

CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE GENES PARA CRECIMIENTO Y CALIDAD DE LA CARNE EN CERDO PELÓN MEXICANO, CUINO Y YORKSHIRE

*Lemus FC, González SAA, Muñoz LGMC y Rodríguez CJG.

Universidad Autónoma de Nayarit. clemus@nayar.uan.mx

INTRODUCCIÓN

Los cerdos criollos latinoamericanos son descendientes de una gran variedad de razas Celticas e Ibéricas, presentando algunas características similares (Benítez, 2001). Los cerdos criollos locales filogenéticamente se encuentran separados de los modernos, situación que sugiere que así se han conservado sin programas sistematizados de mejora genética. Los cerdos modernos se encuentran cercanos, señalándose que comparten gran parte de sus genes y que los programas de selección, les acerca mas entre razas fijando algunas variantes genéticas deseables que en los criollos no existían o eran de baja frecuencia (Lemus *et al.*, 2001).

MATERIALES Y MÉTODOS

Se utilizaron 33 cerdos Yorkshire, 54 cerdos Pelones Mexicanos (CPM) y 55 cerdos Cuinos del estado de Nayarit. Se extrajo ADN de muestras de sangre y por medio de PCR-RFLP se genotificaron para cada marcador molecular para calidad de la canal y carne; Melanocortin Receptor 4 (MCR4) y Leptina. Se obtuvieron las frecuencias génicas y genotípicas para los dos marcadores realizándole una prueba X² para identificar las diferencias entre poblaciones, así como las distancias génicas entre poblaciones por medio de metodologías descritas por (Saitou y Nei, 1987).

RESULTADOS y DISCUSIÓN

Las frecuencias génicas y genotípicas se presentan en el cuadro 1. Para ambos MCR4 y LIPE, las frecuencias fueron diferentes estadísticamente en cada población. La frecuencia del alelo A que es el deseable porque favorece lo magro, fue mas alta en Yorkshire; el alelo B indeseable, por predisponer la acumulación de tejido graso, se encontró con mayor frecuencia en los cerdos Cuinos. En cerdo Pelón Mexicano hay mayor frecuencia de heterocigotos que

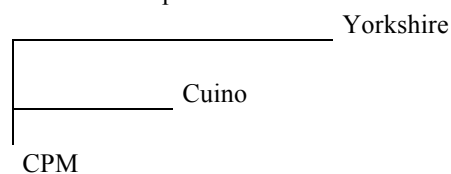
homocigotos BB, se puede deber al entrecruzamiento que se dio con otras razas. Los cerdos Cuinos presentan mayor frecuencia del alelo B que se puede relacionar con mayor cantidad de grasa acumulada. La frecuencia del alelo favorable para Leptina es el alelo AA, observado con mayor frecuencia de homocigotos en el cerdo Cuino y Yorkshire que se relaciona con calidad de la carne. Los Cuinos y CPM no presentaron homocigotos BB. Considerando las distancias genéticas para ambos genes (gráfica 1), los CPM están mas cercanos a los Yorkshire. También se observa que los CPM y Cuinos están mas cercanos entre si.

Cuadro 1. Frecuencia génicas y genotípicas.

MCR4	ALELOS		GENOTIPOS		
	A	B	AA	AB	BB
Yorkshire	0.85	0.15	0.7333	0.2333	0.0333
CPM	0.44	0.55	0.1923	0.5000	0.3077
CUINO	0.24	0.75	0.0714	0.3333	0.5926

Leptina	ALELOS		GENOTIPOS		
	A	B	AA	AB	BB
Yorkshire	0.85	0.14	0.7407	0.2222	0.0370
CPM	0.68	0.31	0.3774	0.6226	0.0000
CUINO	0.94	0.05	0.8909	0.1091	0.0000

Gráfica 1. Árbol filogenético de las distancias entre poblaciones.



REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Benítez, O. W. 2001. FAO producción y sanidad animal. 148: 13-35.
 Lemus-Flores, C., Ulloa-Arvizu, R., Ramos-Kuri, M., Estrada, F. J. y Alonso, R.A. 2001. J. Anim. Sci. 79: 1-6.
 Saitou, N. and Nei, M. 1987. Mol. Biol. Evol. 4:406-425.