

Caracterización genética del porcino criollo de la costa de Ecuador con microsatélites de AND

Genetic characterization of Ecuadorian coastal creole swine with DNA microsatellites.

Caracterização genética de porcos crioulos da costa equatoriana com microssatélites de ADN

Peláez Mendoza, Franklin Rodrigo
Universidad Técnica Estatal de Quevedo
fpelaez@uteq.edu.ec
<https://orcid.org/0000-0003-3560-2944>



Vera Rosero, Mey Cristina
Universidad Técnica Estatal de Quevedo
mverar7@uteq.edu.ec
<https://orcid.org/0009-0006-4671-5628>



 DOI / URL: <https://doi.org/10.55813/gaea/ccri/v5/n2/571>

Como citar:

Peláez Mendoza, F. R., & Vera Rosero, M. C. (2024). Caracterización genética del porcino criollo de la costa de Ecuador con microsatélites de AND. *Código Científico Revista De Investigación*, 5(2), 584–606. <https://doi.org/10.55813/gaea/ccri/v5/n2/571>

Recibido: 22/10/2024

Aceptado: 13/11/2024

Publicado: 31/12/2024

Resumen

El estudio aborda la diversidad genética del cerdo criollo ecuatoriano, una raza de importancia económica y cultural, amenazada por su adaptación a entornos marginales y por la homogeneización genética global. Se utilizaron 50 muestras de pelo de cerdos criollos de seis provincias costeras del Ecuador, analizadas mediante 25 marcadores microsátélites recomendados por FAO/ISAG. Los resultados evidenciaron una elevada diversidad genética intra-racial, con un promedio de 9,52 alelos por locus y un número efectivo de 4,99, superiores a otras razas criollas de la región. Además, la heterocigosidad esperada y observada, junto con un valor significativo de FIS (0,116), indican posibles efectos de endogamia. En el análisis inter-racial, los cerdos criollos ecuatorianos mostraron clara diferenciación genética respecto a razas internacionales, agrupándose con otras criollas iberoamericanas en análisis factoriales y dendrogramas de distancias genéticas. Estos hallazgos subrayan su singularidad genética y el potencial para su conservación y manejo sostenible. La implementación de estrategias orientadas a preservar este recurso genético es esencial, considerando su importancia en sistemas de producción local y su rol en la seguridad alimentaria. El estudio refuerza la necesidad de ampliar investigaciones que integren tecnologías moleculares emergentes y colaboraciones internacionales para la conservación de razas locales.

Palabras clave: diversidad genética; cerdo criollo; microsátélites; conservación genética; Ecuador.

Abstract

The study addresses the genetic diversity of the Ecuadorian Criollo pig, a breed of economic and cultural importance, threatened by its adaptation to marginal environments and global genetic homogenization. Fifty hair samples from Creole pigs from six coastal provinces of Ecuador were analyzed using 25 microsatellite markers recommended by FAO/ISAG. The results showed a high intra-racial genetic diversity, with an average of 9.52 alleles per locus and an effective number of 4.99, higher than other criollo breeds in the region. In addition, the expected and observed heterozygosity, together with a significant FIS value (0.116), indicate possible inbreeding effects. In the inter-racial analysis, Ecuadorian criollo pigs showed clear genetic differentiation with respect to international breeds, grouping with other Ibero-American criollas in factor analyses and genetic distance dendrograms. These findings underscore their genetic uniqueness and the potential for their conservation and sustainable management. The implementation of strategies aimed at preserving this genetic resource is essential, considering its importance in local production systems and its role in food security. The study reinforces the need to expand research that integrates emerging molecular technologies and international collaborations for the conservation of local breeds.

Keywords: genetic diversity; criollo pig; microsatellites; genetic conservation; Ecuador.

Resumo

O estudo aborda a diversidade genética do porco Criollo equatoriano, uma raça econômica e culturalmente importante, ameaçada pela sua adaptação a ambientes marginais e pela homogeneização genética global. Foram analisadas 50 amostras de pelo de porcos Criollo de seis províncias costeiras do Equador, utilizando 25 marcadores microssatélites recomendados pela FAO/ISAG. Os resultados mostraram uma elevada diversidade genética intra-racial, com uma média de 9,52 alelos por locus e um número efetivo de 4,99, superior ao de outras raças crioulas da região. Além disso, a heterozigosidade esperada e observada, juntamente com um

valor significativo de FIS (0,116), indicam possíveis efeitos de consanguinidade. Na análise inter-racial, os porcos crioulos equatorianos mostraram uma clara diferenciação genética em relação às raças internacionais, agrupando-se com outras raças crioulas ibero-americanas nas análises factoriais e nos dendrogramas de distância genética. Estes resultados sublinham a sua singularidade genética e o potencial para a sua conservação e gestão sustentável. A implementação de estratégias que visem a preservação deste recurso genético é essencial, considerando a sua importância nos sistemas de produção locais e o seu papel na segurança alimentar. O estudo reforça a necessidade de novas pesquisas que integrem tecnologias moleculares emergentes e colaborações internacionais para a conservação de raças locais.

Palavras-chave: diversidade genética; porco crioulo; microssatélites; conservação genética; Equador.

Introducción

El cerdo denominado criollo y mestizo, lo hace ser un recurso importante desde el punto de vista genético para el desarrollo de los sistemas de producción alternativos que son menos perjudiciales ecológicamente y por otro lado fundamental para la economía de la familias o subsistencia de los pequeños y medianos productores y también aportan alimentos proteínicos de buena calidad para el consumidor (Scarpa *et al*, 2003). Estos cerdos criollos ha contribuido a su proceso de extinción el hecho que estos animales están adaptados, más que nada, a la supervivencia en un entorno de recursos nutritivos y de manejo limitados (Linares et al., 2011).

El estudio de este material genético, que por cientos de años se ha adaptado y sobrevivido a las inclemencias del medio ambiente y del manejo, ocasionadas estas últimas por la escasez de recursos, requiere de inmediato de un estudio que permita la conservación y el mejor uso a favor de las comunidades indígenas, manteniendo las condiciones naturales del hábitat e introduciendo normas de manejo, reproducción y alimentación, así como un estudio de las características de sus carnes de acuerdo al tipo de alimento que reciben, que proporcione un valor agregado al producto (Fuentes, 2003).

Para medir la diversidad genética entre razas se utilizarán baterías de marcadores microsatélites recomendados por expertos de la ISAG (International Society for Animal Genetics). El empleo de los microsatélites recomendada para cerdos, permite comparar los

resultados obtenidos con los de otros grupos nacionales o internacionales. Estos marcadores genéticos de elección para una gran cantidad de aplicaciones, como la realización de mapas genéticos, la caracterización de poblaciones y la realización de pruebas de identificación individual y control de filiación, entre otros. Como consecuencia, los microsatélites se han utilizado ampliamente en estudios demográficos (Boitard et al. 2010; Pham et al. 2014), debido a que con ellos se puede cuantificar la variación genética dentro y entre poblaciones o razas, permiten la identificación de introgresiones y, por último, pueden usarse para asignar individuos dentro de una población, raza o especie (Paetkau et al. 2004).

En este sentido, se recomienda ampliar el conocimiento que se tiene de las características de los diferentes tipos de recursos Zoogenéticos, de los sistemas de producción en que se mantienen éstos y de los cambios que afectan a estos sistemas productivos; desarrollar marcos institucionales más fuertes para la gestión de los recursos Zoogenéticos; fomentar la concienciación, la educación, la capacitación y la investigación en todas las áreas de la gestión de los recursos Zoogenéticos; consolidar las estrategias y los programas de mejora y ampliar y diversificar los programas de conservación (FAO 2015).

Los microsatélites de ADN son los marcadores recomendados desde hace años en los estudios de genética de poblaciones y son los marcadores de elección para conseguir, no sólo un método fiable de identificación individual y de control de las genealogías, sino también una mejor apreciación y caracterización de la diversidad genética de las razas, así como para realizar asignaciones de individuos a razas con altos grados de fiabilidad. La aparición de otros marcadores moleculares como los SNPs está desplazando el uso de los microsatélites, aunque para estudios de diversidad genética de poblaciones locales se sigue recurriendo al uso de microsatélites fundamentalmente porque existen bases de datos de muchas razas generadas en varios proyectos de investigación nacionales e internacionales y además porque los paneles de

SNPs se diseñan normalmente para razas comerciales internacionales que subestiman la diversidad genética de las razas locales.

En el presente trabajo se pretende realizar la caracterización genética de cerdos Criollos de Ecuador, tanto la diversidad genética intrarracial de la población como la diversidad entre estos cerdos y razas porcinas Criollas, españolas e internacionales. Se estudia también la posible subestructura de la población lo que permitirá encaminar las actuaciones de gestión en años sucesivos.

Metodología

Muestreo

Para este estudio se utilizaron 50 muestras de pelo de cerdos Criollos de Ecuador, recogidas en diferentes partes de las provincias de Los Ríos, Guayas, Esmeraldas, Manabí, Machala y Santa Elena.

Figura 1:

Cerdo criollo negro de la costa del ecuador 2017



Nota: Autores (2024).

La procedencia detallada de las muestras se encuentra en la Tabla 1. Las muestras de pelo se han recogido en sobres de papel identificados con los datos de cada animal y se han mantenido a temperatura ambiente hasta su envío al laboratorio. Las muestras de pelo se han recibido en el Laboratorio de Genética Molecular Aplicada de la empresa Animal Breeding

Consulting S.L. (ABC) de la Universidad de Córdoba (España) y una vez allí, se les ha asignado a cada una un número de laboratorio.

Tabla 1:

Muestras de cerdos Criollos de Ecuador analizadas

N. Lab.	Provincia	N. Lab.	Provincia	N. Lab.	Provincia	N. Lab.	Provincia
849833	Guayas	849846	Los Ríos	849859	Santa Elena	849872	Esmeraldas
849834	Esmeraldas	849847	Manabí	849860	Santa Elena	849873	Esmeraldas
849835	Esmeraldas	849848	Los Ríos	849861	Santa Elena	849874	Esmeraldas
849836	Esmeraldas	849849	Los Ríos	849862	Santa Elena	849875	Machala
849837	Esmeraldas	849850	Manabí	849863	Santa Elena	849876	Machala
849838	Esmeraldas	849851	Manabí	849864	Santa Elena	849877	Machala
849839	Esmeraldas	849852	Manabí	849864	Santa Elena	849878	Machala
849840	Esmeraldas	849853	Los Ríos	849866	Santa Elena	849879	Machala
849841	Manabí	849854	Los Ríos	849867	Guayas	849880	Machala
849842	Manabí	849855	Los Ríos	849868	Guayas	849881	Machala
849843	Manabí	849856	Manabí	849869	Los Ríos	849882	Machala
849844	Los Ríos	849857	Manabí	849870	Los Ríos		
849845	Los Ríos	849858	Manabí	849871	Esmeraldas		

Nota: Autores (2024).

Para la diferenciación genética, estructura y distancia genética se han utilizado además otras 29 poblaciones porcinas de la base de datos del Laboratorio de Genética Molecular Aplicada de Animal Breeding Consulting S.L. y del Consorcio BioPig (<http://biopig.jimdo.com>). En la Tabla 2 se muestran las poblaciones utilizadas, su procedencia y el número de individuos analizado de cada población.

Tabla 2:

Poblaciones estudiadas, acrónimo, procedencia y número de animales analizados de cada población.

	RAZA/POBLACIÓN	ACRÓNIMO	PROCEDENCIA	N
1	Criollo Ecuador	EC	Ecuador	50
2	Criollo Ecuador Amazonía	ECAM	Ecuador	15

3	Mulefoot	MF	USA	36
4	Red Wattle hog	RWH	USA	35
5	Guinea Hog	GH	USA	34
6	C. Baja California Sur	BCS	México	16
7	Criollo México	MEX	México	49
8	Criollo El Salvador	SAL	El Salvador	20
9	Criollo Cubano	CUB	Cuba	50
10	Criollo de Guadalupe	GUA	Guadalupe	31
11	Criollo de Venezuela	VEN	Venezuela	30
12	San Pedreño	SP	Colombia	14
13	Criollo del Pacífico	CP	Colombia	42
14	Criollo Bolivia	BOL	Bolivia	33
15	Pampa Rocha	PR	Uruguay	30
16	Caracolero Argentino (W)	NEAW	Argentina	44
17	Caracolero Argentino (D)	NEAD	Argentina	38
18	Ibérico	IB	España	50
19	Celta	CEL	España	25
20	Mangaliça	MANG	Hungría	25
21	Berkshire	BRK	Reino Unido	44
22	Tamworth	TWR	Reino Unido	37
23	Large Black	LBL	Reino Unido	45
24	Duroc	DUR	Internacional	50
25	Pietrain	PIE	Internacional	46
26	Large White	LWH	Internacional	29
27	Landrace	LDR	Internacional	26
28	Landracex Large White	LXLW	Internacional	19
29	Meshian	MSH	China	45
30	Jabalí	WB	España	74

Nota: Autores (2024).

Extracción de ADN.

El ADN se ha extraído de las muestras de pelo con raíz de los animales referidos en la Tabla 1 mediante el siguiente protocolo.

El ADN se ha extraído de muestras de sangre mediante el siguiente protocolo:

1.- Material Empleado:

- TE: Tris-HCl 10 mM, EDTA 1 mM pH=8.
- Tampón K: 0,372 g de KCl, 0,051g de MgCl₂, 1 ml de Tris-HCl 1 M (pH=8,5), 0,5 ml de Tween 20 y 98 ml de H₂O. Añadir 100 ug/ml de Proteinasa K justo en el momento en que se va a utilizar.

- Muestra de pelo con raíz.

2.- Método:

- Lavar de 3 a 5 pelos con raíz de cada animal con agua bidestilada y después con etanol 100%. Dejar secar.
- Cortar las raíces de los pelos con unas tijeras esterilizadas con alcohol e introducirlos en microtubos.
- Añadir 100 µl de tampón K.
- Incubar a 56 °C durante 45 minutos.
- Elevar la temperatura a 95 °C e incubar durante 10 minutos.
- Conservar a -20 °C hasta su uso.

Se han analizado 25 microsátélites, recomendados por el comité de expertos de la FAO/ISAG (Food and Agriculture Organization of the United Nations/ International Society of Animal Genetics) para estudios de diversidad genética en la especie porcina (Tabla 3). Los fragmentos obtenidos mediante la PCR se han sometido a una electroforesis en gel de poliacrilamida en un secuenciador automático capilar ABI 3130XL. El genotipado se ha analizado con los programas Genescan Analysis® v 3.1.2 y Genotyper® 2.5.

Tabla 3:

Microsatélites recomendados por la FAO/ISAG para estudios de biodiversidad en ganado porcino Cro.: Cromosoma, Fluor.: Fluorocromo.

Micro.	Cro.	Fluor.	Cebadores (3'-5'): Directo	Reverso
CGA	1p	HEX	GAACTTTCACATCCCTAAGGTCGT	ATAGACATTATGTCCGTTGCTGAT
IGF1	5	6FAM	GCTTGGATGGACCATGTTG	CATATTTTCTGCATAAAGTTGAACCT
S0002	3q	HEX	GAAGCCCAAAGAGACAAGTGC	GTTCTTTACCCACTGAGCCA
S0005	5	TET	TCCTTCCCTCCTGGTAACTA	GCACTTCCTGATTCTGGGTA
S0026	16	HEX	AACCTTCCCTTCCAATCAC	CACAGACTGCTTTTACTCC
S0068	13	TET	CCTTCAACCTTTGAGCAAGAAC	AGTGGTCTCTCTCCCTCTTGCT
S0090	12	6FAM	CCAAGACTGCCTTGTAGGTGAATA	GCTATCAAGTATTGTACCATTAGG
S0101	7	HEX	GAATGCAAAGAGTTCAGTGTAGG	GTCTCCCTCACACTTACCGCAG
S0155	1q	6FAM	TGTTCTCTGTTTCTCTCTGTTTG	AAAGTGAAAAGAGTCAATGGCTAT
S0178	8	TET	TAGCCTGGGAACCTCCACACGCTG	GGCACCAGGAATCTGCAATCCAGT
S0215	13	HEX	TAGGCTCAGACCCTGCTGCAT	TGGGAGGCTGAAGGATTGGGT
S0218	X	TET	GTGTAGGCTGGCGGTTGT	CCCTGAAACCTAAAGCAAAG
S0225	8	HEX	GCTAATGCCAGAGAAATGCAGA	CAGGTGAAAAGAATGGAATGAA
S0226	2q	6FAM	GCACTTTTAACTTTTCATGATACTCC	GGTTAAACTTTTNCCTCAATACA
S0227	4	HEX	GATCCATTTATAATTTTAGCACAAAAGT	GCATGGTGTGATGCTATGTCAAGC
S0228	6	TET	GGCATAGGCTGGCAGCAACA	AGCCACCTCATCTTATCTACT
S0355	15	6FAM	TCTGGCTCCTACACTCTTCTTGATG	TTGGGTGGGTGCTGAAAAATAGGA
S0386	11	TET	TCCTGGGTCTTATTTTCTA	TTTTTATCTCCAACAGTAT
SW122	6	HEX	TTGTCTTTTATTTTGCTTTTGG	CAAAAAAGGCAAAAGATTGACA
SW24	17	TET	CTTTGGGTGGAGTGTGTGC	ATCCAAATGCTGCAAGCG
SW240	2p	6FAM	AGAAATTAGTGCCTCAAATTGG	AAACCATTAAGTCCCTAGCAAA
SW632	7	TET	TGGGTTGAAAGATTTCCCAA	GGAGTCAGTACTTTGGCTTGA
SW72	3p	TET	ATCAGAACAGTGCGCCGT	TTTGAAAATGGGGTGTTC
SW857	14	HEX	TGAGAGGTCAGTTACAGAAGACC	GATCTCTCTCAAATCCCAT

Nota: Autores (2024).

Diversidad genética intra-racial

Se ha calculado el número medio de alelos por locus (MNA), las frecuencias alélicas, las heterocigosis esperada (He) y observada (Ho) y el contenido de información polimórfica (PIC) con el programa MICROSATELLITE TOOLKIT software para Excel (Park, 2001). Se ha calculado el número efectivo de alelos con el programa PopGene (Yeh and Boyle, 1997).

Los valores de FIS (coeficiente de consanguinidad) con un intervalo de confianza del 95% se han calculado con el programa informático GENETIX v. 4.05 (Belkhir et al., 2003) y se ha realizado una prueba de equilibrio Hardy-Weinberg (HW) usando el programa GENEPOP v. 3.1c (Raymond and Rousset, 1995), que aplica el test exacto de Fisher usando el método en cadena de Monte Carlo Markov (Guo and Thompson, 1992) y la corrección de Bonferroni. Se han calculado las distancias genéticas entre individuos (DSA de Bowcock, 1994) con las que se ha construido un dendrograma utilizando el programa TREEVIEW (Page, 2001).

Diversidad genética inter-racial

Para este estudio se ha incluido la población porcina de Ecuador en un estudio más amplio que comprende otras razas porcinas Criollas, razas ibéricas incluida una población de jabalís y razas internacionales (Tabla 2). Se han calculado los estadísticos F de Wright (Wright, 1969): el coeficiente de consanguinidad FIT (coeficiente de consanguinidad de cada individuo con respecto a la población total), el coeficiente de diferenciación genética FST (el efecto de las subpoblaciones en comparación con la población total) y FIS (coeficiente de endogamia de cada individuo en relación a la subpoblación a la que pertenece). Estos estadísticos se han calculado mediante el programa GENETIX (Belkhir et al. 2003). Se ha realizado un Análisis Factorial de Correspondencia con el programa GENETIX (Belkhir et al. 2003). Se han calculado las distancias genéticas DA (Nei et al. 1983) con el programa informático POPULATIONS (Langella, 1999). Con los valores de distancia obtenidos se ha realizado un dendrograma Neighbor-Joining mediante el programa TREEVIEW (Page, 1996) para representar gráficamente las relaciones genéticas entre las razas.

Estructura genética

Se ha realizado un análisis de la subestructura de la población porcina de Ecuador utilizando un algoritmo bayesiano del programa de análisis STRUCTURE v 2.1 (Pritchard et

al., 2000), que emplea un modelo basado en método de cadenas Markov de Monte Carlo, que estima la distribución a posteriori de cada coeficiente de mezcla de cada individuo (q).

Resultados

Diversidad genética intra-raacial

En la Tabla 4 se recogen las frecuencias alélicas (FA), expresadas en porcentajes, de los 25 microsatélites en la población porcina estudiada.

Los 25 marcadores han sido polimórficos y se han observado entre un mínimo de 5 alelos para los marcadores S0026, S0227, S0355 y SW951 y un máximo de 22 alelos en el marcador CGA y en el S0005. Se observa en general una alta diversidad alélica.

Tabla 4:

Frecuencias alélicas de 25 microsatélites en cerdos Criollos de Ecuador.

LOCUS/ ALELO	FA	LOCUS/ ALELO	FA	LOCUS/ ALELO	FA	LOCUS/ ALELO	FA	LOCUS/ ALELO	FA	LOCUS/ ALELO	FA	LOCUS/ ALELO	FA
CGA		S0005		S0090		S0225		S0355		SW72		SW632	
160	9,00	186	1,00	198	2,13	182	5,43	180	78,00	190	37,00	182	1,00
178	2,00	190	2,00	200	42,55	184	6,52	184	7,00	192	1,00	190	2,00
184	1,00	192	5,00	202	19,15	186	5,43	194	11,00	198	18,00	192	10,00
190	9,00	200	1,00	204	24,47	192	5,43	206	2,00	200	37,00	194	3,00
192	1,00	204	2,00	206	8,51	194	2,17	208	2,00	202	6,00	196	13,00
194	5,00	206	1,00	208	3,19	196	1,09	S0386		206	1,00	198	11,00
198	5,00	208	10,00	S0101		198	3,26	196	5,21	SW857		200	1,00
200	2,00	210	12,00	186	1,09	200	66,30	200	10,42	188	4,00	204	30,00
202	7,00	212	10,00	188	9,78	202	1,09	202	2,08	192	2,00	206	7,00
204	5,00	214	4,00	194	1,09	204	1,09	204	23,96	194	4,00	208	5,00
206	1,00	216	10,00	196	1,09	208	2,17	206	41,67	196	41,00	210	1,00
210	1,00	218	7,00	198	19,57	S0226		210	8,33	198	22,00	212	12,00
212	4,00	220	1,00	200	46,74	198	26,67	212	3,13	200	15,00	214	4,00
214	5,00	222	4,00	201	20,65	200	27,78	214	5,21	202	10,00	S0068	
216	5,00	224	8,00	S0155		202	4,44	SW24		204	2,00	178	2,13
218	5,00	226	2,00	190	23,00	206	1,11	192	5,10	SW911		184	9,57
220	6,00	228	6,00	196	18,00	212	11,11	194	3,06	186	10,87	196	17,02
222	4,00	230	8,00	198	3,00	216	7,78	196	6,12	188	4,35	198	6,38
224	13,00	232	3,00	200	33,00	218	8,89	198	10,20	196	15,22	200	1,06
226	5,00	234	1,00	202	11,00	220	2,22	200	5,10	200	26,09	204	14,89
228	4,00	238	1,00	204	12,00	222	5,56	202	12,24	202	4,35	210	3,19
232	1,00	250	1,00	S0178		224	2,22	204	3,06	204	4,35	212	9,57
IGF		S0026		184	2,04	228	2,22	206	38,78	206	28,26	214	12,77
194	12,00	200	52,00	192	2,04	S0227		208	8,16	SW8	6,52	216	9,57
196	2,00	202	11,00	194	26,53	196	85,71	212	6,12	SW936		218	2,13
198	5,00	204	25,00	196	2,04	200	1,02	216	2,04	198	3,33	220	5,32
200	21,00	206	11,00	198	6,12	206	3,06	S0215		200	2,22	226	6,38
202	31,00	210	1,00	200	2,04	220	9,18	180	2,00	202	14,44		
204	23,00	SW951		202	2,04	224	1,02	198	1,00	208	30,00		
206	5,00	200	80,00	204	7,14			200	67,00	210	1,11		
210	1,00	202	8,00	206	30,61			202	3,00	212	8,89		
		206	1,00	2008	13,27			206	1,00	214	28,89		
		208	9,00	210	6,12			208	2,00	216	11,11		
		214	2,00					216	7,00				
S0227		SW240		S0002									
198	5,00	198	18,00	190	11,96								
200	55,000	200	13,00	192	1,09								
202	4,00	202	19,00	194	2,17								
206	1,00	204	7,00	196	2,17								
212	1,00	210	1,00	200	26,09								
218	11,00	212	8,00	202	6,52								

220	4,00	214	17,00	204	16,30
222	1,00	216	14,00	206	13,04
224	1,00	218	3,00	208	16,30
				218	3,26
				220	1,09

Nota: Autores (2024).

En la Tabla 5 se recogen los valores obtenidos de Heterocigosidad esperada, Heterocigosidad observada, Contenido de Información Polimórfica (PIC), los valores del estadístico FIS con sus desviaciones estándar y los marcadores desviados del equilibrio Hardy-Weinberg. Por los valores de PIC obtenidos, la mayoría de los marcadores son muy informativos ($PIC > 0,50$), aunque los microsatélites S0215, S0227, S0355 y SW951 son medianamente informativos (PIC entre 0,25 y 0,50). Tras la corrección de Bonferroni, ningún marcador está desequilibrado significativamente del Equilibrio de Hardy-Weinberg en esta población. De los 25 microsatélites analizados, 7 detectan un exceso significativo de homocigotos (CGA, S0002, S0068, S0226, SW24, SW240 y SW72) y el resto muestran valores no significativamente diferentes de 0.

Este panel de microsatélites se viene utilizando en nuestro laboratorio para la caracterización genética de poblaciones porcinas y se ha comprobado que se comporta adecuadamente en estas poblaciones y que es útil para detectar variabilidad genética dentro de poblaciones.

El promedio de alelos en una población (Tabla 5) indica en cierta manera la variabilidad genética de las poblaciones. Este número medio de alelos es elevado (9,52), aunque el número efectivo de alelos (4,99) es sensiblemente inferior debido a que muchos de los alelos se encuentran con frecuencias bajas. Tanto el número medio de alelos como el número efectivo de alelos están por encima de la media mostrada por otras razas porcinas criollas (Revidatti et al 2014). Otra manera de apreciar la diversidad genética es mediante la proporción de individuos heterocigotos presentes o heterocigosidad. En la Tabla 5 se recogen los valores de heterocigosidad media esperada ($He=0,719$) y heterocigosidad media por recuento directo ($Ho=0,637$) en esta población. El promedio de alelos y los valores de heterocigosidad indican

que los cerdos Criollos de la costa de Ecuador muestran una diversidad genética alta. El valor de FIS con un intervalo de confianza al 95% con 1000 remuestros es de 0,116 (0,062-0,148) y es significativo, lo que podría ser debido a una desviación significativa del equilibrio Hardy-Weinberg.

A la vista de los resultados encontrados, se puede concluir que los cerdos Criollos de la costa de Ecuador estudiados presentan una elevada diversidad genética intra-racial, con valores de diversidad genética superiores a los de otras razas porcinas criollas (Revidatti et al 2014). La raza se desvía significativamente del Equilibrio de Hardy- Weinberg, con un exceso significativa de homocigotos.

Tabla 5:

Microsatélites analizados, numero de alelos detectados, Numero efectivo de alelos (Ae), Heterocigosidades esperada insesgada (He) y observada (Ho), Contenido de Información Polimórfica (PIC), valores de Fis, su intervalo de confianza y las derivaciones de equipo Hardy-Weinberg (HWEd).

Microsatélite	Nº Alelos	Ae	He	Ho	PIC	Fis	Fis IC	HWEd
CGA	22	15,34	0,944	0,800	0,931	0,1541	(0,03438-0,26218)	ND
IGF1	8	4,69	0,795	0,760	0,756	0,0444	(-0,10408-0,18355)	ND
S0002	11	6,29	0,850	0,696	0,822	0,1834	(0,01216-0,33615)	ND
S0005	22	13,48	0,935	0,840	0,921	0,1027	(-0,00612-0,20238)	ND
S0026	5	2,80	0,649	0,540	0,593	0,1698	(-0,03248-0,35828)	NS
S0068	13	9,26	0,902	0,766	0,882	0,1519	(0,01714-0,27732)	ND
S0090	6	3,49	0,721	0,723	0,669	-	(-0,16209-0,13830)	NS
S0101	7	3,23	0,698	0,761	0,646	-	(-0,26467-0,07493)	NS
S0155	6	4,51	0,786	0,680	0,745	0,1363	(-0,03943-0,29205)	NS
S0178	11	5,09	0,812	0,755	0,779	0,0706	(-0,08108-0,20760)	ND
S0215	9	2,10	0,529	0,520	0,499	0,0174	(-0,19384-0,22719)	NS

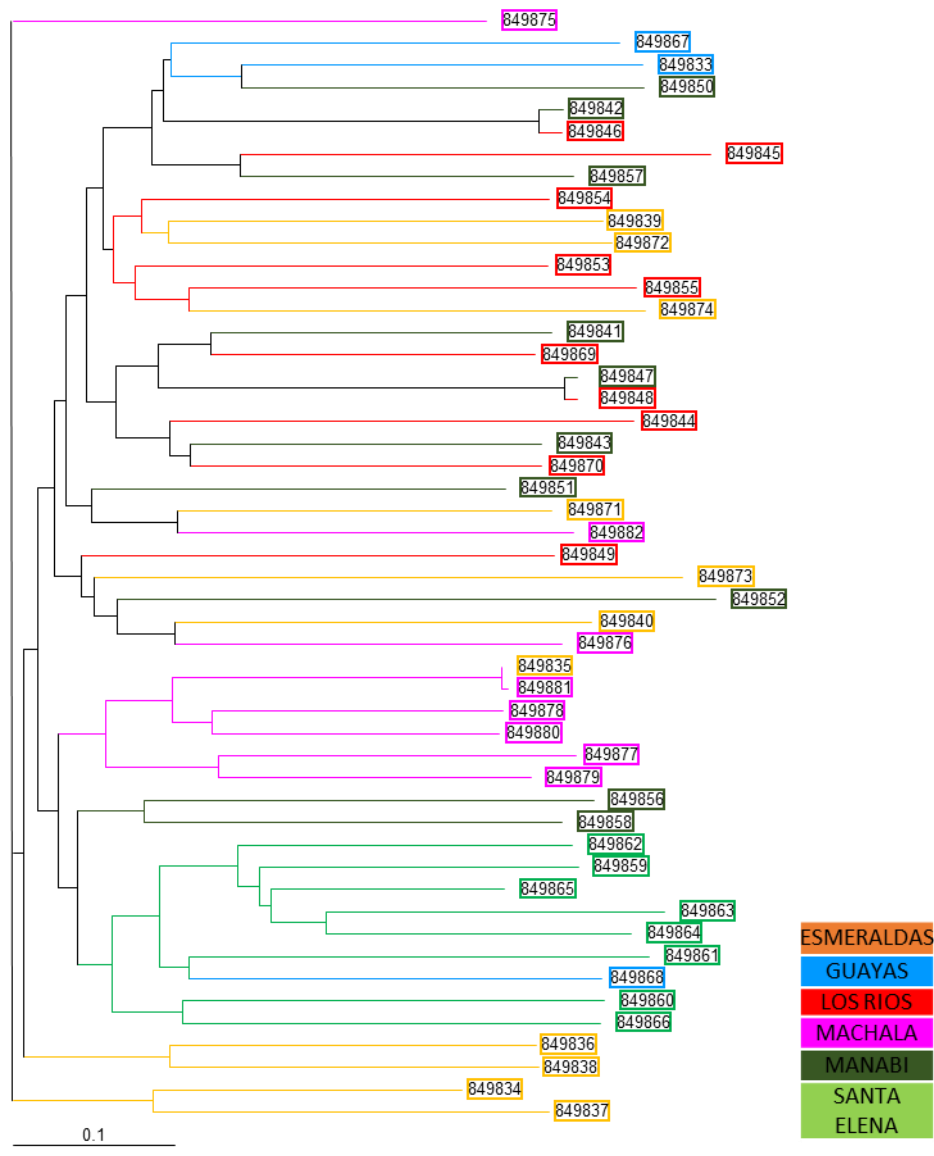
S0225	11	2,20	0,551	0,478	0,531	0,1331	(-0,08049- 0,34106)	NS
S0226	11	5,52	0,828	0,644	0,797	0,2236	(0,04661- 0,38319)	ND
S0227	5	1,34	0,258	0,245	0,242	0,0526	(-0,13509- 0,33584)	ND
S0228	10	2,86	0,657	0,620	0,261	0,0568	(-0,10771- 0,20835)	NS
S0355	5	1,60	0,378	0,320	0,352	0,1538	(-0,08554- 0,39130)	ND
S0386	8	3,91	0,752	0,604	0,713	0,1985	(-0,00134- 0,37761)	NS
SW24	11	5,07	0,811	0,612	0,787	0,2469	(0,0803-0,39843)	NS
SW240	9	6,83	0,862	0,720	0,836	0,1666	(0,01977- 0,30120)	ND
SW632	13	6,49	0,855	0,820	0,831	0,0408	(-0,08273- 0,15558)	ND
SW72	6	3,23	0,697	0,480	0,632	0,3135	(0,12239- 0,49005)	NS
SW857	8	3,95	0,755	0,820	0,714	- 0,0877	(-0,22402- 0,03897)	NS
SW911	8	5,19	0,816	0,696	0,782	0,1489	(-0,01924- 0,29939)	ND
SW936	8	4,62	0,793	0,778	0,753	0,0188	(-0,16257- 0,17833)	ND
SW951	5	1,53	0,348	0,240	0,326	0,3135	(-0,01227- 0,58625)	ND
Media	9,52	4,99	0,719	0,637	0,686			

Nota: Autores (2024).

En la Figura 2 está representado el dendrograma de distancias individuales entre los individuos analizados. No se observa un agrupamiento claro de los individuos en función de la provincia de procedencia, aunque la mayoría de los individuos de Santa Elena se agrupan juntos (en verde) y la mayoría de los animales muestreados en Machala se agrupan juntos también. Se detecta que hay algún problema de identificación de las muestras 03 y 049 (corresponden al mismo animal), de las muestras 010 y 014 (corresponden al mismo animal) y de las muestras 015 y 016 (corresponden al mismo animal). Se recomienda revisar la identificación de estas muestras.

Figura 2:

Árbol de distancias individuales DSA de los individuos de cerdos Criollos de Ecuador muestreados en 6 provincias de la costa de Ecuador



Nota: Autores (2024).

Diversidad genética inter-racial

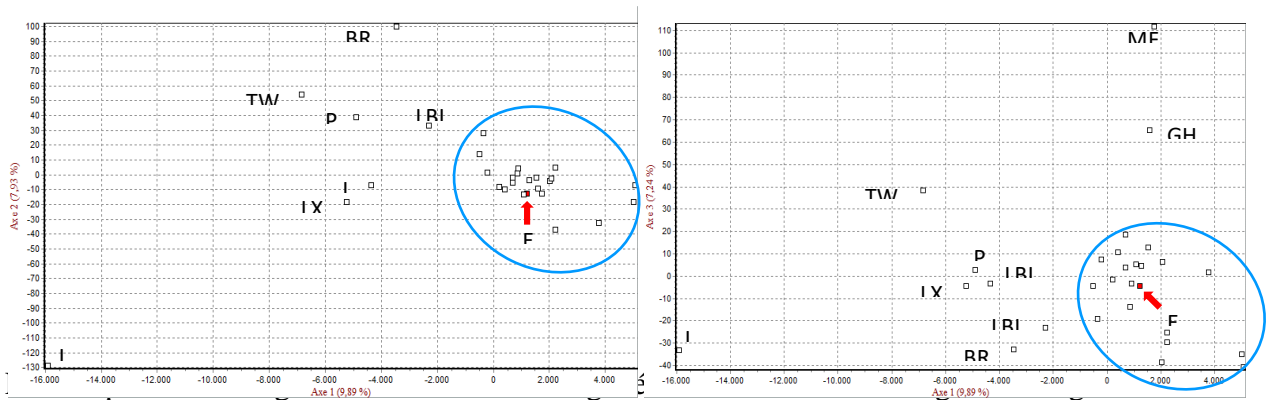
La diferenciación genética entre las 30 poblaciones porcinas incluidas en el estudio es elevada, con los siguientes valores de estadísticos F: FIS=0,076 (0,062-0,089), FIT=0,252 (0,235-0,270) y FST=0,191 (0,179-0,204).

Los resultados del Análisis Factorial de Correspondencia (Figura 3) muestran que los cerdos Criollos de Ecuador se posicionan más próximo a las razas Criollas (rodeadas por una

línea azul), bien diferenciadas del resto de las razas europeas. De este análisis se ha eliminado la raza Meshian debido a que la gran diferenciación genética de esta raza no permite ver la distribución del resto de las razas del estudio. Aun así, hay una elevada diferenciación genética entre las 29 poblaciones restantes.

Figura 3:

Análisis Factorial de Correspondencia entre 29 poblaciones porcinas.

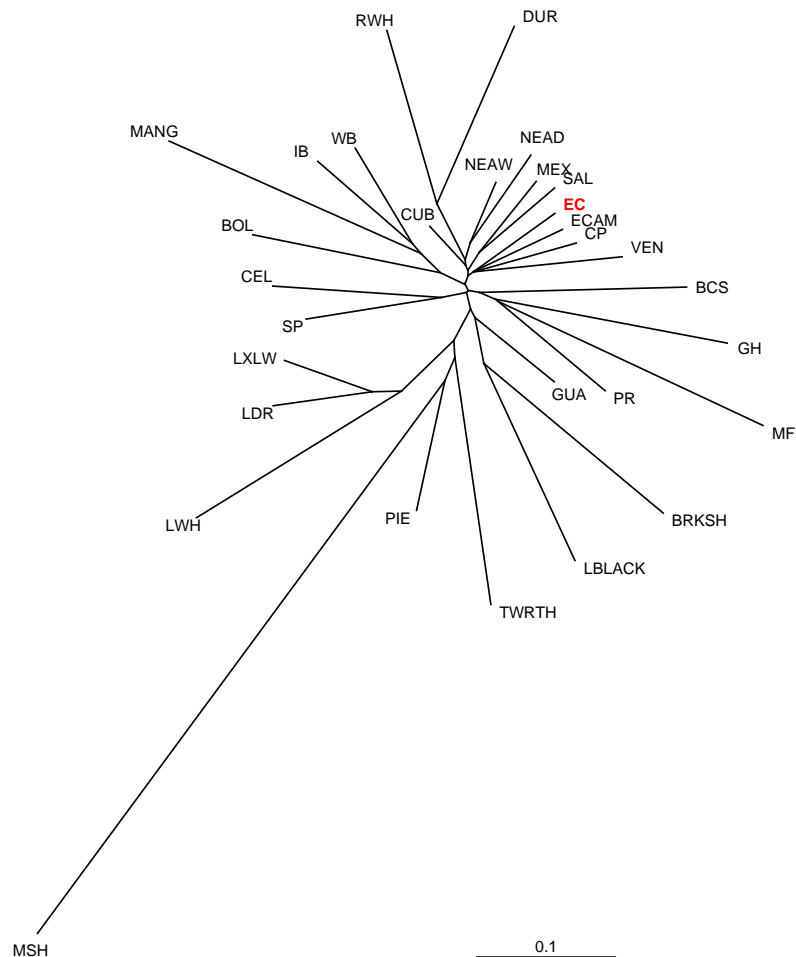


Nota: Autores (2024).

Joining (Figura 4) se observa los cerdos Criollos de Ecuador (EC) en el mismo clúster que las demás razas Criollas, muy próximo al cerdo de la Amazonía y bien diferenciado de las demás razas.

Figura 4:

Representación Neighbor-Joining de las distancias genéticas DA de 30 poblaciones porcinas.



Nota: Autores (2024).

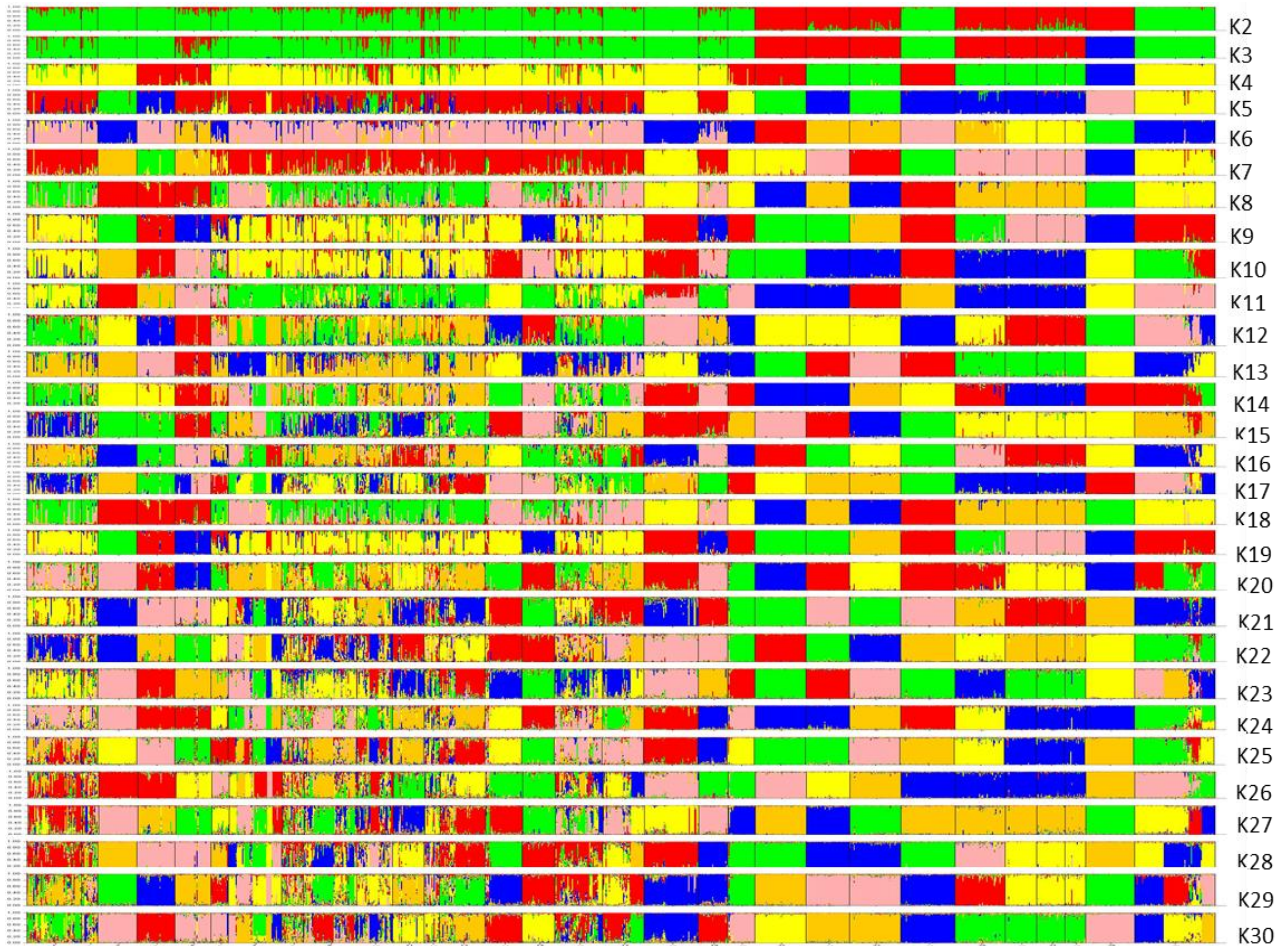
Estructura genética

Se ha realizado un análisis de la estructura de la población con el programa STRUCTURE v. 2.1 (Pritchard et al. 2000). Se ha utilizado un algoritmo bayesiano del programa que calcula la distribución a posteriori de cada coeficiente de mezcla de cada individuo (q). La media de esta distribución representa una estimación de la proporción que el genoma de cada individuo tiene de las poblaciones parentales. Con este programa se hace un análisis de agrupamiento de los individuos estudiados en un diferente número de clusters (K) que representarían el número de poblaciones asumidas utilizando un modelo de mezcla en el cual cada individuo podría contener en su genoma porcentajes variables de las poblaciones ancestrales de las que proviene.

En la Figura 5 se presenta gráficamente la estructura poblacional de las 30 poblaciones utilizando el programa informático Structure v.2.1. Se ha realizado con 100000 iteraciones de Burn-in y con número de iteraciones de Cadenas de Markov de Monte Carlo (MCMC) de 200000. Cada individuo se muestra en una barra vertical y cada color representa la proporción del clúster correspondiente (raza en este caso) en forma proporcional. Cuando el número de poblaciones estimadas es 2 ($K=2$), se separan dos clústers (verde y rojo). Los cerdos Criollos de Ecuador (EC) se encuentran en el clúster verde junto con todas las demás razas americanas, españolas y el jabalí. Cuando $K=3$ el cerdo chino Meshian forma un clúster diferente (en azul). Estadísticamente, el número óptimo de poblaciones es $K=23$, en el que los cerdos Criollos de Ecuador se agrupan con algunos cerdos Criollos Iberoamericanos. Los cerdos Criollos de Ecuador de las seis provincias de la costa del Ecuador se separan de los cerdos de la provincia de Pastaza (ECAM) a partir del $K=28$. En la Tabla 7 se observan los porcentajes de individuos de cada raza que se asignan a cada clúster cuando $K=23$ (K óptimo). El 60,4% de los cerdos Criollos de Ecuador (EC) se asignan al clúster 16, junto con el 11,4 % de los cerdos criollos de la Amazonía (ECAM), el 51,4% de los cerdos de El Salvador y el 42,7 % del Criollo Cubano. Se observa cierto grado de mezcla en los cerdos Criollos de Ecuador (EC) pero no se detecta influencia reciente de cerdos europeos ni de los internacionales.

Figura 5:

Estructura genética de las 30 razas porcinas analizadas.



Nota: 1 EC, 2 ECAM, 3 MF, 4 RWH, 5 GH, 6 BCS, 7 MEX, 8 SAL, 9 CUB, 10 GUA, 11 VEN, 12 SP, 13 CP, 14 BOL, 15 PR, 16 NEAW, 17 NEAD, 18 IB, 19 CEL, 20 MANG, 21 BRKSH, 22 TWRTH, 23 LBLACK, 24 DUR, 25 PIE, 26 LWH, 27 LDR, 28 LXLWH, 29 MSH, 30 WB, Autores (2024).

Discusión

Los resultados obtenidos en este estudio proporcionan evidencia sólida sobre la alta diversidad genética intra-racial de los cerdos criollos de la costa de Ecuador. El promedio de alelos (9,52) y el número efectivo de alelos (4,99) están por encima de lo reportado en otras razas criollas de América Latina, como los cerdos criollos de Bolivia y México (Revidatti et al., 2014). Estos hallazgos son congruentes con estudios previos que han señalado que las poblaciones porcinas criollas suelen conservar una considerable variabilidad genética, lo que

les permite adaptarse a entornos de manejo y recursos limitados (Linares et al., 2011; FAO, 2015).

El exceso significativo de homocigotos identificado en este estudio, reflejado en el valor de FIS (0,116), podría estar relacionado con fenómenos de endogamia, posiblemente exacerbados por la fragmentación geográfica y la falta de intercambio genético entre subpoblaciones locales. Sin embargo, es importante destacar que esta diversidad genética es una característica clave para la viabilidad de la población a largo plazo y representa un recurso invaluable para la conservación y mejora genética (Scarpa et al., 2003; Fuentes, 2003).

Por otro lado, el análisis factorial de correspondencia y el dendrograma de distancias genéticas muestran que los cerdos criollos de Ecuador están genéticamente diferenciados de las razas internacionales y europeas, ubicándose más cerca de otras razas criollas iberoamericanas, como el cerdo criollo de Venezuela y el criollo cubano. Esto confirma su identidad genética única y subraya la necesidad de estrategias específicas de manejo y conservación que respeten esta singularidad (Pham et al., 2014; Boitard et al., 2010).

Un hallazgo relevante es la ausencia de influencias recientes de razas comerciales europeas e internacionales en el genoma de los cerdos criollos ecuatorianos, lo que refuerza su importancia como reservorio genético autóctono. Estos resultados concuerdan con el reporte de la FAO (2015), que destaca la urgencia de preservar los recursos zoogenéticos locales frente a la creciente homogenización genética causada por la globalización de las razas comerciales.

En términos metodológicos, el uso de los microsatélites recomendados por la FAO/ISAG ha demostrado ser adecuado para caracterizar la variabilidad genética en esta población, proporcionando datos robustos sobre la estructura genética intra e inter-poblacional. No obstante, la aparición de marcadores como los SNPs podría complementar estudios futuros, aunque es fundamental considerar que los paneles de SNPs suelen subestimar la diversidad genética de razas locales (Boitard et al., 2010; Paetkau et al., 2004).

En conclusión, este estudio no solo aporta información valiosa sobre la genética de los cerdos criollos ecuatorianos, sino que también enfatiza su papel en la sostenibilidad de sistemas agropecuarios locales. La implementación de programas de conservación y mejoramiento basados en estos datos contribuirá a la resiliencia de los sistemas productivos y al desarrollo socioeconómico de las comunidades dependientes de esta raza.

Conclusión

Los cerdos criollos de la costa de Ecuador demuestran poseer una alta diversidad genética, posicionándose como un recurso estratégico para la conservación de la biodiversidad y el desarrollo de sistemas productivos sostenibles. Este nivel de variabilidad genética no solo subraya su capacidad de adaptarse a condiciones ambientales y de manejo desfavorables, sino que también les confiere un papel crucial en la preservación de los recursos zoogenéticos locales frente a los riesgos asociados con la homogeneización genética de las razas comerciales. La ausencia de una influencia genética reciente de estas razas internacionales resalta la pureza y la identidad genética de los cerdos criollos ecuatorianos, consolidándolos como un componente valioso de la diversidad genética global.

Estos hallazgos ofrecen una base sólida para el diseño de programas de manejo y conservación específicos que consideren tanto la preservación de su patrimonio genético como el desarrollo de estrategias que aprovechen su potencial productivo en sistemas agropecuarios locales. Además, la información generada contribuye a una mejor comprensión de su estructura genética, lo que facilita la identificación de líneas genéticas específicas que puedan ser utilizadas en programas de mejora genética orientados hacia la producción sostenible y la resiliencia frente a cambios ambientales y económicos.

Se destaca la importancia de continuar con investigaciones que profundicen en las características genéticas y productivas de esta raza, utilizando tanto tecnologías moleculares

tradicionales como emergentes. La integración de estas herramientas permitirá optimizar la gestión de los recursos genéticos locales, favoreciendo su conservación y uso sostenible. Asimismo, se hace evidente la necesidad de fortalecer la cooperación entre las comunidades locales, instituciones académicas y organismos internacionales, promoviendo la implementación de políticas públicas que prioricen la conservación de razas locales como una estrategia clave para garantizar la seguridad alimentaria y la sostenibilidad agropecuaria en contextos de diversidad biológica y cultural únicos como el ecuatoriano.

En definitiva, los cerdos criollos de la costa de Ecuador constituyen un ejemplo vivo de la importancia de preservar las razas autóctonas, no solo como patrimonio genético invaluable, sino también como una herramienta clave para enfrentar los desafíos del futuro en materia de producción animal sostenible y conservación de la biodiversidad.

Referencias bibliográficas

- Belkhir, K., Borsa, P., Chikhi, L., Raufaste, N., Bonhomme, F., 2003, Genetix: 4.05 Logiciel sous WindowsTM pour la genetique des populations In: U. d. Montpellier (ed.) Montpellier, France.
- Boitard S., Chevalet, C., Mercat, M.-J., Meriaux, J. C., Sánchez, A., Tibau, J. y Sancristobal, M. Genetic variability, structure and assignment of Spanish and French pig populations based on a large sampling. *Animal Genetics*, 2010, Volume 41, 608-615.
- FAO 2000. World Watch List for Domestic Animal Diversity (Roma, FAO).
- FAO. 2015. The Second Report on the State of the World's Animal Genetic Resources for Food and Agriculture, edited by B.D. Scherf & D. Pilling. FAO Commission on Genetic Resources for Food and Agriculture Assessments. Rome (available at <http://www.fao.org/3/a-i4787e/index.html>).
- Fuentes, A. 2003. El cerdo criollo como potencial alimenticio y económico (en línea). Ceniap Hoy n° 3. Consultado 27 marzo. 2018. Disponible en; www.ceniap.gov.ve/ceniaphoy/articulos/n3/texto/afuentes2.htm
- Guo, S.W. & Thompson, E.A. (1992) Performing the exact test of Hardy-Weinberg proportions for multiple alleles. *Biometrics*, 48, 361-372.
- Langella, O. 1999. Populations 1.2.28 CNRS UPR9034 <http://www.cnrs-gif.fr/pge/bioinfo/populations/index.php>.

- Linares V., Linares L. y Mendoza G.2011. “Caracterización etnozootécnica y potencial carnívoros de *Sus scrofa* “cerdo criollo” en Latinoamérica”. *Scientia Agropecuaria*, 2(2):97-110.
- Nei, M., F. Tajima, and Y. Tatenno. 1983. Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular data. II. Gene frequency data. *J. Mol. Evol.* 19:153–170
- Paetkau, D., Slade, R., Burden, M. y Estoup, A. Direct, real-time estimation of migration rate using assignment methods: a simulation-based exploration of accuracy and power. *Molecular Ecology*, 2004, Volumen 13, 55-65.
- Page, R.D., 1996, TreeView: an application to display phylogenetic trees on personal computers. *Computer applications in the biosciences* 12, 357-358.
- Park, S.D.E., 2001. Trypanotolerance in West African Cattle and the Population Genetic Effects of Selection University of Dublin, Dublin.
- Pham, L.D., Do, D.N., Nam, L.Q., Van Ba, N., Minh, L.T.A., Hoan, T.X., Cuong, V.C. y Kadarmideen, H.N. Molecular genetic diversity and genetic structure of Vietnamese indigenous pig populations. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 2014, Volume 131, 379-386.
- Pritchard, J.K., Stephens, M., Donnelly, P., 2000, Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155, 945-949.
- Raymond, M. & Rousset, F. (1995) GENEPOP (Version 1.2): Population genetics software for exact test and ecumenicism. *Journal of Heredity*, 86(3), 248-249.
- Revidatti MA, Delgado Bermejo JV, Gama LT, Periatí VL, Ginja C, Alvarez LA, Vega- Pla JL, Martínez AM, Consortium BioPig (E. Bonilla, F.J. Forero Vizcaíno, R. Galíndez, J.J. Montes-Sánchez, E. Pérez Pineda, A. P. Ponce Alvarado, A. Sierra Vasquez, P. Sponenberg, J. Cañón Ferreras, S. Duner, O. Cortés, S. Llambí, M. Montenegro, P. Zaragoza, C. Rodellar and I. Martín-Burriel). 2014. Genetic characterization of local Criollo pig breeds from the Americas using microsatellite markers. *Journal of Animal Science*, Nov; 92 (11): 4823-32. doi: 10.2527/jas.2014- 7848.
- Scarpa, R.; Drucker, A.; Anderson, S.; Ferres-Ehuan, N. 2003. Valuing genetic resources in peasant economies: the case of „hairless” creole pigs in Yucatan. *Journal of Ecological Economics* 45: 427-443
- Wright, S., 1969, The Theory of gene frequencies, In: *Evolution and genetics of populations*. pp. 291-293.
- YEH, F.C. and BOYLE, T.J.B. 1997. Population genetic analysis of co-dominant and dominant markers and quantitative traits. *Belgian Journal of Botany* 129: 157