

VARIABILIDAD NUCLEOTÍDICA Y ESTRUCTURA POBLACIONAL EN CERDOS CRIOLLOS CUBANOS

Ramayo, Y., Pérez-Pineda, E., Pérez-Enciso, M. y Ramos-Onsins, S. E.
Dept. Genètica Animal, Centre de Recerca en Agricultura Genòmica, Edifici CRAG, Campus UAB, Bellaterra 08193. España. E-mail: sebastian.ramos@uab.es

INTRODUCCIÓN

El cerdo Criollo Cubano vive y se procrea en estado semiferil, en un medio agreste frente a condiciones adversas creadas por largos periodos de sequía y calor. Algunos autores sugieren un origen predominantemente Ibérico del cerdo criollo cubano (Velázquez et al, 1998; Rico, 1999; Calderín, 2002). Durante el inicio del siglo XX, y como resultado de la introducción en Cuba de razas procedentes de los Estados Unidos y Europa, el cerdo criollo ha sufrido un proceso de introgresión no controlada, fundamentalmente con cerdos de las razas Duroc Jersey y Hampshire (Diéguez et al., 1994). Pérez-Pineda (2004) empleando un panel de 20 microsatélites FAO/ISAG (1998) mostró la primera evidencia molecular que confirman el origen ibérico del criollo cubano e introgresión con cerdos de las razas Duroc y Hampshire. El presente trabajo tiene como objetivos describir los patrones de variabilidad del cerdo criollo cubano utilizando la región *Control* y *Citocromo b* del ADN mitocondrial.

MATERIAL Y MÉTODOS

Material animal: Las muestras de tejidos fueron obtenidas del pabellón de la oreja en el año 2008. Se analizaron un total de 30 muestras en 6 localidades de 5 provincias del país que representan las 3 regiones geográficas en las que se divide la Isla: occidente, centro y oriente.

Análisis de secuencias: Para cada gen amplificamos dos fragmentos utilizando los cebadores descritos por Alves et al. (2003). Los fragmentos previamente obtenidos fueron purificados y secuenciados en ABI Prism 3730 (Applied Biosystems). La edición se realizó con SeqScape v2.6 (Applied Biosystems).

Análisis de variabilidad y de diferenciación poblacional: Los niveles de variabilidad se han calculado utilizando el programa DnaSP v5.0 (Rozas et al., 2003). Para evaluar la variabilidad interpoblacional se recopiló un total de 121 secuencias de ambos genes de GenBank. El programa SPAGeDi v1.2 (Hardy y Vekemans, 2002) fue empleado para determinar la existencia de patrones filogeográficos al comparar por test de permutación (1000 replicas) los valores del *Fst* con los del *Nst*. Se identificaron barreras geográficas mediante Barrier v2.2 (Manni y Guérard, 2004). La representación de redes haplotípicas se realizó con NetWork v4.510 (Bandelt et al., 1999).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Se estimaron los niveles y patrones de variabilidad en las diversas localidades estudiadas para las regiones *D-loop* y *CytB*. La Tabla 1 muestra elevados niveles de variabilidad nucleotídica y haplotípica observados en diferentes localidades cubanas.

El análisis de estructuración poblacional mostró una significativa diferenciación entre las regiones Este, Central y Oeste. Estas regiones no muestran ningún patrón de gradación correlacionado con la distancia. La Figura 1 representa la diferenciación poblacional en la isla de Cuba.

La variabilidad encontrada en la isla es relativamente alta en comparación a la variabilidad de individuos de razas locales y de jabalies en Europa ($\pi=0.0022$ en Europa vs $\pi=0.0057$ en Cuba). Un número importante de haplotipos observados en cerdos criollos no han sido descritos hasta ahora. Además, la alta variabilidad observada es en parte debida a la presencia de un haplotipo con alta similaridad a individuos Asiáticos (Figura 2). La variabilidad en cerdo criollo es, sin embargo, menor que la variabilidad en muestras Asiáticas ($\pi=0.0089$). Este patrón haplotípico inusual sugiere la introducción de individuos con haplotipos provenientes del continente Asiático.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Alves, E., Ovilo, C., Rodríguez, M.C. & Silió, L. 2003. *Anim. Genet.* 34(5):319-24.
- Bandelt, H., Forster, P. & Rohl, A. 1999. *Mol. Biol. Evol.* 16(1): 37-48.
- Diéguez, E. 1993. *Agricultura* 726: 70-73.
- FAO. 1998. Roma.
- Hardy, J. & Vekemans, X. 2002. *Mol. Ecol. Notes* 2 (4):618-20.
- Librado, P. & Rozas, J. 2009. *Bioinformatics* 25 (11):1451-2.
- Manni, F., Guerard, E. & Heyer, E. 2004. *Human Biol.* 76(2): 173-190.
- Pérez-Pineda, E. (2004). Tesis. Universidad de Granma, Bayamo.
- Rico, C. 1999. Maracay, Venezuela.
- Velázquez, F., Barba, C., Pérez, E. & Delgado, J.V. 1998. *Rev. ACPA* 4:46-7.

Agradecimientos: Este trabajo ha sido financiado por las ayudas del Ministerio de ciencia e Innovación (MICINN) AGL2007-65563-C02-01/GAN, CGL2009-09346 y el proyecto Consolider. Y. Ramayo es becario del programa de Formación de Personal Universitario (AP2008-01450) y realizó este trabajo financiado por una Beca del IAMZ. Agradecemos la colaboración en la toma de muestras de Isabel Santana y Carlos Abeledo así como al campesinado de Pinar del Río y Granma.

Tabla 1. Variabilidad en muestras de diferentes localidades Cubanas.

| Localidades | N _o | Variabilidad Haplótica | | Variabilidad Nucleotídica | | | |
|-------------------|----------------|------------------------|--------------|---------------------------|----------------|----------------|------------|
| | | h | Hd | S | π | θ | Singletons |
| Pinar del Río | 10 | 7 | 0,911 | 43 | 0,01023 | 0,00823 | 2 |
| Habana | 5 | 3 | 0,700 | 12 | 0,00304 | 0,00312 | 8 |
| Cabaiguan | 5 | 2 | 0,400 | 7 | 0,00152 | 0,00182 | 7 |
| UDG | 3 | 2 | 0,667 | 4 | 0,00145 | 0,00144 | 4 |
| Guisa | 7 | 7 | 0,964 | 9 | 0,00229 | 0,00188 | 1 |
| Banes | 2 | 2 | 1 | 1 | 0,00054 | 0,00054 | 1 |
| Cuba todas | 32 | 18 | 0,944 | 52 | 0,00565 | 0,00699 | 7 |

N_o número de secuencias, **h**: número de haplotipos, **Hd**: Diversidad haplotípica, **S**: número de sitios variables, π : media de diferencias nucleotídicas, θ : diversidad nucleotídica Singletons: variantes únicas.

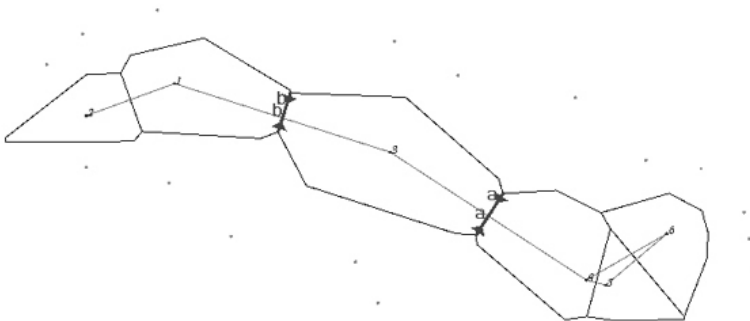


Figura 1. Barreras más significativas entre poblaciones criollas cubanas.

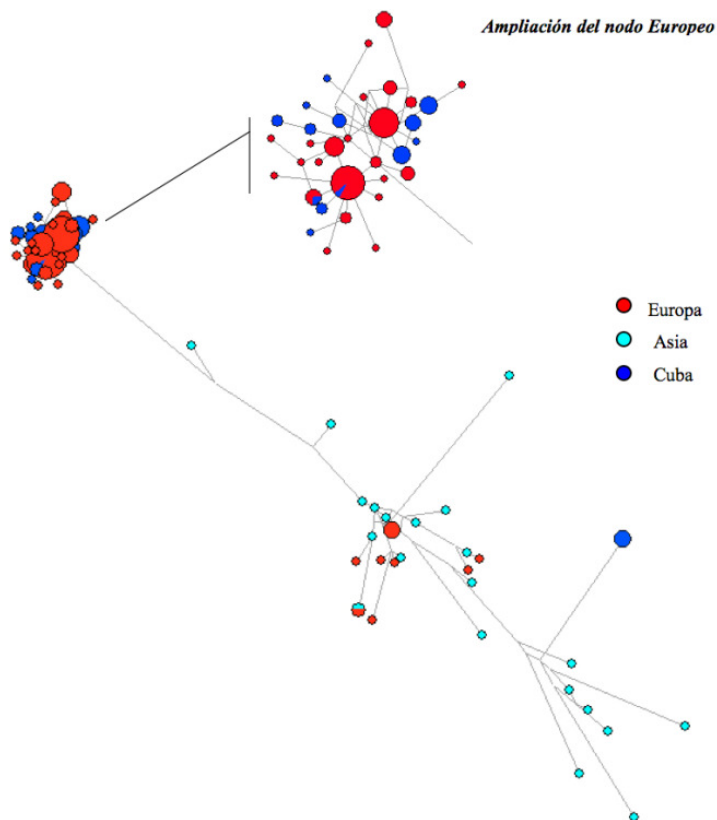


Figura 2. Median-joining network de haplotipos de cerdos criollos cubanos, Europeos y Asiáticos.

NUCLEOTIDE VARIATION AND POPULATION STRUCTURE IN CUBAN CREOLE PIGS

ABSTRACT: The Cuban Creole pig lives in semiferal conditions with periods of dry and starving conditions. They have been adapted to tropical conditions in few hundred years. It is thought that Cuban Creole pigs have an Iberian pig origin but recently have been introgressed with other breeds from Europe and USA. Nucleotide diversity for Creole individuals shows high variability and an important population structure across the island. An important number of Creole haplotypes have not yet been described. The presence of a divergent Creole haplotype related to Asian haplotypes suggests the introgression of individuals with Asiatic origin.

Keywords: demography, population genetics, mitochondrial DNA.