



# Diversidad genética de las razas porcinas ibérica y alentejana mediante el genotipado de variantes genéticas en genes mayores y genes candidatos

**Resumen:** Las razas porcinas ibérica y alentejana se encuentran biogeográficamente localizadas en el suroeste de la península Ibérica. Estas razas comparten un conjunto de características comunes. Ambas son fenotípicamente muy similares; muestran un bajo índice de crecimiento y una elevada deposición grasa y tienen un sistema común de producción al aire libre en el que se explotan los recursos de la Dehesa. El objetivo del presente trabajo, dentro del marco del proyecto TREASURE, consistió en caracterizar la diversidad genética de ambas razas usando los datos de genotipado de 39 polimorfismos localizados en 34 genes previamente asociados a distintos caracteres de interés económico. Estos polimorfismos fueron genotipados en 950 cerdos pertenecientes a las razas ibérica y alentejana y a 18 razas europeas autóctonas adicionales. Los bajos valores para heterocigosidad observada y esperada indican una baja diversidad genética en ibéricos y alentejanos. Las distancias genéticas estimadas usando DS y FST fueron cercanas a 0 (0.007 y 0.039, respectivamente), sugieren que estas razas son genéticamente muy similares. Asimismo, las técnicas de análisis multivariante utilizadas como análisis de componentes principales y asignación a grupos mostraron que los individuos de estas razas están muy próximos formando clusters diferenciados del resto de razas. Estos resultados concuerdan con los de otros autores que ya mostraron distancias genéticas cortas entre ambas razas usando secuencias de ADN mitocondrial.

María Muñoz<sup>1,4</sup>, Riccardo Bozzi<sup>2</sup>,  
Alessandro Croveti<sup>2</sup>, Rui  
Charneca<sup>3</sup>, José M. Martins<sup>3</sup>, Ana  
I. Fernández<sup>4</sup>, Luca Fontanesi<sup>5</sup>,  
Juan M. García-Casco<sup>1,4</sup> &  
Cristina Óvilo<sup>4</sup>

<sup>1</sup> Centro de I+D en Cerdo Ibérico, Dpto. Mejora Genética Animal, INIA

<sup>2</sup> Department of Agrifood Production and Environmental Science - University of Firenze (Italy)

<sup>3</sup> ICAAM - Instituto de Ciências Agrárias e Ambientais Mediterrânicas, Universidade de Évora, Évora (Portugal)

<sup>4</sup> INIA, Departamento de Mejora Genética Animal, Madrid (Spain)

<sup>5</sup> Department of Agricultural and Food Sciences, University of Bologna, Bologna (Italy)

## INTRODUCCIÓN

La ibérica y la alentejana son razas de cerdo mediterráneas que tienen un origen genético común y están localizadas en el suroeste de la península Ibérica. Los cerdos alentejanos están localizados principalmente en Portugal y la población de cerdos ibéricos se encuentra principalmente en España. Aunque ha existido intercambio de individuos entre ganaderos de ambos países, principalmente hembras reproductoras y verracos, este intercambio se ha visto limitado por un efecto frontera.

Los cerdos ibéricos y los alentejanos tienen características comunes, ambas razas tienen un crecimiento muy inferior comparado con otras razas comerciales de cerdo blanco como duroc o landrace y tienen una elevada deposición grasa, lo cual está relacionado con una elevada calidad de sus productos derivados. Además, ambas razas tienen un sistema de producción extensivo, en el cual los animales se crían al aire libre y tienen una alimentación basada principalmente en hierba y bellota. Las carnes provenientes de los cerdos de ambas razas son de una elevada calidad y son la base de la producción de productos locales (Silió, 2000; Ramos et al., 2003).



Sin embargo, también tienen características diferenciales. Como es bien sabido, un gran porcentaje de la producción ibérica está basada en cruces de al menos del 50% con duroc, ya que los individuos cruzados tienen un mayor porcentaje de ganancia media diaria que los ibéricos puros (Pérez-Serrano, 2008; Sánchez-Esquiliche, 2011). Por otro lado, aunque en el sistema de producción de alentejano no existe una estrategia de cruces con otras razas tan asentada como en ibérico, sí que se han datado cruces con berkshire y landrace durante los años 50 (Frazão, 1984).

El proyecto multidisciplinar TREASURE tiene como objetivo principal caracterizar la diversidad de razas locales y sistemas de producción para productos sostenibles y de alta calidad. Uno de los principales objetivos del proyecto consiste en la caracterización de la diversidad genética de una serie de razas locales, incluidas la alentejana y la ibérica, mediante el uso de variantes genéticas/polimorfismos que son variaciones en la secuencia del ADN entre los individuos de una población (Figura 1). Para llevar a cabo esta caracterización, se genotiparon variantes genéticas en individuos ibéricos, alentejanos y en otras 18 razas autóctonas de porcino.

## MATERIALES Y MÉTODOS

Se incluyó en el estudio un total de 96 animales alentejanos e ibéricos (48 de

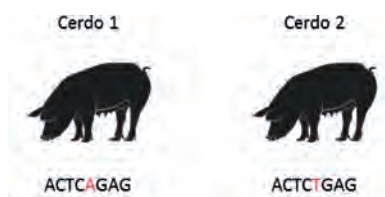


Figura 1. Variante genética en dos individuos.

cada raza) y 854 animales de otras 18 razas autóctonas (Apulo Calabrese, Basque, Bísaro, Black Majorcan, Black Sicilian, Black Slavonian, Casertana, Cinta Senese, Gascon, Krskopolje, Lithuanian indigenous wattle, Mangalitsa, Mora Romagnola, Moravka, Old Lithuanian White, Sarda, Schwäbisch Hällisches, Turopolje). El ADN se extrajo de muestras de sangre periférica con un protocolo estándar de fenol-cloroformo (Sambrook et al., 1989). Después de realizar una priorización con los genes candidatos más interesantes relacionados con caracteres productivos, de calidad, de resistencia a enfermedades, morfológicos y reproductivos, se seleccionó un panel de 39 polimorfismos localizados en genes candidatos y mutaciones causales (Tabla 1) para genotiparlos mediante la plataforma OpenArray™ (Thermo Fisher Scientific, Figura 2).

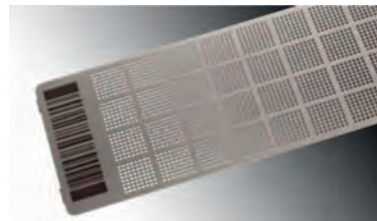


Figura 2. Chip de SNPs de OpenArray™

A partir de los datos de genotipado de los polimorfismos, se calcularon medidas de variabilidad genética como la heterocigosidad observada ( $H_o$ ) y esperada ( $H_e$ ) así como el coeficiente de consanguinidad ( $F_{is}$ ) (Nei, 1987). Además, se estimaron las distancias genéticas  $D_s$  y  $F_{ST}$ , basadas en las frecuencias alélicas de los polimorfismos estudiados en las diferentes poblaciones, de acuerdo con Takezaki y Nei (1996). Asimismo, se realizó un análisis de componentes principales para representar las relaciones geométricas entre las diferentes razas (Lê et al., 2008). Por último, se realizó un



Gen	Caracteres asociados
ACACA	Deposición grasa, calidad de carne y perfil de ácidos grasos
ACSL4	Calidad de carne y perfil de ácidos grasos
ADIPOQ	Deposición grasa
AHR	Tamaño de camada
CAPNS1	Calidad de carne
CAST	Calidad de carne
CYB5A	Calidad de carne, olor sexual
CYP2E1	Calidad de carne, olor sexual
ESR1	Tamaño de camada
FASN	Deposición grasa, calidad de carne y perfil de ácidos grasos
FTO	Crecimiento y deposición grasa
FUT1	Resistencia a enfermedades
GBP5	Resistencia a enfermedades
IGF2	Crecimiento y deposición grasa
KIT	Color de capa
LEP	Crecimiento y deposición grasa
LEPR	Crecimiento y deposición grasa
MC1R	Color de capa
MC4R	Crecimiento y deposición grasa
MSTN	Crecimiento y deposición grasa
MTPP	Calidad de carne y perfil de ácidos grasos
MUC4	Resistencia a enfermedades
NR6A1	Número de vértebras
PCK1	Calidad de carne
PHKG1	Deposición grasa y calidad de carne
PPARD	Tamaño de oreja
PPARGC1A	Calidad de carne
PRKAG3	Calidad de carne
RYR1	Calidad de carne
SCD	Calidad de carne y perfil de ácidos grasos
TAS2R38	Deposición grasa
TAS2R39	Deposición grasa
TAS2R4	Deposición grasa
TYRP1	Color de capa

Tabla 1. Genes y caracteres asociados

	Ho	Hs	F <sub>IS</sub>	D <sub>S</sub>	F <sub>ST</sub>
Alentejano	0.138	0.151	0.065	0.007	0.039
Ibérico	0.144	0.163	0.088		

Table 2. Heterozigosidades observadas y esperadas, coeficientes de depresión para cada raza y distancias genéticas de Nei (D<sub>S</sub> and F<sub>ST</sub>) entre Alentejano e Ibérico.

análisis de asignación a grupos utilizando el programa STRUCTURE.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El 95% de las muestras fueron genotipadas con éxito. Las frecuencias alélicas de los polimorfismos genotipados en los individuos ibéricos y alentejanos fueron similares. Los valores promedio de Ho y Hs por polimorfismo están comprendidos entre 0.024 y 0.414 y 0.025 u 0.415, respectivamente. El valor promedio de F<sub>ST</sub>

es igual a 0.26, lo que indica que un 26% de las diferencias observadas son debidas a diferencias entre razas, y el 74% restante, son debidas a diferencias entre individuos. En 14 de los polimorfismos genotipados, uno de los dos alelos está fijado, y los 25 restantes están segregando en ambas poblaciones a frecuencias alélicas similares. Además, en ambas razas los valores de heterozigosidad (Ho y Hs) son parejos y bajos, al igual que los valores de FIS, lo que sugiere una diversidad genética baja en las variantes genéticas estudiadas. Asimismo, las distancias genéticas (D<sub>S</sub> y F<sub>ST</sub>) fueron también pequeñas, lo cual sugiere que las razas analizadas son genéticamente muy similares (Tabla 1).

En la Figura 2 aparecen representados el primer componente principal frente al segundo (Figura 2a) y el segundo frente al tercero (Figura 2b). En esta figura, los puntos verdes representan a los individuos ibéricos y los rojos, a los alentejanos y tanto en una representación como en la otra se observa que ambas razas aparecen agrupadas y juntas dentro del mismo cluster y separadas del resto de razas autóctonas europeas.

Estos resultados se vieron corroborados con el análisis realizado utilizando el software STRUCTURE, en el cual, los individuos de las razas alentejana e ibérica eran asignados al mismo grupo (Figura 3).

Van Asch et al. (2012) ya estimaron distancias genéticas cortas entre ibéricos y alentejanos cuando analizaron la región control del ADN mitocondrial. Estos mismos autores también dieron cuenta de un intenso flujo de genes entre las poblaciones de jabalí e ibérico y alentejano de las zonas analizadas.



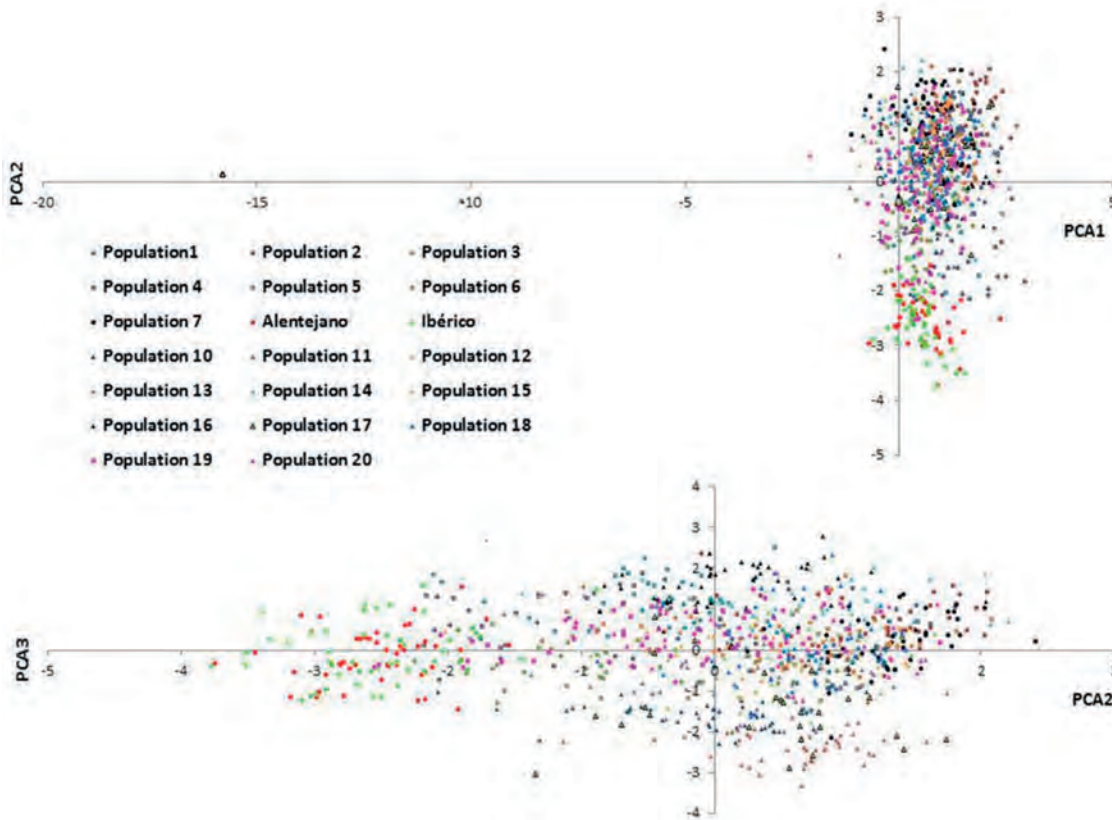


Figure 2. Diagrama con la posición relativa de los animales genotipados definidos por los valores de los componentes principales.

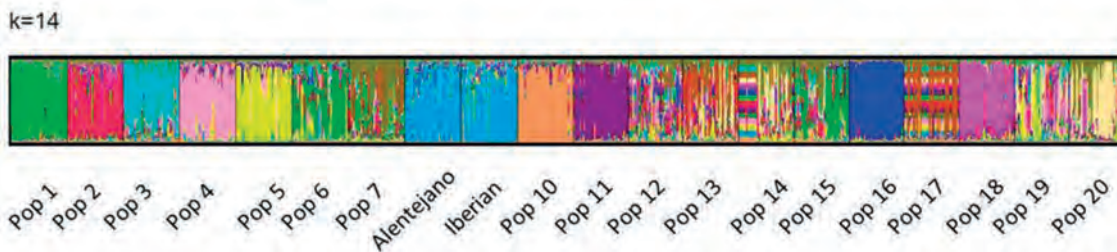


Figura 3. Resultado del análisis de asignación a grupos.

Teniendo en cuenta los resultados obtenidos en el presente estudio, los cuales muestran una cercanía genética muy grande en las variantes genéticas analizadas, podría deducirse que las razas ibéricas y alentejana fueran estirpes pertenecientes a una misma raza, más que razas independientes por sí misma. Dentro del proyecto TREASURE se están realizando análisis utilizando un mayor número de información genética a lo largo de todo el genoma para corroborar los resultados mostrados en el presente

estudio. Estos resultados junto con la información para el resto de poblaciones será presentada en un futuro.

El proyecto TREASURE está financiado por la Unión Europea en el marco del programa Horizonte 2020 (proyecto número 63477). El contenido de este artículo refleja únicamente la visión de los autores y la agencia ejecutiva de investigación no se hace responsable del uso que pueda hacerse de la información contenida.



### Bibliografía

Frazao T. L. (1984) O porco alentejano melhorado. Boletim Pecuário, Ano XXXIII, nº4: 13-75

Lê S., Josse J. and Husson F. (2008) FactoMineR: an R package for multivariate analysis. Journal of statistical software, 25,(1): 1-18.

Nei M. (1987). Molecular evolutionary genetics. Columbia university press.

Ramos A., Mestre R., Gouveia S., Evans G., Zhang Y., Cardoso A., Rothschild M.,

Pérez-Serrano M. (2008). A study of factors that influence growth performance and carcass and meat quality of Iberian pigs reared under intensive management

systems. Universidad Politécnica de Madrid. Tesis doctoral.

Sambrook J., Fritsch E. F. and Maniatis T. (1989). Molecular cloning: a laboratory manual. Cold spring harbor laboratory press.

Sánchez-Esquiliche F. (2011). Meta-análisis de los resultados productivos de las fases de crecimiento y cebo del cerdo Ibérico. Universidad de Córdoba. Tesis de máster.

Silió L. (2000) Iberian pig breeding program. In: Developing breeding strategies for lower input animal production environments. ICAR, (Galal S, Boyazoglou J, & Hammond K eds.): pp. 511-519.

Takezaki N. and Nei M. (1996) Genetic distances and reconstruction of phylogenetic trees from microsatellite DNA. Genetics,

144,(1): 389-399.

Van Asch B., Pereira F., Santos L., Carneiro J., Santos N. and Amorim A. (2012) Mitochondrial lineages reveal intense gene flow between Iberian wild boars and South Iberian pig breeds. Animal Genetics, 43,(1): 35-41.



## IBERCOM

### QUIENES SOMOS:

Agrupamos a más de 150 ganaderos de porcino ibérico, con más de **200.000 hectáreas de dehesa** y más de **20.000 madres ibéricas puras certificadas**.

### QUÉ HACEMOS:

Garantizar la comercialización de las producciones de nuestros asociados y facilitar la compra de piensos de calidad a precios competitivos.

### QUÉ BUSCAMOS:

Mantener una relación estable y duradera con nuestros asociados, clientes y proveedores, basada en la seriedad y en la confianza.

Fijo: 902 536 006  
Móvil: 615 631 419  
Fax: 924 555 681  
www.iberlonja.com

Avda. Antonio Chacón, 19 - 1º B  
06300 ZAFRA (Badajoz)  
[info@iberlonja.com](mailto:info@iberlonja.com)



# ERYSENG®

Una vacuna **INNOVADORA** frente al Mal Rojo

Con **HIPRAMUNE® G<sup>d</sup>**, un adyuvante acuoso de última tecnología basado en las saponinas del ginseng.



## Una potente inmunidad en la que confiar

Eficacia demostrada frente a *Erysipelothrix rhusiopathiae*, serotipos 1 y 2.



La Referencia  
en Prevención  
para Salud Animal

**ERYSENG®** Suspensión inyectable para cerdos. **Composición:** Cada dosis de 2 ml contiene: **Sustancias activas:** *Erysipelothrix rhusiopathiae* inactivado, cepa R32E11 ELISA > 3,34 log<sub>10</sub> IE<sub>50%</sub>, \*IE<sub>50%</sub>, inhibición ELISA 50%. **Adyuvante:** Hidróxido de aluminio, DEAE-Dextrano, Ginseng. **Indicaciones:** Para la inmunización activa de cerdos machos y hembras para reducir los signos clínicos del mal rojo causados por *Erysipelothrix rhusiopathiae* serotipos 1 y 2. **Aparición de la inmunidad:** tres semanas después de la finalización del programa básico de vacunación. **Duración de la inmunidad:** seis meses. **Posología y Via de administración:** Administrar una dosis (2 ml) por inyección intramuscular profunda en los músculos del cuello de acuerdo con el siguiente programa: **Vacunación básica:** Los cerdos de 6 meses de edad que no hayan sido vacunados previamente con el producto deben recibir dos inyecciones con un intervalo de 3-4 semanas. La segunda inyección se debe administrar 3-4 semanas antes de la cubrición. **Revacunación:** Debe administrarse una sola inyección 2-3 semanas antes de cada cubrición posterior (aproximadamente cada 6 meses). **Interacción con otros medicamentos:** No existe información disponible sobre la seguridad ni la eficacia del uso de esta vacuna con cualquier otro medicamento veterinario. Para información sobre los **efectos secundarios, precauciones especiales y contraindicaciones** por favor consultar la caja/prospecto del producto. **Período de validez** del medicamento veterinario acondicionado para su venta: 2 años. Período de validez después de abierto el envase primario: uso inmediato. **Presentación:** Viales de 10 y 50 dosis. **Titular de la autorización de comercialización:** LABORATORIOS HIPRA, S.A. **Número de la autorización de comercialización:** EU/2/14/166/001-007. Medicamento sujeto a prescripción veterinaria. Use los medicamentos responsablemente. Más información disponible en el resumen de características del producto (SPC) y en [www.hipra.com](http://www.hipra.com).

**Laboratorios Hipra, S.A.**  
Avda. la Selva, 135  
17170 Amer (Girona)  
España

Tel. (34) 972 43 06 60  
Fax (34) 972 43 06 61  
[hipra@hipra.com](mailto:hipra@hipra.com)  
[www.hipra.com](http://www.hipra.com)