

IDENTIFICACION DE ANORMALIDADES CROMOSÓMICAS COMO POSIBLE CAUSA DE FALLA REPRODUCTIVA EN CERDOS EN GRANJAS DEL ESTADO DE JALISCO

*Sánchez-Chiprés, D¹, Ayala-Valdovinos, M. ¹, Villagómez, DAF¹., Galindo-García, J¹., Duifhuis-Rivera, T¹, Rocha, G². Aceves, C¹.

¹Departamento de Producción Animal, Centro Universitario de Ciencias Biológicas y Agropecuarias, Universidad de Guadalajara, ²Centro Universitario del Sur, Universidad de Guadalajara.

INTRODUCCIÓN

Las causas que originan las fallas en la reproducción en cerdos son numerosas y sus manifestaciones inespecíficas. En ocasiones estos factores pueden modificar la eficiencia reproductiva en una granja, y sin embargo ser poco importantes en otras. Las investigaciones sobre las fallas reproductivas tienden muy a menudo, a dirigirse a problemas de tipo infeccioso, siendo las anomalías cromosómicas una causa relevante de esta falla, la cual merma la eficiencia de las granjas porcinas. A nivel de granja no se aplican adecuadamente las prácticas de manejo relativas a la reproducción o no se analiza a fondo los parámetros de productividad que nos proporcionan los registros (2,3,5). Este trabajo pretende identificar translocaciones cromosómicas que afectan tamaño de camada y fertilidad en granjas porcinas del estado de Jalisco.

MATERIAL Y METODOS

Cinco sementales seleccionados a través del análisis del comportamiento productivo, derivado de los registros de 42 sementales con base a los siguientes criterios:

1.- Verracos sanos y androgénicamente normales que según sus registros de granja son productores de camadas con dos desviaciones estándar abajo del promedio de la granja 2.-Verracos que muestran historial de cerdas repetidoras. Se excluyeron previo al análisis citogenético otras causas de falla reproductiva (v.gr. infecciosas, nutricionales, etc.) según registros de granja. La identificación de posibles portadores de translocaciones cromosómicas recíprocas asociadas a hipoproliféricidad, fue realizada con un análisis de su cariotipo, que se realizó previo cultivo de células somáticas (linfocitos), para posteriormente obtener impresiones fotográficas de sus cromosomas en metafase, los cuales fueron ordenados con base en la Primera Conferencia Internacional para la Estandarización de los Cariotipos en Animales Domésticos (1,6).

RESULTADOS

De los cinco sementales considerados candidatos, con base a su comportamiento productivo, la frecuencia de sementales con cariotipo normal fue del 100%

DISCUSIÓN

La posibilidad de encontrar sementales con alteraciones cromosómicas asociadas a falla reproductiva, se dificulta

porque un semental con problemas de fertilidad o hipoproliféricidad generalmente es desechado prontamente de la piara, pero lamentablemente sin ningún estudio sobre la posible causa del problema, además que es común el uso de semen heterólogo o la inseminación con diferente semental en cada servicio. Así pues, se recomienda aplicar el análisis citogenético a los sementales jóvenes previamente a su inicio de actividad reproductiva (4)



Cariotipo normal (2n = 38,XY) de uno de los cerdos (*Sus scrofa*) estudiados.

BIBLIOGRAFÍA CONSULTADA:

1.-Ayala-Valdovinos, M. A. Tesis Profesional; División de Ciencias Veterinarias, Centro Universitario de Ciencias Biológicas y Agropecuarias. Universidad de Guadalajara. Jalisco. México.1984. 2. -Decuadro-Hansen Memorias Congreso Asociación de Médicos Veterinarios Especialistas en Jalisco. León, Guanajuato. 2005.3.- Ducos A, Berland H, Pinton A, Seguela A, Darre R .Revue Méd. Vét. 147, 2,101-108.1996.4.-Ducos,A., et al. Cytogenetic and genome Research vol.120,No1-2, 26-41 2008 4-Pinton A, Ducos A, Berland H, Seguela A, Brun-Baronnat C, Darre A, Darre R,Schmitz A, Yerle M. Heritas. 132(1): 55-62.2000 5.-Porc Magazine Septiembre 2001, 347, 207-209)6.-Villagómez, D.A.F., Gustavsson, I., Jonson,L., and Ploen, L..Hereditas. 122: 257-267.1995

REGRESAR AL MENU

