prolactin receptor genotypes. Elsevier, Theriogenology. 59:915-926.
- Boom M. V. 2004. Polymerase Chain Reaction. http://www.accessexcellence.com/RC/CT/polymerase_chain_reaction.html
- Buchanan, F. C., C. J. Fitzsimmons., A. G. Van Kessel., T. D. Thue., D. C. W. Sim., and S. M. Schmutz. 2002. Genet. Sel. Evol. 34: 105-116.
- Burgos, C., A. C. Jose., M. Carlos., A. Juan., T. Luis., A. B. Jose., and L. B. Pascual. 2005. Allelic incidente in several pig breeds of a missense variant of pig melanocortin-4 receptor (MCR4) gene associated with carcass and productive traits; its relation to IGF2 genotype.
- Cabello, F. F. 1969. Comportamiento en el Trópico de Cerdo de Raza Pura, Híbridos y Pelón Mexicano en Base a Ganancia de Peso y consumo de Alimento. Tesis de Licenciatura. Fac. Med. Vet. y Zoot. Universidad Veracruzana, Veracruz.
- Canul, S. M., V. A. Sierra., M. A. Martínez., O. J. Ortiz., J. V. Delgado., J. L. Vega-Pla., and G. F. Pérez. 2005. Caracterización genética del cerdo pelón mexicano mediante marcadores moleculares. Arch. Zootec. 54, 267-272.
- Cárdenas, P. C. 1966. Introducción al estudio zoométrico del cerdo pelón veracruzano. Tesis de Licenciatura. F.M.V.Z. U.N.A.M. México, D.F.
- Castellanos, R. A., and A. R. Gómez. 1983. Retrospectiva y perspectiva sobre la raza de Cerdos Pelón Mexicano. Coordinación Regional de Investigaciones Pecuarias. S.A.R.H. Mérida, Yucatán.

- Castellanos, R. A., and R. R. Gómez. 1984. Retrospectiva y Perspectiva sobre la raza de cerdos pelón mexicano. *Porcira*. 9:17-45.
- Cepica, S., F. Wolf., J. Vackova., and Jr. Schroffel. 1995. Relations between genetic distance of parenteral pig breeds and heterozygosity of their F1 crosses measured by genetic markers. *Animal genetics*. 26:135-140.
- Chen, M., A. Wang., J. Fu., and N. Li. 2004. different allele frequencies of MCR4 gene variants in Chinese pig breeds. *Dummerstorf*. 5: 463-468.
- Ciobanu, D.C., E. D. Andrew., N. Alexandru., W. Richard., F. R. Mas., and S. P. Gram., 2001. Genetic variation in two concerned local Romanian pig breeds using type 1 DNA *J. Anim. Sci.* 33: 417-432.
- Clop, A., C. Ovilo., M. Perez-Enciso., A. Cercos., A. Tomas., A. Fernandez., A. Coll., J. M. Folch., C. Barragan., I. Diaz., M. A. Oliver., L. Varona., L. Silio., A. Sanchez., and J. L. Noguera. 2003. Detection of QTL affecting fatty acid composition in the pig. *Mammalian genome* . Vol. 14, 650–656.
- CVID. 2003. Centro Virtual, Investigación y Desarrollo. <http://lead/virtualcenter.org/es/dec/toolbox/Index.htm>.
- Davendra, C., and M. F. Fuller. 1979. *Pig Production in the Tropics*. Oxford University Press. London.
- Davoli, L., S. Fontanesi., and V. Russo. 2002. Amisense mutation in the porcine mitochondrial 2,4-dienoyl CoA reductase 1 (DECR1) gene and linkage mapping of this locus to chromosome 4. *Animal Genetics*, 33: 72-84.
- Dekkers, J., and R. Max. 2007. New tools to make genetic progress. *J. Anim. Sci. Iowa State*. 53-63.
- Drinkwater R. D., and D. J. S. Hatzel. 1991. Application of molecular biology to understanding symposium on nuclear techniques in animal production and health. IAEA, FAO. Viena, 15-19 April, 1991:437-452.
- Drogemuller C., H. Hamann., and O. Dist. 2001. Candidate gene markers for litter size in different German pig lines. *J. Anim. Sci.* 79:2565-2570.
- Enfält, A. C., K. Lundstrom., A. Karlsson., and I. Hansson. 1997. Estimated frequency of the RN- allele in Swedish Hampshire pigs and comparison

- of glycolytic potential, carcass composition, and technological meat quality among Swedish Hampshire, Landrace, and Yorkshire pigs. *J Anim Sci.* v.75, p.2924-2935.
- Ernst, C. W., D. A. Vaske., R. G. Larson., and M. F. Rothchild. 1998. Rapid communication: Msp I restriction fragment length polymorphism at the swine myogenin locus. *J. Animal Science.* v.71, p.3479.
- Estienne, M. J., A. F. Harper., C. R. Barb., and M. J. Azian. 2000. Concentrations of leptin in serum and milk collected from lactating sows deffering in body condition. *Domest. Anim. Endocrinol.* 19(4):275-280.
- F.A.O. 1993. *Production Yearbook.* 47.
- FAO. 1994. *Boletín de información sobre recursos genéticos animales.* Roma: FAO, UNEP.
- F.A.O. 2000. *Domestic Animal Diversity Information System.* FAO., Rome.
- F.A.O. 2007. <http://www.fao.org>.
- Fernández, X., and G. Monin. 1994. A major gene affecting pork quality: The RN gene. *Meat Focus Int.* 3(8):332-334.
- Flores, M.J.M. 1977. Orígenes probables de los cerdos mexicanos, características generales, zoometría, distribución, población probable actual y futuro. *Porcirama.* 56:37-47.
- Flores, M.J.M. 1978. Distribución probable de los cerdos Mexicanos de acuerdo a sus diferentes razas, tipos y variedades. *Porcirama.* 63: 8-10.
- Flores, M. J. 1981. *Ganado porcino.* 3ª ed. Limusa. México, DF.
- Flores, M. J. M. 1992. *Enciclopedia Técnica del Ganado Porcino.* Edit. Limusa. México. D. F.
- Fujii, J., K. Otsu., F. Zorzato., S. De Leon., V. K. Khanna., J. E. Weiler., P. J. O'Brien., and D. H. MacLennan. 1991. Identification of a mutation in the porcine ryanodine receptor that is associated with malignant hyperthermia. *Science* 253:448-451.
- Gao. Y., R. Zhang., X. Hu, N. Li.. 2007. Application of genomic technologies to the improvement of meat quality of farm animals. *Meat Science* 77, 36-45.

- Gerbens, F., G. Rettenberger., J. A. Lenstra., J. H. Veerkamp., and M. F. te Pas. 1997. Characterization, chromosomal localization, and genetic variation of the porcine heart fatty acid-binding protein gene. *Mamm Genome*. 8:328-32.
- Gerbens, F., A. Jansen., A. J. van Erp., F. Harders., T. H. Meuwissen., and G. Rettenberger. 1998. The adipocyte fatty acid-binding protein locus: Characterization and association with intramuscular fat content in pigs. *Mammal Genome*, 9(12), 1022–1026.
- Gerbens., A. J. M. van Erp†., F. L. Harders., F. J. Verburg., T.H.E. Meuwissen., J. H. Veerkamp., and M.F.W. te Pas. 1999. Effect of Genetic Variants of the Heart Fatty Acid-Binding Protein Gene on Intramuscular Fat and Performance Traits in Pigs¹, 2. *J. Anim. Sci.* 77:846–852.
- Gerbens F., D. J. De Koning., F. Harders., T. H. E. Meuwissen., L. L. G. Janss., M. A. M. Groenen., J. H. Veerkamp., and M. F. W. Tepas. 2000. The effect of adipocyte and heart fatty acid-binding protein genes on intramuscular fat and backfat content in Meishan crossbred pigs. *Journal of Animal Science* 78, 552-559.
- Gerbens., F. J. Verburg., H. T. B. Van Moerkerk†., B. Engel., W. Buist., J. H. Veerkamp., and M. F. W. te Pas. 2001. Associations of heart and adipocyte fatty acid-binding protein gene expression with intramuscular fat content in pigs¹. *J. Anim. Sci.* 79:347–354
- González, M. J. H. 1974. Contribución al estudio del Cerdo Pelón Mexicano en el municipio del naranjal, Ver. Tesis de Licenciatura. F.M.V.Z. U. De Tamaulipas.
- Griffiths, A. J. F., J. H. Miller., D. T. Suzuki., R. C. Lewontin., and W. M. Gelbart. 1999. *Introduction to Genetic Analysis*, séptima edición, W. H. Freeman & Co., New York.
- Grobet L., L. J. R. Martin., D. Poncelet., D. Pirottin., B. Brouwers., J. Riquet., S. Shoeberlein., F. Dunner., F. Menissier., J. Masabanda., R. Fries., R. Hanset., and M. Georges. 1997. A deletion in the bovine myostatin gene

- causes the double-muscle phenotype in cattle. *Nature Genetics*. 17:71 – 74.
- Grobet, L., D. Poncelet., L. J. Royo., B. Brouwers., D. Pirottin., and C. Michaux. 1998. Molecular definition of an allelic series of mutations disrupting the myostatin function and causing double-muscling in cattle. *Mammal Genome*, 9(3), 210–213.
- Hamilton, D. N., M. Ellis., K. D. Miller., F. K. McKeith., and D. F. Parrett. 2000. The effect of the Halothane and Rendement Napole genes on carcass and meat quality characteristics of pigs. *Journal of Animal Science*, 78(11), 2862–2867.
- Hansson, I., and A. Andersson. 1995. Slaktkroppsbedömning i svinstamkontrollen.
- Harbitz, I., M. Langset., A. G. Ege., B. Hoyheim., and W. Davies. 1999. The porcine hormone-sensitive lipase gene: sequence, structure, polymorphisms and linkage mapping. *Animal Genetics*, v.30, p.10–15.
- Hernández, S. J. A., and S. M. Hernández. 1999. Existencia y Diferencias Morfológicas del Cerdo Criollo Mexicano en los Municipios de Huajicori, Acaponeta y Rosamorada en el Estado de Nayarit. Tesis de Licenciatura. Fac. de Med. Vet. y Zoot. Universidad Autónoma de Nayarit. Compostela.
- Hossner, K. L.. 1998. *Can. J. Anim. Sci.* 78 : 463-472.
- Houde, A., A. S. Pommier., and R. Roy. 1993. Detection of the ryanodine receptor mutation associated with malignant hyperthermia in purebred swine populations. *J. Anim. Sci.* 71: 144-148.
- Houseknecht, K. L., C. A. Baile., R. L. Matteri., and M. E. Spurlock. 1998. *J. Anim. Sci.* 76 :1405-1420.
- Houston, R. D., N. D. Cameron., and K. A. Rance. 2004. A melanocortin-4 receptor (MCR4) polymorphism is associated with performance traits in divergently selected large white pig populations. *Animal Genetics*. 35: 386-390.
- Huerta, L. B. J., C. J. S. Martínez., A. R. Ulloa., V. A. Gayosso., S. F. Salmeron., F. C. Lemus., and R. A. Alonso. 1999. Origen y diversidad genética en el

- cerdo criollo mexicano por análisis de la secuencia del adn mitocondrial. XXV reunión nacional de investigación pecuaria. Mérida Yucatán 19 al 22 de octubre. Memorias pp. 150. In: Regelverk fo'r Svinkontrollerna i Scan Avel. [In Swedish].
- Innis, M. A., D. H. Gelfand., and J. J. Sninsky. 1990. PCR Protocols. Academic Press, Inc. San Diego California.
- Jiménez, P. and C. Collada. 2000. Técnicas para la evaluación de la diversidad genética y su uso en los programas de conservación. Universidad Politécnica de Madrid. Madrid, España.
- Jokubka, R., S. Maak., S. Kerzinee., and H. H. Swalve. 2006. Association of a melanocortin 4 receptor (MCR4) polymorphism with performance traits in lithuaniam white pigs. J. Animal Breed Genet. v.17, p. 22.
- Jokubka, R., S. Maak., S. Kerzinee., and H. H. Swalve. 2006. Association of a melanocortin 4 receptor (MCR4) polymorphism with performance traits in lithuaniam white pigs. J. Animal Breed Genet.17-22.
- Kato, L. 1995. La producción porcicola en México: contribución al desarrollo de una vision integral. Mexico:Universidad Autonoma Metropolitana, Azcapotzalco, Univ. Michoacana de San Nicolas Hidalgo. 344pp.
- Kennes, Y. M., B. D. Murphy., F. Porthier., and M. F. Pain. 2001. Characterization of swine Leptin (LEP) polymorphisms and their association with production traits. Animal genetics. 32 (4): 215-218.
- Kim, K. S., L. Niels., S. Tom., P. Graham., and F. R. Max. 2000. A missense variant of the porcine melanocortin-4 receptor (MCR4) gene is associated with fetness, growth and feed intake traits. Mammalian Genome.11: 131-135.
- Kim, K. S., N. J. Larsen., and M. F. Rothschild. 1999. Rapid communication: Linkage and physical mapping of the porcine melanocortin- 4 receptor (MCR4) gene. J. Anim. Sci. 78:791-792.
- Korwin, K.A., M. Kamyczek., D. Cieslak., M. Pierzchala., and J. Kuryl. 2003. Candidate gene markers for reproductive traits in polish 990 pig line. Journal of Animal Breeding and Genetics. Vol. 120 (3): 181-191.

- Lande, R., and R. Thompson. 1990. Efficiency of marker assisted selection in the improvement of quantitative traits. *Genetics*. Vol. 124(3): 743-56.
- Le Roy, P., J. M. Eisen., J. C. Caritez., A. Talmant., H. Juin., P. Sellier., and G. Monin. 2000. Comparison between the three porcine RN genotypes for growth, carcass composition and meat quality traits. *Genet. Sel. Evol.* 32: 165-186.
- Leach, L. M., M. Ellis., D. S. Sutton., F. K. McKeith., and E. R. Wilson. 1996. The growth performance, carcass characteristics, and meat quality of halothane carrier and negative pigs. *Journal of Animal Science*, 74(5), 934–943.
- Lemus- Flores, C., R. Ulloa-Arvizu., M. Ramos-Kuri., F. J. Estrada., and R. A. Alonso. 2001. Genetic Analysis of México hairless pig populations. *J. Anim. Sci.* 79: 1-6.
- Lemus-Flores. C., S. J. A. Hernández., S. M. Hernández., and M. C. A González. 1999. Existencia y diferencia morfológicas del cerdo pelón mexicano en el estado de nayarit. *Memoria de la III reunión científica y tecnológica de Nayarit*. Tepic, Nay. Pp. 51-53.
- Linville, R. C., D. Pomp., R. K. Johnson., and M. F. Rothshild. 2001. Candidate gene analysis for loci affecting litter size and ovulation rate in swine. *J. Anim. Sci.* 79:60-`67.
- Maddock, R. J., B. S. Bidner., S. N. Carr., F. K. McKeith., E. P. Berg., and J. W. Savell. 2002. Creatine monohydrate supplementation and the quality of fresh pork in normal and Halothane carrier pigs. *J. Anim. Sci.* 80: 997-1004.
- Maeda, K., H. Cao., K. Kono., C. Z. Gorgun., M. Furuhashi., K. T. Uysal., Q. Cao., G. Atsumi., H. Malone., B. Krishnan., Y. Minokoshi., B. B. Kahn., R. A. Parker., and G. S. Hotamisligil. 2005. Adipocyte/macrophage fatty acid binding proteins control integrated metabolic responses in obesity and diabetes. *Cell Metab* 1: 107-119.
- Maeda K., K. T. Uysal., L. Makowski., C. Z. Gorgun., G. Atsumi., R. A. Parker., J. Bruning., A. V. Hertz., D. A. Bernlohr., and G. S. Hotamisligil. 2003.

- Role of the fatty acid binding protein mal1 in obesity and insulin resistance. *Diabetes* 52: 300-307.
- Martínez, A. M., E. Pérez-Pineda., J. L. Vega-Pla., C. Barba., F. J. Velásquez., and J. V. Delgado. 2005. Caracterización genética del cerdo criollo cubano con microsatélites. *Arch. Zootec.* 54, 369-375.
- Martínez, A. M., J. V. Delgado., A. Rodero., and J. L. Vega-Pla. 2000. Genetic structure of the Iberian pig breed using microsatellites. *Anim. Gen.* 31, 295-301.
- Martínez, B. A. and A. Fraustro. 1943. *Cría y Explotación del cerdo*. 2ª edición. Edit. Casa Martínez Barragán y Díaz. p: 45-49. México, D.F.
- Martínez-Quintana, J. A., A. D. Alarcón-Rojo., J. A. Ortega-Gutiérrez., and H. Janacua-Vidales. 2006. Incidencia de los genes halotano y rendimiento napole y su efecto en la calidad de la carne de cerdo. *Facultad de Zootecnia de la Universidad Autónoma de Chihuahua*. 22 (2):131-139.
- Matsuda, J., I. Yocota., M. Lida., T. Murakami., M. Yamada., T. Saijo., E. Naito., M. Ito., K. Shima., and Y. Kuroda. 1999. Dynamic changes in serum leptin concentrations during the fetal and neonatal periods. *Pediatr: Res.* 45(1):71-75.
- Matti, K. K., U. Pesonen., P. Heinonen., M. Laakson., A. Rissanen., H. Naukkarinen., R. Valve., M. I. J. Uusitupa., and M. Koulou. 1998. Identification of New Sequence Variants in the Leptin Gene. Vol. 83.
- McNeel, R. L., S. T. Ding., E. O. Smith., and H. J. Mersmann. 2000. Effect of feed restriction on adipose tissue transcript concentrations in genetically lean and obese pigs. *J. Anim. Sci.* 78(4):934-942.
- Meijerink, E., R. Fries., P. Vögeli., J. Masabanda., G. Wigger., C. Stricker., S. Neuenschwander., H. U. Bertschinger., and G. Stranzinger. 1997. Two α (1,2) fucosyltransferase genes on porcine chromosome 6q11 are closely linked to the blood group inhibitor (s) and *Escherichia coli* F18 receptor (ECF18R) loci. *Mamiliam Genome*. 8:736-741.
- Mendez, E. A., C. W. Ernst., A. Robic., and M. F. Rothschild. 1997. Rapid communication: myogenin (MYOG) physically maps to porcine

- chromosome 9q2.1-q2.6. *J Anim Sci.* v.76, p.328.
- Milan, D., J. P. Bidanel., N. Iannuccelli., J. Riquet., Y. Amigues., J. Gruand., P. Le Roy., C. Renard., and C. Chevalet. 2002. Detection of quantitative trait loci for carcass composition traits in pigs. *Genet Sel Evol*, 34:705-728.
- Milan, D., J. T. Jeon., C. Looft., V. Amarger., A. Robic., M. Thelander., C. Rogel-Gaillard., S. Paul., N. Iannuccelli., L. Rask., H. Ronne., K. Lundstrom. 2000. A mutation in PRAKG3 associated with excess glycogen content in pig skeletal muscle. *Science*, 288:1248-1251.
- Milan, D., N. Woloszyn., M. Giteau., A. Navas., M. Yerle., and C. Rogel-Gaillard. 1996. Toward the identification of RN gene involved in meat quality in pigs. *Animal Genetics*, 27, 114.
- Milan, D., P. Le Roy., N. Woloszin., J. C. Caritez., J. M. Elsen., P. Sellier., and J. Gellin. 1995. The RN locus for meat quality maps to pig chromosome 15. *Genet. Sel. Evol.* 27: 195-199.
- Minkema, D., G. Eikelenboom., and P. Van Eldik. 1976. Inheritance of MH-susceptibility in pigs. In: *Proceedings of the 3rd International conference on production disease in farm animals*, Pudoc, Wageningen. pp. 203-207.
- Mota, R. D., H. M. Becerril., S. M. Alonso., and N. R. Ramírez. 2000. Evaluación del costo de producción de Cerdos Pelón Mexicano. *Suppl. Especial Agronegocios en México*. pp 2-3.
- Naveau, J. 1986. *Journées de la recherche porcine en France*, 18:165-276.
- Nechtelberger, D., V. Pires., J. Soñlkner†., I. Stur., G. Brem., M. Mueller., and S. Mueller. 2001. Intramuscular fat content and genetic variants at fatty acid-binding
- Nechtelberger, D., V. Pires., J. Soñlkner†., I. Stur., G. Brem., M. Mueller., and S. Mueller. 2001. Intramuscular fat content and genetic variants at fatty acid-binding protein loci in Austrian pigs. *J. Anim. Sci.* 79(11):2798-2804.
- Nicholas, F. W. 1990. *Genética Veterinaria*. Edit. Acribia, Zaragoza, España.
- Nkrumah, J. D., C. Li., J. B. Basarab., S. Guercio., Y. Meng., B. Murdoch., C. Hansen., and S. S. Moore. 2004. *Can. J. Anim. Sci.* 84 : 211-219.
- Nkrumah, J. D., C. Li., J. Yu., C. Hansen., D. H. Keisler., and S. S. Moore. 2005.

- Polymorphisms in the bovine leptin promoter associated with serum leptin concentration, growth, feed intake, feeding behavior, and measures of carcass merit. *J. Anim. Sci.* 83 (1): 20-28.
- Noguera, J. L., and J. Piedrafita. 1992. Aspectos genéticos del síndrome de estrés porcino. *Porci*, 7:25-38.
- Ockner, R. K., J. A. Manning., R. B. Poppenhausen., and W. K. L. Ho. 1972. A binding protein for fatty acids in cytosol of intestinal mucosa, liver, myocardium, and other tissues. *Science* 177:56-58.
- Oscail L. B., D. A. Essig., and W. K. Palmer. 1990. Lipase regulation of muscle tryglyceride hydrolysis. *Journal of Applied Physiology*. 69: 1571 – 1577.
- Ovilo, C., A. Fernandez., M. C. Rodríguez., M. Nieto., and L. Silio. 2005. Association of MCR4 gene variants with growth, fatness, carcass composition and meat and fat quality traits in heavy pigs. *Departamento protein loci in Austrian pigs*¹. *J. Anim. Sci.* 79:2798–2804.
- Ovilo, C., O. Angels., J. L. Noguera., A. Clop., C. Barragan., L. Varona., C. Rodriguez., M. Toro., A. Sanchez., M. Perez., and L. Silio. 2002. Test for positional candidate genes for body composition on pig chromosome 6. *Genet. Sel. Evol.* 34: 465_479.
- Panepino, L. M., R. W. Phillips., L. R. Wheller., and D. H. Will. 1978. The Yucatan Miniature Pigs as a Laboratory Animal. *Lab Anim Sci. University of Colorado*. Pag: 308-313.
- Pathiraja, N. 1986. Improvement of Pig-Meat Production in Developing Countries. 1 Exploitation of Hybrid Vigour (Heterosis). *World Animal Review*. 60: 18-25.
- Pérez, E. R. 1985. Aspecto económicos en la Porcicultura en México: 1960-1985. Instituto de Investigaciones Económicas. Asociación Americana de la Soya. 45-46.
- Pond, W. G. and J. H. Mayer. 1975. Producción de cerdos en climas templados y tropicales. *ACRIBIA*, Zaragoza, España. *Proteína loci in austrian pigs*¹. *J. Anim. Sci.* 79:2798-2804.
- Ramos A. M., R. Mestre., S. Gouveia., G. Evans., Y. Zhang., A. Cardoso., M. F.

- Rothschild., G. Plastow., and F. Rangel. 2003. Use of type I DNA markers for initial genetic characterization of two Portuguese swine breeds. *Archivos de Zootecnia*. 52:255-264.
- Ramsay T. G and M. P. Richards. 2004. Hormonal regulation of Leptin and Leptin receptor expression in porcine subcutaneous adipose tissue. *Journal of animal sains* 82:34-86-34-92.
- Rico, C., I. Santana., G. García., and J. L y. 2000. El cerdo criollo cubano. *Memorias del V congreso iberoamericano de razas autóctonas y criollas*. ACPA, FIRC, FEAGAS. Del 28 de noviembre al 1 de diciembre. La Habana, Cuba. Pp. 244-246.
- Roberta, D., F. Luca., B. Silvia., N. Irma., S. Emilio., B. Luca., and R. Vincenzo. 2006. Investigation of SNPs in the ATP1A2, CA3 and DECR1 genes mapped to porcine chromosome 4: analysis in groups of pigs divergent for meat production and quality traits. *J. Anim. Sci*. 5: 249-263.
- Robles, R. T. 1967. Contribución al Estudio de los Cerdos Lampiños o Pelones Mexicanos (Costa de Jalisco). Tesis de Licenciatura. Fac. de Med. Vet. y Zoot. Universidad Nacional Autónoma de México. México, D.F.
- Rodríguez C. J. G. 2004. Crecimiento y calidad de la canal en credos pelón mexicano (Sus scrofa) y sus cruzas con razas comerciales. Tesis de maestría. Universidad Autónoma de Nayarit. Nayarit, México.
- Roe, C. R., D. S. Millington., D. L. Norwood., N. Kodo., H. Spresher., B. S. Mohammed., M. Nada., H. Schulz., and R. Mcvie. 1990. 2,4-Dianoyl-coenzyme a reductase deficiency: a possible new disorders of fatty acid oxidation. *J Clin Invest*. 85:1703-1707.
- Rojas, A. C. 1994. Comparación del Comportamiento Productivo Durante la Lactancia entre Cerdos de Raza Pelón Mexicano en el Altiplano. Tesis de Licenciatura. Fac. de Med. Vet. y Zoot. Universidad Nacional Autónoma de México. México, D.F.
- Rojas, V.V., C. C. Juan., Z.Juan, C. G. F., Guillermo, D. A., Gustavo, H. V., Jose, A. S. M. 2005. Frecuencias alelicas dd el síndrome de estrés porcino en Nuevo Leon, mediante analisis PCR-RFLP. *Vet. Mex*. 36

3:262-267.

- Rosas G. M. and R. A. J. Ávila. 1999. Mejoramiento animal, Genética, Cerdos. 1ª. Ed. Editorial UNAM. México.
- Rothschild M. F. and G. S. Plastow. 1999. Advances in pig genomic and industry applications. Ag. Biotechnology. Net 1: February.
- Rothschild, M. F. 2003. Approaches and challenges in measuring genetic diversity in pigs. Department of animal science. Iowa state University. Ames, Iowa USA. Archiv. de Zoot. v.52, p.129-135.
- Rothschild, M. F. 2003. Use of genetic markers for genetic improvement and selection for disease resistance. IV jornada internacional de producción porcina. Universidad Autónoma de México. México.
- Salinas R. G. 1996. Caracterización del CPM: Estudio recapitulativo. Tesis de Licenciatura. Fac. de Med. Vet. y Zoot.-Universidad Autónoma de México. México, D.F.
- Sambrook, J., and D. W. Russell. 2001. Molecular Cloning. A laboratory Manual 3rd. Edn., Cold Spring Harbor Laboratory Press. Cold Spring Harbor, New York. ISBN. 0879695773, 210p.
- Sánchez M. V. 2003. Identificación del polimorfismo de fragmentos largos amplificados (AFLPs) asociados a la conformación de caballos warmblood militares. Tesis de maestría. Instituto Politécnico Nacional. México.
- Schenkel, F. S., S. P. Miller., X. Ye., S. S. Moore., J. D. Nkrumah., C. Li., J. Yu., I. B. Mandell., J. W. Wilton., and J. L. Williams. 2005. J. Anim. Sci. 83 : 2009-2020.
- Schmutz. S. M. 2002. Association of a missense mutation in the bovine leptin gene with carcass fat content and leptin mRNA levels. Genet. Sel. Evol. 34 : 105-116.
- Short T. H., M. F. Rothschild., O. I. Southwood., D. G. McLaren., A. Vries., D. S. H. Van., and G. R. Eckardt. 1997. Effect of the estrogen receptor locus on reproduction and production traits in four commercial pig lines. J. Anim. Sci. 75:3138-3142.

- Sierra, A. C., T. B. Pool., Z. I. Diaz., A. H. Cordero., and J. V. Delgado. 2005. El cerdo pelon mexicano una raza en peligro. Arch, Zootecnia, v.54, p. 165-170.
- Simpson S. P. and A. J. Webb. 1989. Growth and carcass performance of British Landrace pigs heterozygous at the halothane locus. Animal Production. 49: 503-509.
- Soberon M. F. X. 2000. La ingenieria genética y la nueva biotecnologia. Fondo de Cultura Económica. México, D.F.
- Somillon, A., J. H. Erkens., J. A. Lenstra., G. Rettenberger., and M. F. te Pas. 1997. Genetic variation in the porcine myogenin gene locus. Mamm Genome.564-568.
- Spilsbury, M. A. 1998. Conducta del Cerdo Pelón Mexicano en Condiciones Agro-Silvo-Pastoriles. Porcicultores y su Entorno.1:4-10.
- Spilsbury, M. A. 1998. Conducta del Cerdo Pelón Mexicano en Condiciones Agro-Silvo-Pastoriles. Porcicultores y su Entorno.1:4-10.
- Stachowiak, M., M. Szydlowski., M. Obarzanek-fojt., and M. Switonski. 2005. An effect of a missence mutation in the porcine melanocortin-4 receptor (MCR4) gene on production traits in polish pig breeds is doubtful. Animal Genetics and Breeding. 37: 55-57.
- Stephens, T. W., M. Bashinski., P. K. Bristow., J. M. Bue-Valleskey., S. G. Burgett., and L. Craft. 1995. El rol of neuropeptide Y in the aniobesity action of the obese gene product. Nature 377:530-534.
- Strail, A. Peelman, L. Van Pocke., and M. S. Cepia. 1997. A HinfI PCR-RFLP at the porcine leptin (LEP) gene. Animal Nutrito, [nim. Genet.](#) 28 (5):371-2. Institute of Animal Physiology and Genetics Academy of Sciences of the Czech Republic, Liběchov, Czech Republic.
- Sun H. S., L. Wang., M. F. Rothschild., and C. K. Tuggle. 1998. Mapping of the natural resistance-associated macrophage protein 1 (NRAMP1) gene to pig chromosome 15. International society for Animal Genetics. Animal Genetics. 29, 138-140.
- Szydlowski, B. M., M. Stachowiak., M. Mackowski., M. Kamyczek., R. Eckert.,

- M. Rozycki., and M. Switonski. 2004. No major effect of the leptin gene polymorphism on porcine production traits. *J. Anim. Breed. Genet.* v.121, p.149–155.
- Szydlowski, B. M., M. Stachowiak., M. Mackowski., M. Kamyczek., R. Eckert., M. Rozycki., and M. Switonski. 2004. No major effect of the leptin gene polymorphism on porcine production traits. *J. Anim. Breed. Genet.* v.121, p.149–155.
- Te Pas, M. F. W., A. Soumilion., F. L. Harders., F. J. Verbug., T. J. Van de Bosh., P. Galesloot, and T. H. E. Meuwissen. 1999. Influence of myogenin genotypes on birth weight, growth rate, carcass weight, backfat thickness, and lean weight of pigs. *J. Anim. Sci.* 77:2352-2356.
- Teals, A. J., S. G. Tan., and J. H. Tan. 1994. Applications of molecular genetic and reproductive technologies in the conservation of domestic animal diversity. In: *Proc. 5th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production*. 21: 493-499. Canada.
- Topel, D. G., E. J. Bicknell., K. S. Preston., L. L. Christian., and C. Y. Matsushima. 1968. Porcine stress syndrome. *Modern Veterinary Practice*;49: 40-60.
- Troxler, R. F., G. D. Offener., J. W. Jiang., B. L. Wu., J. C. Skare., A. milunsky., and H. E. Wyandt. 1993. Localization of the gene for human heart fatty acid binding protein to chromosome 1p32-1p33. *Hum. Genet.* Dec; 92(6):563-566.
- Trujillo, O. M. A., and C. J. Flores. 1988. *Producción Porcina*. Universidad Nacional Autónoma de México. Fac. de Med. Vet. Y Zoot. Departamento de Producción Animal: Cerdos. México, D.F.
- Tuggle C. K., C. B. Schmitz., and D. Gingerich-Feil. 1997. Rapid Communication: cloning of pig full-length natural resistance associated macrophage protein (NRAMP1) cDNA. *J. Animal Science.* 75:277.
- Valadez M. E. and K. Günter. 2000. *Huellas de ADN en genomas de plantas*. Editorial Mundi-Prensa. Universidad Autónoma de Chapingo. México, D. F.

- Van Oeckel M. J. 2003. Warnants N. Variation of the sensory quality within the M. longissimus thoracis et lumborum of PSE and normal pork. Meat Sci. 63: 293-299.
- Van, Laack., R. L. J. M., S. G. Stevensi and K. J: Stalder. 2001. The influence of ultimate pH and intramuscular fat content on pork tenderness and tenderization. J. Anim. Sci, 79:392-397.
- Vázquez, M. T. A. 1986. Estudio recapitulativo del cerdo miniatura como animal de laboratorio. Tesis de licenciatura, Facultad de Medicina Veterinaria y Zootecnia, Universidad Autónoma de México, México.
- Veerkamp, J. H., and R. G. H. J. Maatman. 1995. Cytoplasmic fatty acid binding proteins: their structure and genes. Progr Lipid Res 34:17-52.
- Vincent A. L., L. Wang., and M. F. Rothschild. 1997. Rapid Communication: A Restriction Fragment Length Polymorphism in the Porcine Leptin Receptor (LEPR) Gene. Departament of Animal Science. Iowa State University. Ames 50011.
- Vincent A., L. Wang., C. K. Tuggle., and M. F. Rothschild. 1998. Linkage and physical mapping of prolactin to porcine chromosome 7. Animal Genetics. 29:27-29.
- Vögeli P., H. U. Bertschinger., M. Stamm., C. Stricker., C. Hagger., R. Fries., J. Rapacz., and G. Stranzinger. 1996. Genes specifying receptors for F18 fimbriated Escherichia coli, causing oedema disease and postweaning diarrhoea in pigs, map to chomosome 6. Animal Genetics. 27:321-328.
- White, D. W., D. W Wang., S. C. Jr. Chua., J. P. Morgenstern., R. L. Leibel., H. baumann., and L. A. Tartaglia. 1997. Constitutive and impaired signaling of leptin receptors containing the G1n-Pro extracellular domain fatty mutation. Proc. Natl. Acad. Sci. USA. 30;94(20): 10657-10662.
- Wilton, J. W., and J.L. Williams (2005) Association of single nucleotide polymorphisms in the leptin gene with carcass and meat quality traits of beef cattle. J. Anim. Sci. 83 : 2009-2020.
- Yu, Gao., Ran, Zhang., Xiaoxiang, Hu., and Ning. Li. 2007. Application of genomic technologies to the improvement of meat quality of farm

animals. *Meat Science*, 77:36–45.

Zhang, Y., R. Proenca., M. Maffei., M. Barone., L. Leopold., and J. M. Friedman. 1994. Positional cloning of mouse obese gene and its human homologue. *Nature*. 372:425– 431.

Zhi-Hua, Z. and P. J. Gibson. 1998. Genetic polymorphisms in the Leptin gene and their association with fatness in four pig breeds. *Mammalian genome* 10, 191-193.

Publicado en: *Pesquisa agropecuaria brasileira, Brasília, v.46, n.1, p.44-50, jan. 2011*

**Diversidad genética en cerdos criollos mexicanos con genes candidatos
asociados a características productivas**

Alejandro Antonio González Sarabia⁽¹⁾, Clemente Lemus Flores⁽²⁾, Karina Mejía
Martínez⁽²⁾, Javier Germán Rodríguez Carpena⁽²⁾, Maria Guadalupe
Orozco Benítez⁽²⁾ y Alberto Barreras Serrano⁽¹⁾

⁽¹⁾*Universidad Autónoma de Baja California, Instituto de Investigaciones en Ciencias
Veterinarias, Laguna Campestre s/no, CP 21100, Mexicali, Baja California, México.*

E-mail: mvzsarabia@hotmail.com, abarreras@colpos.mx

⁽²⁾*Universidad Autónoma de Nayarit, Unidad Académica de Medicina Veterinaria y Zootecnia,
Laboratorio de Genética Molecular, Ciudad de la Cultura Amado Nervo s/no, CP 63155*

Tepic, Nayarit, México.

E-mail: drclemus@yahoo.com.mx, karinamej@hotmail.com, germencillo@yahoo.com.mx,

mgorozco@nayar.uan.mx

Resumen

El objetivo de este trabajo fue comparar la variabilidad, diversidad y distancias genéticas entre cerdos criollos, Pelón Mexicano (CPM) y Cuinos (CC), con Yorkshire, cuanto a los genes candidatos *CAST*, *DECR1*, *HAL*, *HFABP4*, *LEP*, *LIPE*, *MCR4*, *MYOG*, *RN* y *CHX*, a través de análisis por PCR-RFLP. Se evaluaron 180 cerdos: 59 CPM, 65 CC y 56 Yorkshire. Se analizaron las frecuencias génicas y genotípicas, heterocigosidad, distancias genéticas y árboles filogenéticos entre grupos raciales. Para *CAST*, *DECR1*, *HFABP4*, *LEP*, *MCR4* y *CHX* las frecuencias génicas y genotípicas fueron diferentes al comparar las tres razas. En *LIPE*, los CC fueron iguales a los Yorkshire; en cuanto a *MYOG*, los CPM fueron iguales a los Yorkshire. No hubo diferencias entre poblaciones criollas y Yorkshire en las frecuencias génicas y genotípicas para *HAL* y *RN*. Los cerdos Yorkshire presentaron mayor frecuencia en alelos favorables para *CAST*, *LIPE*, *MCR4* y *MYOG*, menor frecuencia de *DECR1*, *HFABP4*, *CHX*, y moderada en *LEP*. La heterocigosidad promedio para todos los genes fue mayor en CPM ($0,42 \pm 0,05$) y similar en CC ($0,33 \pm 0,06$) y Yorkshire ($0,35 \pm 0,05$). Al calcular distancias genéticas con todos los genes, los CC se encuentran más distantes de los Yorkshire.

Términos para indexación: calidad de la carne, marcadores moleculares, variación genética.

Genetic diversity in Mexican Creole pigs with candidate genes associated with productive characters

Abstract

The aim of this study was to compare the genetic variability and diversity, and genetic distances between Mexican Creole pigs – Pelón Mexicano (CPM) and Cuinos (CC) – with the commercial breed Yorkshire for the candidate genes *CAST*, *DECR1*, *HAL*, *HFABP4*, *LEP*, *LIPE*, *MCR4*, *MYOG*, *RN* and *CHX*, using the PCR-RFLP technique. One hundred eighty pigs (59 CPM, 65 CC and 56 Yorkshire) were evaluated. Gene and genotypic frequencies, heterozygosity, genetic distances and filogenetic trees between breed groups were analyzed. In the comparison among the three breeds, the allelic and genotypic frequencies were different for *CAST*, *DECR1*, *HFABP4*, *LEP*, *MCR4* and *CHX*. For *LIPE*, CC pigs were similar to Yorkshire; while for *MYOG*, the CPM were similar to Yorkshire breeds. There were no differences in the genic and genotypic frequencies for *HAL* and *RN* genes between Creole and Yorkshire populations. The Yorkshire breed had higher favorable allele frequency for *CAST*, *LIPE*, *MCR4* and *MYOG*, smaller for *DECR1*, *HFABP4*, and for *CHX*, and moderate for *LEP* genes. The heterozygosity average for all genes was higher in CPM (0.42 ± 0.05) and similar in both the CC (0.33 ± 0.06) and Yorkshire (0.35 ± 0.05) breeds. In the estimation of genetic distances considering all genes, the CC breed are more distant from the Yorkshire pigs.

Index terms: meat quality, molecular markers, genetic variation.

Introducción

La carne de cerdo es la mayor fuente de proteína para los humanos y representa aproximadamente 43% de la producción de carne en el mundo (Food and Agriculture Organization of the United Nations, 2000). Sin embargo, solo un pequeño número de razas porcinas han sido seleccionadas de manera intensiva para alta explotación comercial con eficientes niveles de producción. Este factor ha determinado el decremento de razas criollas, que han sido reemplazadas por razas con programas de selección asistida (Sierra et al., 2005). En algunos países, como México, Cuba y España, se ha encontrado que la variación genética en las poblaciones de cerdos criollos es más alta que en cerdos de razas comerciales. Las razas locales de cerdos criollos se encuentran filogenéticamente separadas de los cerdos modernos, situación que sugiere que se han conservado debido a la falta de programas sistematizados de mejora genética (Lemus-Flores et al., 2001). No se han aplicado programas de selección productiva para esas razas de cerdos criollos que, sin embargo, han sobrevivido por más de 500 años y presentan un reservorio genético para obtener variedades nacionales mejor adaptadas (Lemus-Flores et al., 2001; Lemus & Alonso, 2005). Estudios reportados por Rothschild (2003) han evidenciado relaciones entre alelos y el comportamiento fenotípico de algunas características en varias especies animales. Estos estudios han apoyado la iniciativa de agregar la información genotípica a los registros de producción (fenotipo) para incrementar las respuestas a la selección, lo cual se conoce como selección asistida por marcadores moleculares. En cerdos, se han identificado algunos genes candidatos asociados a la calidad de la carne: *CAST*

(calpastatina) inhibidor específico de las calpain proteasas μ y m , relacionado a la carne blanda y jugosa, localizado en el cromosoma 2 (Ciobanu et al., 2004). El gen *HAL* (halotano) se relaciona con el incremento en el metabolismo causado por el estrés, lo que da lugar a una disminución muy rápida del pH, se localiza en el cromosoma 6 (Gao et al., 2007). El gen *HFABP* ("heart fatty acid binding protein") codifica para proteínas relacionadas con el transporte intracelular de ácidos grasos, desde la membrana plasmática a sus lugares de oxidación o de síntesis de triglicéridos y fosfolípidos, y se localiza en el cromosoma 6 (Jokubka et al., 2006). El gen *LIPE* (hormona sensitiva a la lipasa) juega un papel importante en la movilización de los ácidos grasos como controlador de la hidrólisis de los triglicéridos en tejidos adiposos, y se localiza en el cromosoma 6 (Harbitz et al., 1999). El gen *MYOG* (myogenin) intercede en una proliferación potencial de mioblastos y regula las diferenciaciones de cada uno de los núcleos de mioblastos dentro de las fibras musculares; se localiza en el cromosoma 9 (Ernst et al., 1993; Pas et al., 1999). El gen *RN* (Rendement Napole) tiene la capacidad de retención de agua de la carne, disminuye a la medida que bajan los valores de pH y se localiza en el cromosoma 15 (Gao et al., 2007). El *XCH* es el gen funcional del cromosoma X, se localiza a 9 cM del telómero y 15.6 cM del centrómero entre microsatélites SW2126 y SW1943, afecta la deposición de grasa y el crecimiento, asociado a veteado, área del ojo del lomo, potencial glicolítico y contenido de lactato (Ciobanu et al., 2004). Algunos otros genes se han asociado a características de crecimiento, como *DECR1* (2,4-dienoyl CoA reductase 1), enzima mitocondrial que regula la β -oxidación, cataliza la reducción por $\text{trans-}\Delta^2\text{-cis-}\Delta^4\text{-dienoyl-CoA}$ a

3-oxoacyl-CoA y está situado en el cromosoma 4 (Davoli et al., 2006). El gen de la leptina (*LEP*) se encuentra en el cromosoma 18, recibe la señal del hipotálamo y controla la homeostasis de energía a través del balance entre las actividades de los neurotransmisores GLP-1 (que suprime el apetito) y NPY (que estimula el apetito) (Szydlowski et al., 2004). El gen *MCR4* (melanocortina-4-receptor) desempeña un papel importante en la homeostasis de la energía, por lo que incide en el consumo de alimentos (obesidad) y la regulación del crecimiento y se localiza en el cromosoma 1 (Jokubka et al., 2006). Determinar las diferencias en las frecuencias entre las poblaciones de cerdos criollos y comerciales podrá indicar los cambios en los genes candidatos importantes para crecimiento y calidad de la carne, así como la diversidad y distancias genéticas en esas poblaciones de cerdos cuanto a la distancia evolutiva. El objetivo de este trabajo fue comparar la variabilidad, diversidad y distancias genéticas entre cerdos Pelón Mexicano, Cuino y Yorkshire, en cuanto a los genes candidatos que se relacionan con características de crecimiento y calidad de la carne, a través de análisis por PCR-RFLP.

Materiales y Métodos

El presente estudio se realizó en los laboratorios de Biotecnología Molecular de la Universidad Autónoma de Nayarit y de la Universidad Autónoma Baja California, como parte de las investigaciones dirigidas a caracterizar genéticamente al cerdo criollo Pelón Mexicano. Se emplearon 180 cerdos procedentes del centro público de enseñanza, producción e investigación de la Unidad Académica de Medicina Veterinaria y Zootecnia de la Universidad

Autónoma de Nayarit, divididos en tres grupos: 59 de la raza Pelón Mexicano (CPM), 65 de la raza Cuino (CC) y 56 de la raza comercial Yorkshire. Se extrajeron 5 mL de sangre de la vena cava de cada cerdo en tubos con anticoagulante EDTA 0,5 mg mL⁻¹. Las muestras se guardaron en alícuotas a -20°C hasta su uso. La extracción y purificación de ADN fue realizada con la técnica fenólica (Sambrook & Russell, 2001). El polimorfismo de los genes *CAST*, *DECR1*, *HAL*, *HFABP4*, *LEP*, *LIPE*, *MCR4*, *MYOG*, *RN* y *CHX* fue determinado con la técnica PCR-RFLP, de acuerdo con los procedimientos previamente establecidos por otros investigadores (Pas et al., 1999; Ciobanu et al., 2004; Szydlowski et al., 2004; Jokubka et al., 2006). La amplificación del PCR (volumen final 25 µL) fue realizada con 100 ng de ADN, 1U de *Taq* polimerasa, 0,2 mmol L⁻¹ de dNTPs, 0,4 µmol L⁻¹ de cada iniciador, 1X de buffer, 1.5 mmol L⁻¹ de MgCl₂ y 15,55 µL H₂O por reacción. Las condiciones de PCR fueron 95°C por 8 min, seguida de 30 ciclos de 95°C por 45 s, temperatura de alineamiento dependiente del gen candidato por 1 min, 73°C por 1 min y, al final, 73°C por 10 min. Las temperaturas de alineamiento fueron 60, 61, 67, 57, 61, 60, 56, 60, 62, 59°C para los genes *CAST*, *DECR1*, *HAL*, *HFABP4*, *LEP*, *LIPE*, *MCR4*, *MYOG*, *RN* y *CHX*, respectivamente. Cinco microlitros del producto de PCR de los genes anteriores fueron digeridos con 2,5 U de $\square$ Hinf1, Bfal, Hha1, HaeIII, Hinf1, Alu, Taq1, Msp1, HaeIII, BamHI respectivamente. Los fragmentos producidos de los RFLPs fueron visualizados en geles de poliacrilamida al 12%, preteñidos con bromuro de etidio (0,5 µg mol L⁻¹), en un transluminador de rayos ultravioleta, y digitalizados en un fotodocumentador EDAS 290 (Eastman Kodak Co., Molecular Imaging Systems,

Rochester, NY, EU). El marcador de peso molecular usado como referencia para medir el tamaño de los fragmentos generados en los RFLPs fue el pBR322/Mspl. El análisis de frecuencias génicas y genotípicas, así como de la heterocigosidad insesgada para cada gen en cada raza porcina, fue realizada con una prueba de χ^2 , conforme Nei (1978), por el programa Biosys (Swofford & Selander, 1997). Las distancias genéticas fueron calculadas para construir árboles filogenéticos entre los grupos raciales, con los métodos de distancia estándar y "Neighbor-Joining" (Nei, 1978). Para estos cálculos, se utilizó el programa Phylip 3.5 (Felsenstein, 1997).

Resultados y Discusión

Las frecuencias génicas y genotípicas para los genes *CAST*, *DECR1*, *HFABP4*, *LEP*, *MCR4* y *CHX* fueron estadísticamente diferentes ($p < 0,05$) en la comparación de las tres razas. En las frecuencias para el gen *LIPE*, solo la raza de CC no fue diferente ($p > 0,05$) de los Yorkshire; de igual forma, para el gen *MYOG*, solo la raza CPM fue igual a los CC. No hubo diferencias entre poblaciones de cerdos criollos mexicanos y Yorkshire, en las frecuencias génicas y genotípicas para los genes *HAL* y *RN* (Cuadro 1).

En los genes candidatos con diferencias estadísticas en las frecuencias génicas, los Yorkshire presentaron mayor frecuencia en los alelos favorables A, para los genes *CAST*, *LIPE* y *MCR4*, y B, para el gen *MYOG*, en comparación con las dos razas de cerdos criollos. Los alelos deseables A, de los genes *DECR1* y *HFABP4*, y B, del gen *CHX*, fueron de más baja frecuencia en los Yorkshire. Así también los Yorkshire, para el alelo deseable A del gen *LEP*,

Cuadro 1. Frecuencias génicas y genotípicas de genes candidatos⁽¹⁾ en cerdos criollos y comerciales⁽²⁾.

Raza	Génicas			Genotípicas		
	A	B	Ee	AA	AB	BB
<i>CAST</i>						
Pelón Mexicano	0,41	0,59	0,06b	0,28	0,25	0,47
Cuino	0,39	0,61	0,06a	0,03	0,71	0,26
Yorkshire	0,59	0,41	0,06c	0,28	0,62	0,10
<i>DECRI</i>						
Pelón Mexicano	0,56	0,44	0,07b	0,19	0,75	0,06
Cuino	0,61	0,39	0,07c	0,26	0,70	0,04
Yorkshire	0,48	0,52	0,06a	0,18	0,59	0,22
<i>HAL</i>						
Pelón Mexicano	1	0	0a	1	0	0
Cuino	1	0	0a	1	0	0
Yorkshire	1	0	0a	1	0	0
<i>HFABP4</i>						
Pelón Mexicano	0,69	0,31	0,06b	0,46	0,46	0,08
Cuino	0,95	0,05	0,03c	0,93	0,03	0,03
Yorkshire	0,60	0,40	0,08a	0,35	0,50	0,15
<i>LEP</i>						
Pelón Mexicano	0,69	0,31	0,04a	0,38	0,62	0,00
Cuino	0,95	0,05	0,02c	0,89	0,11	0,00
Yorkshire	0,85	0,15	0,05b	0,74	0,22	0,04
<i>LIPE</i>						
Pelón Mexicano	0,50	0,50	0,12b	0,00	1	0,00
Cuino	0,69	0,31	0,12a	0,62	0,13	0,25
Yorkshire	0,71	0,29	0,09a	0,64	0,14	0,22
<i>MCR4</i>						
Pelón Mexicano	0,44	0,56	0,05b	0,19	0,50	0,31
Cuino	0,24	0,76	0,04c	0,07	0,33	0,59
Yorkshire	0,87	0,13	0,04a	0,73	0,27	0,00
<i>MYOG</i>						
Pelón Mexicano	0,44	0,56	0,06a	0,06	0,78	0,17
Cuino	0,38	0,62	0,06a	0,03	0,69	0,28
Yorkshire	0,17	0,83	0,05b	0,00	0,33	0,67
<i>RN</i>						
Pelón Mexicano	0,19	0,81	0,05a	0,06	0,25	0,69
Cuino	0,34	0,66	0,07a	0,05	0,59	0,36
Yorkshire	0,20	0,80	0,05a	0,04	0,32	0,64
<i>CHX</i>						
Pelón Mexicano	0,37	0,63	0,06b	0,10	0,55	0,35
Cuino	0,17	0,83	0,05c	0,03	0,28	0,69
Yorkshire	0,57	0,43	0,07a	0,30	0,54	0,16

⁽¹⁾*CAST*, calpastatina; *DECRI*, 2,4-dienoyl CoA reductase 1; *HAL*, halotano; *HFABP4*, "heart fatty acid binding protein"; *LEP*, leptina; *LIPE*, lipasa; *MCR4*, melanocortina-4-receptor; *MYOG*, myogenin; *RN*, Rendement Napole; *CHX*, cromosoma X. ⁽²⁾Las medias con letras diferentes por gen, son significativas por el test del qui-cuadrado, a 5% de probabilidad. Ee, error estándar.

mostraron una frecuencia menor que los CC, pero mayor que los CPM. En los CC, la frecuencia en los alelos favorables para *CAST* y *MCR4* fue menor, mientras que para los CPM fue menor en los genes *HFABP4*, *LEP*, *LIPE* y *MYOG*. Los CC mostraron las frecuencias más altas para los alelos favorables en los genes *DECR1*, *HFABP4* y *CHX*. Se esperaba que la frecuencia del alelo favorable, en todos los genes candidatos empleados para crecimiento y calidad de la carne, fueran de mayor frecuencia en los Yorkshire, esto solo ocurrió en *CAST*, *LIPE*, *MCR4*, *MYOG* y moderadamente en *LEP*. Estos genes tuvieron una mayor frecuencia en Yorkshire en razón, posiblemente, de que en esta raza, por ser comercial, se ejerce una selección artificial para mejorar el crecimiento y calidad de la carne, lo que ocasiona un cambio de frecuencias génicas en dirección al alelo favorable. Sin embargo, para los genes *DECR1*, *HFABP4* y *CHX*, las frecuencias en Yorkshire fueron las más bajas. Considerándose que esta raza debió responder a la selección artificial, no se dio el efecto deseado, quizá porque estos genes se relacionan más con calidad de la carne que con crecimiento, situación diferente en los cerdos criollos con mejor calidad de la carne pero lento crecimiento (Lemus & Alonso 2005). Wang et al. (2007) reportaron que el alelo favorable para *CAST* tuvo una frecuencia alta en la raza Meishan, presente como monomórfico; en las razas criollas mexicanas no sucedió esto. Kuryl et al. (2003) reportaron, sobre diferentes razas, que el alelo favorable tuvo una frecuencia más alta (0,75 en promedio) que en los Yorkshire de este reporte; además, se asocia a menor deposición de grasa, lo que no se da en cerdos criollos. La frecuencia para *LIPE*, reportada en poblaciones de cerdos Chinese Meishan x Large White, fue de 0,23 para el

alelo favorable (Harbitz et al., 1999); los Yorkshire, al igual que los cerdos criollos Mexicanos, tuvieron mayor frecuencia de este alelo que el reportado. Si este gen está asociado al contenido de grasa en los músculos, en los cerdos de este trabajo se esperaría una mayor deposición. Jokubka et al. (2006) reportan, sobre cerdos blancos de Lituania, que el alelo deseable para *MCR4*, con frecuencia de 0,41, mostró asociación a mayor ganancia de peso diario, menor grasa dorsal y alto rendimiento de carne. En los Yorkshire, la frecuencia de este alelo fue mayor a la reportada, resultado de una posible selección más rigurosa en esta raza a partir de 2006 a esta fecha. Óvilo et al. (2006) estudiaron jabalíes y cerdos Ibéricos de las razas Torbiscal y Negro Lampiño y encontraron ausencia del gen deseable, que en los cerdos criollos mexicanos se encuentra con frecuencia moderada a baja, derivado posiblemente por el entrecruzamiento que existió con cerdos europeos modernos, a pesar de guardar distancia genética de estos últimos (Lemus-Flores et al., 2001). Para el alelo A de *MYOG*, Ernst et al. (1997) reportaron una frecuencia de 0,11 – similar a la encontrada para Yorkshire; Ernst et al. (1993) reportaron 0,42 y Pas et al. (1999) 0,55 – frecuencias similares a la de los CC y CPM. Esto indica que alelo B era el favorable, pues los genotipos BB presentaron mejores incrementos de peso al nacer, con peso final, mejor porcentaje de crecimiento y lomo sin afectar la grasa dorsal (Pas et al., 1999), situación que sucede en los Yorkshire con mayor frecuencia del alelo favorable, en comparación con los cerdos criollos. El alelo favorable A para *LEP* se relaciona con calidad de la carne y características de crecimiento en cerdos Landrace (Szydlowski et al., 2004). La frecuencia promedio para el alelo A en las razas Large White,

Landrace y Duroc, reportada por Urban & Mikolášová (2006) fue de 0,86, similar a la encontrada en CC y Yorkshire, pero es controversial en los CC, ya que estos son de lento crecimiento y acumulan mucha grasa corporal (Lemus & Alonso, 2005).

En el gen *DECR1*, el alelo favorable A se relaciona con menor deposición de grasa y mayor crecimiento (Davoli et al., 2002). Solo en grasa intramuscular hubo diferencia por genotipos que favorecen al alelo B no mutante. Davoli et al. (2006) reportaron que en cerdos Meishan hubo ausencia del alelo A, y que encontraron frecuencias para este alelo en cerdos Large White de 0,60, en Landrace Italiano de 0,38, Belga de 0,56, en Duroc de 0,34 y, en razas locales italianas, entre 0,66 y 0,29. En los CC y CPM, la frecuencia del alelo A se encuentra en el rango de la reportada para razas locales italianas. La baja frecuencia del alelo A en Yorkshire puede deberse a que no siempre se relaciona con crecimiento y menor deposición de grasa, ya que este efecto no fue significativo, de acuerdo con Davoli et al. (2006). El alelo A del gen *HFABP4* se relaciona con menor grasa intramuscular y menor pH (Nechtelberger et al., 2001); sin embargo, Gerbens et al. (1999) no encontraron efectos dominantes significativos de este gen para grasa intramuscular y dorsal, peso corporal y pérdida de agua de la carne. Óvilo et al. (2002) reportaron que, en cerdos ibéricos, la frecuencia del alelo A fue de 0,50 a 0,70, diferente de lo encontrado en CC y mayor, pero similar, a las encontradas en Yorkshire y CPM. Considerándose los hallazgos de Nechtelberger et al. (2001) y de Óvilo et al. (2002), se esperaba que los Yorkshire tuvieran una mayor frecuencia del alelo A; sin embargo, de acuerdo a Gerbens et al. (1999), no se espera que exista

asociación de este alelo con mejor calidad de la carne y crecimiento, como también reportado por Nechtelberger et al. (2001), al no encontrar asociación del alelo A con grasa intramuscular en las razas Autralianas de cerdos Pietrain, Large White y Landrace. Las frecuencias para el alelo B del gen *CHX*, asociado a marmoleo, grasa dorsal, área del ojo de la chuleta y total de lípidos, reportadas por Gaboreanu et al. (2004), varían entre grupos raciales. En Yorkshire, la frecuencia del alelo B fue menor que las reportadas para Landrace y Large White, pero mayor que en Duroc y Hampshire, y no es clara su asociación con la calidad de la carne. Es controversial que, en los cerdos criollos, las frecuencias para el alelo deseable deben ser altas, por lo que queda la incógnita de su efecto. Gaboreanu et al. (2004) demostraron en hembras Berkshire×Yorkshire que el alelo B favoreció mas el área del ojo de la chuleta y menos el marmoleo. El gen *RN* está presente en todas las razas con frecuencia similar, lo que sugiere que no han surgido cambios por selección artificial o natural. Carr et al. (2006) estudiaron Hampshire y Yorkshire y reportaron frecuencias similares a las obtenidas en el presente trabajo para las tres razas, habiendo señalado menor grasa y mas músculo en portadores del alelo A. La diversidad y distancias genéticas fueron obtenidas de la información calculada para las frecuencias génicas de cada gen. La heterocigosidad (H) en equilibrio de Hardy×Weinberg, en promedio para todos los genes, fue mayor en CPM y similar en CC (Cuadro 2). La H para los genes *CAST*, *DECR1* y *HAL* no fue diferente en ninguna raza. Para el *HFABP4*, en CPM y Yorkshire, la H fue mayor que en CC. En *LEP*, la H fue mayor en CPM seguida de Yorkshire y de CC. La H para *LIPE* fue mayor en CPM y similar en CC y Yorkshire.

Cuadro 2. Heterocigosidad en cerdos criollos mexicanos y Yorkshire para cada gen⁽¹⁾.

Raza	<i>CAST</i>	<i>DECRI</i>	<i>HAL</i>	<i>HEABP4</i>	<i>LEP</i>	<i>LIPE</i>	<i>MCR4</i>	<i>MYOG</i>	<i>RN</i>	<i>XCH</i>	<i>H</i>	<i>Ec</i>
Pelón Mexicano	0,49	0,44	0,49	0,31	0,50	0,52	0,00	0,50	0,43	0,47	0,42	0,05
Cuinos	0,37	0,12	0,48	0,46	0,47	0,45	0,00	0,48	0,10	0,29	0,33	0,06
Yorkshire	0,23	0,25	0,49	0,32	0,28	0,43	0,00	0,50	0,49	0,49	0,36	0,05

⁽¹⁾*CAST*, calpastatina; *DECRI*, 2,4-dienoyl CoA reductase 1; *HAL*, halotano; *HEABP4*, "heart fatty acid binding protein"; *LEP*, leptina; *LIPE*, lipasa; *MCR4*, melanocortina-4-receptor; *MYOG*, miogenina; *RN*, Rendement Napole; *CHX*, cromosoma X. H, heterocigosidad total; Ec, error estándar.

Para el gen *MCR4*, la H fue mayor en CPM seguido de CC y de Yorkshire. En *MYOG*, la H fue mayor para CPM seguido de CC y de Yorkshire. Para *RN*, la mayor H fue en CC, y similar en los Yorkshire y CPM. En el gen *CHX*, la H fue mayor y similar en Yorkshire y CPM, respectivamente, y menor en CC. En los árboles filogenéticos calculados por separado para cada gen, se encontró que para *CAST*, *DECR1*, *HFABP4*, *MCR4* y *CHX* los CC son más distantes de los Yorkshire. Para los genes *LEP*, *LIPE* y *RN*, los CC son más distantes de los CPM. En *MYOG*, los CPM son más distantes de los Yorkshire. En el cálculo de las distancias genéticas para todos los genes, los CC se encuentran más distantes de los Yorkshire. Al considerar todos los genes, en los CPM la H fue mayor, situación esperada debido a los antecedentes (Lemus-Flores et al., 2001) donde el cerdo criollo mexicano es más diverso que los cerdos comerciales. Una de las causas de la diversidad del CPM es que en las condiciones en que se explota, se propicia el entrecruzamiento con diversas razas y apareamiento de la hembra con diferentes sementales, situación diferente en los CC en que, por el limitado número de hembras y sementales, se incrementa la homocigosis por consanguinidad; también en Yorkshire sucede el mismo incremento, solo que en razón de la selección artificial de los futuros reproductores y del empleo de la inseminación artificial (Lemus & Alonso, 2005). Los Yorkshire no presentaron mayor H en ningún gen. Para *LIPE*, *MCR4* y *MYOG* presentaron menor H, pero tuvieron mayor frecuencia del alelo favorable, lo que fortalece el suponer que, en esta raza, la selección propició los cambios de las frecuencias hacia este alelo. En los genes *DECR1*, *HFABP4* y *CHX*, los Yorkshire tuvieron más baja frecuencia del alelo deseable y

en ellos se observó mayor H, lo que indica que no ha habido respuesta a la selección hacia la homocigosis. En general, los Yorkshire están más distantes de los CC por evolución y origen, debido a que, al igual que los CPM, son de origen europea, mientras que los CC son de origen asiático (Lemus-Flores et al., 2001), influenciados además por las condiciones de manejo reproductivo muy diferentes en cada raza (Sierra et al., 2005).

Conclusiones

1. Los Yorkshire presentan mayor frecuencia génica en los alelos favorables para los genes candidatos al crecimiento y calidad de la carne *CAST*, *LIPE*, *MCR4* y *MYOG*, en comparación con las dos razas criollas.
2. Los alelos deseables de los genes candidatos para grasa *DECR1*, *HFABP4* y *CHX* son de menor frecuencia en los Yorkshire.
3. Para el alelo deseable del gen de la leptina (*LEP*), asociado a consumo de alimento y grasa, los Yorkshire muestran una frecuencia menor que lo cerdo criollo Cuinos pero mayor que los Pelón Mexicano.
4. La heterocigosidad en promedio, para todos los genes, es mayor en Pelón Mexicano y similar en Cuinos y Yorkshire.
5. Al considerar las distancias genéticas para todos los genes, los Cuinos resultaron más distantes de los Yorkshire.

Agradecimientos

Al Consejo de Ciencia y Tecnología del Estado de Nayarit y al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología, por el apoyo financiero.

Referencias

- Carr, C.C.; Morgan, J.B.; Berg, E.P.; Carter, S.D.; Ray, F.K. Growth performance, carcass composition, quality, and enhancement treatment of fresh pork identified through deoxyribonucleic acid marker-assisted selection for the Rendement Napole gene. *Journal of Animal Science*, v.84, p.910-917, 2006.
- Ciobanu, D.C.; Bastiaansen, J.W.M.; Lonergan, S.M.; Thomsen, H.; Dekkers, J.C.M.; Plastow, G.S.; Rothschild, M.F. New alleles in calpastatin gene are associated with meat quality traits in pigs. *Journal of Animal Science*, v.82, p.2829-2839, 2004.
- Davoli, R.; Fontanesi, L.; Braglia, S.; Nisi, I.; Scotti, E.; Buttazzoni, L.; Russo, V. Investigation of SNPs in the *ATP1A2*, *CA3* and *DECR1* genes mapped to porcine chromosome 4: analysis in groups of pigs divergent for meat production and quality traits. *Italian Journal of Animal Science*, v.5, p.249-263, 2006.
- Davoli, R.; Fontanesi, L.; Braglia, S.; Russo, V. A missense mutation in the porcine mitochondrial 2,4-dienoyl CoA reductase 1 (*DECR1*) gene and linkage mapping of this locus to chromosome 4. *Animal Genetics*, v.33, p.73-75, 2002.
- Enfalt, A.C.; Lundstrom, K.; Karlsson, A.; Hansson, I. Estimated frequency of the RN-allele in Swedish Hampshire pigs and comparison of glycolytic potential, carcass composition, and technological meat quality among Swedish Hampshire, Landrace, and Yorkshire pigs. *Journal of Animal Science*, v.75, p.2924-2935, 1997.
- Ernst, C.W.; Mendez, E.A.; Robic, A.; Rothschild, M.F. Rapid communication: myogenin (MYOG) physically maps to porcine chromosome 9q2.1-q2.6. *Journal of Animal Science*, v.76, p.328, 1997.
- Ernst, C.W.; Vaske, D.A.; Larson, R.G.; Rothschild, M.F. Rapid communication: MspI restriction fragment length polymorphism at the swine myogenin locus. *Journal of Animal Science*, v.71, p.3479, 1993.
- Felsenstein, J. PHYLIP: phylogeny inference package. Version 3.5. Seattle: University of Washington, 1997. FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS. Domestic animal diversity information system. Rome: FAO, 2000.
- Gaboreanu, A.M.; Grapes, L.; Ramos, A.M.; Kim, J.J.; Rothschild, M.F. Characterization of an X-chromosome PCR-RFLP marker associated with fat deposition and growth in the pig. *Animal Genetics*, v.35, p.401-403, 2004.

- Gao, Y.; Zhang, R.; Hu, X.X.; Li, N. Application of genomic technologies to the improvement of meat quality of farm animals. *Meat Science*, v.77, p.36-45, 2007.
- Gerbens F.; Erp, A.J. van; Harders, F.L.; Verburg, F.J.; Meuwissen, T.H.; Veerkamp, J.H.; Pas, M.F. te. Effect of genetic variants of the heart fatty acid-binding protein gene on intramuscular fat and performance traits in pigs. *Journal of Animal Science*, v.77, p.846-852, 1999.
- Harbitz, I.; Langset, M.; Ege, A.G.; Hoyheim, B.; Davies, W. The porcine hormone-sensitive lipase gene: sequence, structure, polymorphisms and linkage mapping. *Animal Genetics*, v.30, p.10-15, 1999.
- Jokubka, R.; Maak, S.; Kerzine, S.; Swalve, H.H. Association of a melanocortin 4 receptor (MCR4) polymorphism with performance traits in Lithuanian white pigs. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, v.123, p.17-22, 2006.
- Kuryl, J.; Kapelański, W.; Pierzchała, M.; Grajewska, S.; Bocian, M. Preliminary observations on the effect of calpastatin gene (CAST) polymorphism on carcass traits in pigs. *Animal Science Papers and Reports*, v.21, p.87-95, 2003.
- Lemus, C.; Alonso, M.L. (ed.). *El cerdo Pelón Mexicano y otros cerdos criollos*. Tepic: Universidad Autónoma de Nayarit, 2005. 251p.
- Lemus-FLORES, C.; Ulloa-Arvizu, R.; Ramos-Kuri, F.J.; Alonso, R.A. Genetic analysis of Mexican hairless pig populations. *Journal of Animal Science*, v.79, p.3021-3026, 2001.
- Nechtelberger, D.; Pires, V.; Sölkner, J.; Stur, I.; Brem, G.; Mueller, S. Intramuscular fat content and genetic variants at fatty acid-binding protein loci in Austrian pigs. *Journal of Animal Science*, v.79, p.2798-2804, 2001.
- Nei, M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics*, v.83, p.583-590, 1978.
- Óvilo, C.; Fernández, A.; De Pedro, E.; García-Casco, J.; Rodríguez, C.; Silió, L. Asociación de una mutación no sinónima del gen MC4R con el crecimiento y rendimiento de piezas nobles en cerdos ibéricos. *ITEA*, v.102, p.79-85, 2006.
- Óvilo, C.; Oliver, A.; Noguera, J.L.; Clap, A.; Barragán, C.L.; Varona, C.; Rodríguez, T.; Sánchez, A.D.; Pérez Enciso M.; Silió, L. Test for positional candidate genes for body composition on pig chromosome 6. *Genetics Selection Evolution*, v.34, p.465-479, 2002.

- Pas, M.F. te; Soumilion, W.A.; Harders, F.L.; Verbug, F.J.; Bosh T.J. van de; Galesloot, P.; Meuwissen, T.H. Influences of myogenin genotypes on birth weight, growth rate, carcass weight, backfat thickness, and lean weight of pigs. *Journal of Animal Science*, v.77, p.2352-2356, 1999.
- Rothschild, M.F. Approaches and challenges in measuring genetic diversity in pigs. *Archivos de Zootecnia*, v.52, p.129-135, 2003.
- Sambrook, J.; Russell, D.W. *Molecular cloning: a laboratory manual*. 3rd ed. New York: Cold Spring Harbor, 2001. 210p.
- Sierra, A.C.; PooT, T.B.; Díaz, Z.I.; Cordero, A.H.; Delgado, J.V. El cerdo Pelón Mexicano, una raza en peligro. *Archivos de Zootecnia*, v.54, p.165-170, 2005.
- Swofford, D.L.; Selander, B.R. *BIOSYS-1*. Urbana: University of Illinois at Urbana-Champaign, 1997.
- Szydlowski, B.M.; Stachowiak, M.; Mackowski, M.; Kamyczek, M.; Eckert, R.; Rozycki, M.; Switonski, M. No major effect of the leptin gene polymorphism on porcine production traits. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, v.121, p.149-155, 2004.
- Urban, T.; Mikolášová, R. Genetic variability in the leptin, leptin receptor and heart fatty acid binding protein genes in pigs. *Acta Fytotechnica et Zootechnica*, v.29, p.29-31, 2006.
- Wang, Q.S.; Pan, Y.C.; Sun, L.B.; Meng, H. Polymorphisms of the CAST gene in the Meishan and five other pig populations in China. *South African Journal of Animal Science*, v.37, p.27-30, 2007.

Recibido el 31 agosto, 2010 y aceptado el 28 diciembre, 2010