

## CAMBIOS GENÉTICOS BAJO MIGRACION Y SELECCION CONTRA HERNIAS UMBILICAL Y ESCROTAL Y MONORQUIDEA EN CERDOS

ORTEGA, G.R.,\* I. N. BARAJAS L. y G. ARNAUD P.

ESCUELA DE MEDICINA VETERINARIA Y ZOOTECNIA-UMSNH

### INTRODUCCION

La constitución genética de las poblaciones animales puede alterarse, con fines de mejoramiento, mediante migración y selección (2, 3, 5, 7). Estos procesos son sistemáticos y aun cuando sus beneficios son amplios y bien conocidos en la producción animal, sus efectos sobre los cambios de frecuencias genéticas, predecibles en magnitud y dirección (2), prácticamente no han sido empleados para reducir las cargas de genes deletéreos causantes de defectos heredables.

Aparentemente, en las piaras comerciales la única acción necesaria en estos casos es la eliminación de los sementales que engendren progenie afectada (8), así como de los individuos relacionados por parentesco pero en ocasiones el número de portadores es tan grande que la eliminación total no puede hacerse en forma económica (1). Al respecto, se ha sugerido que cuando la tasa de anomalías sea inferior al 2%, es suficiente con descartar la progenie de reproductores que hayan engendrado anormales. Si la tasa es superior al 2% se hacen necesarias pruebas de comprobación para limitar el desorden genético en las piaras (6). De hecho, la eliminación total de un determinado alelo es prácticamente imposible de conseguir, no obstante, es de interés explorar los cambios que pueden obtenerse bajo condiciones dirigidas de migración y selección contra alelos indeseables.

En un trabajo previo (4), se informó de las frecuencias fenotípicas de hernia umbilical (HU), escrotal (HE) y monorquidea (M), obtenidas en una piara comercial ( $n=1991$ ) y cuantificadas en 2.24, 10.37 y 9% respectivamente, así como de los modelos de acción génica que controlan su expresión fenotípica, siendo un gen recesivo autosómico ( $h$ ) sobre HU y un gen recesivo autosómico limitado al sexo ( $e$ ) sobre HE y ( $c$ ) sobre M. A partir de este análisis se realizó el presente trabajo con el objetivo de proyectar cambios genéticos bajo esquemas de migración y selección, que permitan reducir la frecuencia de los alelos causales de los defectos mencionados.

### MATERIAL Y METODOS

Partiendo del análisis genético de HU, HE y M en una piara comercial de ciclo completo, conformada por 16 sementales, 223 hembras y 1752 lechones, se obtuvieron parámetros genéticos para los defectos señalados, considerando dos grupos de parentesco: medios hermanos paternos y hermanos completos incluyendo progenie y progenitores relacionados con su transmisión, siendo 14 y 32 para HU, 113 y 218 para HE y 95 y 190 para M. En total, se identificaron 354 animales (328 crías, 6 sementales y 20 reproductoras) que constituyeron el grupo riesgo y fuente de multiplicación de los defectos de la piara (4). Con esta información se proyectaron cambios genéticos ( $Aq$ ) bajo esquemas de migración (emigración) y selección (2, 3, 5, 7) contra los alelos indeseables ( $h, e, c$ ), las expresiones para predecir los cambios están definidos por

**Migración:**  $Aq = q_1 - q_0$ , con  $q_1 = (1-m)q_0 - m(qm)$ ; donde:

$q_1$  y  $q_0$  = frecuencia individual de los genes indeseables en la población nueva y original.

$m$  y  $(1-m)$  = frecuencia de emigrantes y población restante  
 $qm$  = frecuencia del gen indeseable ( $h$ ,  $e$   $c$ ) en el grupo emigrante.

**Selección.** Asumiendo que el conjunto de portadores puede ser eliminado del pie de cría (grupos de medios hermanos y hermanos completos) aún a riesgo de incluir animales libres del gen, se podría intentar una presión de selección  $S = 1$  para homocigotos y  $S = 0.5$  para portadores. En tal caso, la mejor aproximación de  $A_q$  estaría dada por:  $A_q = 0.5(S) q (1-q)/1-Sq$ ; donde:

$S$  = presión de selección y  $q$  = frecuencia de alelos indeseables. La comparación de la constitución genética original y la estimada bajo los cambios proyectados, se realizó mediante pruebas de  $\chi^2$  (2, 5) al 0.05 de significancia.

## RESULTADOS Y DISCUSION

Los efectos de la migración sólo fueron significativos para HE y M. en cuyo caso representaron el 29.5 y 44.06% y 26.6 y 38.8% de beneficio global ( $A_q / q_0 \times 100$ ), al emigrar los grupos de medios hermanos y hermanos completos, respectivamente (cuadros 2, 3). Esta ventaja resulta de la disminución en las frecuencias génicas de los alelos respectivos, que se traduciría en una significativa reducción en la esperanza matemática de los números de animales afectados y portadores de HE y M, respectivamente. Al mismo tiempo se esperaría un incremento en el número de animales libres de los defectos. Por su parte, la ausencia de cambios por migración (cuadro 1) en HU se explica por el hecho de que el  $A_q$  es menos efectivo cuando las frecuencias génicas son bajas o altas y más efectivo en frecuencias intermedias (2). Los cambios proyectados para selección fueron significativos en los tres defectos analizados, logrando reducirse la frecuencia génica a la mitad de su valor original en todos los casos (cuadros 1, 2 3). En términos prácticos, un programa útil consistiría en eliminar de la reproducción al grupo riesgo, de modo que los cambios estimados se obtendrían en una generación pero el avance se haría patente a más corto plazo, con la sola eliminación de los 26 reproductores relacionados con la transmisión de los defectos.

## BIBLIOGRAFIA

1. Berruecos, V. J.M. Mejoramiento Genético del Cerdo. Ed. Arana, México. (1972).
2. Falconer, D.S. Introducción a la Genética Cuantitativa. Ed. CECSA. México. (1981).
3. Li, C.C. First Course in Populations Genetics. The Boxwood press, Pacific Grobe. California, USA. (1978).
4. Ortega, G.R., G. Arnaud P. e I.C. Barajas L. Análisis genético de hernias umbilical y escrotal y monorquidea en cerdos.
5. Pirchtner, F. Populations Genetics in Animal Breeding. W. Freeman Co. San Francisco, USA. (1969).
6. Quefnec, G. Les anomalies genetique de l'espece porcine. Revue Med. Vet. 126: 983 -994. (1975).
7. Turner, H.N. and S.Y. Young . 1969. Quantitative Genetics in Sheeps Breeding. Cornell Univ. Press. USA. (1969).

8. Warwick, E. J. y J. E. Legates. Cría y Mejora del Ganado. Ri. Mc. Graw Hill. 3e. México. 1981.

CUADRO 1. CAMBIOS GENÉTICOS PROYECTADOS BAJO ESQUEMAS DE MIGRACION Y SELECCION PARA HERNIA UMBILICAL.

GRUPO GENÉTICO Y TASA DE EMIGRACION.	POBLACION	No. ESTIMADO DE GENOTIPOS			FRECUENCIAS GENICAS.			AVANCE	
		Hh	hh	hh	$\Sigma$	H	h	Ai	%
Hnos. completos ( $m = 0.007$ )	Original <sup>a</sup>	1903	87	1.0	1991	0.9776	0.0224		
	Nueva <sup>a</sup>	1911.4	78.8	0.8	1991	0.9778	0.0202	-0.002	8.9
Medios hermanos ( $m = 0.016$ )	Nueva <sup>a</sup>	1915.28	75	0.73	1991	0.9808	0.0192	-0.0032	14.29
	Selección	Nueva <sup>b</sup>	1946.75	44	0.25	1991	0.9888	0.0112	-0.0112

a, b: Valores con distinta literal respecto a la población original son diferentes ( $P \leq 0.05$ )

CUADRO 2. CAMBIOS GENÉTICOS PROYECTADOS BAJO MIGRACION Y SELECCION PARA HERNIA ESCROTAL.

GRUPO GENÉTICO Y TASA DE MIGRACION	POBLACION	No. ESTIMADO DE GENOTIPOS			FRECUENCIAS GENICAS			AVANCE	
		Ee	Ee	ee	$\Sigma$	E	e	Ai	%
Hnos. completos	Original <sup>a</sup>	1959.5	370.09	21.41	1991	0.8963	0.1037		
	Nueva <sup>b</sup>	1710	270	11	1991	0.9269	0.0731	-0.0306	29.5
Medios Hnos. ( $m = 0.109$ )	Nueva <sup>b</sup>	1766.7	217.6	6.7	1991	0.9420	0.0580	-0.0457	44.06
	Selección	Nueva <sup>b</sup>	1790	196	5	1991	0.9482	0.0518	-0.0519

a, b: Valores con distinta literal, respecto de la población original son diferentes ( $P \leq 0.05$ ).

CUADRO 3. CAMBIOS GENÉTICOS PROYECTADOS BAJO MIGRACION Y SELECCION PARA MONOCULTEA.

GRUPO GENÉTICO Y TASA DE MIGRACION	POBLACION	No. ESTIMADO DE GENOTIPOS			FRECUENCIAS GENICAS.			AVANCE	
		Hh	hh	hh	$\Sigma$	C	c	Ai	%
Hnos completos ( $m = 0.047$ )	Original <sup>a</sup>	1648.74	326.13	16.13	1991	0.91	0.09		
	Nueva <sup>b</sup>	1737	245	9	1991	0.934	0.066	-0.035	26.6
Medios Hnos. ( $m = 0.09$ )	Nueva <sup>b</sup>	1778	207	6	1991	0.945	0.055	-0.035	38.8
	Selección	Nueva <sup>b</sup>	1816	171	4	1991	0.955	0.045	-0.045

a, b: Valores con distinta literal respecto de la población original son diferentes ( $P \leq 0.05$ ).



B. Warwick, E. J. y J. E. Legates. Cría y Mejora del Ganado. Ed. Mc. Graw Hill. 3. México. 1981.

CUADRO 1. CAMBIOS GENÉTICOS PROYECTADOS BAJO ESQUEMAS DE MIGRACION Y SELECCION PARA HERNIA — UMBILICAL.

GRUPO GENÉTICO Y TASA DE EMIGRACION.	POBLACION	No. ESTIMADO DE GENOTIPOS			FRECUENCIAS GENICAS.			AVANCE	
		Hh	Hh	hh	$\Sigma$	H	h	$\Delta$	%
Hnos. completos (m = 0.007)	Original <sup>a</sup>	1903	87	1.0	1991	0.9776	0.0224		
	Nueva <sup>a</sup>	1911.4	78.8	0.8	1991	0.9778	0.0202	-0.002	8.9
Medios hermanos (m = 0.016)	Nueva <sup>a</sup>	1915.28	75	0.73	1991	0.9808	0.0192	-0.0032	14.29
Selección	Nueva <sup>b</sup>	1946.75	44	0.25	1991	0.9888	0.0112	-0.0112	50

a, b: Valores con distinta literal respecto a la población original son diferentes ( $P \leq 0.05$ ).

CUADRO 2. CAMBIOS GENÉTICOS PROYECTADOS BAJO MIGRACION Y SELECCION PARA HERNIA ESCROTAL.

GRUPO GENÉTICO Y TASA DE MIGRACION	POBLACION	No. ESTIMADO DE GENOTIPOS			FRECUENCIAS GENICAS			AVANCE	
		Ee	Ee	ee	$\Sigma$	E	e	$\Delta$	%
Hnos. completos	Original <sup>a</sup>	1959.5	370.09	21.41	1991	0.8963	0.1037		
	Nueva <sup>b</sup>	1710	270	11	1991	0.9269	0.0731	-0.0306	29.5
Medios Hnos. (m = 0.109)	Nueva <sup>b</sup>	1766.7	217.6	6.7	1991	0.9420	0.0580	-0.0157	44.06
Selección	Nueva <sup>b</sup>	1790	195	5	1991	0.9482	0.0518	-0.0519	51.

a, b: Valores con distinta literal, respecto de la población original son diferentes ( $P \leq 0.05$ ).

CUADRO 3. CAMBIOS GENÉTICOS PROYECTADOS BAJO MIGRACION Y SELECCION PARA MINORQUEA.

GRUPO GENÉTICO Y TASA DE MIGRACION	POBLACION	No. ESTIMADO DE GENOTIPOS			FRECUENCIAS GENICAS.			AVANCE	
		Hh	Hh	hh	$\Sigma$	C	c	$\Delta$	%
Hnos completos (m = 0.047)	Original <sup>a</sup>	1648.74	326.13	16.13	1991	0.91	0.09		
	Nueva <sup>b</sup>	1737	245	9	1991	0.934	0.066	-0.035	26.6
Medios Hnos. (m = 0.09)	Nueva <sup>b</sup>	1778	207	6	1991	0.945	0.055	-0.035	38.8
Selección	Nueva <sup>b</sup>	1816	171	4	1991	0.955	0.045	-0.045	50

a, b: Valores con distinta literal respecto de la población original son diferentes ( $P \leq 0.05$ ).